A photograph of a pig with white and black spots, looking down. The pig is the central focus of the image, with its head and front legs visible. The background is a blurred, light-colored ground.

Molekulargenetische und archäologische Untersuchungen zur Domestikation und Züchtung des Schweins (*Sus scrofa*)

Dissertation
zur Erlangung des Doktorgrades
der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät
der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel

vorgelegt von Ben Krause-Kyora

Kiel
2011

Referent: Prof. Dr. Claus von Carnap-Bornheim

Korreferentin: Prof. Dr. Manuela Dittmar

Tag der mündlichen Prüfung: 25.07.2011

Zum Druck genehmigt: 25.07.2011

All denen, die es wagen.

All denen, die es kompliziert mögen.

All denen, die das Leben genießen.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung.....	1
1.1. Fragestellung und Zielsetzung	1
1.2. Archäologische Grundlagen	2
1.2.1. Domestikation von Tieren	2
1.2.2. Neolithisierung Mittel- und Nordeuropas.....	5
1.2.3. Frühmittelalter Nordeuropas.....	15
1.3. Genetische und biologische Grundlagen.....	21
1.3.1. Das Schwein (<i>Sus scrofa</i>).....	21
1.3.2. Mitochondriales Genom und nukleäre Markersysteme.....	24
1.3.3. Identifikation des Phänotyps	31
1.3.4. Alte DNA.....	41
1.3.5. Anwendung alter DNA-Untersuchungen in der Archäologie	47
2. Material	53
2.1. Archäologisches Material und deren kulturhistorische Zuordnung	53
2.1.1. Mesolithikum und Neolithikum.....	53
2.1.2. Frühmittelalter	55
2.2. Rezenten Probenmaterial und Vergleichssequenzen	56
3. Methoden	59
3.1. Maßnahmen zur Kontaminationsvermeidung	59
3.2. Extraktionsmethode.....	60
3.2.1. Archäologisches Material	61
3.2.2. Rezenten Material	63
3.3. Agarose-Gelelektrophorese, Aufreinigung der PCR-Produkte und Sequenzierung	64
3.4. Mitochondriale Markersysteme.....	66
3.4.1. Displacement-Loop (D-Loop)	67
3.4.2. Cytochrom b (Cytb).....	68
3.4.3. Dehydrogenase 4 subunit (ND4HL).....	70
3.5. Genomische Markersysteme	71
3.5.1. Amelogenin (AMEL)	72
3.5.2. Analysensysteme zur Identifikation des Phänotyps	73
3.6. Phlogenetische Analysen und Statistik	78
4. Ergebnisse	89
4.1. Archäologisches Material zur Domestikation	89
4.1.1. Mitochondriale Markersysteme	89
4.1.1.1. D-Loop.....	89

4.1.1.2.	Cytb.....	93
4.1.2.	Analysesysteme zur Identifikation des Phänotyps	111
4.2.	Archäologisches Material zum Frühmittelalter	113
4.2.1.	Mitochondriale Markersysteme	113
4.2.1.1.	D-Loop	113
4.2.1.2.	Cytb	114
4.2.1.3.	ND4HL	117
4.2.2.	Genomische Markersysteme.....	124
4.2.2.1.	AMEL	124
4.2.2.2.	Analysesysteme zur Identifikation des Phänotyps.....	124
4.3.	Erhaltungszustand und Amplifikationserfolg der aDNA	126
4.4.	Auswertung zur Unterscheidung zwischen Wild- und Hausschwein	127
4.5.	Populationsgenetische Auswertung anhand von AMOVA und der Haplotyp-Diversitäten	128
5.	Interpretation und Diskussion	136
5.1.	DNA-Extraktion, Erhaltungszustand und Amplifikationserfolg.....	136
5.2.	Analysemethoden und Markersysteme	139
5.3.	Mitochondriale DNA.....	140
5.4.	Chromosomale DNA und phänotyp-assoziierte SNPs.....	143
5.5.	Archäologische Interpretation	146
6.	Zusammenfassung.....	159
7.	Summary	161
8.	Literatur.....	163
9.	Appendix.....	195
9.1.	Verzeichnis der Einheiten und Abkürzungen.....	195
9.2.	Geräte, Chemikalien und Einwegmaterialien.....	197
10.	Tabellenanhang	200
11.	Danksagung	272
12.	Lebenslauf, Erklärung	274

1. Einleitung

1.1. Fragestellung und Zielsetzung

Das Ziel der vorliegenden Dissertation ist es, das Zusammenleben von Mensch und Tier und die Auswirkung von diesem auf die Kulturlandschaften zu untersuchen. Das Schwein (*Sus scrofa* f. *domestica*) wurde als Untersuchungsobjekt gewählt, da es eines der ersten domestizierten Tiere der Menschheitsgeschichte darstellt und zudem ein prägender Faktor in der Landschaft sowie in der Wirtschaft ist. Die Arbeit gliedert sich in zwei Teilbereiche. Zum einen wird als diachrones Thema die Domestikation der Stammart des europäischen Wildschweins (*Sus scrofa*) bzw. der Beginn der Schweinehaltung im nordmitteleuropäischen Raum behandelt, zum anderen sollen in einem synchronen Thema das Zusammenleben zwischen Mensch und Schwein im Frühmittelalter untersucht werden:

Diachrones Thema: Domestikation des Schweins

Der erste Teilbereich beschäftigt sich mit der Domestikation des Schweins, welche eng verbunden ist mit der wichtigsten Veränderung in der Menschheitsgeschichte - der Neolithisierung. Dieser komplexe Prozess, der mit der Umstellung der Lebensweise vom Jagen und Sammeln zu Ackerbau und Viehzucht einherging, ist seit langer Zeit ein Schwerpunkt der Forschung. Theorien über die Verbreitung der neolithischen Lebensweise sind vielfältig und reichen von einer Kolonisierung von Gebieten durch die ersten Bauern bis zur Übernahme der neuen Technologien und Ideen durch die jagenden und sammelnden Gesellschaften. Der Genetik kam dabei in den letzten Jahrzehnten eine immer wichtigere Bedeutung zu. Neben der Analyse von rezenten Populationen bietet die Untersuchung von neolithischem Probenmaterial, also alter DNA (aDNA), eine Art molekulargenetischer Zeitreise, die sich den tatsächlichen neolithischen Verhältnissen zuwendet. aDNA Untersuchungen erlauben Einblicke in die Prozesse der Domestikation und der Verbreitung der ersten Haustiere. Dadurch ist es möglich, Rückschlüsse über komplexe menschliche Besiedlungsprozesse zu gewinnen.

Ziel der Arbeit ist es, eine Datenbasis der mit Hilfe von aDNA Techniken untersuchten Schweine zu erstellen und die bestehenden Domestikations- und Neolithisierungs-Theorien mit neu zugänglichen Befunden zu stützen oder zu widerlegen. Hierfür wurden die gut erforschten Ertebølle-Fundplätze Rosenhof, Wangels, Neustadt und Siggeneben-Süd in Schleswig-Holstein sowie Timmendorf Nordmole und andere Fundplätze in der Wismarer Bucht und auf Rügen in Mecklenburg-Vorpommern untersucht. Später wurde das

Untersuchungsgebiet auf Fundplätze aus Polen, den Niederlanden, Spanien, Türkei, Niedersachsen, Brandenburg und Sachsen ausgedehnt. Des Weiteren soll ein besseres Bild der Wildschweinethnien vor und während der Domestikation erstellt werden. Hierzu wurden mitochondriale und nukleäre DNA-Markerysteme verwendet.

Synchrones Thema: Das Schwein im Frühmittelalter und Mittelalter

Im zweiten Teil des Promotionsvorhabens wurden Schweineknochen und Zähne aus verschiedenen frühmittelalterlichen Siedlungen untersucht. Dafür standen gut datierte Knochen und Zähne aus Haithabu, Elisenhof, Oldenburg und Schleswig zur Verfügung. Die Fragen, die hier im Vordergrund stehen, betreffen das Zusammenleben von Mensch und Schwein, sowohl in wirtschaftlicher als auch in kultureller Hinsicht. So wurde untersucht, ob sich die Schweinepopulationen in verschiedenen archäologisch abgrenzbaren Bevölkerungsgruppen genetisch voneinander unterscheiden. Funde aus dem skandinavisch geprägten Handelsplatz Haithabu wurden mit denen aus dem slawisch geprägten Oldenburg und den friesisch/sächsisch geprägten Orten Feddersen Wierde und Haferwisch verglichen, da sich ein Unterschied in den archäozoologischen Untersuchungen bereits angedeutet hatte. Eine weitere sich daran anschließende Frage ist, ob es mögliche qualitative Unterschiede zwischen Stadt, Burg, Handelsplatz und Umland gab. Dabei wurde neben den schon genannten archäologischen Fundplätzen zusätzlich noch Schleswig als eine der sehr frühen voll entwickelten Städte mit in die Untersuchung aufgenommen, um so eventuelle Unterschiede zwischen Handelsplätzen, protourbanen Siedlungen und Städten zu erfassen.

1.2. Archäologische Grundlagen

1.2.1. Domestikation von Tieren

Domestizierte Tiere gehören als Haus- und Nutztiere zu unserer nicht weg zu denkenden alltäglichen Umwelt. Fest steht, dass die Domestikation das Leben der Menschheit in den letzten 11.000 Jahren so stark veränderte wie wohl keine andere Innovation (BENECKE 1994, ZEDER 2008). Noch immer sind nicht alle Mechanismen verstanden, die die Transformation vom wildlebenden zum domestizierten Tier ausmachen. Bei vielen Tierarten sind die Domestikationszeiträume noch nicht geklärt (z. B. beim Pferd), bei einigen Tierarten ist noch nicht einmal mit Sicherheit der wilde Vorfahre bekannt (z. B. beim Dromedar). Die

Domestikation von Wildtierarten ist auch heute noch im vollen Gange (z. B. bei Karpfen und Ziervögeln) (BENECKE 1994).

Nach heutigen Erkenntnissen liegt das Gebiet, in dem die wichtigsten europäischen Nutztiere und Pflanzen domestiziert wurden, im sogenannten fruchtbaren Halbmond im Nahen Osten. Dies ist ein winterniederschlagsreiches, leicht bewaldetes Gebiet, das sich von der südlichen Levante, Jordanien und Palästina, den Ausläufern des Taurus- und Zagrosgebirges folgend, durch Südost-Anatolien, Syrien und Irak bis fast zum Persischen Golf erstreckt. Innerhalb dieses Areals fand die Domestikation an verschiedenen Orten statt. Genetische Analysen konnten zeigen, dass für jede domestizierte Spezies verschiedene genetische Abstammungslinien existieren (TRESSET UND VIGNE 2007, ZEDER ET AL. 2008).

Die Veränderungen der Tiere im Hausstand sind vielschichtig. Besonders auffällig sind Veränderungen des Aussehens, der Leistung und des Verhaltens. Schon C. Darwin sind diese Sachverhalte aufgefallen und bewegten ihn dazu „*The Variation of Animals and Plants under Domestication*“ (1868) zu verfassen, in denen er Aspekte der Evolutionstheorie wesentlich detaillierter ausarbeitete, als es in „*The origin of species*“ möglich war. Dies macht deutlich, wie wichtig es ist, die Mechanismen, die hinter der Domestikation stehen, zu erkennen. Grundlegend sind die Faktoren bzw. Mechanismen, die bei der Domestikation eine Rolle spielen, die gleichen, die in der biologischen Evolution wirken. Es handelt sich im Wesentlichen um Isolation, Mutation und Selektion. Bei der Domestikation entsteht jedoch keine neue Art; es handelt sich nur um innerartliche Veränderungsprozesse. Bis heute sind nicht alle Mechanismen der Domestikationsveränderungen geklärt. Dadurch lässt sich auch keine klare Aussage über Ursache und Wirkung der symbiotischen Mensch - Tier - Beziehung machen (ZEUNER 1967, EPSTEIN 1969, 1971, 1977, UCKO UND DIMBLEBY 1969, BÖKÖNYI 1974, MASON 1984, DAVIS 1978, CLUTTON-BROCK 1999, HEMMER 1983, BUDIANSKY 1992, BENECKE 1994). Es gibt Autoren, die einen rein populationsgenetischen Ansatz zugrunde legen, wie z. B. N. BENECKE (1994). Hier steht der Vorteil für die Menschen im Vordergrund. Im Gegensatz weist die Definition von P. DUCOS (1957) darauf hin, dass die Veränderung an Tieren nur die Wirkung und nicht die Ursache ist. Andere Autoren geben uns Definitionen an die Hand, die die sozio-ökologischen Voraussetzungen für die Domestikation in der Gesellschaft beschreiben (MEADOW 1989).

Das Vorgehen bei der Domestikation besteht aus dem Abtrennen einer kleinen Gruppe von der Wildform, der Zähmung und Habituation in Siedlungsnähe. Aufgrund des veränderten Habitats erfolgt eine neue natürliche Selektion. Dazu kommt eine vom Menschen durchgeführte artifizielle Selektion, z. B. aus ästhetischen Gründen. Der dadurch bedingte

genetische Wandel führt dann zu einer sichtbaren Veränderung. Zuchtmerkmale, die die meisten domestizierten Tiere aufweisen und durch Zucht verstärkt und später durch Isolation genetisch verankert wurden, sind: Veränderung der Körpergröße, Haarstruktur/Fellqualität (Lockenhaar, Angora, kraus, kurz, lang), Haar/Fellfarbe (hohe Variabilität und Piebaldie), die Schwanzform (Ringelschwänze, kürzere Schwänze), hormonelle Regulation (Fortpflanzungsrythmus, Verlust der Saisonalität, frühere Maturität), Fettansatz, Reduktion der Hirngröße, Reduktion der Schädelgröße, Retention juveniler Merkmale in adultem Zustand, zusätzliche Rippe (Schwein), Beschuppung (Fisch) (CLUTTON-BROCK 1999, TRUT ET AL. 1999, KRESKAS 2005). In der Natur gilt normalerweise, dass phänotypisch an bestimmte Umweltbedingungen am besten angepasste Individuen einen höheren Fortpflanzungserfolg haben, genetisch schwache, kranke und nicht angepasste Individuen werden dagegen früh selektiert. In der Domestikation ersetzt der Mensch die natürliche durch die von ihm bestimmte künstliche Selektion, so können sich auch schwächere Formen, die in der Natur schnell verschwunden wären, durchsetzen (z. B. das bunte vielgestaltige Erscheinungsbild der Haustiere gegenüber ihren wilden Verwandten). Aus gleichem Grund lassen auch die Sinnesleistungen der Tiere nach; so haben Wildformen im Vergleich zu Haustieren in der Regel ein besseres Gehör-, Seh- und Riechvermögen. Dadurch scheint sich das Volumen des Gehirns zu verringern (HEMMER 1983). Auch neuere Genexpressionsanalysen des Gehirns zeigen, dass die Domestikation Einfluss auf die Gehirnaktivität hat (SAETRE 2004). Die Steigerung der Leistungsmerkmale wird der wichtigste Selektionsfaktor, dadurch erhöht sich auch der Anteil an genetischen Anomalien und an Erkrankungen.

Von der großen Palette an Wildtieren, mit denen der Mensch im Laufe seiner Geschichte zusammentraf, ist nur ein verschwindend geringer Teil von Tierarten domestiziert worden. Etwa zwanzig der heute existierenden Säugetierarten und zehn Vogelarten gelten als domestiziert (MIGNON-GRASTREAU 2005). Dies liegt an der Domestikabilität der jeweiligen Wildtierart. Das heißt, Verhalten und Wesen einer Tierart müssen so geartet sein, dass ein enger Kontakt mit dem Menschen möglich wird. So wurde der Rothirsch, der durch alle Zeiten in der Ur- und Frühgeschichte als Jagdwild eine bedeutende Rolle spielte und häufig vorkam, nie domestiziert, da sein spezifisches Brunft- und Revierverhalten dies verbietet. Hier ist zu betonen, dass das Zähmen und das Domestizieren nicht zu verwechseln sind.

Der Vergleich der genetischen Informationen von rezenten domestizierten und wilden Individuen kann Aufschluss geben über ihre Abstammung und auf den Prozess der Domestikation. Hierfür bietet sich die mitochondriale DNA (mtDNA) aufgrund der höheren

Mutationsrate und der maternalen Vererbung gegenüber der autosomalen DNA an (TAPIO ET AL. 2003). Es ergeben sich aber auch Probleme aus Rückkreuzungen, Hybridisierungen und Inzucht, wobei genetische Muster entstehen können, die eine sinnvolle Auswertung heutiger Daten unmöglich machen (VILA ET AL. 2005). Weiterhin kann nur der heutige Status der Tiere verglichen werden, sodass der zeitliche Ablauf der Domestikation und deren genaue Ausgangssituation ungeklärt bleiben.

Archäologische Funde ermöglichen es uns, das Auftreten von domestizierten Tieren zeitlich genau einzuordnen, sowohl direkt über Funde von verändertem osteologischem Material als auch indirekt (Überreste von Pferchen, Speicheranlagen, Joch, Pflug etc.) (ZEDER ET AL. 2006). Im archäozoologischen Material zeigt sich die Domestikation in der Veränderung von Form und Größe (Größenverminderung, Frakturen, Belastungsspuren etc.), von biogeografischen Merkmalen (Überreste von Tieren außerhalb ihres natürlichen Habitats), von paläogeografischen Merkmalen (z. B. Häufung von Tieren im für die Schlachtung günstigen Alter und Geschlecht) und von der Speziesdominanz (LEGGE 1996, ZEDER UND HESSE 2000).

Seit die Forschung an alter DNA zu einer verlässlichen Technik geworden ist, bietet diese einen wichtigen Schlüssel für das Verstehen der Domestikation. Danach können nicht nur Ähnlichkeiten bzw. Transitionen zu heute lebenden wilden und domestizierten Populationen nachgewiesen werden, sondern auch der Status der Domestikation in einer Spezies zu einem bestimmten Zeitpunkt aufgedeckt und mögliche Abstammungen belegt oder widerlegt werden (z. B. BENECKE 1994, KEYSER-TRAQUI ET AL. 2005, TRESSET UND VIGNE 2007).

1.2.2. Neolithisierung Mittel- und Nordeuropas

Der kulturelle Prozess, den die Domestikation mit sich bringt - also der Wandel von einer gemeinsamen Nutzung der naturräumlichen Ressourcen von Mensch und Tier zu einer durch den Menschen dominierten und kontrollierten Umwelt - ist die Grundlage der Neolithisierung. Unter dem Begriff Neolithisierung wird heute im Allgemeinen der Übergang von einer aneignenden zu einer produzierenden Lebensweise verstanden. Einher gehen damit grundlegende Veränderungen in den menschlichen Gesellschaften, wie das Sesshaftwerden, die Viehzucht, der Ackerbau, aber auch Veränderungen im kulturellen Leben, z. B. bei Grabanlagen, bei der Verzierung von Gefäßen oder dem lithischen Inventar. Die letztgenannten Veränderungen, besonders die Herstellung, der Gebrauch und die Nutzung von

Steingeräten und das Auftreten von geschliffenen Steinbeilen, führten zu der Abgrenzung als Kulturabschnitt und gaben dem jüngsten Abschnitt der Steinzeit (*neo*, gr. Neu, *lithos*, gr. Stein) seinen Namen. Mit dem Begriff „Neolithische Revolution“ versucht G. CHILDE (1957) die Bedeutung und den Einschnitt dieses Wandels in der Menschheitsgeschichte zu verdeutlichen. Auch aus molekulargenetischer Sicht hatte diese Entwicklung einen für Menschen und Umwelt bedeutenden Effekt. Kontinuierliche Eingriffe des Menschen in die Selektion von wilden Tieren und Pflanzen führten zu einer Vielzahl von domestizierten Formen, die in vielen Fällen die ursprünglichen Wildformen verdrängten und überlebten. Wanderung, Vermischung, Zuwachs und Ernährungsgrundlage aber auch die Sesshaftigkeit der Menschen, führten zu einer von Naturgesetzen weitgehend losgelösten komplexen Genetik der Schweine.

Schon die Entstehung des Neolithikums im „Vorderen Orient“ wirft eine Fülle von ungeklärten Fragen auf, z. B. welche Faktoren bzw. Gründe führten zu diesem Prozess. Um diese weiterführenden Fragen zu klären, ist eine vollständige Erfassung der „Idee - Ackerbau und Viehzucht“ wichtig, sowie deren Umsetzung und deren Ausbreitung nachzuvollziehen. Erklärungsmodelle über die Neolithisierung Mittel- und Nordeuropas sind zahlreich und spiegeln in ihrer Vielfalt ihre hundertjährige Forschungsgeschichte wider. Diese sind beeinflusst durch subjektive Meinungen, zugängliche Datenlage, Moden, zeitgeistliche Einflüsse, Politik, Wirtschaft sowie regional dominierende Schulen, fast dogmenhafte Lehrmeinungen und beteiligte Forschungsdisziplinen (detaillierte Überblicke sind zu finden in SCHARL 2004, PRIEN 2005). Leider ist bis heute die Diskussion immer noch sehr polarisiert und führte bisher zu keinen ganzheitlichen Erklärungsansätzen über die Neolithisierung Europas.

In der Archäologie gibt es drei grundlegende und zugleich gegensätzliche Erklärungsmodelle bezüglich der Neolithisierung Europas.

1. Eine Theorie geht von der Einwanderung neolithischer Bauern nach Europa aus, die die neuen Errungenschaften mit sich bringen (CHILDE 1957, PIGGOTT 1965, CLARK 1965). Demnach besiedelten neolithische Bauern aus dem Nahen Osten geeignete Gebiete in Europa und führten die bäuerliche Lebensweise ein. Ein rasches Bevölkerungswachstum und der dadurch ausgelöste Druck in den neolithischen Kulturen werden als zugrunde liegender Motor dieses Prozesses angesehen und sollen so zur Verdrängung der einheimischen Bevölkerung geführt haben.

2. Die gegensätzliche Theorie geht von einem reinen Ideentransfer zwischen neolithischen und einheimischen Populationen in kulturellen Kontaktzonen aus (DENNELL 1983, BARKER

1985, WHITTLE 1996, KIND 1998). Dabei wird der Einwanderung von neolithischen „Kulturträgern“ wenig bis keine Bedeutung zugesprochen.

3. Die dritte Theorie versucht eine Synthese aus den ersten zwei Erklärungsansätzen herzustellen. Dabei spielten die beiden Szenarien zu unterschiedlichen Zeiten und in unterschiedlichen Regionen eine Rolle und leisteten einen variierenden Beitrag zur Neolithischen Transition (ZVELEBIL 1989, 2002, CHAPMAN 1994, THORPE 1996, ZILHÃO 1997).

Die Neolithisierung ist sehr wahrscheinlich nicht auf einen einzigen Mechanismus zurückzuführen, nicht zuletzt deshalb, weil sich dieser Prozess über ganz Europa und über mehrere tausend Jahre erstreckte. Dabei kann uns die Archäologie mit ihrer Arbeitsmethode, aus dem archäologischen Material ersichtliche Verbreitungsgebiete von Fundkomplexen zu charakterisieren und kulturelle Einheiten und deren Verbreitung zu verfolgen, zeigen, dass die Neolithisierung für unterschiedliche Regionen und bei unterschiedlichen Bedingungen in unterschiedlichen Verläufen erfolgte (PRICE 2000; ZVELEBIL 2000; ZVELEBIL UND LILLIE 2000).

Es seien hier nur kurz einige weitere Erklärungsmodelle zusammengefasst:

Folk migration (ANTHONY 1990; ANTHONY UND BROWN 1991); direkter Zug einer Bevölkerung in ein definiertes Gebiet.

Demic diffusion (AMMERMAN UND CAVALLI-SFORZA 1984; RENFREW 1987); sukzessive ungerichtete Besiedlung einer Region durch nachfolgende Generationen.

Elite dominance (RENFREW 1987); Unterwanderung eines Gebiets durch eine Minderheit, die jedoch die autochthone Bevölkerung sozial und kulturell dominiert und ggf. kontrolliert.

Infiltration (NEUSTUPNY 1982); graduelle Unterwanderung eines Gebietes durch kleine spezialisierte Gruppen, die spezifische ökonomische und gesellschaftliche Nischen besetzen.

Leap frog colonization (ZILHÃO 1993; VAN ANDEL UND RUNNELS 1995); selektive Kolonisierung durch kleine Bevölkerungsgruppen, die gezielt bestimmte, naturräumlich optimale Gebiete (z. B. Lößböden) aufsuchen und somit Enklaven oder Kolonien innerhalb der autochthonen Bevölkerung bilden.

Individual frontier mobility (ZVELEBIL 1995, 1996); kleinräumige wirtschaftliche Kontakte und etablierte soziale Beziehungsstrukturen zwischen Bauern und Jäger/Sammlern und den Kontaktzonen mit Transfer in beide Richtungen.

Contact; wirtschaftliche Kontakte entlang und durch Handelsrouten, die als Kommunikationskanäle dienen und innovative Technologien rasch verbreiten ohne sich verlagernd auf die Bevölkerungsstruktur auszuwirken.

Für eine Einwanderungswelle größeren Ausmaßes oder Wanderungsbewegungen, die weite Gebiete Europas betreffen, gibt es keine archäologischen Indizien (ZVELEBIL 1989, THOMAS 1996). Allerdings ist deutlich ein zeitlicher Gradient von Südwest- nach Nordosteuropa zu erfassen, der mit dem Beginn von Ackerbau und Viehzucht assoziiert wird (AMMERMAN UND CAVALLI-SFORZA 1984, PINHASI ET AL. 2000). Leider kann der Prozess der Migration nur indirekt im archäologischen Material nachgewiesen werden (RENFREW 1987). Kritisch zu betrachten sind Interpretationen, in denen ähnliches Fundgut aus weit entfernten Gebieten als Indikator für Handel oder Migration gesehen wird. In fast ganz Europa ist eine kulturelle Kontinuität in Fundkomplexen zwischen Mesolithikum und Neolithikum zu finden, so dass ein schneller Wechsel der Lebens- und Wirtschaftsweise und ein damit assoziierter Bevölkerungswechsel unwahrscheinlich werden (BOGUCKI 1988, ZVELEBIL 1998, 2002, PRICE 2000).

Für Mittel- und Südosteuropa sieht M. Zvelebil allerdings einen abrupten Abbruch in der mesolithischen Kultur und ein Einsetzen einer neuen neolithischen Sachkultur, die mit einer denkbaren Kolonisierung erklärt werden könnte.

Nach heutigen Erkenntnissen finden wir erste Belege für eine bäuerliche Lebensweise im Gebiet des fruchtbaren Halbmondes (BENECKE 1994, ZEDER 2008). In diesem von der Natur begünstigten Raum wurden um 9.000 v. Chr. die wilden Vorfahren unserer Ziegen und Schafe (*Capra aegagrus*, *Ovis Ammon*, *Ovis orientalis*) domestiziert, deren natürliche Verbreitung auf das Gebiet des fruchtbaren Halbmonds beschränkt war. Ebenfalls in diesem Gebiet können erste Hinweise auf die Domestikation von Schweinen (*Sus scrofa*) ab 8.500 v. Chr. und von Rindern (*Bos pimigenius*) um 8.000 v. Chr. gefunden werden. Anders als bei Ziege

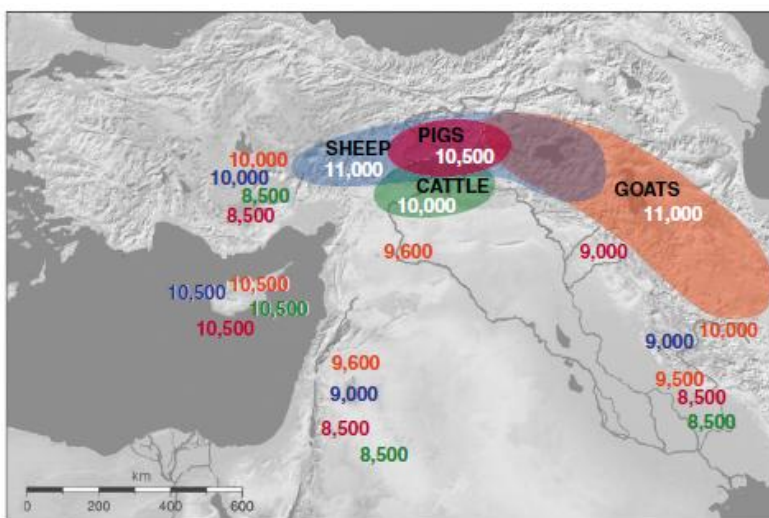


Abb. 1, Verbreitung und Datierung (vor Heute) der ersten Haustiere im Gebiet des Fruchtbaren Halbmonds und Mittelmeers (Zeder 2008)

und Schaf waren die Vorfahren der Rinder und Schweine fast über ganz Europa verbreitet, so dass es schwierig ist, den genauen Ablauf und Ort der Domestikation für diese beiden Arten einzugrenzen. Der Viehbestand und eine Mischung aus den wichtigsten kultivierten Getreidesorten Emmer und

Einkorn, sowie den Hülsenfrüchten Erbse und Linse breiteten sich vom Zentrum der Domestikation unterschiedlich schnell aus. Bis diese die südliche Levante (Palästina, Jordanien) erreichten, brauchten sie fast 1000 Jahre. Auf Zypern tauchten Schaf und Ziege bereits zwischen dem 9. und 8. Jahrtausend v. Chr. auf (Abb. 1) (JARMAN UND JARMAN 1968, UERPMANN 1989, BENECKE 1994, ZEDER 2008).

Allgemeiner Konsens in der Archäologie herrscht darüber, dass es mindestens zwei Verbreitungswege von Ackerbau und Viehzucht aus dem „Nahen Osten“ gegeben haben muss. Die für Europa bedeutendsten zwei Verbreitungswege verlaufen zum einen aus der Levante in das Mittelmeergebiet über die Türkei, Zypern, Griechenland, Italien bis nach Spanien und Südfrankreich und zum anderen über die nördliche Türkei und Bulgarien in Richtung Mittel- und Nordeuropa, wobei er dem Verlauf der Donau und den Verbreitungsgebieten der Linienbandkeramischen (LBK) Kulturen (5600-4900 v. Chr.) folgte (Abb. 2). Gestützt wird dieser hypothetische Verbreitungsweg dadurch, dass in der frühneolithischen Kultur Mitteleuropas (LBK) vergleichbare keramische Besonderheiten in der Tradition der frühen südosteuropäischen Kulturen Starčevo und Körös zu stehen scheinen (Abb. 2). Daneben breiteten sich die neuen Wirtschaftsformen langsam nach Nordafrika und in den Osten aus (JARMAN UND JARMAN 1968, UERPMANN 1989, BENECKE 1994, LÜNING 2000, ZIMMERMANN 2002, GRONENBORN 2006, ZEDER 2008). Deshalb ist es nicht verwunderlich, dass besonders in der osteuropäischen Forschung die Theorie vorherrscht,

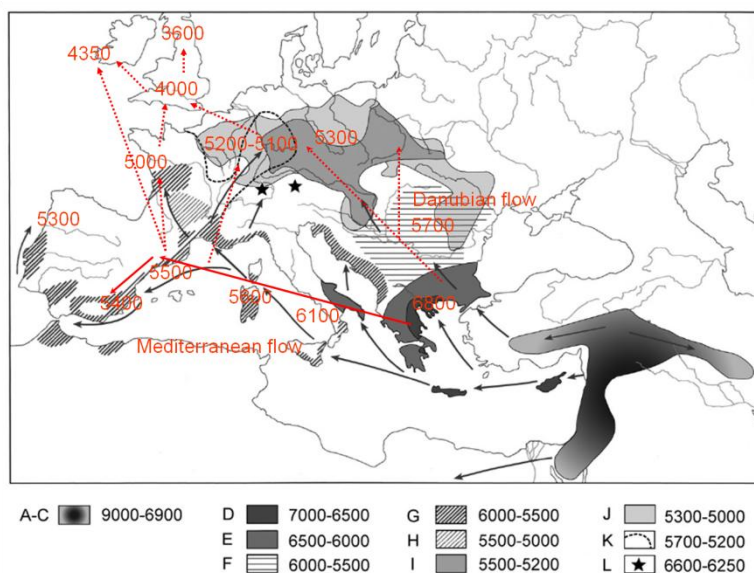


Abb. 2, Die Neolithische Expansion aus dem Nahen Osten nach Zentral Europa (Datierung cal BC). A-B: PPNA-B, C: latePPNB/earlyPN, Frühe- (I) und Jüngere-Linienbandkeramik (J). L (6600–6250 cal BC) mesolithische Getreidenutzung in der Schweiz, K La Hogue Kultur (nach Lüning 2002)

dass Ackerbau und Viehzucht als Paket vom Nahen Osten über den Balkan nach Mitteleuropa gelangt sind. Darauf erfolgte schnell eine Ausbreitung bis ins Karpatenbecken und die ungarische Tiefebene. Hier verlangsamte sie sich, bzw. es kam zum Stillstand der Ausbreitung. Dies wird von einigen Forschern mit dem Erreichen der Nordgrenze der mediterranen Klimazone in Verbindung gebracht. Nach

einer Anpassung der Wirtschaftsweise an die neuen klimatischen Bedingungen setzt sich etwa 500 Jahre später die Ausbreitung fort. Diese Anpassungsphase wird mit dem Beginn der linienbandkeramischen Kulturen in Verbindung gebracht (KALICZ UND MAKKAY 1977, GRONENBORN 1999, SCHARL 2004).

In den zoologischen Hinterlassenschaften des frühen Neolithikums in Europa überwiegen die Schlachtabfälle von Rind, Schwein, Ziege und Schaf im Vergleich zu den Abfällen von Jagdwild. Das Verhältnis von Haus- zu Wildtieren in den Siedlungen ist regional sehr unterschiedlich. So geht der Anteil an Jagdtieren in den Fundinventaren im Ungarischen Tiefland, dem Gebiet der Starčevokultur und dem Gebiet der älteren LBK auf unter 20 % zurück. In den Siedlungen Mitteldeutschlands und Kujawiens geht der Wildtieranteil sogar im Durchschnitt auf unter 6 % zurück (BENECKE 1994). Aber es gibt auch hier vereinzelte Siedlungen mit hohem Wildtieranteil (Dresden-Cotta), die eine gezielte Ausnutzung der naturräumlichen Begebenheiten anzeigen. In Westdeutschland bzw. Frankreich im Bereich der Maas, Mosel und des Rheins trafen die sich über die Donau ausbreitenden Kulturen auf die vom Mittelmeer kommende La Hoguette-Gruppe (5700-5200 v. Chr.). Diese Kultur basierte fast nur auf der Viehwirtschaft und betrieb im Gegensatz zur Kultur der Bandkeramik keinen bzw. nur eingeschränkten Feldanbau. Der Anteil an Rindern und Schafen/Ziegen beträgt fast 80 %, was in der Forschung als Indiz für eine nomadisierende Lebensweise gesehen wird. Dagegen herrschte in Süddeutschland um diese Zeit eine Wirtschaftsform mit einer ausgeprägten Jagd-Komponente mit über 40 % Wildtieranteil vor. Nördlich des Verbreitungsgebietes der LBK-Kulturen siedelten Jäger-, Sammler- und Fischergruppen der Ertebølle-Kultur (5300-4100 v. Chr.). Ihre Ernährungsgrundlage war den naturräumlichen Begebenheiten angepasst, besonders an den Küstengebieten; davon zeugen die Jagd auf Robben, die Fischerei und das Sammeln von Muscheln (Neustadt, Rosenhof, Rosenfelde). Erst zu Beginn des 4. Jahrtausends v. Chr. wurde in diesen Gebieten mit Tierhaltung und Pflanzenanbau begonnen. Selbst als hier die neolithische Kultur übernommen wurde, blieb die Nutzung der naturräumlichen Ressourcen erhalten, wie hohe Anteile an Wildtieren und Fischen auf den Fundplätzen Siggeneben-Süd, Bebensee, Wangels, Wolkenwehe, Heidmoor, Bistoft (Schleswig-Holstein) oder Löddeborg (Schonen) es zeigen (etwa 50 % Wildtieranteil). Auch auf benachbarten Fundplätzen der Trichterbecherkultur (TRB) (4200-2800 v. Chr.), z. B. Parchim-Löddigsee, Hüde I, Waren-Stinthorst liegt der Wildtieranteil bei über 80 %. Erst 500 Jahre später scheint sich die agrarische Wirtschaftsweise vollständig im südwestlichen Ostseegebiet durchgesetzt zu haben (NOBIS 1975, 1983, GEHL 1976,

JOHANNSON 1979, ZVELEBIL UND ROWLEY-CONWY 1984, HÜBNER 1988, LEHMKUHL 1989, BENECKE 1994, SCHMÖLCKE 2000, 2006, HEINRICH 2000, EWERSEN 2007).

Haustiere in bandkeramischen Siedlungen

Die Zusammensetzung der Haustierarten in den frühen bandkeramischen Siedlungen gliedert sich im Durchschnitt vergleichsweise einheitlich (55 % Rinder, 33 % Schafe/Ziegen und 12 % Schweine). Im Übergang zur Stichbandkeramik (4900-4500 v. Chr.) ändert sich dies deutlich: Der Anteil an Rindern steigt im Durchschnitt auf 73 % und der der Schweine auf 17,5 %, während der Anteil an Schafen/Ziegen sinkt. Ein ähnliches Bild zeigt sich bei den Funden aus dem Gebiet Kujawiens mit nun 80 % Rindern, 16 % Kleinwiederkäuern und 4 % Schweinen. Auch in Süddeutschland ist der Anteil an Rinderknochen sowohl in bandkeramischen als auch in stichbandkeramischen Zeiten am höchsten. Auffällig sind hier der hohe Anteil an Schweinen, der bis zu 35 % beträgt und der niedrige Anteil an Schafen/Ziegen mit knapp 15 % (ZUSAMMENGEFASST BEI BENECKE 1994).

Mensch-Tier-Beziehung

Die Auswirkungen des Zusammenlebens von Menschen und Tieren zeigten sich auf verschiedenste Weise. Mit den domestizierten Tieren gehen auch große Veränderungen in den materiellen Hinterlassenschaften der Kulturen einher, z. B. in der Religion, den Bräuchen, sogar in der Bauweise von Häusern und Monumenten. So ist hier der Wechsel von temporär sesshaften Jäger- und Sammlerkulturen zu sesshaften oder nomadisierenden Gesellschaften zu beobachten, die von Tierhaltung und Ackerbau geprägt waren. Mit diesen Veränderungen wird heute der Beginn des Neolithikums definiert. Die Menschen bauten massive Häuser von zum Teil über 40 m Länge. Sie verwendeten Beile aus geschliffenem Felsgestein und stellten Keramik her, deren bandförmig um die Gefäße laufende Verzierungsmuster ihrer Kultur den Namen gab. Die Bandkeramiker waren als Bauern auf gute Ackerböden angewiesen, daher besiedelten sie fast ausschließlich auf Lößgebiete mit Schwarzerden. Die domestizierten Tiere haben eine große Bedeutung in den jungsteinzeitlichen Kulturen. Es gibt Theorien, die z. B. die Verbreitung von neolithischen Siedlungen in einer Region auf Großvieheinheiten und auf die zur Verfügung stehende Weidefläche zurückführen. Die Motive bei Kleinplastiken, Zeichnungen, Ritzungen auf Grabmonumenten werden durch Rinder, Schafe, Ziegen und Schweine dominiert. Die Bedeutung der Tiere wird durch die Niederlegung ganzer Individuen unterstrichen. Daher können wir erahnen, dass die kleine Gruppe der Nutztiere einen großen Einfluss auf die geistige Welt der Menschen gehabt haben muss (UERPMANN 1989, BENECKE 1994, GRONENBORN 2006, LÜNING 2000, ZIMMERMANN 2002, ZEDER 2008).

Haustiere im Mittelneolithikum

Im 4. Jahrtausend v. Chr. lässt sich eine deutliche Veränderung feststellen. Es zeigt sich, dass im Mittelneolithikum (4300-3500 v. Chr.) die Wirtschaftsweise in noch stärkerem Umfang auf der Haltung von Rindern basiert. Zudem nimmt die Bedeutung der Schweinehaltung zu, während die Haltung von Schafen und Ziegen zurückgeht. So wird die Nutzung der Erdwerke und Grabenanlagen, die seit linienbandkeramischen Zeiten entstanden sind, mit der Rinderhaltung in Verbindung gebracht. Diese Anlagen könnten als überdimensionierte Viehpferche sowohl zum Schutz der Äcker als auch zum Schutz vor Einkreuzungen mit wilden Rindern (Uren), als Handelsplatz oder als Versammlungsplatz mit Bezug auf rituelle Handlungen gedient haben, in denen Rinder eine Rolle spielten (z. B. Beusterburg, Niedersachsen). Allerdings ist diese Art der Nutzung der Erdwerke noch zu diskutieren. Weitere Nutzungsmöglichkeiten sind vielfältig; sie reichen von Versammlungsplätzen bis zu einer militärischen Nutzung (Calden) (BENECKE 1994, GESCHWINDE 2010, HESKE UND GREFEN-PETERS 2010).

Haustiere im Spätneolithikum

Das Spätneolithikum (3500-2300 v. Chr.) wurde im mitteleuropäischen Tiefland von der Trichterbecher-Kultur (TRB) geprägt. Hier konnte eine Ausweitung der Schweine-, Ziegen- und Schafhaltung beobachtet werden, wobei die Rinderhaltung weiterhin Grundlage der Wirtschaft blieb. Allerdings unterliegen die Fundzusammensetzungen stärkeren lokalen Schwankungen. So zeigen in der Frühphase die Trichterbechersiedlungen der Küstengebiete Schleswig-Holsteins und Dänemarks eine Zusammensetzung aus 48 % an Rindern, 40 % an Schweinen und 12 % an Schafen/Ziegen. In der Spätphase nimmt der Anteil der Rinder zu und der der Schweine ab. Die Tierwirtschaft des Rheinmündungsgebietes ist ähnlich gegliedert wie die der TRB-Plätze Schleswig-Holsteins und Dänemarks (LÜTTSCHWAGER 1967, NOBIS 1975, 1983, ZVELEBIL UND ROWLEY-CONWY 1984, BENECKE 1994, SCHMÖLCKE 2000, 2006, HEINRICH 2000, EWERSEN 2007).

Urdomestikation in Mitteleuropa?

Die Frage nach der Domestikation ist entscheidend, um den Neolithisierungsprozess zu verstehen. Eine sekundäre Domestikation der Wildtierarten, die in Europa, Nordafrika und Asien vorkommen, wie der Ure und Wildschweine, könnte möglich sein, sodass für Rind und Schwein, sowie für das viel später domestizierte Pferd, eine polytope Domestikation infrage kommt.

Der Prozess der Ausbreitung der bandkeramischen Kultur von ihrem Ursprungsgebiet in Südosteuropa nach Nordwesten wird in der Forschung kontrovers diskutiert. Unterschiedliche

Szenarien sind vorstellbar. So könnten ganze Familien oder gar ganze Dorfgemeinschaften mit Saatgut und Zuchttieren die Donau hinauf gekommen sein, um neues Land zu kolonisieren. Denkbar sind auch Szenarien mit wenigen Einwanderern, die den lokalen Jägern und Sammlern ihr Wissen über Acker- und Hausbau sowie Viehzucht und neue Handwerkstechniken vermittelten. Wie der komplexe Vorgang der Neolithisierung im Detail ausgesehen haben mag, ist bis heute nicht geklärt. Es steht aber fest, dass die Neolithisierung Mitteleuropas das Resultat einer Entwicklung ist, die vor etwa 11.000 Jahren, am Ende der letzten Eiszeit, im Vorderen Orient begann. Nur hier lebten die wilden Vorfahren von Schaf und Ziege, so dass diese Arten hier domestiziert worden sein müssen. Für Hausschwein und Hausrind jedoch ist die Lage weniger eindeutig, denn Wildschweine und Ure, ihre Stammväter, sind auch in unseren Breiten heimisch. Eine lokale Domestikation durch die bandkeramischen Bauern wäre also durchaus möglich (UERPMANN 1989, BENECKE 1994, TRESSET UND VIGNE 2007).

Rinder

Die ältesten morphologisch klar abzugrenzenden Hausrinder in Mitteleuropa stammen aus der Starčevo Kultur im Karpatenbecken (Szajol-Felsőföld) (UERPMANN 1989, BENECKE 1994). Diese Rinder zeigen schon eine deutlich geringere Körpergröße von etwa 80 % der Wildform. Die Rinder der nachfolgenden bandkeramischen Siedlungen Mitteldeutschlands und Kujawiens sowie die bandkeramisch-rössenzeitlichen Siedlungen Süddeutschlands schließen sich morphologisch eng an die Populationen im Karpatenbecken an. Lokale Domestikationen oder Einkreuzungen spielten bei der Ausbreitung der Rinderhaltung im mitteleuropäischen Gebiet offenbar keine oder eine nur sehr geringe Rolle. Die immensen Größen- und Wuchsformunterschiede zwischen den unabhängigen Populationen des Urs und den frühneolithischen Hausrindern weisen darauf hin, dass sich diese aus einer schon in einem fortgeschrittenen Domestikationsstadium befindlichen Rinderpopulation entwickelt haben. Dieses passt gut zu den Befunden, dass Funde von Rindern in der Levante schon eine Größenverminderung aufweisen und damit eine entwickelte Domestikation. Die Hausrinder sind im Vergleich zu den Uren in der Proportionierung des Postcranialskeletts signifikant breitwüchsiger. Die größere Breitwüchsigkeit von Hausrindern setzt sich auch im Mittel- und Spätneolithikum fort. Wahrscheinlich scheint dies ein typisches Domestikationsmerkmal zu sein. Anhand des fehlenden, sonst ausgeprägten Geschlechtsdimorphismus (Größenunterschied zwischen männlichen und weiblichen Tieren) liegt es nahe, dass die Praxis der Kastration, ein beliebtes Mittel zur Fortpflanzungskontrolle und zur physiologischen Zähmung, in den bandkeramischen Siedlungen bekannt war. Neue

molekularbiologische Forschungsansätze helfen in diesen Fragen weiter: Genetische Untersuchungen des Erbgutes moderner wie jungsteinzeitlicher Rinder zeigen, dass unser heutiges Hausrind tatsächlich vor etwa 10.000 Jahren im Nahen Osten domestiziert wurde. Eine spätere Einkreuzung einheimischer Auerochsen fand wohl nur noch in Einzelfällen – ob absichtlich oder unabsichtlich ist ungeklärt – statt. Isotopenanalysen geben Hinweise auf komplexe Weidestrategien, wie den Wechsel zwischen Sommer- und Winterweiden oder eine mögliche Aufstallung (Vaihingen) (UERPMANN 1989, DÖHLE 1990, BENECKE 1994, BOLLONGINO 2005, EDWARDS ET AL. 2011, TRESSET UND VIGNE 2007).

Schweine

Die ersten Schweine Mitteleuropas, die einen signifikanten Größenunterschied zu den Wildschweinen aufweisen, sind diejenigen aus den bandkeramischen Siedlungen Mitteldeutschlands. Im Durchschnitt sind die Tiere um 25 % kleiner (errechnet an der distalen Breite von Humerus und Tibia) als ihre wilden Artgenossen. Bis in das Spätneolithikum verändern sich die Größe und das Verhältnis dieser zu ihren wilden Artgenossen kaum. Anders als bei den Rindern gibt es starke regionale Schwankungen in der Größe. Ausnahmen bilden hier die Fundstelle Twann in der Schweiz mit kleinwüchsigen oder Ehrenstein im Alb-Donau-Kreis mit besonders großen Haus- und Wildschweinen. Wichtig für die Frage zur Unterscheidung zwischen domestizierten und wilden Tieren ist daher der relative Größenunterschied innerhalb einer Region. Eine Sonderstellung nehmen die Schweine der Grübchenkeramischen Kulturen (3000-2300 v. Chr.) in Mittel- und Südschweden ein. Sie sind nur wenig kleiner als die Wildtiere. Erst in der Bronzezeit (2300-1200 v. Chr.) finden wir hier eine stärkere Größenreduktion der Hausschweine. Der Größenunterschied bei Schweinen hängt stark von nahrungsökologischen Faktoren ab, so z. B. bei unterschiedlich gut ernährten Tieren. Aber auch Geschlechterunterschiede zwischen relativ großen männlichen und kleinen weiblichen Tieren verfälschen das Bild. Erst sehr viel später im Laufe des Domestikationsprozesses treten auch gravierende morphologische Veränderungen in der Gestalt der Schweine auf, z. B. die Veränderung der Form des Schädels oder der Eckzähne (UERPMANN 1989, DÖHLE 1990, BENECKE 1994, ALBARELLA 2007, TRESSET UND VIGNE 2007, ALBARELLA 2010).

1.2.3. Frühmittelalter Nordeuropas

Der zweite Abschnitt in der Arbeit ist ein synchrones Thema. Es soll den Zeitbereich des Frühmittelalters in Norddeutschland abdecken und somit ein klareres Bild über das Zusammenleben von Mensch und Schwein und über die kulturell-wirtschaftliche Bedeutung des Schweins liefern.

Eine der ersten schriftlichen Erwähnung der heutigen Landesteile Schleswig-Holsteins finden wir bei Adam von Bremen um 1076:

„Transalbianorum Saxonum populi sunt tres. Primi ad oceanum sunt Tedmarsgoi, et eorum ecclesia mater in Melindorp. Secundi Holcetae, dicti a silvis, quas accolunt; eos Sturia flumen interluit, ecclesia Scanafeld. Tercii et nobiliores Sturmarii dicuntur, eo quod seditionibus ea gens frequens agitur. Inter quos metropolis Hammaburg caput extollit, olim viris et armis potens, agro et frugibus felix.“

Übersetzt: *„Es gibt drei nordelbische Sachsenstämme: erstens die Dithmarscher, sie wohnen am Meere, und ihre Mutterkirche steht in Meldorf. Zweitens die Holsten: sie heißen nach den Holzungen, in deren Nähe sie sitzen; durch ihren Gau fließen die Stör; ihre Kirche ist Schenefeld. Der dritte und edelste Stamm heißt Stormarn, weil dieser Gau häufig von Stürmen der Unruhe ergriffen wird. In seiner Mitte erhebt die Mutterkirche Hammaburg ihr Haupt, die früher reich war an Männern und Waffen, ergiebig an Land und Früchten.“* (Adam von Bremen, II, Kap. 17. (Übersetzung Werner Trillmich, Quellen des 9. und 11. Jahrhunderts zur Geschichte der Hamburgischen Kirche und des Reiches Darmstadt 2002).

Schon in dieser Beschreibung finden wir Hinweise darauf, dass das Gebiet des heutigen Schleswig-Holstein im Mittelalter durch unterschiedliche Ethnien bewohnt war. So lassen sich nicht nur verschiedene Stämme von Sachsen archäologisch nachweisen, sondern auch deren direkte Nachbarschaft zu Slawen und Dänen und Friesen. Ab 700 n. Chr. finden wir Spuren slawischer Besiedlung in dem südöstlichen Teil Holsteins. Im Landesteil Schleswig konsolidierte sich eine dänische Bevölkerung an der Schlei. Im Nordseeküstenraum waren Friesen eingewandert. Zuletzt scheint am Ende des 8. Jahrhunderts der Raum der nordelbischen Sachsen in die fränkische Sphäre einbezogen und der westliche Teil Holsteins bis zur Eider um 810 dem fränkischen Reich einverleibt zu sein. So finden wir bei Adam von Bremen den Grenzverlauf zwischen Sachsen und Slawen wie folgt in der *Gesta Hammaburgensis ecclesiae pontificum* beschrieben: *„Hoc est ab Albiae ripa orientali usque ad rivulum quem Sclavi Mescenreiza vocant, a quo sursum limes currit per silvam Delvunder usque in fluvium Delvundam; sicque pervenit in Horchenbici et Bilenispring; inde ad*

Liudwinestein et Wispircon et Birznig progreditur. Tunc in Horbinstenon vadit usque in Travena silvam, sursumque per ipsam in Bulilunkin; mox in Agrimeshov, et recto ad vadum, quod dicitur Agrimeswidil, ascendit. Ubi et Burwido fecit duellum contra campionem Sclavorum, interfecitque eum: et lapis in eodem loco positus est in memoriam. Ab eadem igitur aqua sursum procurrens terminus in stagnum Colse vadit; sicque ad orientalem campum venit Zuentifeld, usque in ipsum flumen Zuentinam, per quem limes Saxoniae usque in pelagus Scythicum et mare quod vocant orientale delabitur.”

Übersetzt: „Vom Ostufer der Elbe bis zu dem Fließchen, das die Slawen Mescenreiza nennen. Oben trennt sich der Limes von ihm und verläuft im Delvenauwalde bis an die Delvenau. Von ihr kommt man an die Hornbek (heute Hornbeker Mühlenbach) und an die Billequelle. Von da geht man weiter zum Liudwinestein, nach Wispircon und die Birznig. Dann läuft sie auf die Sumpfbeste bis zum Travewald und aufwärts durch diesen zur Blunk-Niederung. Dann führt sie zum Ackerrandwald und steigt geradewegs an bis zur Furt über den Ackerrandbach. Dort bestand Burwido einen Zweikampf gegen einen Slawenkämpfer, den er tötete. Hier steht ein Gedenkstein. Von diesem Gewässer weg läuft die Grenze oben und fällt in den Stocksee ab. Dann kommt man an das östliche Schwentinefeld und an die Schwentine selbst. An ihr läuft die Sachsendgrenze aus in Skytenmeer und Ostsee. (Adam von Bremen, II, Kap. 15b. (Übersetzung Werner Trillmich, Quellen des 9. und 11. Jahrhunderts zur Geschichte der Hamburgischen Kirche und des Reiches Darmstadt 2002). Der Verlauf des Limes Saxoniae, der nordelbischen Grenze Sachsens zu den Abodriten, folgte damit den naturräumlichen

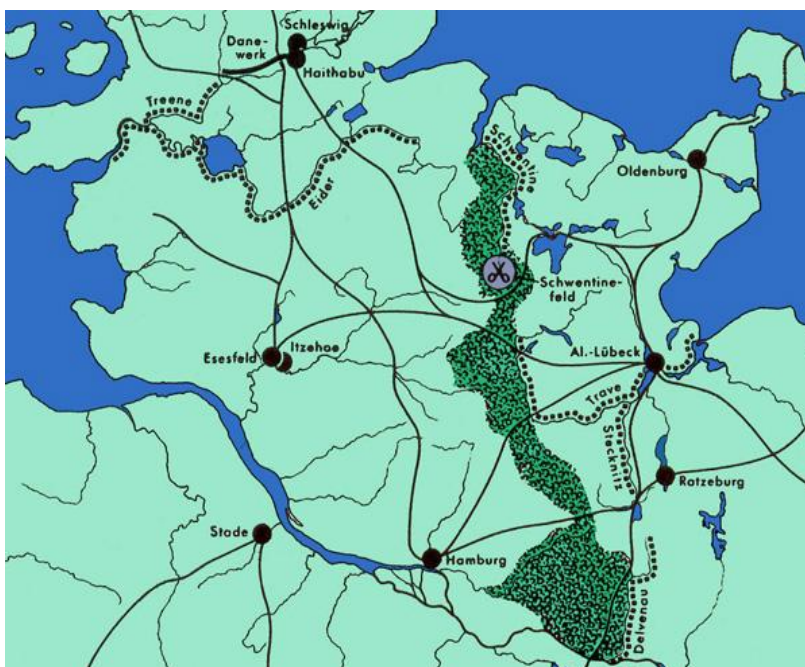


Abb. 3, Verlauf der wichtigsten politischen bzw. kulturellen Grenzen in Schleswig-Holstein.

Hindernissen wie Flüssen, Seen, Sümpfen und unwegsamen Wäldern. Auch einen direkten Bezug auf Burganlagen entlang dieser Grenze konnte bis heute nicht erbracht werden. Es scheint, dass diese Grenze im Gegensatz zu den scharf umrissenen römischen Limites eine offene, bewegliche und nicht scharf definierte Grenzregion war. Der Verlauf der Grenze

wurde vermutlich von Karl dem Großen bei seinem letzten Aufenthalt in Norddeutschland (810/11) durch einen Vertrag mit den Abodriten festgelegt. Zu derselben Zeit wurde auch die nördliche Reichsgrenze entlang der Eider und des Danewerks festgelegt (Abb. 3). Damit fiel ein Teil des vorher an die Abodriten übergebenen Gebietes an das fränkische Reich zurück. Dieses ermöglichte auf einem kleinen Landstreifen den direkten Zugang zur Ostsee zwischen der Levensau und der Schwentine. Der offene Grenzverlauf hatte zur Folge, dass es häufiger zu Eroberungen oder Überfällen auf beiden Seiten des Limes kam. So drangen die Abodriten 1066 und 1072 bis Hamburg vor und zerstörten die Stadt. Im Winter 1138/1139 wurden die Slawen durch die Sachsen unter Heinrich von Badewide besiegt. Danach begann die Christianisierung und Besiedlung von Ostholstein durch Holländer, Flamen, Friesen und Westfalen im Auftrag der Grafen von Schauenburg und Holstein.

Der Baubeginn von Burgen bzw. befestigten Anlagen scheint in das 8. und 9. Jahrhundert zu fallen und damit in die Zeit der ethnischen Umgruppierungen und der Grenzbildung. Dabei ist eine Grenze sowohl als Trennungs- wie auch als eine Kontaktzone zu verstehen. Schon im Frühmittelalter und Hochmittelalter (8.-12. Jahrhundert n. Chr.) entstehen mehr als 50 befestigte Anlagen in Schleswig-Holstein. Beiderseits der Grenzlinien unterscheidet sich der vorherrschende Grundrisstyp kaum. Es handelt sich um einfache Ringwallanlagen mit einem durchschnittlichen Innendurchmesser von 80-100 m, die Form passt sich häufig naturräumlichen Begebenheiten an und nutzt deren fortifikatorische Eigenschaft (Flüsse, natürliche Abhänge etc.). Bei einigen sächsischen Burgen sind Vorwälle und eine Vorburg nachweisbar. Die Verteilung der Burgen deutet darauf hin, dass es sich nicht um direkte Grenzposten entlang des Limes handelte, so stehen sich sächsische und slawische Burgen nicht direkt gegenüber.

Bekannt ist, dass die Franken im Jahr 734 das friesische Königreich eroberten und dieses unter dem König Bubo eine Niederlage am Fluß Boorne erlitt. Gesichert ist, dass den Franken eine große politische-militärische Kraft entgegen traf. Diese kann nur entstanden sein, wenn in den größeren Teilen, zwischen dem westlichen Friesland und dem Zentralfriesland des Königreichs ein politischer Zusammenhang bestand. Bekannt ist außerdem, dass sie eine gemeinsame Sprache und ein gemeinsames Recht, das Lex Frisionum, niedergeschrieben 802/3, besaßen. Der Zusammenhang mit den Ostfriesen westlich der Weser und den Nordfriesen an der Küste Schleswig-Holsteins, die im 7. Jahrhundert kolonisiert wurden, bestand vielleicht ethnisch aber sicherlich nicht politisch; dafür gehörten südlich des Rheins auch Nicht-Friesen in „Frisia Citerior“ (erobert von Radbod von den Franken ca. 650 n. Chr.) dazu.

Es wird als sicher angenommen, dass die Friesen eine maritime Gesellschaft aus Zentralfriesland waren. So konnte ein Netzwerk durch Schifffahrt und - vermutlich - durch angelsächsische Kriegsanführer ab dem 5. Jh. entstehen, das politische Hierarchien und Zuständigkeiten hinterließ, was zu der Siedlungsgröße Zentralfrieslands und dessen Reichtum führte.

Zum Verhältnis von Ackerbau und Tierhaltung liefern archäozoologische und botanische Untersuchungen ein gutes Bild. Der Ackerbau gewinnt nach dem 5. Jh. an Bedeutung (LANGE 1976, DONAT UND LANGE 1983, BENECKE 1994). In dieser Phase ist auch ein Wandel in der Zusammensetzung des Haustierbestandes zu beobachten. In Siedlungen, in denen ein hoher Anteil an Ackerbau zu beobachten ist, steigt der Schweineanteil gegenüber den Wiederkäuern an (BENECKE 1994). Allgemein ist im Frühmittelalter eine Zunahme der Schweinehaltung zu beobachten. In Schleswig-Holstein beträgt der Wildtieranteil durchschnittlich weniger als 5 % in den Siedlungen, Ausnahmen bilden hier Burgen (z. B. Bischofswarder) mit einem erhöhten Anteil an Jagdwild.

Die archäozoologischen Befunde zur Zusammensetzung der frühmittelalterlichen Haustierfauna in Mitteleuropa und Südkandinavien weisen auf grundlegende Strukturveränderungen in der Tierhaltung im Vergleich zu den vorangegangenen Perioden hin. In vielen Gebieten ist jetzt das Schwein das häufigste Haustier, während vorher das Rind unter den Faunenresten dominierte (BENECKE 1994). Allgemein kann die Intensivierung der Schweinehaltung als charakteristisches Kennzeichen der Haustierwirtschaft im frühen Mittelalter angesehen werden. Daneben nimmt im Laufe des 7. bis 10. Jh.s n. Chr. die Geflügelhaltung weiter an Bedeutung zu.

Wie in den vorangegangenen Perioden lassen sich auch in diesem Zeitabschnitt erhebliche regionale Unterschiede in der Zusammensetzung der Haustierfauna beobachten. Eine besondere Situation bestand dabei in den Küstengebieten von Nord- und Ostsee sowie auf den Inseln der südlichen Ostsee. Hier bildete die Rinder- und die Schafhaltung auch im frühen Mittelalter die wesentliche Grundlage der Tierwirtschaft. Im Gegensatz zum mitteleuropäischen Binnenland hat sich danach die Zusammensetzung des Tierbestandes in den Küstenlandschaften bzw. auf den Ostseeinseln im Vergleich zu den vorangegangenen Perioden kaum verändert (BENECKE 1994).

Aus den Knochenfunden ergibt sich, dass in Schleswig-Holstein das Schwein mit 44 % des Viehbestandes das häufigste Haustier ist. Im Vergleich zur Römischen Kaiserzeit hat sich dessen Anteil etwa verdreifacht. Die sich östlich an Schleswig-Holstein anschließenden, slawisch besiedelten Gebiete Mecklenburgs und Pommerns weisen in der Zusammensetzung

des Haustierbestandes weitgehend ähnliche Verhältnisse auf. Es konnte auch gezeigt werden, dass erhebliche Größendifferenzen zwischen zeitgleichen Schweinepopulationen in Schleswig-Holstein bestehen. So sind Schweine aus den slawischen Burgen Bischofswarder und Scharsdorf deutlich großwüchsiger als jene aus der Wikinger-Siedlung Haithabu (BENECKE 1994).

Die Schweinehaltung stand fast ausschließlich im Dienst der Fleisch- und Fetterzeugung. Wie die Befunde zur relativen Häufigkeit der Wirtschaftshaustiere zeigen, hatten Schweine vor allem im frühen und hohen Mittelalter einen großen Anteil daran. Aus der Alterszusammensetzung am Fundmaterial aus mittelalterlichen Siedlungen ergibt sich, dass man die Schweine überwiegend im zweiten und dritten Lebensjahr geschlachtet hat. Ähnlich wie bei Landschweinen des 19. Jh.s wurden in diesem Alter offenbar die höchsten Mastleistungen erzielt. Über drei Jahre alte Tiere dienten dann vor allem der Nachzucht (MÜLLER 1989, 1992). Ein Vergleich von Alters- und Geschlechtsangaben lässt erhebliche Abweichungen in der Zusammensetzung der Schweinebestände zwischen verschiedenen mittelalterlichen Fundserien erkennen. Dies kann zu einem gewissen Teil mit Unterschieden in Funktion bzw. Charakter der verglichenen Siedlungen erklärt werden. So zeichnen sich ländliche Siedlungen in der Regel durch ein nahezu ausgeglichenes Geschlechterverhältnis unter den Schweinen aus, wie es für eine ortsständige, geregelte Schweinehaltung und -zucht zu erwarten ist. Dagegen weisen Knochenfunde vom Schwein aus zahlreichen Burg- und Stadtsiedlungen einen überdurchschnittlichen hohen Anteil männlicher Tiere auf. Da mittelalterliche Städte und Burgen eher als Orte des Verbrauchs denn der Erzeugung landwirtschaftlicher Produkte anzusehen sind, kann die starke Präsenz von subadulten bis jugadulten Ebern mit der Belieferung bzw. der Einfuhr von Schlachtschweinen in diese Siedlung sinnvoll erklärt werden. Für das slawische Gebiet ließ sich anhand von Befunden zur Altersgliederung und zum Geschlechterverhältnis an Schweineknöcheln zeigen, dass erst im Übergang zur jungslawischen Zeit Burgen zunehmend mit Schweinen beliefert wurden, während vordem die Schweinehaltung noch weitgehend in den Burgen selbst erfolgte (BENECKE 1988, MÜLLER 1989, 1992). Auch in der Entwicklung der mittelalterlichen Städte treten diesbezüglich Wandlungen auf. Wie am Fundmaterial aus Schleswig demonstriert werden kann, nimmt der Anteil männlicher Schweine vom 11. bis zum 14. Jh. kontinuierlich zu (HÜSTER 1990). In Verbindung mit anderen Befunden weisen diese Ergebnisse darauf hin, dass in der Frühphase von Schleswig die Bewohner die Schweine noch weitgehend selbst hielten und die Schweinehaltung erst in der Folgezeit zunehmend durch die Einfuhr von Schlachtschweinen abgelöst wurde. Als auslösendes Moment kommt die aus Schriftquellen

bekannte Reglementierung der Schweinehaltung in mittelalterlichen Städten infolge der Befestigung von Straßen und der Anlage von Abwassersystemen in Frage (HÜSTER 1990). Das Fundmaterial weist daneben auch auf ethnische Unterschiede in der Praxis der Schweinehaltung hin. So ist im fränkisch-deutschen Fundmaterial häufig die Gruppe der subadulten Tiere besonders stark vertreten, während unter Schweineknöcheln aus slawischen Siedlungen in der Regel die adulten Tiere dominieren. In der slawischen Schweinehaltung wurden offenbar die meisten Tiere mindestens einmal zur Zucht verwendet, bevor sie geschlachtet wurden, während im fränkisch-deutschen Gebiet ein deutlich geringerer Teil der Schweine tatsächlich zur Zucht kam. Die meisten Tiere sind hier noch vor Erreichen der Zuchttauglichkeit geschlachtet worden. Darin deuten sich Parallelen zur römischen Schweinehaltung an (BENECKE 1994).

Ein Vergleich zwischen verschiedenen Siedlungstypen hinsichtlich des Anteils an Schweinen lässt wiederum deutliche funktionale Unterschiede erkennen. Noch relativ häufig sind Schweine im Fundmaterial aus frühstädtischen Siedlungen bzw. Städten sowie Burgen vertreten, während im ländlichen Bereich die Schweinehaltung im Vergleich zum Frühmittelalter etwas stärker zurückgegangen ist.

Wie oben ausgeführt, ist es wichtig, sowohl die Domestikation als auch das Zusammenleben zwischen Schwein und Mensch stärker zu beleuchten. Eine gute Möglichkeit dazu bietet uns die Analyse genetischen Materials. Dabei ist es nötig, naturwissenschaftliche und archäologische Fragestellungen zu kombinieren und auch wissenschaftliche Interpretationen nicht außer Acht zu lassen.

Die aktuellen Bestände des Europäischen Wildschweins (*Sus scrofa*) in Europa sind ein Ergebnis von verschiedensten Ereignissen, die die Entwicklung und Ausbreitung der Spezies mehr oder weniger nachhaltig beeinflusst haben. Wie die meisten Säugetiere Europas erfuhr der Lebensraum der Wildschweine während der letzten Eiszeit eine enorme geografische Kontraktion. Ihr Vorkommen war auf wenige Refugien reduziert. Die darauffolgende Klimaerwärmung und die abschmelzenden Gletscher führten zu einer Wiedereroberung des Kontinents.

Mit der einsetzenden Phase der Domestikation konzentrierte sich das Interesse des Menschen weniger auf die Wildpopulationen, als viel mehr auf die Züchtung und Nutzung von Hausschweinen, wodurch eine Vielzahl von verschiedenen Rassen in Europa und Asien hervorgebracht wurden. Aus kulturellen Gründen wurden Wildbestände zu Beginn der Zeitrechnung wieder verstärkt bejagt. Nicht der Nahrungserwerb sondern in erster Linie die Erlangung von Trophäen standen im Vordergrund, so dass eine selektive Auswahl getroffen

wurde. Mancherorts nahm die Jagd, die überwiegend dem Adelsstand vorbehalten war, so sehr überhand, dass die Bestände stark dezimiert wurden und mit Nachzuchtungen in Gehegen und Aussetzung von Tieren gegengesteuert werden musste.

1.3. Genetische und biologische Grundlagen

1.3.1. Das Schwein (*Sus scrofa*)

Alle heutigen domestizierten Schweine stammen vom Wildschwein *Sus scrofa* ab. Das Europäische Wildschwein gehört zur Gruppe der Paarhufer (*Artiodactyla*), die mit der Gruppe der *Cetacea* in das Taxon *Cetartiodactyla* eingeordnet werden. Innerhalb der Paarhufer bilden die Gruppe der *Neoselenodontia* (Kamele und Wiederkäuer) und die der *Neobunodontier* (schweinartige Tiere), die sich einerseits die Gruppe der Flusspferde (*Hippopotamidae*), andererseits die Gruppe der Schweineartigen teilen, Schwestergruppen. Die Gruppe der Schweineartigen umfasst die Nabelschweine (*Tayassuidae*, Pekaris) und die Echten Schweine (*Suidae*) (HENDRICHS UND FREY 2004, GROVES UND GRUBB 1993). Sieben Arten bilden in Europa und Asien die rezenten Vertreter der Gattung *Sus* (*Sus scrofa*, *S. salvanius*, *S. verrucosus*, *S. barbatus*, *S. philippensis*, *S. cebifrons*, *S. celebensis*), sowie eine Art in der Gattung *Babyrousa* (mit *Babyrousa babyrussa*). Die afrikanischen *Suidae* bilden drei Gattungen mit insgesamt fünf Arten (*Potamochoerus porcus*, *Potamochoerus larvatus*, *Hylochoerus meinertzhageni*, *Phacochoerus africanus*, *Phacochoerus aethiopicus*) (GROVES UND GRUBB 1993) (Abb. 4).

Die Linie der Pekaris, die über den gesamten amerikanischen Kontinent verbreitet sind, trennte sich vor etwa 40 Millionen Jahren von der der echten Schweine, die auf die alte Welt beschränkt blieben (NIETHAMMER UND KRAPP 1986). Vor etwa 3-5 Millionen Jahren erscheint die Gattung *Sus* in Europa (GROVES UND GRUBB 1993) und erfährt mit der Spezies *S. scrofa* eine der häufigsten noch heute lebenden Säugetiere (OLIVER 1993).

Mindestens 17 Unterarten entwickelten sich über die Zeit in Eurasien (OLIVER 1993, GRZIMEK 1979). Diese können in vier größere Gruppen mit einer geografischen Begrenzung und speziellen Körpermerkmalen eingeteilt werden (Östliche, Indische, Indonesische, Westliche Gruppe). Die wichtigsten sind dabei die Beschaffenheit des Fells, die Körpermasse und der Haarkamm auf dem Rücken. Die Westliche Gruppe gliedert sich in mindestens drei Unterarten: *Sus scrofa scrofa* verbreitet über ganz Europa, *S. s. meridionalis* im

Mittelmeergebiet mit den kleinsten Tieren auf Sardinien (40 kg) und *S. s. attila* mit den größten Tieren im Kaukasus (350 kg) (KELM 1938, HERRE 1986, OLIVER 1993). Hierbei lässt sich im Allgemeinen ein Größengefälle von Nordost nach Südwest beobachten (NIETHAMMER UND KRAPP 1986). Innerhalb der Spezies variiert die Chromosomenzahl zwischen $2n = 36$ bis 38 (PORTER 1993). Die Verbreitung in Europa ist stark durch die letzte Eiszeit geprägt, hierbei bilden permafrostfreie Gebiete (z. B. der Balkan, die Iberische Halbinsel, Italien) als wichtige Rückzugsgebiete die bedeutendsten Refugien (SOMMER UND NADACHOWSKI 2006). Wie genau die nacheiszeitliche Ausbreitung der heutigen *Sus scrofa* Populationen verlaufen ist und noch verläuft, ist bis heute nicht eindeutig zu klären (KIRSCHNING 2009). Die nördliche Grenze ist heute bei 64° nördlicher Breite, die südliche Grenze wird durch die Pazifikküste und Nordafrika gebildet (GENOV 1981). In Australien, Nord-, Mittel- und Südamerika sind die Wildschweine durch den Menschen verbreitet worden. Die große Anpassungsfähigkeit und Flexibilität der Schweine sowie die hohe Toleranz gegenüber extremen Temperaturen und die omnivore Lebensweise ermöglichten es ihnen, die unterschiedlichsten Habitate zu besiedeln. So sind sie sowohl in Laub- und Mischwäldern in den gemäßigten Breiten Europas, als auch in Regenwäldern, Halbwüsten, in den Steppen Asiens, in Gebirgen bis Höhen von 4000 m oder heute sogar in Großstädten anzutreffen (GRZIMEK 1979, GROVES UND GRUBB 1993, WESTHEIDE UND RIEGER 2004).

Der Nahrungsbedarf kann vollständig durch pflanzliche Nahrung (Früchte, Blätter, Wurzel),

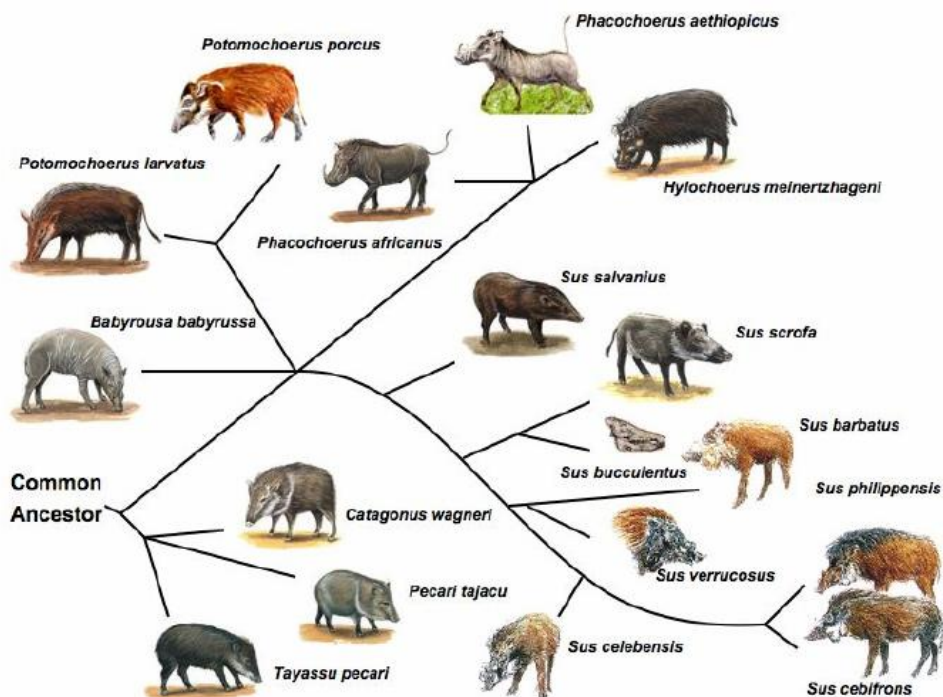


Abb. 4, Suidendiversität und deren phylogenetische Beziehung (NACH RANDI ET AL. 1996, GROVES ET AL. 1997, FOKKINGA 2004, ROBINS ET AL. 2006)

aber auch durch tierische Kost (Insekten, Würmer, Eier, kleine Wirbeltiere, Aas) gedeckt werden. Die Verhaltensweise der Wildschweine ist sehr vielseitig und passt sich dem Habitat an. So kommt es zu Saisonalwanderungen, um aus verschiedenen Habitaten den höchsten Ertrag zu erbeuten (KEULING ET AL. 2008).

Der charakteristische Phänotyp der Wildschweine wird durch die borstenartigen Haare, die meist prominente Mähne entlang des Rückens, die nackte extrem bewegliche Rüsselscheibe sowie die ständig wachsenden, wurzellosen Canini geprägt. Letztere sind bei den Keilern (männlichen Tieren) stärker ausgeprägt als bei den Bachen (weiblichen Tieren). Dieser Geschlechtsdimorphismus spiegelt sich auch in der Gesamtgröße der Tiere wider, wobei die Bachen im Durchschnitt 5-12 % kleiner sind als die Keiler. Auch das Ernährungsangebot hat einen großen Einfluss auf die Größe der Tiere. So kann das Gewicht von Keilern zwischen 50 bis 350 kg, die Körperhöhe zwischen 55 bis 110 cm und die Kopfrumpflänge zwischen 44-180 cm schwanken (NIETHAMMER UND KRAPP 1986, OLIVER 1993, WESTHEIDE UND RIEGER 2004). Diese großen Variabilitäten erschweren es, Schweineknochenfunde aus archäologischem Kontext klar zu bestimmen. So können Geschlecht und Status (domestiziert/wild) nicht an allen Skelettelementen zuverlässig bestimmt werden.

Wildschweine treten meistens als Rotten auf, die aus einer oder mehreren Generationen von Bachen mit ihren Frischlingen (Jungen) und den Überläufern (einjährige Jungtiere) bestehen kann. Dabei führt die älteste Bache die gesamte Rotte (OLIVER 1993, OPHOVEN 2005). Die älteren Keiler leben zumeist solitär oder in kleineren Verbänden getrennt von der Rotte. In der einmonatigen Paarungszeit, beginnend Mitte Dezember, schließen sich die Keiler einer Rotte an und verteidigen diese gegen Nebenbuhler. Im Durchschnitt begattet ein Keiler drei bis acht Bachen. Die Geschlechtsreife kann bei Bachen abhängig vom Körpergewicht (ab 25 bis 30 kg) und Nahrungsangebot schon im Alter von acht bis zehn Monaten eintreten (HESPELER 2004). Kommt es in der Rauschzeit nicht zur Befruchtung, wird die Bache nach etwa drei Wochen erneut empfängsbereit. Nach 114 bis 140 Tagen werden in einem Wurfkessel, abgeschieden von der Rotte, im Schnitt fünf bis sechs Frischlinge geboren, selten zehn oder mehr. Die Lebenserwartung eines Schweines liegt bei der Geburt im Durchschnitt zwischen 2 und 9 Jahren, sie kann aber in Gefangenschaft sogar 30 Jahre betragen (NIETHAMMER UND KRAPP 1986). Eine exakte Populationsdichte ist aufgrund ihrer Heimlichkeit und einer hohen Mobilität nur sehr grob zu ermitteln und liegt in Europa bei 5, in Asien zwischen 27 bis 72 Individuen pro km². Zwar verhalten sich Wildschweine territorial, doch sind die Grenzen nicht starr. Nächtliche Wanderungsbewegungen von 10 km sind nicht ungewöhnlich. (SODEIKAT UND POHLMAYER 2003, KEULING ET AL. 2007). Dabei zeigen die Überläufer ein

besonders starkes Wanderungsverhalten im Gegensatz zu dem der Bachen/Rotten, die eher ortskonstant bleiben. So kommt es häufig vor, dass Wildschweine in ihrer Lebensspanne Gebiete besiedeln, die 250 km entfernt von ihrem Geburtsort liegen (NIETHAMMER UND KRAPP 1986, OLIVER 1993).

Mit der wachsenden Bevölkerungszahl des Menschen stieg auch die Nachfrage nach Fleisch, so dass der Kontakt zwischen domestizierten und wilden Tieren aufgrund der extensiven Schweinehaltung zunahm und mancherorts noch bis heute andauert.

1.3.2. Mitochondriales Genom und nukleäre Markersysteme

In tierischen Zellen findet sich die DNA in zwei Zellbestandteilen, zum einen im Kern oder Nucleus (nDNA) und zum anderen in den Mitochondrien (mtDNA). Die nDNA liegt nur in einer Kopie in der Zelle vor, dagegen ist die mtDNA häufig in unterschiedlicher Kopienzahl vorhanden, meist in Abhängigkeit vom Typ des Gewebes (ROBIN UND WONG 1988).

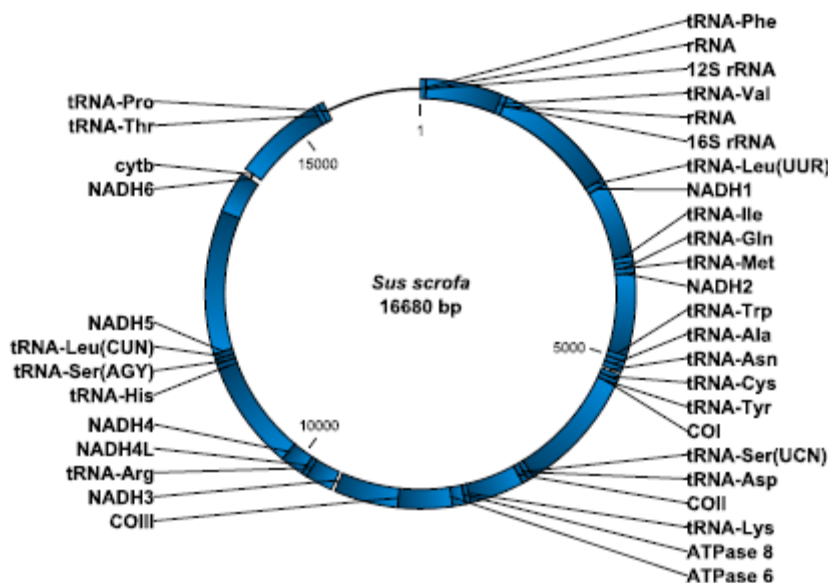


Abb. 5, Mitochondriales Genom des Schweins mit der Lage der kodierenden und nicht kodierenden Bereiche.

Abhängig vom Gewebetyp finden sich tausende von Mitochondrien und damit Kopien der mtDNA in einer Zelle (BOGENHAGEN UND CLAYTON 1974, LIGHTOWLERS ET AL. 1997). Die mtDNA ist assoziiert mit einer kleinen Anzahl an Proteinen. Die Mitochondrien bilden

das „Kraftwerk“ der Zelle, wobei durch die konstante ATP-(Adenosintriphosphat) Produktion durch oxidative Phosphorylation und deren Beiprodukte, die reactive oxygen species (ROS) und freie Radikale ein hochgradig oxidatives Milieu gebildet wird, was DNA-Schäden verursachen kann. Dies führt zu einer erhöhten Mutationsrate im mt-Genom gegenüber dem nukleären Genom.

Das Genom der meisten Schweinerassen ist mit 18 Autosomen und den zwei Geschlechtschromosomen (X und Y) annähernd so groß wie das menschliche Genom (2,7 Gb). Das mitochondriale Schweine-Genom hat 16680 bp (Abb. 5). Bis jetzt sind etwa 50 % des gesamten und über 70 % der kodierenden Bereiche des aus dem Kern stammenden Schweine-Genomes sequenziert und in Datenbanken zugänglich (CHEN ET AL. 2007, PIGGENOMPROJECT).

Wie beim menschlichen chromosomalen Genom sind nur rund 5 % hoch konserviert, d.h. die Mutationsrate in diesen Bereichen ist gering. Bei der mtDNA liegt die Mutationsrate für die kodierenden Bereiche bei 5×10^{-6} bis 5×10^{-7} Basen pro Generation von 20 Jahren (PARSONS ET AL. 1997). Dies entspricht 0.025-0.26 Basenaustauschen pro Position pro Million Jahren. Für die nicht kodierenden hypervariablen Regionen I und II (HVR I und HVR II) liegt die Mutationsrate bei 3.6×10^{-6} Basen pro Generation (PAKENDORF UND STONEKING 2005, BROWN ET AL. 1979, INGMAN UND GYLLENSTEN 2001, VIGILANT ET AL. 1991, LUTZ ET AL. 1998, RICHARDS ET AL. 2000) und eine durchschnittliche Gesamtmutationsrate von 3.4×10^{-7} (INGMAN ET AL. 2000).

Mutationen bieten die Möglichkeit einen Organismus zu verändern (Abb. 6). Ohne Mutationen wäre die biologische Diversität und damit eine Evolution nicht möglich. Dabei unterscheidet man zwischen silent mutations, stillen Mutationen, also Mutationen die keinen Aminosäureaustausch bewirken, und Mutationen, die einen Austausch bewirken. Die letzteren

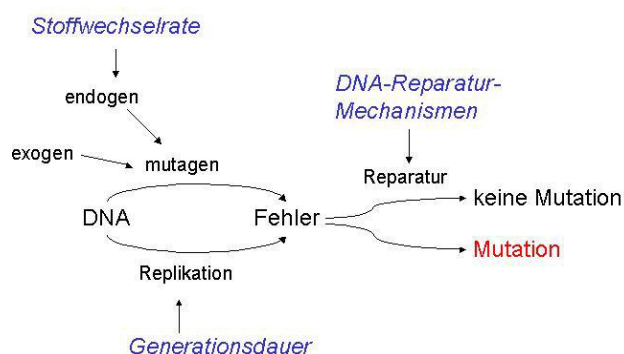


Abb. 6, Übersicht über die Mutations- und Reparaturmechanismen in der Zelle (nach Haak 2006)

führen zu einer Veränderung der kodierten Produkte, wie Enzyme oder Proteine. Durch Unterschiede in Chromosomenzahl, Basenzahl und Basenabfolge erhält so jede Spezies und auch jedes Individuum seine eigene genetische Identität. Zur Unterscheidung von zwei Individuen werden besonders polymorphe Regionen, z. B. Mikrosatelliten herangezogen, wohingegen bei einem Speziesvergleich eher auf konservierte Bereiche, z. B. Gene wie dem Cytochrom b (Cytb), zurückgegriffen wird. Diese Vergleiche bilden die Grundlage der Genetik. Wichtige Bereiche sind hier z. B. die Humangenetik, die Immungenetik, Populationsgenetik, Phylogenetik oder

führen zu einer Veränderung der kodierten Produkte, wie Enzyme oder Proteine. Durch Unterschiede in Chromosomenzahl, Basenzahl und Basenabfolge erhält so jede Spezies und auch jedes Individuum seine eigene genetische Identität. Zur Unterscheidung von zwei Individuen werden besonders polymorphe Regionen, z. B. Mikrosatelliten herangezogen, wohingegen bei einem

die Analyse der Phänotypen (KRINGS ET AL. 1999, JOHNS UND AVISE 1998, VAGE ET AL. 1997, KAYSER ET AL. 2011).

Die wichtigste Analysen-Methode bildet dabei die PCR (Polymerase Chain Reaction) (s.u.), an die z. B. die Fragmentlängenanalyse (Auftrennung der Fragmente nach der Länge), die Restriktionsfragmentlängenanalyse (RFLP-Analyse, Spaltung der Fragmente mit Hilfe sequenzspezifischer Endonucleasen), die Direkt-Sequenzierung (direkte Betrachtung der Basenabfolge) oder die Single Nucleotide Polymorphism (SNP) - Analyse (Analyse von Punktmutationen) anschließen können. Probleme rezenter genetischer Untersuchungen liegen zum einen in ihrem methodischen als auch im analytischen Ansatz. So versuchen populationsgenetische Studien historische Fragestellungen mit modernen Daten zu klären, wobei der zeitliche Ablauf nicht direkt in den Daten ersichtlich ist. Es sind daher nur indirekte Aussagen möglich. Es ist daher nicht möglich, eine hohe zeitliche und geografische Auflösung eines komplexen Vorganges, wie z. B. der Neolithisierung, mit modernen Datensätzen zu erhalten. Hier ist die Archäologie der Genetik noch weit voraus und kann differenzierte Modelle entwickeln. Die Forschung an alter DNA versucht diese Lücke zu schließen. Das große Potential der aDNA liegt darin, den genetischen Status quo direkter an einem beliebigen Punkt in der Vergangenheit zu erfassen. Heute ist nur die aDNA in der Lage, für eine genetische Veränderung einen gesicherten Terminus ante und post quem zu geben. Da die Stichprobengröße bei alter DNA immer reduziert sein wird, folgt, dass Vergleiche mit modernen Untersuchungen statistisch erschwert oder unmöglich sind und noch auf vereinfachte Modelle in der aDNA zurückgegriffen werden muss, die allerdings in den wenigstens Fällen der Realität gerecht werden. Das Design und die Auswahl der Stichprobe sind entscheidend für die Untersuchung von domestizierten Spezies. Die Haltung von Tieren führt zu einer drastischen Reduktion des Genpools. Anders formuliert sind die heutigen Haus- und Nutztiere so divers, dass jede Züchtung/Kleingruppe eine eigene Population/Haplotypen darstellen könnte. So schätzt man, dass jede Woche rund zwei Züchtungen der heute existierenden domestizierten Spezies verloren gehen können (SCHERF 1995). Daher ist das genetische Material einer Vielzahl von Nachfahren durch den Prozess der Domestikation nicht mehr nachweisbar. Deshalb repräsentiert eine bestimmte heutige Population nur das aktuelle Bild, nicht jedoch den Domestikations- und Abstammungsprozess. Die aDNA kann hier zwar einen direkten Einblick in die Prozesse geben, jedoch muss auch hier beachtet werden, dass es sich nur um einen Ausschnitt einer existierenden Genvielfalt handelt.

Das mt-Genom des Schweins ist ein zirkuläres, doppelsträngiges Molekül organisiert in einem schweren guaninreichen Strang und einem leichten cytosinreichen Strang (URSING UND

ARNSON 1998), auf dem sich kodierende Bereiche befinden für eigene ribosomale RNA (rRNA), Transfer-RNA (tRNA) und viele Proteine der Atmungskette (Zitronensäurezyklus). Dreizehn der mitochondrialen Gene sind kodierend für Proteine, weitere 22 Gene für tRNA und zwei rRNAs (ANDERSON ET AL. 1981, PASSARGE 2004).

Ein zweiter Faktor, der bei der Wahl geeigneter genetischer Marker beachtet werden sollte, ist der Vererbungsweg. Grundlegend wird hier unterschieden zwischen diploiden Genomen, die sich zu einem Teil aus dem Genom der Mutter und zum anderen aus dem des Vaters stammen, z. B. den autosomen und den haploiden Genomen, die nur uniparental vererbt werden, z. B. die mtDNA (matrilinear) oder das Y-Chromosom (patrilinear) (SCHWARTZ UND VISSING 2002).

In den meisten populationsgenetischen Studien wird uniparental vererbte DNA untersucht. Die mtDNA bietet sich hier als maternal vererbt besonders an, da sie eine überschaubare Größe besitzt, die darauf kodierten Gene in ihrer Funktion gut beschrieben sind und keine Rekombination erfolgen sollte. Daraus folgt, dass Variationen des Genoms allein aus Mutationen, beeinflusst von evolutiven Kräften wie Selektion und Gendrift, entstehen. Exemplarisch sind hier einige mtDNA basierte Studien genannt: RL. CANN ET AL. (1987) zeigt, dass alle heute lebenden Menschen auf eine gemeinsame Vorfahrin zurückzuführen sind, die vor weniger als 200.000 Jahren in Afrika lebte; S. HUMMEL (2003) führte Untersuchungen des Cytb und anderer konservativerer Abschnitte des Genoms; R. RENNEBERG (2008) zum Zweck der Speziesidentifikation. Ein gutes Beispiel für das breite Spektrum an phylogeografischen Studien ist das Rind. So konnte anhand von aDNA nachgewiesen werden, dass in Süd-Europa eine Einzüchtung afrikanischer Rinder stattgefunden haben muss (BEJA-PERREIRA ET AL. 2006). Anhand der Untersuchung neolithischer Rinder-DNA konnte gezeigt werden, dass ein Unterschied zwischen dem europäischen Wildrind (*Bos primigeminus*) und dem fälschlich als domestiziertes Rind angesprochenen Ur (*Bos taurus*) besteht (BOLLONGINO ET AL. 2003). Es wird deutlich, dass viele Prozesse der Domestikation nicht nur beim Rind weitestgehend unverstanden sind und die aDNA-Analytik einen wichtigen Beitrag zur Klärung der Herkunft und des Ursprungs leisten kann.

Die rein mütterliche Vererbung der mtDNA wurde in den letzten Jahren immer wieder diskutiert (EYRE-WALKER ET AL. 1999, HAGELBERG ET AL. 2000, ZSURKA ET AL. 2005). Viele der Heteroplasmien, also das Vorliegen zweier unterschiedlicher mitochondrialer Genome, konnten häufig auf einen Bearbeitungs- und Analysefehler zurückgeführt werden (MACAULEY ET AL. 1999, KIVISILD UND VILLEMS 2000, KUMAR ET AL. 2000, BANDEL 2005). Aufgrund der geringen Anzahl ist dieses Phänomen ein zu vernachlässigender Faktor bei

populationsgenetischen Fragestellungen. Zudem konnten in parallel geführten unabhängigen Analysen zum Thema Rekombination (INGMAN ET AL. 2000, JORDE UND BAMSHAD 2000, ELSON ET AL. 2001) sowie Datenneubewertungen (PIGANEAU UND EYRE-WALKER 1999) keine Hinweise auf Rekombinationsereignisse der mitochondrialen DNA erbracht werden.

Anders als für das humane mt-Genom gibt es für das Schwein keine einheitliche Nomenklatur. In dieser Arbeit wird das erste publizierte mt-Genom des Schweins als Nomenklaturgrundlage genutzt (URSING UND ANDSON 1998) (Genbank AJ002189). Ansonsten wird an der Nomenklatur für das humane mt-Genom festgehalten.

Mutationen bzw. Polymorphismen haploider DNA, also der mtDNA oder Y-Chromosoms, bestimmen die so genannten Haplotypen. Kombinationen, die in vielen Individuen auftreten, eignen sich, um Cluster, sogenannte Haplogruppen, zu bilden. Diese bilden die Grundlage für eine Vielzahl von Studien der Populationsgenetik (UNDERHILL UND KIVISILD 2007), dies gilt analog auch für Schweine, zu finden bei J. KIRSCHNING (2009), G. LARSON ET AL. (2005, 2007) oder M. SCANDURA ET AL. (2008). Ein weiterer Vorteil der mtDNA ist die hohe Anzahl an Kopien. Dies erhöht die Wahrscheinlichkeit des Überdauerns und damit der Nutzbarkeit für aDNA-Studien. Bei den meisten Studien ist der nichtcodierende Abschnitt des mt-Genoms, die Control Region oder D-Loop (displacement Loop), von Interesse. Hier liegen der Start der Replikation und auch die Promotoren für die Transkription, des Weiteren befinden sich die HVR I und II in diesem Abschnitt. Diese Bereiche besitzen besonders viele Polymorphismen und eine hohe Mutationsrate, wodurch sie zu klassischen Markern der Populationsgenetik wurden. Dies ermöglicht auch den Zugriff auf eine große Menge an Vergleichsdaten. Um möglichst alle Sequenzunterschiede zu erfassen, ist die Methode der Direktsequenzierung von Genomabschnitten die beste Wahl. Zwar basiert ein Großteil der heutigen Studien auf den Daten aus den hypervariablen Regionen, doch zeigt sich, dass es heterogene Substitutionsraten gibt, also Basenpositionen, die häufiger und schneller evolvieren als andere, die die Aussagekraft verfälschen können (MEYER ET AL. 1999). Betroffen sind hier besonders Nukleotidpositionen mit Pyrimidin-Transitionen ($C \leftrightarrow T$). Eine sichere Zuordnung von Haplogruppen kann dadurch erschwert werden, wenn die spezifischen Polymorphismen auf wiederholt mutierenden Nukleotidpositionen (recurrent mutations), so genannten Mutational Hotspots, liegen (STONEKING 2000). Die codierenden Bereiche des mt-Genoms scheinen zudem nicht selektionsneutral zu sein. So konnte D. MISHMAR ET AL. (2003) einen Unterschied in der Variabilität der Gene Cytochrom b, adenosine triphosphate syntase subunit 6 (ATP6) und Cytochrom Oxidase I (COI) in Populationen verschiedener klimatischen Zonen feststellen. Populationen gemäßigter und tropischer Klimazonen zeigen

Variabilität in anderen Genen als Populationen aus arktischen Regionen. Dabei scheint das Klima bzw. die Adaption an bestimmte biogeografische Gebiete einen entscheidenden Selektionsdruck auf die Gene der Atmungskette zu haben (RUIZ-PESINI ET AL. 2004). In der modernen Populationsgenetik geht man dazu über, ganze mt-Genome zu sequenzieren und diese zu vergleichen (BANDELT ET AL. 2003, KONG ET AL. 2003, MACAULAY ET AL. 2005). Leider sind die Schweine anhand des mt-Genoms nicht eindeutig in die Ordnung der Paarhufer einzuordnen (URSING ET AL. 2000). Eine Identifikation von einzelnen Spezies wird nur selten benötigt. Anwendungsgebiete liegen hier bei der Lebensmittelindustrie, dem Zoll und der Forensik (PFEIFFER 2007, KITANO ET AL. 2007, MARIN ET AL. 2007). Auf die aDNA bezogen bietet es sich an, museale oder archäologische Funde genetisch zu identifizieren, um Aussagen über Herstellungsmaterialien, wie z. B. Pergamente aus Rinder- oder Ziegenleder, zu treffen (BURGER ET AL. 2000).

Ergänzend werden die Haplogruppen heute über die Untersuchung von Punktmutationen, also SNPs oder mit Hilfe von RFLPs in der codierenden-Region des Genoms bestätigt oder ermittelt (TORRONI ET AL. 2006, UNDERHILL UND KIVISILD 2007). Je mehr Abschnitte untersucht werden, desto sicherer ist die Zuordnung zu einer bestimmten Haplogruppe bzw. der Nachweis z. B. der Verwandtschaft (ROKAS 2005). Ein SNP kann zudem in kodierenden Bereichen große Auswirkungen haben, z. B. bei der Untersuchung von immungenetisch assoziierten Polymorphismen oder coevolutiven Merkmalen wie der Laktose-Toleranz (SWALLOW 2003). Bei einer entsprechenden Auswahl der Loci können SNPs so ein wichtiges Werkzeug sein, was sich besonders für die aDNA-Forschung eignet, da die zu untersuchenden Abschnitte spezifisch und sehr klein sind (HAAK 2010). In dieser Studie finden die SNP-Analysen und die Direktsequenzierung Anwendung. Es wird auf die Analyse von Mikrosatelliten oder auch STRs in nicht-kodierenden Abschnitten verzichtet, da die zu untersuchenden Abschnitte häufig sehr groß sind und es zudem zu Problemen wie dem allelic Dropout oder Stottern kommen kann, obwohl diese Untersuchungen bei aDNA prinzipiell funktionieren (HUMMEL 2003, HAAK 2010, BRAMANTI 2009). Auch lässt die Fragestellung keine direkten Verwandtschaften von untersuchten Individuen erwarten, so dass die autosomalen STRs für den sogenannten genetischen Fingerabdruck nicht in Betracht kamen. Auch gonosomale STRs wie für das Y-Chromosom entfielen, da für sie und andere in Frage kommende Gene keine Daten zu Frequenzen der untersuchten Schweinepopulationen zur Verfügung standen.

Die uniparental vererbten Marker haben auch Nachteile, da nur jeweils eine Abstammungslinie mütterlich oder väterlich betrachtet wird. So bleiben z. B. Informationen über eventuelle Rückkreuzungen mit wilden Individuen unentdeckt.

Das Potenzial einer Region des mtGenoms für die Bestimmung der Artenverwandtschaft ist unterschiedlich. In der Literatur gelten NADH dehydrogenase subunit 5 (Nd5), Cytb und COI als beste, Nd4, Nd2 als gute Marker, ATP6 dagegen wird aufgrund seiner hohen Konservativität als nicht ausreichend eingestuft (ZARDOYA UND MEYER 1996, RUSSO ET AL. 1996).

Eine Vielzahl von Studien nutzt sowohl Mikrosatellitenanalysen und D-Loop-Sequenzierungen als auch deren Kombination, um die populationsgenetischen Fragen bei einer Vielzahl von Wild- und Haustieren zu klären. Ein Schwerpunkt der Forschung lag auf den Wildschweinpopulationen Europas, so wurden z. B. österreichische Populationen auf Allozym-Polymorphismen untersucht (HARTL UND CSAIKL 1987). Die mitochondriale Kontrollregion wurde in einigen Studien herangezogen, um Fragestellungen zum Domestikationsursprung zu untersuchen (GIUFFRA ET AL. 2000, LARSON ET AL. 2005, 2007, 2010). Die in diesen und weiteren, meist asiatischen Studien ermittelten *D-Loop*-Sequenzen von Wildschweinen, dienten als Grundlage, drei mitochondriale Linien zu unterscheiden, von der eine asiatischen Ursprungs sein soll, eine weitere nur in Italien auftritt und die dritte in ganz Europa beobachtet wurde (LARSON 2005, SCANDURA ET AL. 2008). Dabei wird angenommen, dass die genetische Struktur am stärksten durch den Verlauf der postglazialen Wiederbesiedelung geprägt wurde. Auch die archäologischen Funde in den europäischen Gebieten, in welche sich die Wildschweine während der Eiszeit zurückgezogen haben, gehen mit dieser Hypothese konform (SOMMER UND NADACHOWSKI 2006).

In einigen europäischen Gebieten folgten Analysen von Mikrosatelliten, z. B. in Bulgarien, wo Wildschweinpopulationen aufgrund ihres Größenunterschiedes - große Tiere des Nordens mit kleineren aus den südlichen Bergregionen - untersucht wurden. Dabei wurden die genetischen Unterschiede, die bereits anhand von Allozym-Analysen nachgewiesen wurden und auf verschiedene Subspezies zurückführt, bestätigt (HARTL ET AL. 1993, NIKOLOV ET AL. 2009).

Die in dieser Arbeit relevanten Genorte (Loci) und molekulargenetischen Marker wurden so gewählt, dass sie für die Beantwortung populationsgenetischer Fragestellungen wichtig sind und sich aufgrund ihrer Eigenschaften auch für die Analyse an aDNA eignen sollten. So wurde auf die Analyse von Mikrosatelliten und nDNA, mit Ausnahme von geschlechtsbestimmenden und fellfarbenspezifischen Markern der nDNA, verzichtet.

Zunächst wurden ein Alignment anhand von allen verfügbaren kompletten mt-Genomen (Referenzsequenzen) der Spezies *Sus* aus den Gendatenbanken NCBI (National Center for Biotechnology Information), EMBL (European Molecular Biology Laboratory) und DDBJ (DNA Data Bank of Japan) erstellt (Alignment liegt im PDF Format auf einer CD bei). Anhand dieses Vergleiches und der Literatur wurden danach hoch variable Regionen aus dem mt-Genom ausgewählt.

1.3.3. Identifikation des Phänotyps

Das äußere Erscheinungsbild, morphologische und auch die physiologischen Eigenschaften eines Individuums werden durch ihre Phänotypen beschrieben. In der Systematik und auch in der Archäozoologie werden besonders die morphologischen Unterschiede betrachtet, welche durch den Phänotyp bestimmt werden. Dieser wiederum hängt auch vom Genotyp, also der Gesamtheit aller genetischen Merkmale eines Individuums ab. Die Selektion oder die Evolution wirkt durch die spezifischen Umweltbedingungen direkt auf den Phänotyp (WIESEMÜLLER ET AL. 2002). Eine direkte Verbindung von Phänotyp und Evolution erkannte schon Darwin 1883 in seinem Werk „*The variation of Animals and Plants under Domestication*“. So beschreibt er, dass domestizierte Tiere häufig ein sehr variables Erscheinungsbild aufweisen, welches unter natürlichen Bedingungen letal wäre. Die Vielfalt der Fellfarben, abweichend vom Wildtyp, ist wohl die auffälligste Veränderung im Laufe der Domestikation. Natürliche Evolutionsprozesse können zu einer Fülle von Farbvarianten innerhalb einer Spezies führen, die an die jeweiligen Naturbedingungen angepasst sind, z. B. das weiße Fell des Polarhasen (*Lepus arcticus*) in Grönland oder das Fell des Tundra Schneehasen (*Lepus timidus*), welches einen Farbwechsel vollzieht, so dass es im Winter weiß und den Rest des Jahres graubraun ist. Damit ist die Pigmentierung eines der wichtigsten Adaptationskriterien. Unklar ist allerdings ob dies direkte Effekte der Domestikation sind (BELYAEV 1979, TRAPEZOV 1997) oder ob seltene Farbmutanten bewusst durch den Menschen selektiert wurden. Denn die natürliche Selektion war nicht vorhanden und die fehlende Tarnfarbe beeinträchtigte nicht mehr die Überlebenschancen der Tiere. Ein vorstellbares Szenario wäre, dass der Mensch abweichende Färbungen nutzte, um die eigenen Tiere von Wildtieren einfacher unterscheiden zu können. Es sind aber auch komplexere Gründe wie die Ästhetik oder kulturelle Faktoren denkbar. Ob es eine Verbindung zwischen bestimmten Faktoren wie der Fellfarbe und Leistungsmerkmalen gibt, ist nicht bekannt, auch wenn dies

durch den Volksmund überliefert und in der Tierzucht unüblichen Fellfarben eine besondere Aufmerksamkeit gewidmet wurde. In wirtschaftlicher Hinsicht zweitrangig weckten seltene Farbschläge die Faszination der Züchter. Die Fellfarbe war einfaches Merkmal zur Bildung der Rassen und ist noch heute Teil des Rassebestandes. Eine wirtschaftliche Bedeutung erlangt die Fellfarbe nur bei den Pelztieren und der Schafzucht. Die immer detailreicher werdende Kenntnis über die biochemischen Prozesse bei der Pigmentbildung machen deutlich, dass die Farbe kein isoliertes Merkmal darstellt, sondern mit weiteren Eigenschaften in Verbindung stehen könnte. Der embryologische Ursprung, die Stoffwechselwege der Farbsynthese und die Lokalisation der Gene lassen die Hypothese zu, dass die Fellfarbe der Nutztiere bewusst oder unbewusst, im Zusammenhang mit bestimmten Leistungsmerkmalen gewählt wurde. Die bildlichen Darstellungen von Schweinen von der Antike bis ins Mittelalter gleichen in Form und Farbe noch sehr stark den Wildschweinen. Erst ab dem 15. Jahrhundert treten Bilder von einfarbigen weißen Schweinen auf (Abb. 7).



Abb. 7, Brüder Limbourg: „November“ aus „Les Très Riches Heures du Duc de Berry“ von ca. 1416. Hieronymus Bosch: „Die Versuchung des heiligen Antonius“ um 1510. Jan Bruegel d.Ä.: „Paradieslandschaft mit Arche Noah“ um 1613.

Für die Fellfarben sind nur die Melanine von Bedeutung (FOX AND VEVERS, 1960). Die nach dem schwarzen Melanin benannten Melanozyten sind die Farb- oder Pigmentzellen (WESTERHOF 2006). Melanozyten liegen vor in der Epidermis (Stratum spinosum), den Haarfollikeln, dem Stroma der Iris und bei nachtaktiven Tieren im Tapetum lucidum des Auges, direkt hinter der Netzhaut. Dies sind Zellen mit langen Cytoplasmfortsätzen (Dendritenzellen), die ihren Ursprung in der Primäranlage des Zentralen Nervensystems haben. Sie können als einzellige, Melanin sezernierende Drüsen betrachtet werden (SILVERS 1961). Ihre Anzahl variiert jedoch abhängig von der Hautregion und der Tierart. Das Melanin wird in Pigmentgranula, den Melanosomen, am Endoplasmatischen Reticulum der Zelle gebildet. An den Ribosomen werden Polypeptide synthetisiert, die zu enzymatischen Proteinmolekülen kondensieren, zur Protyrosinase. Die Prämelanosomen bestehen zunächst

aus sehr feinen helicalen Strängen, welche sich dann vernetzen und eine dichte, an Lipidkomponenten gebundene Matrix bilden (MOYER 1961, 1963, 1966). Ein Bestandteil der Prämelanosomen ist das Enzym Tyrosinase, welches ausschlaggebend für die Pigmentsynthese ist (SILVERS 1961). Bei der Melaninsynthese wird das Melanin im Prämelanosom gespeichert, dabei erfolgt die Melanineinlagerung anfangs sehr schnell und nimmt dann stark ab. Dieser Mechanismus könnte im Zusammenhang mit der Aktivität der Tyrosinase stehen (MOYER 1961, 1963, 1966). Die Melanocyten geben über ihre Dendriten durch Exocytose die Pigmentgranula anschließend an die umliegenden Keratinocyten und Matrixzellen ab, welche dadurch zu Melanophoren umstrukturiert werden (KRÄUSSLICH 1994). Die Fell- oder Haarfärbung entsteht durch Einlagerung von Melaninen in das Haarmark oder die Haarrinde (WILLIS 1984). Die Melanocyten eines Haarfollikels beginnen die Pigmentproduktion zu unterschiedlichen Zeitpunkten und die Melaninablagerung in den Teilen des Melanosoms kann stark variieren, so dass alle Farbschattierungen entstehen können (MOYER 1961, CLEFFMANN 1963). Die Melanocyten können von der Produktion eines Pigments auf ein anderes umschalten, wodurch die Matrixzellen verschiedene Pigmente erhalten (CLEFFMANN 1953, SILVERS 1979). Ein Einfluß der Sonnenbestrahlung auf die Haarpigmentierung besteht nicht (FOX AND VEVERS 1960). Es werden zwei Proteine gebildet in den Melanozyten, zum einen das Eumelanin, ein schwarz-braunes Pigment und zum anderen Phäomelanin, ein rot-gelbes Pigment. Die Proteine werden dann in den Melanosomen gespeichert und in die Zellen des jeweiligen Gewebes transportiert. Beide Farbpigmente werden aus der essentiellen Aminosäure Tyrosin über die Zwischenstufen 3,4-Dihydroxyphenylalanin (DOPA) und Dopachinon synthetisiert. Nur durch die Katalyse mit einer hohen Konzentration an Tyrosinase ist die erste Stufe der Umwandlung möglich, die weiteren Stufen laufen bei physiologischem pH-Wert spontan ab, wobei DOPA selbst katalytisch wirkt (FOX AND VEVERS 1960, KRÄUSSLICH 1994, 1996).

Dopachinon kann über Glutathiondopa in Cysteinyl-dopa umgewandelt werden, welches ausschließlich zur Bildung von Phäomelanin führt, oder DOPA und Dopachinon reagieren zu DOPACHROM und seinen Derivaten, das zu Eumelanin synthetisiert wird (ROBBINS ET AL. 1993; KRÄUSSLICH 1994; LU ET AL. 1998). Einige weitere Proteine spielen eine wichtige Rolle für die Melanogenese, so z. B. die Tyrosinase-related-protein 1 und 2 (TYRP-1 / TYRP-2) (SPONENBERG 1997) (Abb. 8).

Eumelanin ist ein Indol-Chinon-Polymer, das an ein Protein gebunden unlöslich vorliegt und gegen Chemikalien äußerst widerstandsfähig ist. Dies zeigt sich z. B. bei dunklen Haaren in einer höheren Widerstandsfähigkeit gegen mechanische Einwirkungen (CLEFFMANN 1953,

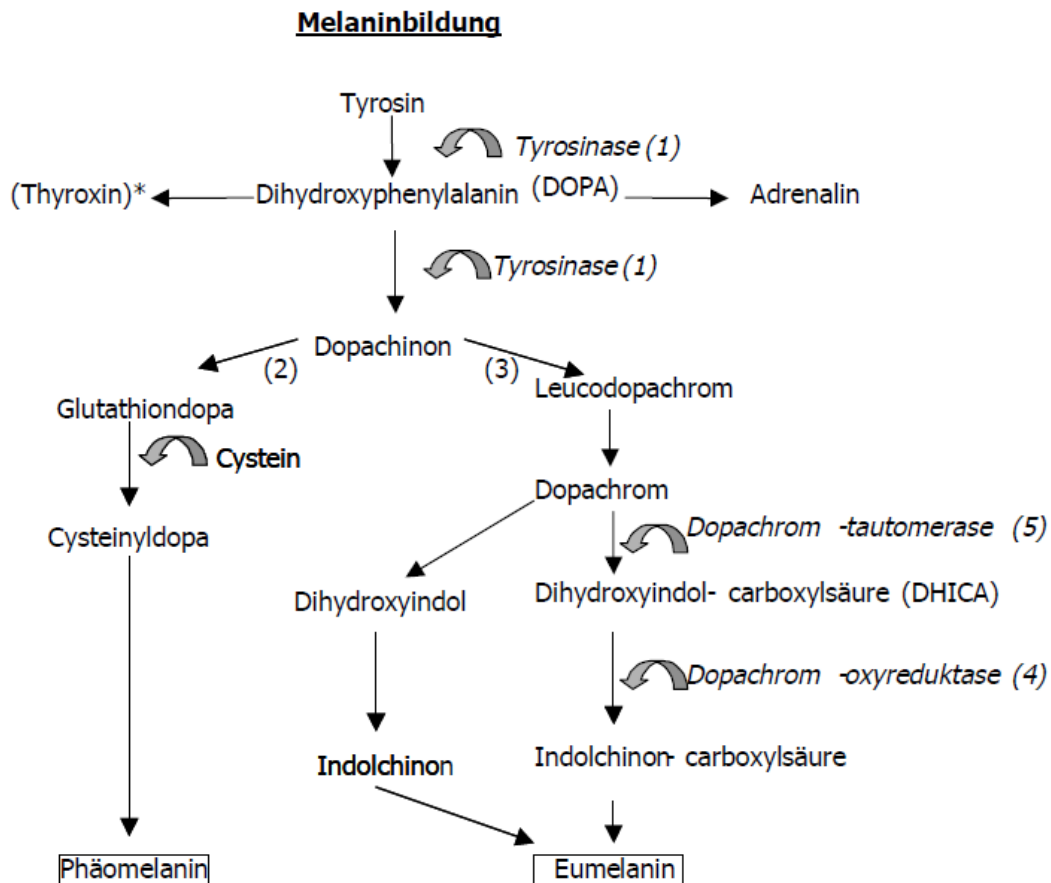


Abb. 8, Schematische Darstellung der Melaninsynthese (KRÄUSSLICH 1994, TAKEUCHI ET AL. 1995, LAUKNER 1998, KOBAYSHI ET AL. 1998).

FOX UND VEVERS 1960, SEARLE 1968, SILVERS 1979). Eumelanin kann von allen Melanocyten gebildet werden. Die Eumelanosomen zeichnen sich durch eine starke Heterogenität der Färbung, Form und Größe aus. Eine homogene unorganisierte Struktur bildet dagegen das Phäomelanin. Es ist im alkalischen löslich und kann nur von den Melanocyten der Haarwurzel und menschlicher Haut synthetisiert werden (Moyer 1966, SILVERS 1979, VALVERDE ET AL. 1995, 1996). Der Gehalt an Tyrosin scheint der entscheidende Faktor zu sein, welches der Pigmente gebildet wird. So führt ein hoher Tyrosinasespiegel zur Eumelanin- und ein niedriger Tyrosinasespiegel zur Phäomelaninproduktion. Allerdings ist der genaue Mechanismus bis heute ungeklärt (ROBBINS ET AL. 1993, LU ET AL. 1998). Weitere Faktoren sind die Verfügbarkeit von Cystein (STURM ET AL. 1998), kupferbindende Tyrosinasehemmer (z. B. Phenylthiourea) und der kompetitive Hemmstoff Phenylalanin (SEARLE 1968). Die Farbausprägung des Gewebes resultiert aus dem Verhältnis der beiden Proteine zueinander. Eine dunkle Fellfarbe kommt zustande, wenn kaum oder gar kein Phäomelanin in den Keratinzellen des Haars vorhanden ist. Der Anteil der Farbpigmente im Gewebe ist abhängig von der Produktion, dem Transport und von der Hormon-Rezeptor-Wechselwirkung. Diese wird durch eine Vielzahl von Enzymen gesteuert, welche durch Gene determiniert sind. Die wichtigsten Hormone sind das Melanocyten-stimulierenden-Hormon (MSH), dessen

Vorläuferprotein Proopiomelanocortin (POMC) und die Peptidhormone Corticotropin (ACTH), Lipotropin, Endorphin. Viele der Farbausprägungen können so mit bestimmten Punktmutationen (SNPs) in Verbindung gebracht werden. Durch die Zugehörigkeit des α -MSH zur Familie der Proopiomelanocortinderivate wird der α -MSH Rezeptor auch als Melanocortin-1-Rezeptor (MC1R) bezeichnet (REES 2000). Es wird in der Hirnanhangsdrüse, den Keratinocyten und den Melanocyten sezerniert und ist ein Hormon mit „second-messenger“ Funktion (CHAKRABORTY ET AL. 1992). Über eine Kaskade an Faktoren, membranständiges guanylnucleotidbindendes Protein (G-Protein), intrazelluläres cAMP (cyclisches Adenosinmonophosphat), cytoplasmatische Protein-Kinase reguliert es hier die Tyrosinase (STRYER 1991, ROBBINS ET AL. 1993, CONE ET AL. 1996, BUSCA UND GALLOTTI 2000). Weiter regulierende Faktoren in diesem Prozess sind Adrenalin, Corticotropin und follikelstimulierendes Hormon. Durch direkte Effekte auf T-Zellen, B-Zellen, Monocyten und Mastzellen greift α -MSH in Entzündungsreaktionen ein; so konnte ein erhöhter α -MSH- oder ACTH-Spiegel bei Arthritis, HIV- und Parasiteninfektionen beobachtet werden (ADACHI ET AL. 1999). Die Melanocortine und ihre Rezeptoren haben zudem einen Einfluss auf die Aufmerksamkeit, Gedächtnisleistung, Lernprozesse, Analgesie, Thermoregulation sowie die Hypothalamus-Nebennieren-Achse und die kardiovaskuläre Homöostase und wirken neurotroph, antipyretisch und lipolytisch. Im Hodengewebe nehmen sie eine Funktion als parakrine oder autokrine Wachstumsfaktoren zum Erhalt der Zellfunktion, der Zelldifferenzierung und der Spermatogenese, wahr (VANETTI ET AL. 1994, CHHAJLANI ET AL. 1996, CONE ET AL. 1996). Der Rezeptor des α -MSH befindet sich in der Zellmembran und besitzt eine Struktur mit sieben transmembranen Helices, dabei bilden die transmembranen Regionen TM1, TM2, TM3, TM6 und TM7 die Hauptbindungsstellen des Rezeptors (Abb. 9).

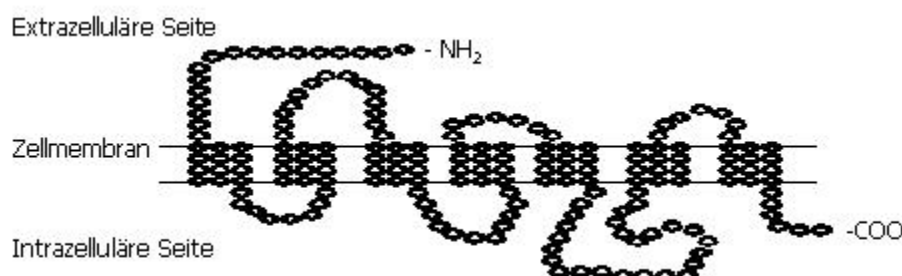


Abb. 9, Schematische Darstellung des MC1R-Proteins (STRYER 1991, LU ET AL. 1998).

Weitere Rezeptoren dieser Familie sind MC2R, welches in der Nebennierenrinde, MC3R, MC4R und MC5R, die vor allem in Gehirn exprimiert werden (CHHAJLANI ET AL. 1996, CONE ET AL. 1996). MC1R wurde im Hoden- und Gelbkörpergewebe vom Mensch und Rind nachgewiesen (VANETTI ET AL. 1994, THÖRNWALL ET AL. 1997). MC1R bindet ACTH

(Adrenocorticotropes-Hormone) und α -MSH, MC2R nur ACTH, während die anderen MC-Rezeptoren weniger spezifisch sind (Tab. 1) (CONE ET AL. 1996).

Tab. 1, Gewebsspezifische Verteilung der Melanocortin Rezeptoren (MOUSSA 1998, MOUSSA UND CLAYCOMBE 1999).

Rezeptor	Natürlicher Ligand	Gewebsexpression	Funktion
MC1R	α -MSH, ACTH	Melanocyten, Milz, Makrophagen, Fettgewebe, Hirnanhangsdrüse, Lunge	Pigmentierung, Immunität, Fettstoffwechsel?
MC2R	ACTH	Nebennieren, Fettgewebe	Steroidgenese, Lipolyse
MC3R	α -MSH, ACTH	Gehirn, Plazenta, Pancreas, Gastrointestinalregion	Freßverhalten, zu untersuchen: Thermogenese, Leptinregulation, Fötalentwicklung
MC4R	α -MSH, ACTH	Gehirn, Muskel	Freßverhalten, zu untersuchen: Thermogenese, Leptinregulation
MC5R	α -MSH, ACTH	Ubiquitär	Thermogenese, Immunmodulation, Sexualverhalten, Lipidstoffwechsel?

Anzunehmen ist, dass am Anfang die Fettleibigkeit, Form und vielleicht auch die Farbe der domestizierten Schweine als Zuchtziele im Vordergrund standen (MONCRIEFF 1996). Vor dem 18. Jahrhundert finden wir im Nahen Osten vor allem die Fellfarben Schwarz, Rot mit schwarzen Flecken oder rote und weiße Gürtel vor, während in Nordeuropa meist weiße Rassen verbreitet waren (LEGAULT 1998). Als ein verstärkter Handel mit Asien am Ende des 18. Jh. einsetzte, entstanden in England Neuzüchtungen durch die Einkreuzung asiatischer Rassen (SAMBRAUS 1994). Die Vorteile dieser Rassen waren die Frühreife und der schnelle Fettansatz. Alle alten Zuchtlinien der englischen Schweine wurden verpaart, die weißen Kopfabzeichen rühren hierher (LEGAULT 1998). Ende des 19. bis Anfang des 20. Jh. entstehen erste Klassifikationen von Rassen; dies war vorher nur aus der römischen Zeit überliefert. Bei dem Großteil der heutigen Hochleistungsrassen, vor allem dem Edelschwein und verschiedenen Landrassen, herrscht die weiße Farbe vor. Die Rassen Duroc und Piétrain bilden eine Ausnahme. Sie werden zur Erzeugung von Gebrauchskreuzungen in Hybridzuchtprogrammen eingesetzt (SAMBRAUS 1994). Die Fellfarbe der Wildtiere zeigt eine gelbe subterminale Bänderung der Einzelhaare und eine Längsstreifung bei den Frischlingen, die unter anderem auch in domestizierten Rassen und ihren Kreuzungen vorkommt, z. B. bei den Rassen Mangalitza und Duroc (HETZER 1945, OLLIVIER UND SELLIER 1982, LEGAULT 1998). Bereits 1530 wurden Wildschweinpopulationen beschrieben, in denen an die Rasse Piétrain erinnernde Flecken vorkamen. Dies ist auch heute noch zu beobachten (THIESCHLER 1985, 1986, KIRSCHNING 2009). Bei den chinesischen Schweinerassen herrscht einfarbig schwarz als Farbe vor, wie auch bei der europäischen Rasse English Large Black.

Eine Schlüsselrolle bei der Aktivierung der Melaninogenese ist der Melanocortin-Rezeptor 1 (MC1R), dessen kodierendes Gen auf dem distalen Ende des Chromosoms 6 liegt (REES 2000). Durch MC1R kann der cAMP-Spiegel erhöht werden, der wiederum durch die Bindung des Hormons α -MSH die Tyrosinase Aktivität beeinflusst (BUSCA UND GALLOTTI 2000). Der Antagonist zu MC1R ist das Agouti-Signaling-Protein (ASP), das im aktiven Zustand die Produktion von Phäomelanin bildet (BONILLA ET AL. 2005). Das kodierende Gen liegt auf dem Chromosom 17. Bei Aktivierung verhindert es die Bindung von α -MSH und die Eumelanin-Produktion wird herunterreguliert. Dadurch dass die Pigmentierungsgene stark konserviert sind, ist die Sequenzierung des gesamten Gens ein geeignetes Werkzeug zur Rekonstruktion von Stammbäumen. Eine große Schwäche bzw. auch Stärke liegt in der Betrachtung relativ kurzer Abschnitte dieser Gene. Zum einen werden Rückschlüsse auf phylogenetische Beziehungen erschwert bzw. unmöglich, da sie auch auf anderen Prozessen wie der Domestikation beruhen können. Zum anderen bietet dies die einmalige, vielleicht auch einzige Gelegenheit die Domestikation zu erforschen. Es scheint, dass sich die Domestikation in den Pigmentierungsgenen als erstes niederschlägt und so zu einem indirekten genetischen Marker für diese werden kann (Abb. 10).

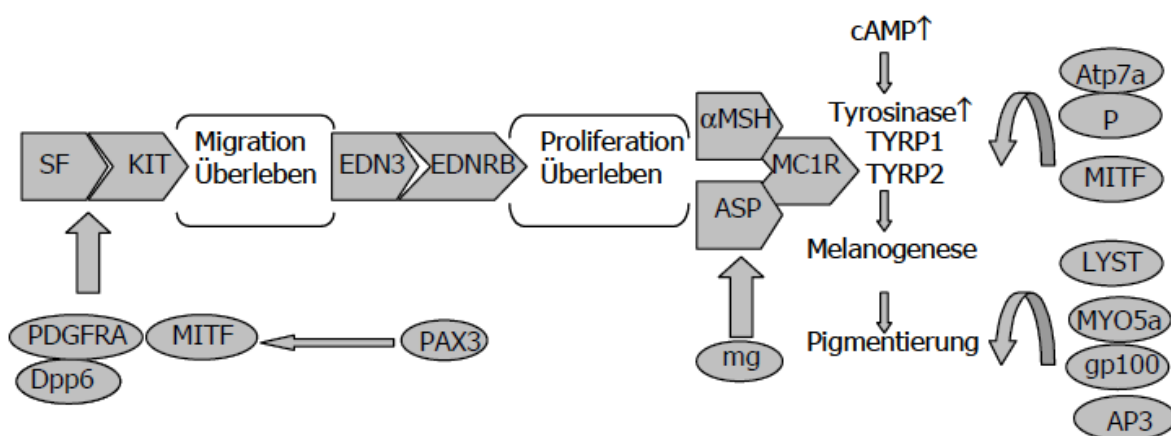


Abb. 10, Schematische Darstellung des Zusammenwirkens der Produkte der Farbloci auf die Pigmentbildung (SF ist synonym mit MGF)

Der E-Locus ist der wohl am besten untersuchte Pigmentierungslocus beim Schwein. Der MC1R Locus stellt den zugehörigen Genort dar (MARIANI ET AL. 1996, KIJAS ET AL. 1998). Die für die Fellfarbe wichtigsten Mutationen auf dem MC1R-Gen wurden bei J. KIJAS ET AL. (1998) und zuletzt bei M. FANG ET AL. (2009) an modernen Wildschweinen und Schweinerassen erforscht (Tab. 2). Dabei konnte gezeigt werden, dass 15 Mutationen in 14 Codons, zu 13 Phänotypen, im 758 bp langen Exons des MC1R Gens, führen. Bei sechs Mutationen handelt es sich um stille Mutationen, in 9 Fällen findet ein Aminosäureaustausch

statt. Die wichtigsten Zuchtrassen und einige Wildschweine mit ihren phäno- und genotypischen Ausprägungen sind in Tab. 3 zu finden.

Tab. 2, Farbphänotypen in modernen Wild- und Hausschweinen mit deren assoziiertem Genotyp und MC1R-Genotyp (KIJAS ET AL. 1998, FANG ET AL. 2009)

Ort	Anzahl	Farbphänotyp	Genotyp	MC1R-Genotyp
<i>Europäische Zuchtrassen</i>				
Mangalica (Deutschland)	1	variabel	<i>E+/E+</i>	<i>0101/0101</i>
Angler Sattelschwein (Deutschland)	1	schwarz mit weißem Gürtel	<i>ED2/ED2</i>	<i>0301/0301</i>
Bisaro (Portugal)	1	rot mit schwarzen Punkten	<i>ED2/ED2</i>	<i>0301/0301</i>
Large Black (UK)	1	schwarz	<i>ED2/ED2</i>	<i>0301/0301</i>
Negro Canario (Spanien)	1	schwarz	<i>ED2/ED2</i>	<i>0301/0301</i>
Berkshire (UK)	2	schwarz mit sechs weißen Punkten	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Linderödssvin (Schweden)	5	weiß/rot mit schwarzen Punkten	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Middle White (UK)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Tamworth (UK)	2	rot	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Leicoma (UK)	1	weiß	<i>e/e</i>	<i>0401/0401</i>
British Lop (UK)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0502/0502</i>
Bunte Bentheimer (Deutschland)	1	weiß mit schwarzen Punkten	<i>EP/EP</i>	<i>0503/0503</i>
Créole (Frankreich)	1	schwarz	<i>ED1/ED2</i>	<i>0201/0301</i>
	1	schwarz	<i>ED2/EP</i>	<i>0301/0501</i>
	1	schwarz	<i>ED2/e</i>	<i>0301/0401</i>
<i>Kommerzielle Zuchtrassen</i>				
Hampshire 02 (Deutschland)	1	schwarz mit weißem Gürtel	<i>ED2/ED2</i>	<i>0301/0301</i>
Landrace 05 (Dänemark)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Landrace 09 (Island)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Landrace 10 (UK)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Landrace 11 (UK)	2	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Landrace 12 (UK)	3	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Landrace 14 (Deutschland)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Large White 05 (UK)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Large White 06 (UK)	2	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Large White 07 (UK)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Pietrain 03 (Deutschland)	1	weiß mit schwarzen Punkten	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Pietrain 04 (UK)	1	weiß mit schwarzen Punkten	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
Duroc 02 (Deutschland)	1	rot	<i>e/e</i>	<i>0401/0401</i>
Duroc 03 (UK)	1	rot	<i>e/e</i>	<i>0401/0401</i>
Landrace 04 (Dänemark)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0502/0502</i>
Landrace 08 (Norwegen)	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0502/0503</i>
Large White 02 (Deutschland)	3	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0501/0501</i>
	1	weiß	<i>EP/EP</i>	<i>0503/0503</i>
<i>Europäische Wildschweine</i>				
Wild boar (Polen)	12	wild	<i>E+/E+</i>	<i>0101/0101</i>
<i>Chinesische Zuchtrassen</i>				
Bamei	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Huzhu	2	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Jiangquhai	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Meishan (UK)	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Laiwu	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Leping	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Rongchang	2	weiß mit schwarzen	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>

		Punkten um die Augen		
Neijiang	2	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Qianbei	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Shanggao	1	weiß mit beiden Enden schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Tongcheng	1	weiß mit beiden Enden schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Xiang	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Yimeng	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Yushan	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Zang	1	schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0201</i>
Jinhua	1	weiß mit beiden Enden schwarz	<i>ED1/ED1</i>	<i>0203/0203</i>
Xiangxi	1	schwarz	<i>ED1/e</i>	<i>0201/0401</i>
Shengxian Spotted	1	schwarz mit weißen Punkten	<i>ED1/ED1</i>	<i>0201/0202</i>
Min	1	schwarz	<i>ED1/EP</i>	<i>0202/0501</i>
Jiaozhou	1	schwarz	<i>ED1/EP</i>	<i>0201/0502</i>
<i>Chinesische Wildschweine</i>				
Hainan wild boar	1	wild	<i>E+/E+</i>	<i>0103/0103</i>
	1	wild	<i>E+/E+</i>	<i>0104/0105</i>
Dongbei wild boar	1	wild	<i>E+/EP</i>	<i>0105/0501</i>

Tab. 3, Mutationen in den Codons des MC1R-Gens und deren damit assoziierte MC1R-Genotyp bzw. Fellfarben-Genotyp moderner Wild- und Hausschweine (KIJAS ET AL. 1998, FANG ET AL. 2009).

MC1R/E	Codon													
	4	17	21	22	95	102	117	121	122	124	164	166	243	301
0101/ <i>E+</i>	CTT	GCG	GCC	CCC	GTG	CTG	CAG	AAT	GTC	GAC	GCG	CGG	GCG	TAC
	Leu	Ala	Ala	Pro	Val	Leu	Gln	Asn	Val	Asp	Ala	Arg	Ala	Tyr
01021/ <i>E+</i>C
0103/ <i>E+</i>	..CC
0104/ <i>E+</i>ACTA	..T
0105/ <i>E+</i>AA	..CA	..T
0201/ <i>ED1</i>A	A.. Met	.C. ProCA	...
0202/ <i>ED1</i>A	A.. Met	.C. ProC	A.. IleA	...
0203/ <i>ED1</i>A	A.. Met	.C. ProCTA	...
0301/ <i>ED2</i>	A.. Asn
0401/ <i>e</i>T. Val	...	A.. Thr	...
0501/ <i>EP</i>	+CC FS ²	A.. Asn
0502/ <i>EP</i>	A.. Thr	+CC FS ²	A.. Asn
0503/ <i>EP</i>	+CC FS ²	A.. Asn	...	T.. Trp

Der Wildtyp (*E+* oder MC1R*1) des Wildschweines wurde nur bei der Rasse Mangalitza, deren Jungtiere die typische Wildtierstreifung zeigen, gefunden und stimmt an allen polymorphen Orten mit dem der anderen Säugetiere überein (CIOBANU ET AL. 1999). Das Allel *ED1*, dominant schwarz, wird durch die Substitutionen Val95Met und Leu102Pro (MC1R*2) beschrieben, z. B. bei den Rassen Large Black und Meishan. Tiere mit den Allelen *ED2*, dominant schwarz und *EP spotted* tragen den Austausch Asp124Asn (MC1R*3), z. B. bei Tieren der Rasse Hampshire. Das rezessive Allel *e* wird durch die Mutationen Ala164Val

und Ala243Thr kodiert, wobei der Phänotyp wahrscheinlich stärker von der Substitution Ala243Thr abhängt. Die hydrophobe Aminosäure wird hier durch eine polare ausgetauscht und könnte die helicale Struktur der hoch konservierten sechsten transmembranen Region des Rezeptors verändern. Das Allel ED1 wird mit der Leu102Pro Mutation in Verbindung gebracht, die auch bei dominant schwarzen Rindern und bei Mäusen mit dem Allel Eso zu finden ist. Es ist anzunehmen, dass auch hier ein ständig aktivierter Rezeptor entsteht. Das ED2 Allel liegt in der transmembranen Region 3 und könnte hier eine Zerstörung einer intramolekularen Wasserstoffbrücke bedingen, sodass nur eine aktive Rezeptorform vorliegt; die Mutation ähnelt der des Allels EA beim Fuchs. Das Allel EP ist möglicherweise mit einer regulatorischen Mutation des MC1R verbunden (KIJAS ET AL. 1998).

MC1R ist der wichtigste Rezeptor für das Hormon MSH zur Pigmentsynthese und kann beim Schwein mit dem E-Locus für braune oder schwarze Fellfarbe gleichgesetzt werden. Mutationen dieses Rezeptors führen zu einem fortwährend aktivierten Rezeptor und schwarzer Fellfarbe oder zu einem nicht funktionsfähigen Rezeptor und roter Fellfarbe (KIJAS ET AL. 1998). Die wichtigsten vererbten E-Loci sind das Allel ED1 für die Schwarzfärbung, und das Allel e für die Rotfärbung. Das Allel EP löst schwarze Flecken auf rotem oder weißem Grund aus (HETZER 1945, 1946, KIJAS ET AL. 1998). SIEBEL (2001) beschreibt des Weiteren einen „tricolor“ Farbphänotypen, den Genotyp EPe für den Phänotyp rot-gescheckt, dabei ist die genaue Wirkung des Allels EP auf die Rezeptorkonformation und -funktion ungeklärt.

MC1R ist einer von fünf Melanocortin Rezeptoren, der außer in den Pigmentzellen auch im Fettgewebe und in Makrophagen exprimiert wird. Seine Liganden sind das α -MSH sowie das adrenocorticotrope Hormon (ACTH). Es besitzt neben der Pigmentierung eine Funktion bei der Immunabwehr und im Fettstoffwechsel (MOUSSA 1998, MOUSSA UND CLAYCOMBE 1999). SIEBEL (2001) konnte zeigen, dass ein signifikanter Zusammenhang zwischen den Genotypen des MC1R und Einzelmerkmalen der Körperversfettung besteht. Bei Population mit den Allelen ED1 und e übt MC1R einen signifikanten Effekt auf die Rückenspeckdicke, das Speckmaß aus und wird durch Werte nahe der Signifikanzgrenze für die Merkmale Koteletfläche und Fleisch-Fett-Verhältnis unterstützt. Dabei zeigte der homozygote Genotyp ee die stärkste Körperversfettung, gefolgt vom heterozygoten Genotyp ED1e und dem homozygoten Genotyp ED1ED1. Deutlich wird dies z. B. in der benötigten Menge an Futter bei der Aufzucht, so brauchen Tiere mit dem Genotyp ee für die Bildung eines Kilogramms Körpermasse im Durchschnitt 1,3 kg mehr an Futter als der heterozygote Genotyp und 1,7 kg mehr als der homozygote Genotyp ED1ED1.

In der vorliegenden Arbeit wurden Genvarianten des Farbgens Melanocyten-stimulierendes-Hormon-Rezeptor (MC1R) typisiert und ihr Einfluss auf die Farbausprägung und auf die qualitativen Merkmale wie der Körpergröße und des Status (wild oder domestiziert) untersucht.

1.3.4. Alte DNA

DNA im degradierten Zustand, die aus toten Organismen gewonnen wird, wird auch als alte oder ancient DNA (aDNA) bezeichnet. Ab welchem Zeitpunkt nach dem Tode des Individuums von aDNA oder von Spuren-DNA zu sprechen ist, ist nicht einheitlich geregelt. Bei DNA aus menschlichem Gewebe ist der rechtspraktisch relevante Zeitraum ausschlaggebend. Über ein viertel Jahrhundert ist es her, dass die ersten Versuche unternommen wurden, DNA aus altem tierischen und menschlichen Gewebe zu isolieren (HIGUCHI ET AL. 1984, PÄÄBO 1985). Zwar stellten sich diese frühen Ergebnisse als falsch oder fehlerhaft heraus, doch begründeten sie die aDNA-Forschung, die heute einen wichtigen Bestandteil verschiedenster Disziplinen bildet. Hierbei können direkt molekulare Informationen aus historischen, prähistorischen und paläontologischen Materialien gewonnen werden. Dabei ist die aDNA-Forschung eng mit der Molekularbiologie und Biochemie verbunden. Einen guten Ein- und Überblick des Forschungsgebietes und der Methodik geben B. HERRMANN UND S. HUMMEL (1995), F. KAESSTLE UND K. HORSBURGH (2002), S. HUMMEL (2003), S. PÄÄBO ET AL. (2004), E. WILLERSLEV UND A. COOPER (2005), C. BROWN UND T. BROWN (2011). Das Spektrum von aDNA Untersuchungen ist sehr vielseitig, z. B. bei Verwandtschaftsuntersuchungen bronzzeitlicher Individuen aus einer Höhle in Niedersachsen (Schilz 2006) oder neolithischen Bestattungen aus Sachsen-Anhalt (HAAK ET AL. 2008). Auch Verwandtschaft auf höherer Ebene lässt sich nachweisen, so konnte z. B. für das Mammut eine engere Verwandtschaft zum asiatischen als zum afrikanischen Elefanten belegt werden (KRAUSE ET AL. 2005). Auch wichtige Beiträge zum Prozess der Domestikation des Rindes (BOLLONGINO ET AL. 2003) oder der Evolution des Homo sapiens (OVCHINIKOV ET AL. 2000, GREEN ET AL. 2010) konnten anhand von aDNA-Untersuchungen erbracht werden. Neuere Felder der alten DNA Forschung sind die Sequenzierung ganzer Genome (KRAUSE ET AL. 2010) oder das Feld der evolutionären Medizin. Nicht nur aus Hart- und Weichgewebe von Tieren oder Menschen ist es heute möglich, DNA zu isolieren und zu analysieren. Weitere Quellen können z. B. Gewebe wie Pergament, Nahrungsreste (BURGER ET AL. 2000),

Ausscheidungsprodukte wie Koprolithe (POINAR ET AL. 2003), Sedimente (WILLERSLEV ET AL. 2003, SØNSTEBØ ET AL. 2010) oder auch Krankheitserreger sein (BOUWMAN UND BROWN 2004, BUNCE ET AL. 2009).

Den großen Möglichkeiten der aDNA-Forschung stehen die Probleme, die alte DNA mit sich bringt, gegenüber. So unterscheidet sich das Arbeiten mit aDNA in vielen Aspekten grundlegend vom Arbeiten mit moderner DNA. Dabei ist die sofort nach dem Tod eines Organismus einsetzende Degradierung der DNA verantwortlich für eine schnelle Verschlechterung der Qualität und Quantität von Biomolekülen. Es fehlen die enzymatischen Mechanismen, die sonst in lebenden Zellen die beschädigte DNA zu einem gewissen Grad reparieren können, um Mutationen oder Veränderungen in der DNA zu beseitigen (LINDAHL 1993). Nach dem Tod kommt es zudem zur Autolyse des Organismus. Dabei werden lysosomale Enzyme, unter anderem Nukleasen, die alle Biomoleküle in den Zellen fragmentieren, gebildet. Dies hat in lebenden Organismen den Vorteil, dass schadhafte oder tote Zellen ohne Probleme entfernt werden können. Im weiteren Verlauf der Verwesung kommt es durch eine Vielzahl von allochthonen Mikroorganismen, chemischen und physikalischen Umweltbedingungen zu komplexen biochemischen Prozessen der Fragmentierung und Degradierung (EGLINTON U. LOGAN 1991). Das Auffinden von aDNA ist maßgeblich vom Liegemilieu und den wirkenden Faktoren, wie Temperatur, Feuchtigkeit, pH-Wert, Anwesenheit von Mikroorganismen und Sauerstoff etc. abhängig (BURGER ET AL. 1999). Proben aus Permafrostböden zeigen z. B. eine sehr gute Erhaltung (RÖMPLER ET AL. 2006). Auch kontinuierlich niedrige Temperaturen wie beispielsweise in Höhlen wirken sich vorteilhaft aus (SCHILZ 2006). Optimale Konservierungsbedingungen werden in der Regel durch die Kombination aus einer niedrigen Temperatur, ein gewisses Maß an Feuchtigkeit und die Abwesenheit von Mikroorganismen erreicht (HUMMEL 2003). In verschiedenen Studien wurde gezeigt, dass Wüsten- und Tropenklima besonders schlecht für die Erhaltung von DNA aber auch von Proteinen ist (MAROTA ET AL. 2002, DOBBERSTEIN ET AL. 2009, OTTONI ET AL. 2009, BUCKLEY ET AL. 2009). Neue Forschungen lassen vermuten, dass sich DNA besonders gut unter völligem Abschluss von schädlichen Umweltfaktoren erhält, z. B. durch die schnelle Einbettung durch die Biomineralisierung in Plaque (DOBNEY 1986, HAAK ET AL. 2010). Untersuchungen am Max-Planck-Institut in Leipzig zeigen, dass für gemäßigte Klimaregionen davon auszugehen ist, dass nach 500 Jahren die Degradierung der DNA soweit fortgeschritten ist, dass sich das Fragmentierungsmuster nicht von 20000 Jahre alter DNA unterscheidet (KRAUSE 2010). Untersuchungen von Kollagenen zeigen, dass es einen klaren Gradienten der Erhaltung gibt; Funde aus den nördlichen Breitengraden sind generell besser

konserviert als Funde aus den südlichen (OTTONI ET AL. 2009). M. HOFREITER ET AL. (2001) schlagen einen generellen Zeitraum von nicht mehr als 100000 Jahren für die Überdauerung von DNA vor. Die bisherigen Studien berücksichtigen allerdings nur einen bestimmten Faktor der Degradierung; so beziehen sich z. B. Willerslev und Cooper (2005) hauptsächlich auf die Temperatur und Marota et al. betrachten ausschließlich Papyrus. Leider lassen sich bis heute keine allgemein gültigen Aussagen über die Halbwertszeit oder maximale Erhaltungszeit von DNA machen (HOFREITER ET AL. 2001, WILLERSLEV U. COOPER 2005).

Die zwei wichtigsten chemischen Prozesse, die zur Degradierung von DNA führen, sind die Oxidation und Hydrolyse. Diese führen z. B. über die direkte Spaltung der Phosphodiesterückrats oder die Depurinierungen zu Strangbrüchen und damit zur Fragmentierung der DNA (Abb. 11). Der Verlust einer Purinbase durch die Zerstörung der

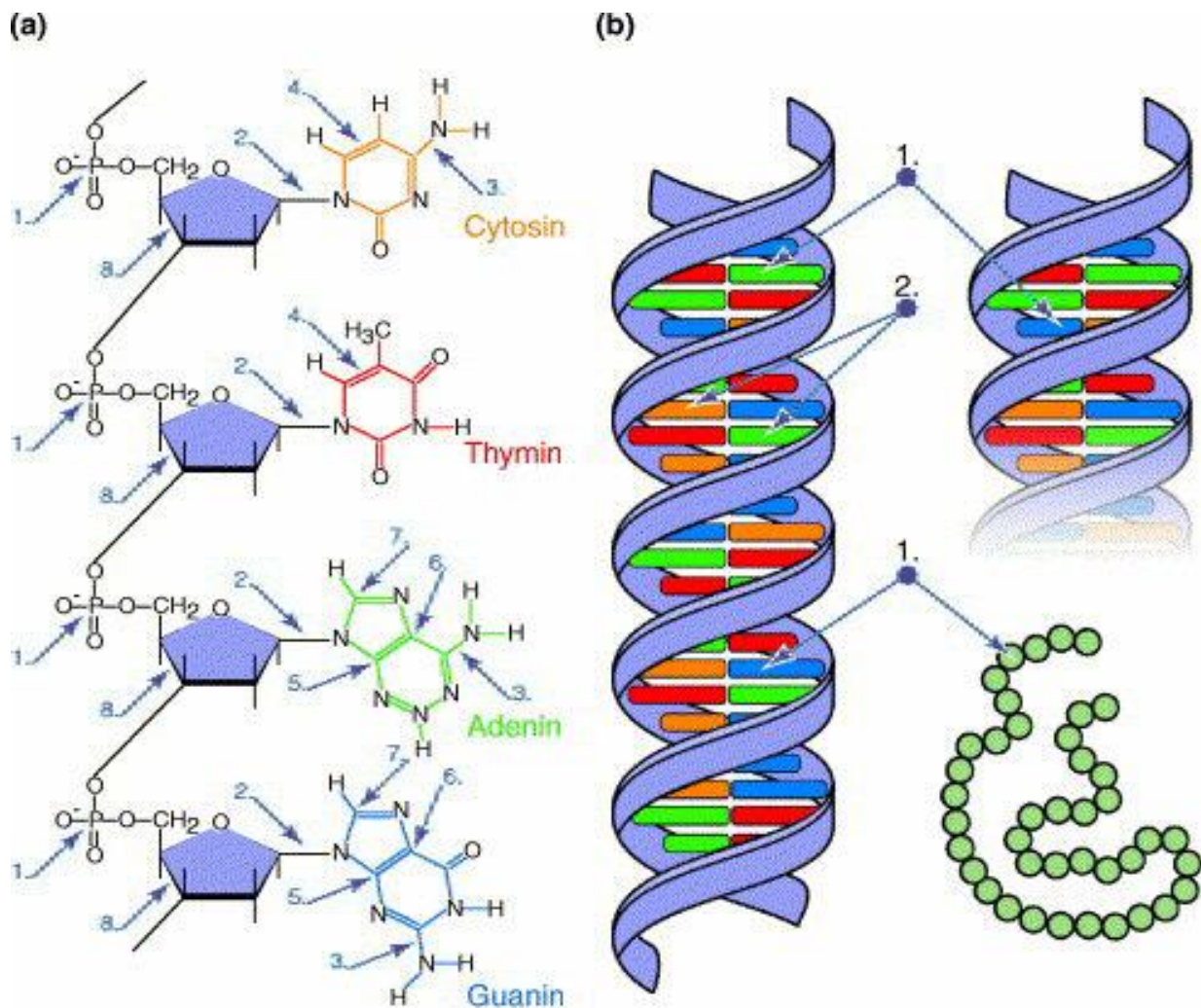


Abb. 11, a) DNA-Schäden, die durch hydrolytische sowie oxidative Prozesse verursacht werden: 1) Strangbrüche am Zuckerrückgrat; 2) Basenverlust (meist Adenin und Guanin; Depurinierung); 3) Deaminierung der Basen Cytosin, Adenin und Guanin; 4-7) Oxidative Fragmentierung der Kohlenstoff-Doppelbindungen der Basen (Hydantoine) sowie 8) des Zuckerrückgrates. b) DNA-crosslinks. 1) Bindung mit anderen DNA-Molekülen oder Proteinen; 2) irreguläre Bindung zweier DNA-Stränge (nach HEBGAARD ET AL. 2005).

glykosidischen Bindung zwischen der Base und dem Zuckermolekül führt dabei zu einer Destabilisierung des DNA-Stranges (PÄÄBO ET AL. 2004). Hydrolyse und Oxidation führen auch zu postmortalen Veränderungen einzelner Basen in der DNA (z. B. Deaminierung). Dies kann zu einer Fehlbestimmung der Basenabfolge, einer der wichtigsten Untersuchungen an der DNA, führen. Die Deaminierung ist der chemische Prozess der Umwandlung einer Base in eine andere, z. B. Cytosin zu Uracil oder Guanin zu Xanthin. Dabei sind Uracil und Xanthin keine regulären Basen der DNA. Die komplementären Basen der deaminierten Basen sind häufig unterschiedlich zu der Ausgangspaarung (z. B. Uracil mit Adenin statt Guanin) (Abb. 12). Durch die Amplifikation des Sequenzabschnittes, also der Erstellung einer komplementären Basenabfolge, wird die Base verwendet, die der neuen Paarung entspricht, welches die ursprüngliche Sequenz verändert. Die bedeutendsten Veränderungen durch Deaminierungen in der aDNA sind $C \leftrightarrow T$ und $G \leftrightarrow A$ Austausch (STILLER ET AL. 2006), wobei die Basenmodifikationen von Cytosin zu Uracil mit Abstand die häufigste Ursache von postmortalen Sequenzveränderungen sind (BROTHERTON ET AL. 2007). HOFREITER ET AL. (2001) konnten in rund 10 % ihrer analysierten PCR-Produkte Substitutionen (Basenaustausche) feststellen.

Um die aus dem Uracil resultierenden Fehlbestimmungen zu vermeiden, wird häufig das Enzym Uracil-N-glycosylase (UNG) eingesetzt, welches alle Uracile aus der Basenabfolge schneidet. Dies bedingt allerdings eine weitere Fragmentierung und kann bei einer sowieso

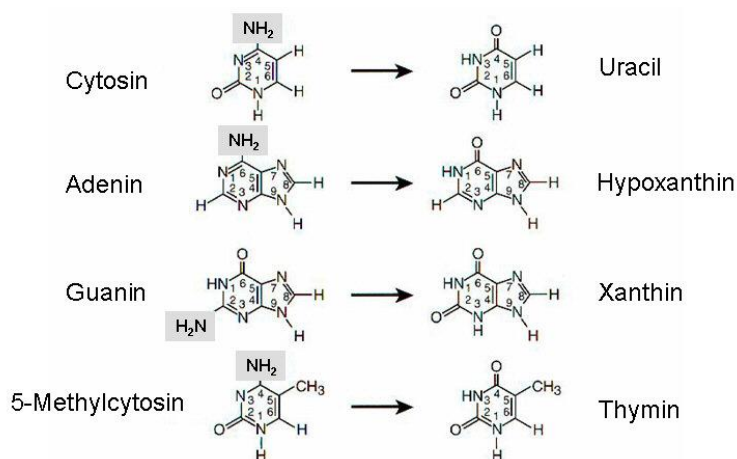


Abb. 12, Übersicht über die möglichen Formen der Deaminierung (Verlust der Aminogruppe NH₂) durch Hydrolyse oder Oxidation.

geringen Zahl an erhaltenen DNA Fragmenten dazu führen, dass keine positiven Ergebnisse erzielt werden können. Die Häufigkeit von Deaminierungen ist in mitochondrialer und nuklärer DNA gleich groß (BINLADEN ET AL. 2006). Allerdings lässt sich eine Häufung dieses Phänomens in den nicht-codierenden Regionen beobachten. So scheint eine hohe in vivo Mutationsrate mit einer möglichen postmortalen Sequenzveränderung zu korrelieren (GILBERT ET AL. 2003).

Postmortale chemische Prozesse führen desweiteren dazu, dass eine Amplifikation von DNA-Fragmenten verhindert oder erschwert wird, z.B durch die Alkylierung und die Maillard-

geringen Zahl an erhaltenen DNA Fragmenten dazu führen, dass keine positiven Ergebnisse erzielt werden können. Die Häufigkeit von Deaminierungen ist in mitochondrialer und nuklärer DNA gleich groß (BINLADEN ET AL. 2006). Allerdings lässt sich eine Häufung dieses Phänomens in den nicht-codierenden Regionen

Reaktion. Diese Prozesse führen zu einer starken Vernetzung der DNA-Fragmente untereinander oder mit anderen Biomolekülen (crosslink). Der Einsatz von N-Phenacylthiazolium-Bromid (PTB) kann Maillard-Produkte aufbrechen, wodurch eine Amplifikation wieder möglich ist (POINAR ET AL. 2003).

Grundlegend ist aDNA dadurch charakterisiert, dass sie stark fragmentiert und in sehr geringer Menge vorliegt. In der älteren Literatur wurde noch davon ausgegangen, dass der überwiegende Teil der Fragmente eine Länge von 200-300 bp hat. Heute steht aufgrund von neuen Techniken fest, dass der Großteil der Fragmente eine Größe von unter 80 bp aufweist (GREEN ET AL. 2010, MARICIC ET AL. 2010). In Abhängigkeit von den Lagerungsbedingungen und auch dem untersuchten DNA-Abschnitt können aber auch längere Fragmente gefunden werden (HUMMEL 2003). Aufgrund der geringen Anzahl der erhaltenen DNA-Fragmente wäre die aDNA-Forschung ohne die Technik der Polymerase Kettenreaktion (PCR) nicht möglich.

Tab. 4, Zusammenfassung der möglichen Schäden an alter DNA (nach PÄÄBO 2004).

Prozess/Einfluss	Schadensform	Auswirkung	Lösungsstrategie
Mikroorganismen, Nukleasen, Hydrolyse	Strangbrüche hydrolytische Spaltung der Phosphodiesterbindungen	Kurze Fragmente Reduzierung der Gesamtmenge	Wahl kurzer und überlappender Amplikons
Oxidation	Fragmentierung der Basen bzw. Fragmentierung der Zuckermoleküle durch Hydroxyl-Radikale (-OH) oder Verknüpfung von Purinen mit dem Zucker-Phosphatrückgrat	Inhibition der PCR, ggf. Strangabbruch	
Oxidation	Hydantoine, Beeinträchtigung der Basen durch Auflösung der C-Doppelbindungen		
Hydrolyse	Depurinierung von Adenin und Guanin durch Spaltung der Nglykosidischen Bindungen		
Oxidation	Guanin > 8-Oxoguanin	Transversion G/C zu T/A	Mehrere unabhängige PCRs Klonierung und Sequenzierung (Evtl. Einsatz von UNG; (Uracil-NGlycosylase))
Hydrolyse	Deaminierung: von Adenin zu Hypoxanthin	Transition A zu G	
Hydrolyse	Deaminierung von Cytosin zu Uracil	Transition C zu T	
Hydrolyse	Deaminierung von 5 Methylcytosin zu Thymin	Transition C zu T	
Hydrolyse	Deaminierung von Guanin > Xanthin		
DNA crosslinks	Bindung zwischen DNA-Molekülen oder mit anderen Biomolekülen	sog. Maillard Produkte	Einsatz von NPhenacyl Thiazoliumbromid (PTB) in Extraktion

Die PCR wurde Mitte der 1980er Jahre erfunden und erlaubt uns einen spezifischen DNA Abschnitt millionenfach zu vervielfältigen (amplifizieren) (MULLIS ET AL. 1986). Durch den paarweisen Einsatz sogenannter Primer, in der Regel 20-30 bp lange Oligonukleotide, kann eine gesuchte Zielsequenz zu beiden Seiten hin eingegrenzt und dann durch die mehrfache

Wiederholung eines Zyklus, bestehend aus der Abfolge von Denaturierung, Hybridisierung und Elongation, selektiv vermehrt werden. Je höher die Zyklenzahl ist, desto geringer kann die Anzahl der Ausgangsmoleküle (Templates) sein. Daher kann die Zyklenzahl den spezifischen Eigenschaften der zu untersuchenden Proben angepasst werden. Zu beachten ist, dass mit zunehmender Zyklenzahl auch die Fehler in den Kopien, die Gefahr mögliche Kontaminationen zu amplifizieren, die immer in geringen Mengen vorhanden sind, und die Amplifikation unspezifischer Produkte steigen (HUMMEL 2003, ORLANDO ET AL. 2009, WILLERSLEV ET AL. 2009).

Grundlegend können PCRs in Single- oder Multiplex Ansätzen, also mit einem oder mehreren Primerpaaren, durchgeführt werden. Dadurch wird eine oder eine Vielzahl von spezifischen Zielsequenzen vervielfältigt. Durch den Einsatz von Multiplexansätzen kann die Menge an benutztem Probenmaterial drastisch verringert werden (KRAUSE ET AL. 2010, MARICIC ET AL. 2010). Der Nachteil der Multiplexansätze ist ein sehr aufwendiges Versuchsdesign und eine Verringerung der Sensitivität.

Weitere Faktoren für den Erfolg von aDNA-Studien sind die skelettanatomische Lage der Probe. Quantitative Studien konnten belegen, dass besonders kompakte und vor Umwelteinflüssen geschützte Skelettelemente einen guten Erhaltungszustand von aDNA zeigen, z.B. das Felsenbein (Pars Petrosum) und die Zähne (Dentes) (KLEINDORP ET AL. 2006, HAAK ET AL. 2010). Bei der topographischen Lage des zu untersuchenden Genortes auf einem Chromosom gilt allgemein, dass Genorte, die nahe dem Centromer liegen, eine bessere Erhaltung aufweisen als solche, die nahe dem Telomer liegen (ADLER 2007). Die Erkenntnis, dass nicht alle Abschnitte der Erbinformationen gleich gut erhalten sind, hat einen sehr großen Einfluss auf das Design von aDNA-Studien und deren Aussagekraft.

Die Kontaminationen von alter DNA mit fremder oder moderner DNA sind wohl die größten und meist diskutierten Probleme in der aDNA-Forschung. Sie wird unter anderem durch die Verwendung der PCR hervorgerufen (s.o.). Von geringsten Mengen DNA werden hierbei millionenfache Kopien hergestellt, die Primer sind zwar meist artspezifisch aber nicht spezifisch für ein Individuum. Dabei gilt auch, dass die Kontaminationen eine Vielzahl von Quellen haben können und kaum zu verhindern sind. So besteht bei fast jedem Bearbeitungsschritt - von der Ausgrabung bis zur Laboruntersuchung - die Gefahr, dass die Probe mit DNA z. B. eines Bearbeiters oder auch von Tieren, Bakterien, etc. verunreinigt wird. Dafür reicht eine Hautschuppe, ein wenig Tränenflüssigkeit oder Schweiß aus. Daher wird jede Probe vor der Weiterverarbeitung im Labor dekontaminiert, z. B. durch Abtragen der Oberfläche, durch UV Bestrahlung der Oberfläche und das Behandeln der Oberfläche mit

aktivem Chlor. Kontaminationen sind auch im Labor denkbar, z. B. durch Labormaterialien, andere Proben oder bestimmte Laborprozesse. Es müssen daher strikte Regeln und Strategien eingehalten werden, um die Risiken zu minimieren.

Die Fragestellungen und Methoden der aDNA-Forschung sind stark von neuen Technologien und Entwicklungen in den Biowissenschaften abhängig und orientieren sich daran. Die beschriebenen Eigenschaften von aDNA und deren besondere Probleme, die mit ihrer Analyse verbunden sind, zeigen, dass diese Untersuchungen sehr anspruchsvoll sind. In der Literatur sind viele Lösungsstrategien zu finden, um die Authentizität von Ergebnissen zu zeigen (WILLERSLEV UND COOPER 2005). Generell sollten, um die Authentizität von Ergebnissen zu sichern, mehrfache Untersuchungen des gleichen DNA-Abschnittes durchgeführt werden, damit deren Übereinstimmen gewährleistet ist.

1.3.5. Anwendung alter DNA-Untersuchungen in der Archäologie

Das Feld der aDNA Forschung in der Archäologie ist sehr vielseitig. Daher sei hier nur exemplarisch auf einige Studien hingewiesen.

Analysen zur Ur- und Frühgeschichte des Menschen führten durch M. KRINGS ET AL. (1997, 1999), sie amplifizierten die HVR I und II des Neandertalers der Feldhofer Grotte, desweiteren folgten Analysen an Neandertalerfunden aus Mezmaiskaya im Nordkaukasus, erstellt von I. OVCHINNIKOV ET AL. (2000), M. KRINGS ET AL. (2000) erforschten sie in Vindija, Kroatien, und R. SCHMITZ ET AL. (2002) erneut aus der Feldhofer Grotte. Sequenzen von weiteren Neandertalern (SERRE ET AL. 2004) und des gesamten Genoms des Neandertalers wurden erstellt von S. GREEN ET AL. 2010, J. KRAUSE ET AL. 2010. Zahlreiche Arbeiten beschäftigten sich mit der phylogenetischen Stellung der Neandertaler und des anatomisch modernen Menschen (NORDBORG 1998, KRINGS ET AL. 2000, GUITÉRREZ ET AL. 2002, KNIGHT 2003, COOPER ET AL. 2004). Die Rezeption dieser Ergebnisse erfolgt jedoch seitens der Archäologen und Paläontologen nach wie vor zögerlich und kritisch (COOPER ET AL. 2001, ADCOCK ET AL. 2001, RELETHFORD 2001, SCHÄFER ET AL. 2004.). Eine Studie an zwei spätpleistozänen Funden anatomisch moderner Menschen (24.000 Jahre) (CARAMELLI ET AL. 2003) stand sehr in der Kritik, obwohl sie die geforderten aDNA Arbeitskriterien zu erfüllen schienen. Untersuchte menschliche Funde aus neo- und mesolithischem Kontext wurden publiziert von G. DI BENEDETTO ET AL. (2000), W. HAAK ET AL. (2008), B. BRAMANTI ET AL. (2009).

Ein weiteres Feld ist die Identifikation von Spezies und die Untersuchungen zur Material- und Spurenkunde. Diese Studien liefern zum einen wichtige methodische Beiträge z. B. zur Materialanalyse, zur Kontrolle in der Nahrungsmittelindustrie oder im Artenschutz (BOLLONGINO 2000, BURGER ET AL. 2000, BURGER ET AL. 2001) als auch wichtige Erkenntnisse in der Forensik und zur Identifizierung von historischen Persönlichkeiten z. B. von Jesse James (STONE ET AL. 2001) und von Isaac Newton (GILBERT ET AL. 2004) oder der russischen Zarenfamilie (KNIGHT ET AL. 2004).

Ebenfalls an die moderne Rechtsmedizin angelehnt sind die Anwendungen von Methoden zu Verwandtschafts- und Geschlechtsanalysen (z. B. GERSTENBERGER ET AL. 1999, HUMMEL ET AL. 1999, SCHULTES ET AL. 2000, RICAUT ET AL. 2004, KEYSER-TRACQUI ET AL. 2003, HAAK 2006, BRAMANTI ET AL. 2009).

Einige Studien weisen Pathogene, wie Viren und Bakterien nach, die im Gewebe persistieren können, z. B. der Tuberkuloseerreger *Mycobacterium tuberculosis* (SALO ET AL. 1994, DONOGHUE ET AL. 1998, 2001, HAAS ET AL. 2000, ZINK ET AL. 2001, 2003A, 2003B, FLETCHER ET AL. 2003, SCHEWE ET AL. 2005), der Pesterreger *Yersinia pestis* (DRANCOURT ET AL. 1998, 2004, RAOULT ET AL. 2000, DRANCOURT UND RAOULT 2002), der Lepraerreger *Mycobacterium leprae* (TAYLOR ET AL. 2000, HAAS ET AL. 2000, DONOGHUE ET AL. 2001) oder der Erreger der „Spanischen Grippe“ von 1918 (TAUBENBERGER ET AL. 1997, REID ET AL. 1999). Viele dieser Arbeiten werden allerdings sehr kritisch betrachtet, da z. B. einige Bodenbakterien starke Ähnlichkeiten zum Tuberkuloseerreger aufweisen (PÄÄBO ET AL. 2004, GILBERT ET AL. 2005) oder weil ein Nachweis des Pesterregers an gesicherten historischen Proben erfolglos blieb (GILBERT ET AL. 2004). Zur Kontaminations-Problematik von Probenmaterial mit Bodenbakterien beschäftigte sich auch E. WILLERSLEV ET AL. (2004, WILLERSLEV UND COOPER 2005). Weiter medizinisch relevante Themengebiete sind genetisch disponierte Pathologien, wie die zystische Fibrose (BRAMANTI ET AL. 2009), die ankylosierende Spondylitis (HAAK ET AL. 2005) oder die Laktosetoleranz/Intoleranz (MALMSTRÖM ET AL. 2009).

Viele der aDNA Studien versuchten, Fragen im Bereich der Paläontologie, (Archäo-) Zoologie, (Archäo-) Botanik bzw. Archäologie nachzugehen. Als Beispiele phylogenetischer Klassifikationen seien hier ausgestorbene Arten angeführt wie die Quaggas (HIGUCHI ET AL. 1984), das Mammut (HAGELBERG ET AL. 1994, HÖSS ET AL. 1992, NORO ET AL. 1998, GREENWOOD ET AL. 1999), der Höhlenbär (HANNI ET AL. 1994, LOREILLE ET AL. 2001, ORLANDO ET AL. 2002, HOFREITER ET AL. 2002), der Moa (COOPER ET AL. 1992, 2001, BUNCE ET AL. 2009, HUYNEN ET AL. 2003), der Beutelwolf (THOMAS ET AL. 1989, KRAJEWSKI ET AL.

1997), das Riesenfaultier (HÖSS ET AL. 1996), der Riesenadler (BUNCE ET AL. 2005), der Riesenhirsch (LISTER ET AL. 2005, KÜHN ET AL. 2005) und der Höhlenlöwe (BURGER ET AL. 2004).

Aber auch die Analysen von alten Funden heute noch existierender Spezies erbrachten wertvolle Einsichten in die Phylogenie und Dynamik von Populationen wie z. B. die der nordamerikanischen Braunbären (LEONARD ET AL. 2000, BARNES ET AL. 2002), der Bisons (SHAPIRO ET AL. 2004), der Adélie-Pinguine (RITCHIE ET AL. 2004), der Hasen (HARDY ET AL. 1995), der Seeotter (LARSON ET AL. 2002), der Grizzlybären (MILLER ET AL. 2003), der Hawaiiigänse (PAXINOS ET AL. 2002) und Cameliden (RENNEBERG 2008).

In diesem Bereich spielen auch Studien über die Ernährungsgewohnheiten eine wichtige Rolle, welche direkt an Koprolithen (fossile bzw. subfossile Fäkalien) durchgeführt werden können. Hier wurden Studien z. B. zu Fäkalien von Bären (HÖSS ET AL. 1992), zur Kontrolle von Wild- und Zootierbeständen (CONSTABLE ET AL. 1995, KOHN ET AL. 1995), des ausgestorbenen Faultiers (POINAR ET AL. 1998, HOFREITER ET AL. 2000) oder von paläoindianischen Ureinwohnern Amerikas (POINAR ET AL. 2001) erstellt. Ebenso ungewöhnlich war der Ansatz, alte DNA in Sedimenten von Höhlen, Permafrostböden und Eisbohrkernen nachzuweisen. Hierbei konnten u.a. Sequenzen vom Mammut, Bison und diversen Pflanzen und Bakterien in Schichten von teilweise sehr hohem Alter von mehreren 100.000 Jahren gefunden werden (WILLERSLEV ET AL. 1999, 2003, 2004). Diese Arbeiten können jedoch nur vage Hinweise zur Rekonstruktion ökologischer Verhältnisse liefern, da sich die Moleküle einerseits nur bedingt datieren und andererseits nicht reproduzieren lassen (HOFREITER ET AL. 2003, STOKSTAD ET AL. 2003).

Studien, die sich mit dem Ursprung und den Auswirkungen der Domestikation beschäftigen, geben uns wichtige Informationen zu den heutigen Haustieren bzw. Nutzpflanzen. Eine wichtige Arbeit zu diesem Thema ist von BOLLONGINO (2005) erstellt worden. Sie beschäftigt sich mit der Herkunft und Ausbreitung der Hausrinder in Europa. Zwar gab es schon vor der Arbeit Studien anhand moderner Daten (BAILEY ET AL. 1996, TROY ET AL. 2001), die den neolithischen Ursprung der Hausrinder im Nahen Osten postulierten, doch Bollongino konnte diese Befunde direkt anhand von aDNA Daten neolithischer Hausrinder und Auerochsen Mitteleuropas sowie aus dem Nahen Osten bestätigen. Zudem zeigten BOLLONGINO (2005) und EDWARDS ET AL. (2007), dass eine unabhängige Domestikation von Wildrindern in Europa, wie sie von einigen Archäologen postuliert wurde, auszuschließen ist. Darüber hinaus konnte nachgewiesen werden, dass die Abspaltung des europäischen Auerochsen von der Population in Vorderasien und damit von den Vorläufern der späteren Hausrindform bereits

vor ca. 200.000 Jahren erfolgte. Dies glückte zuerst anhand von Untersuchungen genetischer Marker der mitochondrialen und später auch der Y-chromosomalen DNA (Edwards et al. 2011).

Multiple Domestikationsereignisse scheinen plausibel zu sein für Ziegen (LOREILLE ET AL. 1997, LUIKART ET AL. 2001, BAR-GAL ET AL. 2002) und Pferde (LISTER ET AL. 1998, VILA ET AL. 2001). Moderne Daten beider Spezies zeigen eine komplexe Struktur, die vor allem bei den Pferden die weitere Interpretation für die maternalen Linien erschwert. So lassen sich die ermittelten Haplogruppen weder mit geografischen Regionen noch mit einzelnen Zuchten in Verbindung bringen (JANSEN ET AL. 2002). Dieser Eindruck wird bestätigt durch aDNA Studien an Pferden (SCHUH 2008, PRUVOST ET AL. 2007). Studien zur Phylogenie und Domestikation des Hundes/Wolfes weisen nach, dass gerade der von allen Haustieren am längsten domestizierte Hund noch eine sehr große Ähnlichkeit mit dem Wolf besitzt. Die genetische Diversität in beiden Formen ist vergleichbar hoch, was auf eine stetige Einkreuzung der Wildform schließen und einen Domestikationsursprung im Eurasischen

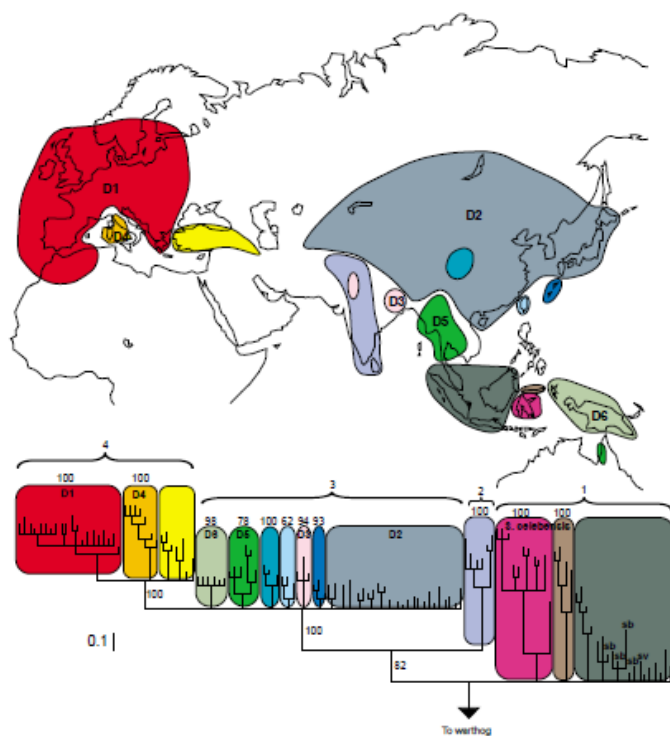


Abb. 13, Haplotypen moderner Wildschweinpopulationen und deren geografische Verteilung (NACH LARSON ET AL. 2005)

Grundlagen zur Neolithisierung aus Sicht der Populationsgenetik und zur Analyse alter DNA Domestikationszentren postulieren (LARSON ET AL. 2005) (Abb. 13). Es konnten in bislang sechs Regionen von Europa bis Südostasien Übereinstimmungen von Wild- bzw. Hausschweinlinien nachgewiesen werden. Sie wurden als Domestikationszentren gedeutet.

Raum annehmen lässt (VILA ET AL. 1999, SAVOLAINEN ET AL. 2002). Anhand des umfangreichen archäozoologischen Fundmaterials wurde auch für die Hausschweine eine erste Domestikation im Nahen Osten angenommen. Moderne DNA Daten lieferten jedoch den Nachweis für mindestens drei Domestikationsursprünge (GUIFFRA ET AL. 2000, KIJAS UND ANDERSON ET AL. 2001). Eine umfassende, aktuelle Studie konnte unter Einbeziehung von 165 alten Proben eine detaillierte Phylogenie erstellen, die mehrere mögliche

Interessanterweise konnten für den europäischen Raum gleich zwei Gebiete bestätigt werden, wovon eins auf die italienische Halbinsel beschränkt blieb und das andere ganz Europa umfasste. Zudem konnten im Gegensatz zu Rindern keine Übereinstimmungen mit den Daten aus dem Nahen Osten bzw. Vorderasien nachgewiesen werden; ein Umstand der ebenfalls auf eine bzw. zwei autochthone Domestikationsereignisse innerhalb Europas schließen lässt. In neuen genetischen Studien (LARSON et al. 2007) wurde mitochondriale DNA von 323 modernen und 221 alten Schweinen untersucht, die über Westurasien verteilt sind. Die Untersuchungen belegen, dass der Ursprung des Hausschweins im Nahen Osten lag und es sich während des Neolithikums (möglicherweise entlang zweier verschiedener Wege) erst nach Europa und dann weiter in Richtung Norden ausgebreitet hat. Dabei ist zu beachten, dass im Pariser Becken ab dem frühen 4. Jahrtausend v. Chr. das Wildschwein auch domestiziert wurde. Die in Europa domestizierten Tiere ersetzen schnell die aus dem Nahen Osten eingeführten domestizierten Schweine. In der vorliegenden Promotion wurde diese Untersuchung als Anhaltspunkt und zum Vergleich herangezogen. Dabei soll geklärt werden, ob die Domestikation in Norddeutschland wirklich auf eine Einfuhr von Wildschweinen aus dem Nahen Osten zurückzuführen ist oder ob es sich um eine autochthone Domestikation handelt. Die Studie von LARSON et al. (2007) besitzt zwar eine große Datenbasis, weist aber gerade im Bereich der Zeit von 5500 bis 3900 v. Chr. nur insgesamt zwei Fundplätze auf: in Deutschland Eilsleben mit 8 Individuen und in Frankreich Bercy mit 9 Individuen, die eine Abstammung aus dem Nahen Osten zeigen. Auch die Daten für die Verbreitung des Wildschweins im Mesolithikum zwischen 11000 und 5500 v. Chr. sind nur anhand zweier Fundplätze in Deutschland belegt. Fundplätze für den skandinavischen Bereich fehlen völlig (Abb. 14).

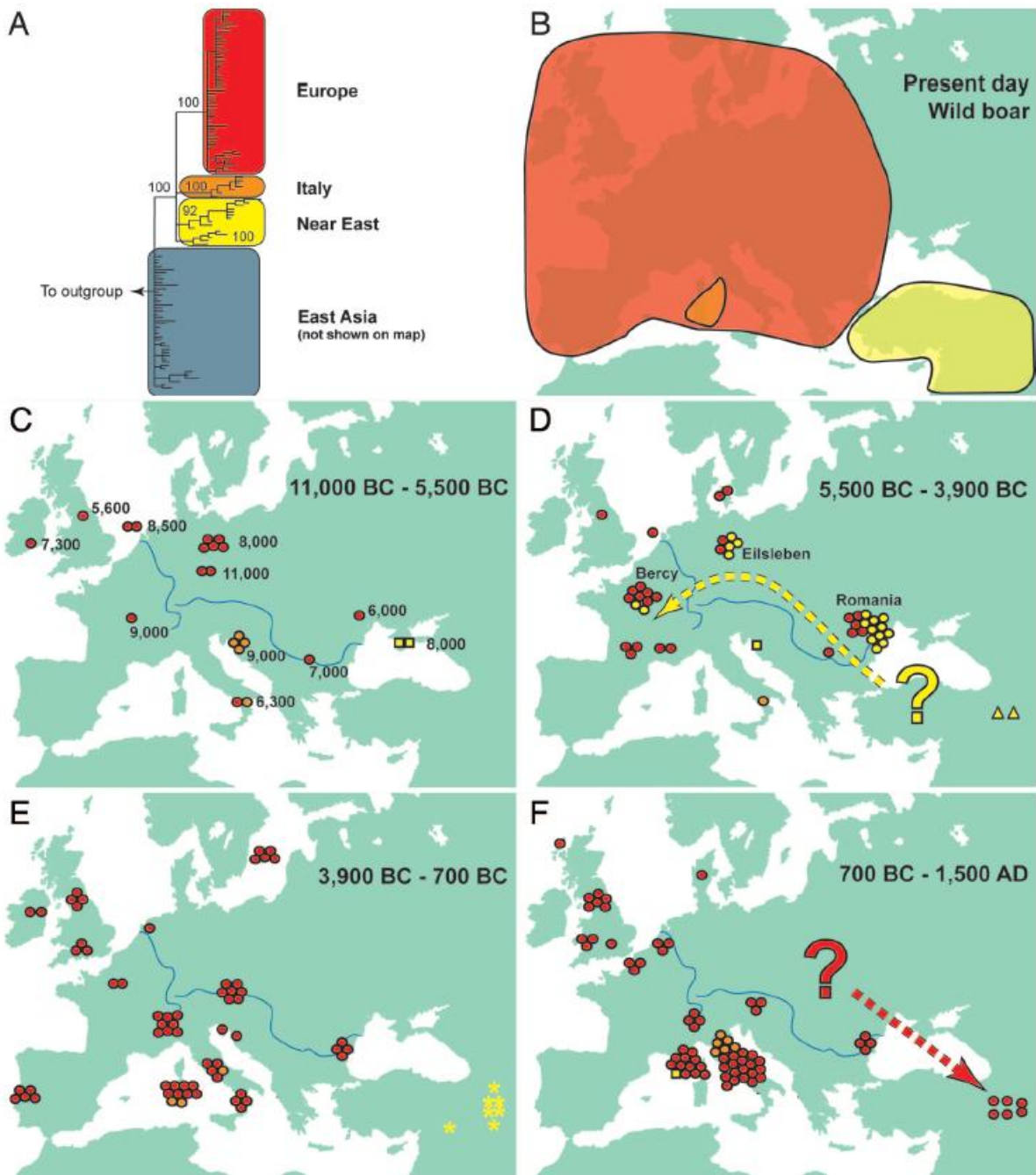


Abb. 14, Ergebnisse der aDNA-Studie von Larson et al. (2007). Punkte stellen als Hausschweine bestimmte Tiere dar, die Farbgebung gibt den Haplotyp aus Bild A an.

2. Material

2.1. Archäologisches Material und deren kulturhistorische Zuordnung

Für die genetischen Untersuchungen wurden Knochen und Zähne aus insgesamt 48 neolithischen bzw. mesolithischen und 5 frühmittelalterlichen Fundplätzen beprobt. Als Exoten wurden Proben aus China und Sri Lanka akquiriert. In den Kapiteln 2.1.1. und 2.1.2. sollen kurz die Fundplätze und ihre wichtigsten Charakteristika, wie Datierung, Lage, Besonderheiten und kulturhistorische Einordnung vorgestellt werden. Eine genaue Auflistung der Anzahl der beprobten Funde pro Fundstelle und ihre archäozoologische Einordnung und Vermessung ist aus Tab. 45 und 46 zu entnehmen.

2.1.1. Mesolithikum und Neolithikum

Tab. 5, Fundorte der mesolithischen/neolithischen/bronzezeitlichen Proben

Fundort	Kulturhistorische Zuordnung	Absolute Datierung	Literatur
Fundplätze der Linienbandkeramischen Kultur			
Flemsdorf, Kr. Angermünde (Brandenburg)	Siedlung der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	TEICHERT 1974
Götting-Grone, -FMZ und -Westumgehung, Stadt Göttingen (Niedersachsen)	Siedlungen der LBK Kultur	v. Chr. 5500-5000	ARNDT 1998, REINHARD 2007, KRAUSE-KYORA UND REINHARD 2010
Herxheim (Rheinland-Pfalz)	Grubenanlage der LBK Kultur	5000-4500 v. Chr.	ZEEB-LANZ 2010, ZEEB-LANZ ET AL. 2009
Niederdorffelden (Hessen)	Siedlung der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	RAMMINGER 2007
Esbeck/Schöningen 1, Kr. Helmstedt (Sachsen-Anhalt)	Siedlung der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	BOESSNECK 1977
Dresden, Cotta (Sachsen)	Siedlung der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	NOCH NICHT PUBLIZIERT
Dresden, Mockritz (Sachsen)	Siedlung der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	NOCH NICHT PUBLIZIERT
Brodau (Sachsen)	Brunnen der LBK Kultur	5500-4500 v. Chr.	NOCH NICHT PUBLIZIERT
Zauschwitz, Lkr. Leipzig (Sachsen)	Siedlungen und Bestattungen der LBK Kultur	5500-3500 v. Chr.	MEYER 1969, NEBELSICK 2006
Vaihingen an der Enz, Kreis Ludwigsburg (Baden-Württemberg)	Befestigte Siedlung und Gräber der LBK Kultur	5600-5000 v. Chr.	KRAUSE 2001, 2002
Hüde 1 am Dümmer, Kr. Grafschaft Diepholz (Niedersachsen)	Siedlung der LBK/TRB Kultur	5500-4200 v. Chr.	HÜBNER 1988
Racot (Polen)	Siedlung der späten LBK	5000-4500 v. Chr.	MAKOWIECKI 2003
Grabie (Polen)	LBK Siedlung	5000-4500 v. Chr.	SOBOCIŃSKI 1985, MAKOWIECKI 2003

Miechowice (Polen)	LBK	5000-4500 v. Chr.	SOBOCIŃSKI 1985, MAKOWIECKI 2003
Milkostowo (Polen)	LBK	5000-4500 v. Chr.	SOBOCIŃSKI 1985, MAKOWIECKI 2003
Fundplätze des Endmesolithikums/Frühneolithikums in Norddeutschland und der Ertebølle Kultur			
Siggeneben Süd, Gem. Grube, (Schleswig-Holstein)	Ertebølle/TRB Wohnplatz	4000-3250 v. Chr.	NOBIS 1983
Grube-Siggeneben LA 25, Kr. Ostholstein (Schleswig-Holstein)	Ertebølle/TRB Wohnplatz	4000-3250 v. Chr.	HARTZ ET AL. 2007
Grube-Rosenhof LA 58, Gem. Grube, Kr. Ostholstein (Schleswig- Holstein)	Altgrabung Ertebølle Wohnplatz neue Grabung Abfallschicht	4500-4250 v. Chr.	GOLDHAMMER 2008, NOBIS 1975
Grube-Rosenfelde LA 83, Gem. Grube, Kr. Ostholstein (Schleswig- Holstein)	Ertebølle Wohnplatz	5000-4500 v. Chr.	HARTZ ET AL. 2007
Wangels LA 505, Gem. Wangels, Kr. Ostholstein (Schleswig-Holstein)	Ertebølle/TRB Wohnplatz	4500-2800 v. Chr.	HARTZ ET AL. 2007
Saiser / Lietzow-Buddelin, Kr. Rügen (Mecklenburg-Vorpommern)	Ertebølle, Wohnplatz,	4500-4000 v. Chr.	TEICHERT 1988, 1989
Poel (Mecklenburg-Vorpommern)	Ertebølle, Wohnplatz	5500-4000 v. Chr.	HARTZ ET AL. 2007
Ralswiek-Augustenhof, Kr. Rügen (Mecklenburg-Vorpommern)	Ertebølle, Wohnplatz	5500-4000 v. Chr.	TEICHERT 1988, 1989
Neustadt (Schleswig-Holstein)	Ertebølle/TRB Wohnplatz	4500-4000 v. Chr.	HARTZ ET AL. 2007
Ellerbek, Ot. von Kiel (Schleswig- Holstein)	Spätmeso, Ertebølle	4500-3500 v. Chr.	GEHL 1928
Fundplätze des Neolithikums und der Bronzezeit			
Bistoft LA 11, Kr. Schleswig- Flensburg (Schleswig-Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	4000-3200 v. Chr.	JOHANSSON 1981
Fuchsberg-Südensee (Fst. Satrupholmer Moor), Kr. Schleswig- Flensburg (Schleswig-Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	3500-3300 v. Chr.	NOBIS 1962
Neukirchen Bostholm, Kr. Schleswig-Flensburg (Schleswig- Holstein)	Siedlung der TRB Kultur (MN III-IV)	3000-2900 v. Chr.	REICHSTEIN 1985
Süsau, Gem. Heringsdorf, Kr. Ostholstein (Schleswig-Holstein)	Siedlung der TRB Kultur (MN III-IV)	4000-3000 v. Chr.	NOBIS 1971, 1987
Erdwerk Tempelhof 2/Fuchsberg (Niedersachsen)	Erdwerk der TRB Kultur	4000-3500 v. Chr.	GESCHWINDE UND RAETZEL- FABIAN 2009
Dannau LA 191 (Schleswig- Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	4000-3000 v. Chr.	HOIKA 1981
Seedorf LA 245 (Schleswig- Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	4000-3000 v. Chr.	SCHWABEDISSEN 1957
Schlamersdorf LA 15 (Schleswig- Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	4000-3000 v. Chr.	SCHWABEDISSEN 1994
Wolkenwehe LA 154 (Schleswig- Holstein)	Neolithische Siedlung	3500-3100 v. Chr.	SCHWABEDISSEN 1958, MISCHKA 2007
Bebensee LA 76 (Schleswig- Holstein)	Siedlung der TRB Kultur	4000-3000 v. Chr.	LÜBKE 2000
Berlin, SE (Schleswig-Holstein)	Neolithische Siedlung	4000-2800 v. Chr.	SCHWABEDISSEN 1957
Satrup 2 (Schleswig-Holstein)	Neolithische Siedlung	4500-3500 v. Chr.	SCHWABEDISSEN 1957
Swifterbant (Niederlande)	Siedlung der Swifterbant- Kultur	3800-3400 v. Chr.	RAEMAKERS 2006
Nakonowo (Polen)	Siedlung der Kugelamphoren Kultur	3400-2800 v. Chr.	KOZŁOWSKI 1989, DOMANSKA 2003
Kowal (Polen)	Siedlung der Kugelamphoren Kultur	3400-2800 v. Chr.	KOZŁOWSKI 1989, DOMANSKA 2003

Bruszczewo (Polen)	frühbronzezeitliche Siedlung	2100-1500 v. Chr.	MÜLLER, CZEBRESZUK UND KNEISEL 2010
Champ Durand (Frankreich)	Erdwerk der Chasséen Kultur	4000-3500 v. Chr.	GESCHWINDE UND RAETZEL-FABIAN 2009
D. Moštre, (Bosnien)	Siedlungen der Butmirgruppe des Spätneolithikum	5200 und 4500 v. Chr.	RASSON 1983, MÜLLER 1994, 2005, 2006, HOFMANN ET AL. 2005, 2007
Zagrebnice(Bosnien)	Siedlungen der Butmirgruppe des Spätneolithikum	5200 und 4500 v. Chr.	
Okolište(Bosnien)	Tellsiedlungen der Butmirgruppe des Spätneolithikum	5200 und 4500 v. Chr.	
Gatas Turre (Spanien)	bronzezeitliche Siedlung	2800-800 v. Chr.	BUIKSTRA ET AL. 1995
Canta 1 (Türkei)	bronzezeitliche Siedlung	3000-2000 v. Chr.	NOCH NICHT PUBLIZIERT
Kurdu (Türkei)	Tell der Halaf-Periode	6000-4000 v. Chr.	ÖZBAL 2004

2.1.2. Frühmittelalter

Tab. 6, Fundorte der frühmittelalterlichen Proben

Fundort	Kulturhistorische Zuordnung	Absolute Datierung	Anzahl der Archäozoologischen Hinterlassenschaften	Literatur
Haithabu, Kr. Schleswig-Flensburg, Schleswig-Holstein	Fränkisch/Wikinger-Siedlung	7. bis 11. Jh. n. Chr.	Ca. eine viertel Million Kn. Die in dieser Studie untersuchten Funde stammen aus der Grabung im Hafenanreal. Der Wildtieranteil liegt in Haithabu bei unter 5 %. Schweine (45 %) und Rinder (40 %) dominieren die Zusammensetzung der Haustiere zu fast gleichen Teilen mit insgesamt über 85 %, danach kommen Schafe und Ziegen	HERRE 1960, TIESSEN 1970, REICHSTEIN UND TIESSEN 1974, REICHSTEIN 1974, POLLOCK 1976, KLEIN UND REICHSTEIN 1977, BECKER 1980, JOHANSSON 1982, HÜSTER 1986, HÜSTER-PLOGMAN 1993, REICHSTEIN UND PIEPER 1986, JOHANSSON UND HÜSTER 1987, REICHSTEIN 1969, 1974, 1984, 1991, 2002, SCHMÖLCKE ET AL. 2006, SCHMÖLCKE UND HEINRICH 2006).
Haferwisch, Kreis Dithmarschen, Schleswig-Holstein	Friesische-Fränkische Wurtensiedlung	2. bis 5. Jh. n. Chr.	Eine Auswertung der archäozoologischen Hinterlassenschaften der Wurt Haferwisch liegt nicht vor.	MEIER 2007, 2001

Feddersen-Wierde, Landkreis Cuxhaven, Niedersachsen	Wurtendorf in der Seemarsch	1. Jh. v. Chr. bis 5. Jh. n. Chr.	50000 Kn. Der Wildtieranteil beträgt in der Siedlung unter 0,5 %. Die Zusammensetzung der Haustiere wird durch das Rind dominiert mit fast 70 %, die restlichen 30 % verteilen sich fast gleichmäßig auf Schafe und Ziegen, Schweine und Pferde. Wobei die Schaf- und Ziegenzucht wohl ein wichtigerer Wirtschaftszweig darstellte als die Schweine- und Pferdezucht	REICHSTEIN 1972, 1973, 1991, HEINRICH 1991
Schild, Schleswig, Kr. Schleswig- Flensburg, Schleswig-Holstein	Fränkisch-Deutsche Siedlung	Schichten des 11.-14. Jh. n. Chr.	Ca. eine viertel Million Kn. Die Fleischversorgung städtischer Bevölkerungen in Norddeutschland während des ausgehenden Mittelalters erfolgte vor allem durch das Hausrind; der Anteil an Rindern in den archäozoologischen Hinterlassenschaften beträgt etwa 50 %. Je nach den Gegebenheiten der umgebenden Landschaft belegen entweder Schafe und Ziegen (Schleswig) oder das Hausschwein (Lübeck) den zweiten Platz, die anderen Haussäugetiere spielen nur eine sehr untergeordnete Rolle.	SALMAN 1977, SPAHN 1986, HEINRICH 1987, HÜSTER 1990, HEINRICH 1991, 1999
Oldenburg, Kreis Oldenburg, Schleswig-Holstein	Slawische Siedlung	7. bis etwa 13. Jh. n. Chr.	Eine Besonderheit ist der gegenüber anderen Siedlungen erhöhte Anteil an Wildtieren von über 5 % und ein hoher Anteil an Pferden. Die Zusammensetzung der Haustiere wird durch das Schwein mit über 50 % dominiert, danach kommt das Rind mit über 35 %, die restlichen 15 % verteilen sich überwiegend auf Schafe, Ziegen und Pferde	STAMPFLI 1961, PRUMMEL 1991

2.2. Rezenten Probenmaterial und Vergleichssequenzen

Um neue Systeme zur genetischen Untersuchung von Wild- und Hausschweinen zu entwickeln, musste zunächst ein rezentes Vergleichskollektiv gewonnen werden. Die Akquise rezenten Probenmaterials erfolgte im Tierpark Arche Warder, in der Haustierkunde der Universität Kiel, in Südafrika und im Yala Nationalpark auf Sri Lanka. Es handelte sich um Gewebe, Blut, Knochen, Zähne, Haare und fertige DNA-Isolate. Die letzteren wurden von Dr.

Kirschning im Rahmen ihrer Dissertation angefertigt (Kirschning 2009). Die Isolate umfassen alle Wildschweine mit der Ausnahme der Individuen aus Sri Lanka.

Tab. 7, Moderne Referenzproben.

Land	Ort	ID	Koordinaten	Art/Status	Haarfarbe / Besonderheiten
Deutschland	Kogel	Ko5, Ko6, Ko10, Ko11, Ko12, Ko13	53°38' N 10°49' E	Wildschwein	Wild / KO 12 weiß mit schwarzen Punkten
	Segeberg	Se5, Se6	53°57' N 10°08' E	Wildschwein	wild
	Emkendorf	Em5, Em10, Em11, Em12, Em13	54°15' N 09°52' E	Wildschwein	wild
	Harz	HZ5, HZ6, HZ7, HZ8, HZ9	51°43' N 11°06' E	Wildschwein	wild
	West-Deutschland	Al100, Al101, Al102, Al103, Al104	50°00' N 06°31' E	Wildschwein	wild
Polen	divers	Polen5	50°39' N 22°21' E	Wildschwein	wild
	Bieszady	BIE5	49°05' N 22°46' E	Wildschwein	wild
Slowakei	divers	SloI5	48°54' N 20°47' E	Wildschwein	wild
		SloII5		Wildschwein	wild
Ukraine	divers	UkrI5	48°59' N 24°18' E	Wildschwein	wild
Griechenland	divers	OI5	39°52' N	Wildschwein	wild
		La5	22°00' E	Wildschwein	wild
		Vr5		Wildschwein	wild
		Pil5		Wildschwein	wild
Rumänien	Plateau	Pt5		Wildschwein	wild
	Timisoara	TM4, TM5	45°45' N 21°15' E	Wildschwein	wild
	Lipova	LP4, LP5	46°06' N 21°43' E	Wildschwein	wild
	Caransebeş	Car5	45°24' N 22°13' E	Wildschwein	wild
	Constanta	CT1, CT2, CT3, CT4, CT5	44°13' N 28°33' E	Wildschwein	wild
Sri Lanka	Yala Nationalpark	SriLa I	06°16' N	Wildschwein	wild
		SriLa II	81°20' E	Wildschwein	wild
Deutschland	Arche Warder	Bent I	Nicht Relevant	Bunte Bentheimer	weiß mit schwarzen Punkten / hoher Fettanteil auch im Fleisch / Frühreif
		Bent II			
		Bent III			
		Bent IV			
		Linderød I		Linderød	weiß mit schwarzen Flecken/Punkten
		Linderød II			
		Schwein II		Modern Zuchtrasse	weiß
		88846			
39435					
39448	Mangalitza	schwarz / braun ähnelt stark dem Wildtyp / Woll-Haare			

		roteWoll I		Rotes Mangalitza Wollschwein	rotbraun / Woll-Haare
		roteWoll II			
		Wollschwein		Mangalitza Wollschwein	schwarz / braun ähnelt stark dem Wildtyp Woll-Haare
		Meishan		Meishan	schwarz / asiatische Zuchtrasse / sehr fetthaltig
		Turopolje		Turopolje	weiß mit schwarzen Punkten
		AnglerSattel		Angler Sattelschwein	weiß mit schwarzen Bändern
		rotbunteBent		Rotbunte Bentheimer	weiß mit braunroten Punkten / hoher Fettanteil auch im Fleisch / frühreif
		BunteBent		Bunte Bentheimer	weiß mit schwarzen Punkten / hoher Fettanteil auch im Fleisch / frühreif
		Glöckchen		Glöckchenschwein	weiß mit schwarzen Punkten/besonders fettreich
Südafrika	Markt	Afr I		Zuchtrasse Südafrika	weiß
		Afr II			

3. Methoden

3.1. Maßnahmen zur Kontaminationsvermeidung

Die Analyse von aDNA erfordert besonders sensible, methodische und pragmatische Vorkehrungen. Wie in Kapitel 1.3.3 beschrieben, verlangen die spezifischen Problemstellungen des Untersuchungsmaterials Strategien, die in erster Linie die Authentifizierung der Ergebnisse gewährleisten müssen. Die PCR bzw. die Untersuchungssysteme für aDNA sind äußerst sensitiv, dadurch entsteht die Gefahr, dass die stark fragmentiert und singulär vorliegende aDNA gegenüber intakter moderner Spuren fremden Ursprungs bei der Untersuchung „untergeht“ (HÖSS ET AL. 1996). Dies führt zu falschen positiven Ergebnissen. Daher müssen alle möglichen Kontaminationsquellen vermieden werden. Als Kontaminationsquellen sind *carry over* Kontaminationen (Longo ET AL. 1990), Kreuzkontaminationen zwischen Proben (KITCHIN ET AL. 1990), mit DNA kontaminierte Reagenzien und Einwegmaterialien (SCHMIDT ET AL. 1995; TAMARIZ ET AL. 2006) und natürlich der Eintrag von menschlicher DNA durch somatische Zellen, z. B. durch die Bearbeiter (KITCHIN ET AL. 1990) zu nennen. Im Folgenden soll geschildert werden, welche Laborstandards und Präventionsmaßnahmen eingehalten wurden.

Die größten Fehlerquellen liegen in den Carry over-Kontaminationen durch PCR-Produkte. Dabei ist die Zielsequenz mit den kontaminierenden Sequenzen identisch. Um diese Gefahr methodisch zu umgehen, sind im Institut für Rechtsmedizin des Universitätsklinikums Kiel die Laboratorien für die Bearbeitung von archäologischem Probenmaterial räumlich von den rezentgenetischen bzw. nachfolgenden Anwendungen, z. B. PCR und Sequenzierung, getrennt. Diese Trennung von Prä- und Post-PCR-Laborbereich ist weiter mit einer strikten „Einbahnstraßenregelung“ versehen, wobei Chemikalien und Verbrauchsstoffe ausschließlich nur einem Bereich zugeordnet sind. Das strikte Einhalten einer Kleidervorschrift und der Hygiene sind dabei genauso Bestandteil wie auch ein Schleusensystem in den Eingangsbereichen der aDNA-Labore, wo die eigene Kleidung abgelegt und die Schutzkleidung angelegt wird.

Die Kontamination durch Bearbeiter stellt vor allem im Bereich der humanen aDNA ein besonders großes Problem dar. Alle Arbeitsschritte werden daher in geeigneter Schutzkleidung, bestehend aus Reinstraumanzügen (DuPont Tyvek), Überschuhen, chirurgischem Mundschutz, einer zusätzlichen Stirn- und Haarhaube und mehreren Lagen Einweghandschuhen durchgeführt. Für die einzelnen Arbeitsschritte wurden verschiedene

Anzüge verwendet. Alle Verbrauchsmaterialien werden mit UV-Licht (256nm) bestrahlt und nach Gebrauch gewechselt. Alle im Spurenlabor tätigen Personen und mögliche Bearbeiter der Proben wurden für die entsprechenden DNA Abschnitte typisiert, um im letztmöglichen Schritt per Vergleich der Ergebnisse putative „Kontaminatoren“ zu identifizieren. Die Probenoberflächen wurden großzügig abgetragen (vergl. Kap. 3.2.1).

Bei den Cross-kontaminationen stellen die Proben selbst eine mögliche Kontaminationsgefahr dar, z. B. durch ungenügende Reinigung von Gegenständen und Arbeitsflächen. Hier können Moleküle einer Probe eine andere verunreinigen. Dieser wird durch allgemeiner und intensiver Reinigung zwischen den Arbeitsschritten durch Seifenlösung, Natriumhypochlorid [DanKlorix] und Bestrahlung mit UV-Licht entgegengewirkt. Jeder Arbeitsbereich verfügt zudem über kleine Glaskammern, die speziell für das Arbeiten in den molekulargenetischen Bereichen ausgelegt sind. In ihr wird durch einen kleinen Spalt gearbeitet und sie wird durch eine zeitschaltuhrgesteuerte UV-Anlage gesondert dekontaminiert. Das Mitführen von mehreren Leerkontrollen und Proben anderer Spezies bei Extraktion und PCR kann helfen, mögliche Kontaminationen frühzeitig zu erkennen und ist in den Arbeitsprotokollen standardisiert. Kontaminationen durch externe Materialien, wie Reagenzien, Lösungen, Gegenstände, Behältnisse und Verbrauchsmaterialien wurden dadurch vermieden, dass alles nach Ankunft im Spurenlabor gründlichst mit Wasser, Seife und Natriumhypochloridlösung gereinigt und von allen Seiten mit UV-Licht bestrahlt wurde. Jegliche Form und Art der Verpackung wird bereits zuvor entfernt und nach den Reinigungsschritten durch laborseitige Behältnisse ersetzt. Reagenzien und Chemikalien werden durch fortwährendes *monitoring* der Extraktions- und PCR-Reagenzien durch Leerkontrollen kontrolliert.

3.2. Extraktionsmethode

Die Extraktionsmethoden teilen sich in zwei unabhängige Teilbereiche. Nicht nur die Methoden unterscheiden sich in diesen Teilbereichen, sondern auf Grund der in Kapitel 3.1. beschriebenen Kontaminationsproblematik und deren Vermeidung unterschieden sich auch die Räumlichkeiten, in denen die Extraktionen stattfanden. Im Folgenden werden die Extraktionsmethoden für archäologisches und modernes Probenmaterial getrennt vorgestellt.

3.2.1. Archäologisches Material

In der aDNA-Analytik spielt die DNA-Extraktion eine zentrale Rolle. Die geringe Anzahl analysierbarer Zielsequenzen und andere Degradierungserscheinungen alter DNA, aber auch die häufig gegebene Limitierung des verfügbaren Probenmaterials und potentiell enthaltene PCR Inhibitoren machen effiziente und materialsparende Extraktionsmethoden notwendig. Der Extraktionserfolg und die Qualität der Extrakte bedingen die Möglichkeit, weiterführende molekulargenetische Untersuchungen durchzuführen.

Die Probenentnahme von etwa 1-2 g schweren Knochen- oder Zahnstücken erfolgte mit einer Diamanttrennscheibe und einem Multifunktionswerkzeug, bei dem die Drehzahl regulierbar ist (Dremel). Bei der Beprobung von Zähnen wurden diese mit einer Zange aus der Alveole gelöst und die Wurzel von der Krone getrennt. Da bei Zähnen die für eine DNA-Extraktion wichtigen Zellen im Wesentlichen in den Wurzeln vorliegen, wurden nach Möglichkeit nur diese für die Weiterverarbeitung verwendet. Um potentielle Kontamination der Proben durch an der Oberfläche anhaftende Fremd-DNA zu vermeiden, wurden die Oberflächen der Proben mit der Trennscheibe oder einem Skalpell großzügig abgetragen. Danach wurden alle Proben für 5 min mit Natriumhypochlorid-Lösung (konzentriertes Danchlorix) und anschließend mit ddH₂O gewaschen, um mögliche anhaftende Fremd-DNA zu entfernen. Nach der Trocknung wurden die Proben in einem Stahlmörser in einer Kugelschwingmühle (MM2, Retsch) homogenisiert, um so eine maximale Oberflächenvergrößerung zu erreichen. Das so gewonnene Knochenmehl wurde in 2 ml Schnappdeckelgefäßen aliquotiert und bis zur weiteren Bearbeitung bei -20°C tiefgefroren. Vor dem eigentlichen Extraktionsprozess wurde das homogenisierte Knochen- und Zahnmehl vorbereitenden Schritten zur Dekalzifizierung und Zelllyse unterzogen. Für den Einsatz in das Extraktionsgerät (EZ 1, Quiagen) wurden 0,1-0,2 g Knochenpulver mit 0,5 ml des Komplexbildners EDTA (0,5 M, pH = 8,0) versetzt und 18 Std. bei 37°C unter permanenter Invertierung in einem Rotator inkubiert. Zur Zelllyse wurde das Gemisch dann mit 20 µl Proteinase K (20 mg/ml, Qiagen) versetzt und weitere 2,5 Std. bei 56°C in einem Thermomixer (Analytik Jena) inkubiert. Nach abschließender Zentrifugation für 3 min bei 6000 rpm (Eppendorf) wurden 200 µl vom flüssigen Überstand abgenommen und in die automatisierte DNA-Extraktion eingesetzt. Das Elutionsvolumen betrug 50 µl. Die Vorteile des automatisierten Verfahrens gegenüber der häufig in der aDNA-Analytik eingesetzten manuellen Phenol-Chloroform-Extraktion liegen in der verminderten Kontaminationsgefahr durch fremde DNA während des Extraktionsprozesses. Darüber hinaus ermöglicht der Extraktionsroboter einen hohen Probendurchsatz in geringer Zeit und erstellt

dabei Extrakte mit einem hohen Reinheitsgrad fast ohne PCR-Inhibitoren (WESTENTHANNER 2006). Trotz der geringeren DNA-Ausbeute im Vergleich zur Phenol-Chloroform-Extraktion überwiegen die beschriebenen Vorteile und machen dieses Verfahren für die aDNA-Analytik besonders geeignet (MONTPETIT ET AL. 2005). Das Prinzip der EZ1-DNA-Extraktion basiert auf einer Guanidiumthiocyanat/ Guanidiumhydrochlorid-Extraktion, in der die DNA an silikatbeschichtete Magnetpartikel (magnetic beads) gebunden wird (Fa. Qiagen). Die Wirkungsweise dieses Verfahrens ist schematisch dargestellt in Abb. 15. Die durchgeführten Schritte und verwendeten Reagenzien (Angaben von Qiagen) sind in Tab. 8 zusammengefasst, desweiteren sind nähere Informationen zur genauen Funktionsweise dieser Extraktionsmethode in der Arbeit von D. SCHMIDT (2004) aufgeführt. Für die DNA-Extraktion wurde das EZ1 Program *forensic* Protokoll für *trace samples* genutzt. Das endgültige Elutionsvolumen des Extraktes betrug 50 µl. Das Eluat wurde anschließend bei -20°C eingefroren.

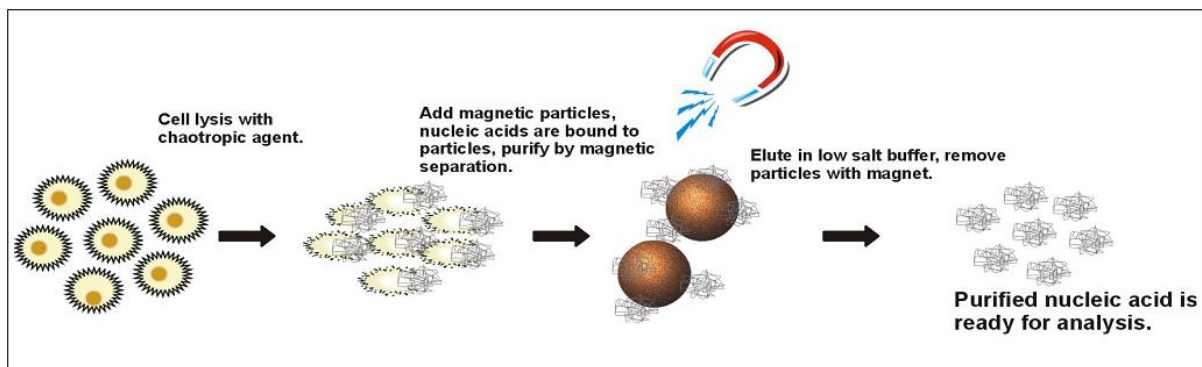


Abb. 15, Prinzip der im EZ1 Biorobot angewendeten Extraktionsmethode. Das Verfahren beruht auf einer Zelllyse in chaotropem Milieu, der Bindung von DNA an silicabeschichtete magnetische Partikel, die samt der daran haftenden DNA über magnetische Separation abgetrennt werden können. Nach einigen Waschschrritten wird die DNA wieder von den Magnetic Beads eluiert und steht für den Einsatz in die PCR zur Verfügung (Bildquelle: Fa. Qiagen).

Tab. 8, Arbeitsabläufe und verwendete Reagenzien im EZ1 Biorobot (nach Angaben von Qiagen)

Schritt	Reagenz	Wirkung
Zelllyse und Binden	Chaotrope Lösung (GTC) + silicabeschichtete Magnetic Beads	DNA bindet an Magnetic Beads
Waschen	Chaotrope Lösung	entfernt nicht an Beads gebundene Stoffe
Waschen	EtOH	entfernt GTC-Rückstände
Spülen	Wasser (kalt)	entfernt EtOH-Rückstände
Eluieren	Wasser oder niederkonzentrierte Puffer (warm)	Lösen der DNA von den Magnetic Beads

3.2.2. Rezentes Material

Es wurde DNA aus rezentem Gewebe, Blute, Haaren, Knochen und Zähnen gewonnen. Das Probenmaterial, mit Ausnahme der Haare (s.u.) wurde mit dem Invisorb® Spin Forensic Kit extrahiert. Die Extraktion wurde mit kleinen Änderungen nach Herstellerprotokoll durchgeführt. Zuerst wurde das Probenmaterial mit Hilfe eines Skalpells zerkleinert, bzw. Zähne und Knochen wurden in einem Stahlmörser in einer Kugelschwingmühle (MM2, Retsch) homogenisiert. Bei Zähnen und Knochen erfolgte dann ein Dekalzifizierungsschritt mit 0,5 ml EDTA (0,5 M, pH = 8,0) für 18 Std. bei 37°C. Danach erfolgte die Zugabe von 1 ml Bone Lysis Enhancer (Invitek). Die Proben wurden gevortext und mindestens 2 Std. bei Raumtemperatur inkubiert. Nach der Inkubationszeit erfolgte eine Zentrifugation (Eppendorf) des Ausgangsmaterials und 300 µl des Überstandes wurden in ein neues 1,5 ml Reaktionsgefäß überführt. Bei allem Probenmaterial erfolgte nun die Zugabe von 100 µl Lysis Puffer M, 10 µl Proteinase K (20 mg/ml, Qiagen). Die Lyse der Zellen erfolgte über Nacht bei 56°C unter kontinuierlichem Schütteln im Thermoschüttler (Eppendorf). Um die Bindung der DNA am Filter zu optimieren, wurden 200 µl Binding Puffer B6 zugegeben. Nachdem der Spin Filter in das 2,0 ml Auffanggefäß gesetzt wurde, erfolgte die Überführung des Lysats auf den Filter. Nach der einminütigen Zentrifugation bei 13.000 rpm war die DNA im Filter gebunden. Für den Waschschrift wurden zunächst 300 µl Waschpuffer I auf den Filter pipettiert und dieser für 30 s bei 13.000 rpm zentrifugiert. Der Filter wurde in ein neues Reaktionsgefäß überführt, mit 600 µl Waschpuffer II versetzt und 30 s bei 13.000 rpm zentrifugiert. Um letzte Rückstände des Waschpuffers (Ethanol basierend) zu entfernen, erfolgte eine weitere Zentrifugation für 2 min bei 13.000 rpm. Für die Lösung der DNA aus dem Filter wurde dieser in ein neues 1,5 ml Reaktionsgefäß gesetzt und mit 60 µl vorgewärmten Elution Puffer D versehen. Die Inkubation erfolgte bei Raumtemperatur für eine Minute. Durch eine weitere Zentrifugation bei 13.000 rpm für 1 min befand sich die DNA im Filtrat und der Filter konnte verworfen werden.

Die Haare wurden zunächst mechanisch von anhaftenden Partikeln befreit und anschließend mit einem Skalpell in kleine Stücke geschnitten. Die Lyse und Extraktion der Haare wurden nach folgendem Protokoll durchgeführt. Es wurden 5 Haare mit 0,5 ml Lysepuffer (Qiagen AT-Buffer) versetzt und anschließend gevortext. Es folgte eine Inkubation im Thermorüttler bei 37°C bis die Haare komplett gelöst waren, dies dauerte in den meisten Fällen etwa 24 Std.. Es folgte die Zugabe von 20 µl Proteinase K und eine Inkubation bei 56°C für 2,5 Std.. Danach wird die Probe für 3 min mit 6000 rpm zentrifugiert. Von dem Überstand

wurden 0,2 ml in die Extraktion im EZ1Biorobot (Qiagen) eingesetzt und wie bei den alten Proben (s.o.) mit dem trace protocol behandelt. Das Elutionsvolumen betrug 50 µl.

3.3. Agarose-Gelelektrophorese, Aufreinigung der PCR-Produkte und Sequenzierung

Agarose-Gelelektrophorese ist eine Methode für die Auftrennung von DNA-Fragmenten hinsichtlich ihrer Größe, Ladung und ihrer sterischen Beschaffenheit. Den größten Einfluss haben dabei die Dies negativ geladenen Molekülen der Nukleinsäuren. Durch das Anlegen eines elektrischen Feldes wandern die negativ geladenen Moleküle durch die Gelmatrix zur positiven Elektrode. Die kleineren DNA-Moleküle sind dabei schneller, da sie seltener mit der Agarose-Matrix wechselwirken (MARTIN 1996). Zur Herstellung eines einprozentigen bzw. zweiprozentigen Gels wurden 1 g bzw. 2 g Agarose mit 100 ml 1 x TBE-Puffer versetzt. Das Gemisch wurde anschließend in einer Mikrowelle (800 W) für 3 min unter mehrmaligem Schwenken aufgeköcht. Anschließend wurden 5 µl Ethidiumbromid zugegeben. Ethidiumbromid ist ein Farbstoff der in die DNA interkaliert, und UV-Licht absorbieren und anschließend im sichtbaren Bereich wieder freisetzen kann (MARTIN 1996). Das Gel wird in eine horizontale Minigelkammer aus durchsichtigem Plexiglas gegossen. 5 µl der DNA-Probe werden mit 3 µl Ladepuffer versetzt, der als Farbmarker niedermolekulares Bromphenolblau enthält. Die verwendete DNA-Leiter (Hyperladder™ I bzw. IV von Bionline) beinhaltet bereits einen Farbmarker. Später wurden die Leitern und die vorbereiteten Proben auf das Gel aufgetragen. Die Parameter der Elektrophorese 120 V, 200 mA für 60 min. Zur Auswertung der Banden unter UV-Licht sowie zur Fotodokumentation des Gels kommt der Gel-Doc (Bio-Rad) zum Einsatz.

Nach der PCR-Reaktion müssen alle ungebundenen farbmarkierten dNTPs, freie Primer, einzelsträngige DNA-Fragmente und überschüssige Polymerase aus dem PCR-Produkt entfernt werden. Hierfür wurde das Enzymgemisch ExoSAP-IT® (USB CORPORATION) verwendet. Es handelt sich hierbei um ein Enzymgemisch aus EXO 1 (Exonuclease 1) und SAP (Shrimp Alkyllyne Phosphotase). Das Enzym Exonuclease I schneidet und beseitigt einzelsträngige Primer und alle überflüssigen einzelsträngigen DNA-Fragmente (SAMBROOK ET AL. 1989, WERLE ET AL. 1994). Die Exonuclease I degradiert einzelsträngige DNA und Oligonukleotide (Primer) in 3'>5' Richtung und SAP löst die Phosphatgruppen der freien Nukleotide auf, so dass diese in der Sequenzierreaktion das Verhältnis von dNTPs und markierten ddNTPs nicht stören. Das Protokoll sieht einen einzigen Pipettierschritt vor, in

dem 8 µl PCR-Produkt mit 2,5 µl ExoSap-IT versetzt werden, anschließend wird das Gemisch für 15 min bei 37°C inkubiert. Es folgt die Inaktivierung der Enzyme bei 80°C für 15 min. Die Proben sind dann bereit für die direkte Sequenzierung.

Daraufhin wurde dann die Sequenzierungs-PCR unter Anwendung der Kettenabbruchmethode nach SANGER durchgeführt (SANGER ET AL. 1977, KLUG, CUMMINGS UND SPENCER 2007). Bei dieser Sequenzierungsreaktion werden zusätzlich zu den üblichen Desoxyribonukleotiden (dNTPs: dATP, dCTP, dGTP, dTTP) fluoreszenzmarkierte Didesoxyribonukleotide (ddNTPs: ddATP, ddCTP, ddGTP, ddTTP) verwendet. Dabei führen die ddNTPs zu einem Abbruch der Synthetisierung des Stranges, der Elongation. Sie haben statt der 3'-OH-Gruppe eine 3'-H-Gruppe, die nach deren Einbau eine weitere Verlängerung des DNA-Stranges unmöglich macht. Da die modifizierten Nukleotide nach dem Zufallsprinzip zur Anwendung kommen, liegen nach ausreichend vielen PCR-Zyklen DNA-Fragmente mit identischer Nukleotid-Reihenfolge in allen erdenklichen Längen vor, bei denen jeweils die letzte Base spezifisch markiert ist. Die Taq Cycle-Sequencing Reaktion wurde in einem Reaktionsvolumen von 20 µl durchgeführt und beinhaltete die folgenden Komponenten, wobei die einzusetzende DNA-Menge über das Agarosegelbild abgeschätzt wurde (s.o.):

2 µl BigDye Terminator V1.1 (PE Applied Biosystems),

3 µl 5X Sequencing Buffer (PE Applied Biosystems),

0,6 µl Primer (AK 5 pmol/µl = 3,2 pmol),

1-8 µl aufgereinigtes PCR-Produkt,

HPLC-H₂O (Merck) zum Auffüllen des Reaktionsvolumens auf 20 µl.

Die Sequenzierreaktion erfolgte in einem DNA Thermal Cycler mit dem folgenden Temperaturprofil.

Initiale Denaturierung: 10 min / 96°C

25 Zyklen mit: 10 sec / 96°C; 5 sec / 50 bis 60°C, 4 min / 60°C

Die Annealingtemperatur ist abhängig von den eingesetzten Primern und variiert deshalb von den zu amplifizierenden DNA-Fragmenten zwischen 50 und 60°C.

Nach der Sequenzierungs-PCR müssen alle ungebundenen farbmarkierten ddNTPs und die überschüssige Polymerase aus dem PCR-Produkt entfernt werden. Dafür wurde in dieser Arbeit das Dye Ex Kit von QIAGEN genutzt. Die Aufreinigung mit dem DyeEx-Kit beruht auf einer Gelmatrix, die die Verunreinigungen aus den PCR-Produkten zurückhält. Das DyeEx Gelfiltrationsmaterial besteht aus Kugeln mit einheitlichen Poren und trennt Moleküle nach Molekulargewicht auf, zudem binden und spalten die Kugeln mit dem Reaktionsgemisch

DyeEx die ddNTPs in den Poren. Eine schnelle Zentrifugation (3 min bei 3.000 rpm) der mit der Gelmatrix beladenen Säulchen entfernt den Lagerpuffer aus der Matrix. Danach wurde das PCR-Produkt (20 µl) auf das Säulchen geladen und in einem zweiten Zentrifugationsschritt (3 min bei 3.000 rpm) durch die Matrix gedrückt.

Für die Sequenzierung wurden 20 µl des gereinigten PCR-Produkts in 0,5 ml Genetic Analyzer Sample Tubes überführt. Die Gefäße werden mit einem Gummisepta verschlossen. Die Sequenzierung und Analyse erfolgten auf dem Sequenzier-Gerät Modell 310 (PE Applied Biosystems) mit dem Polymer POP6 und der Verwendung der Software ABI Prism™ Sequencing Analysis (PE Applied Biosystems). Dabei wurden die Fragmente der Länge nach aufgetrennt und die Markierung durch Laserscan detektiert. Ein Computer registrierte die Daten und zeichnete die Werte in Form von Elektropherogrammen auf. Die Auswertung erfolgte mit Hilfe der Software SeqMan und MegAling des Lasergene Software Pakets (DNASStar).

3.4. Mitochondriale Markersysteme

Die mitochondrialen Marker wurden so gewählt, dass die Variabilität von Populationen erfasst werden können, sich am Forschungsstand orientieren und ihrer Anwendbarkeit in der aDNA. Zunächst wurde ein Alignment anhand von allen verfügbaren kompletten mt-Genomen (Referenzsequenzen) der Spezies Sus aus den Gendatenbanken NCBI (National Center for Biotechnology Information), EMBL (European Molecular Biology Laboratory) und DDBJ (DNA Data Bank of Japan) erstellt (Alignment liegt im PDF Format auf einer CD bei). Anhand dieses Vergleiches und der Literatur wurden danach hoch variable Regionen aus dem mt-Genom ausgewählt.

Neben der D-Loop-Region, wurden Systeme für die Untersuchung der Gene Cytochrom b, ND4HL, MC1R und Amelogenin entwickelt. Die Entwicklung aller Primer erfolgte mit der Software Primer 3 und folgte den allgemeinen Regeln zur Entwicklung von Primern (z. B. HUMMEL 2003). Mit dem Programm konnten einheitliche theoretische Annealing-Temperaturen der Primer bestimmt werden. Ebenso konnten Tendenzen zur Bildung von störenden Sekundärstrukturen, wie primer dimer, primer self dimer und hairpins analysiert werden. Das Anlagerungsverhalten des Primers an die Zielsequenz wurde so gewählt, dass sie ausschließlich Sus-spezifische-DNA amplifizieren und ein balanciertes G-Profil mit leicht ansteigenden Werten zum 3'-Ende besitzen, was eine höhere Spezifität des Primer gewährleistet (RYCHLIK ET AL. 1995A, 1995B, BURGER ET AL. 2000).

Für rezente DNA wurde je eine Amplifikation pro DNA-Extrakt durchgeführt. Für alte DNA wurden in der Regel pro hergestelltem Extrakt drei Amplifikationen durchgeführt. In den Fällen, in denen sequenziert wurde, erfolgte immer eine Sequenzierung des L-Stranges. Bei allen Arbeiten wurden die in Kapitel 3.1. geschilderten Regeln zur Kontaminationsprävention befolgt.

Nach einer Amplifikation mit den in Kapitel 3.4.1., 3.4.2., 3.4.3., 3.5.1. beschriebenen Bedingungen und Primern, folgten zur Untersuchung die allgemeinen Schritte, die aus Kapitel 3.3. zu ersehen sind. Der Amplifikationserfolg wurde auf einem 2 %igen Agarosegel überprüft. Zur Bestimmung der Sequenzabfolge der entstandenen Fragmente mussten diese zunächst aufgereinigt werden. Hierauf folgte das Ansetzen der Taq-Cycle-Sequencing-Reaktion mit dem Big-Dye-Terminator-Kit (BDT-Kit, PE Applied Biosystems). Die Annealing-Temperatur der Taq-Cycle-Sequencing-Reaktion orientierte sich an der optimalen Annealing-Temperatur des jeweiligen Primers, die um ca. 5°C unterschritten wird. Danach wurden alle überschüssigen ddNTPs aus dieser Reaktion entfernt. Das so gewonnene Produkt wurde komplett in ein Probengefäß überführt und in das Sequenzier-Gerät (310er, PE Applied Biosystems) eingebracht.

3.4.1. Displacement-Loop (D-Loop)

Der D-Loop bzw. die hypervariablen Regionen sind die wohl beliebtesten Abschnitte des mt-Genoms zur Studie der Populationsverwandtschaften und -beziehungen (s.o.). Auch bei Schweinen ist diese Region schon häufig untersucht worden (LARSON ET AL. 2005, SCANDURA ET AL. 2008, KIRSCHNING 2009). Auch für aDNA-Studien ist dieser Bereich besonders geeignet, wie G. LARSON (2007) demonstrieren konnte. Er zeigte, dass ein 80 bp langes Fragment in der Aussagekraft ausreichend ist, um verschiedene Schweinepopulationen innerhalb Europas und West Asiens zu differenzieren. In dieser Studie wurden von G. LARSON ET AL. (2007) entwickelte Primer benutzt, um das schon beschriebene 80 bp lange Fragment zu untersuchen. Hierbei wurden zwei unterschiedliche Forward Primer und ein Reverse Primer verwendet, um zwei unabhängige Untersuchungssysteme zu haben (Tab. 9).

Tab. 9, Primer zur Amplifikation von Fragmenten der D-Loop-Region

Fragment	Primername	Primersequenz 5` - 3`	bp-Primer	np-Bereich	Produktlänge
d-Loop 1	ANC F1	CTTTAAAACAAAAAACCCATAAAAA	26	15494-15614	120bp
	ANC R1	TTAATGCACGACGTACATAGG	21		
d-Loop 2	PIG1FOR	CATTCCATTCGTATGCAAACC	21	15449-15614	165bp
	ANC R1	TTAATGCACGACGTACATAGG	21		

Die PCR-Reaktionen setzten sich wie in Tabelle 10 gelistet zusammen.

Tab. 10, Zusammensetzung der PCR-Ansätze

Komponenten	d-Loop 1	d-Loop 2
MgCl ₂ 2,5mM	0,75 µl	0,75 µl
10xBuffer	2,5 µl	2,5 µl
dNTPs	2 µl	2 µl
Taq-Polymerase	0,2 µl	0,2 µl
Primer_upper	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
Primer_lower	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
DMSO	1 µl	1 µl
DNA	1-5 µl	1-5 µl
ddH ₂ O	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl

Die Amplifikationen wurden mit folgenden Parametern (Tab. 11) im Mastercycler (Eppendorf) oder Thermocycler GeneAmp® 2700 (Applied Biosystems) durchgeführt.

Tab. 11, Amplifikationsparameter

	d-Loop 1	d-Loop 2
Initial	94°C 11min.	94°C 11min.
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s
	52°C 30 s	52°C 30 s
	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	35-42	35-42
Soak	72°C 10 min.	72°C 10 min.
Abkühlung	4°C ∞	4°C ∞

3.4.2. Cytochrom b (Cytb)

Zunächst wurde anhand von 641 Referenzsequenzen aus den Gendatenbanken NCBI (National Center for Biotechnology Information), EMBL (European Molecular Biology Laboratory) und DDBJ (DNA Data Bank of Japan) ein Alignment erstellt (Alignment liegt im PDF Format auf einer CD bei). Anhand dessen wurden besonders signifikante Polymorphismen ausgewählt die in dieser Arbeit auf die aDNA angewandt wurden. Die meisten der untersuchten Polymorphismen wurden auch schon in Populationsgenetischenstudien erkannt und beschrieben, z. B. A. CLOP ET AL. (2003), E. ALVES ET AL. (2003), M. FANG UND L. ANDERSSON (2006), S. MONA ET AL. (2007). Allerdings wurden in diesen Studien nur moderne DNA untersucht und zudem nur wilde oder domestizierte Zuchtrassen.

Anders als bei klassischen populationsgenetischen bzw. aDNA-Studien wurde auf die Amplifikation eines längeren zusammenhängenden Fragmentes verzichtet, stattdessen wurden besonders konservierte Bereiche ausgespart. Die Primer wurden mit Hilfe des Programms Primer 3 (ROZEN UND SKALETSKY 2000) so designt, dass die Primer in Bereichen binden, in

denen wenig oder keine Polymorphismen zu finden waren. Gleichzeitig sollten die zu amplifizierenden Fragmente nicht länger als 130 bp sein. Die in Tabelle 12 aufgeführten Primer umschließen die variabelsten Polymorphismen. Die Primer sind so designt, dass sie artspezifisch sind. Dies wurde durch ein Datenbank-BLAST und eine PCR mit moderner humaner DNA getestet. Alle PCR-Bedingungen wurden durch Verdünnungsreihen so optimiert, dass die PCR bis in den pg-Bereich noch funktionierten.

Tab. 12, Primer zur Amplifikation von Fragmenten des Cytb-Gens

Fragment	Primername	Primersequenz 5' - 3'	bp-Primer	np-Bereich	Produktlänge
Cytb_1	Cytb_1F	CAACAACGGCTTTCTCATCA	20	14338-	122bp
	Cytb_1R	CCTATTCATCCACGTAGGCC	20	14460	
Cytb_2	Cytb_2F	ACCCACCCCATATTAACC	20	14952-	126bp
	Cytb_2R	TCCTAATCCTAATTTAATGCCCA	24	15078	
Cytb_3	Cytb_3F	GGAGGACAACCCGTAGAACA	20	15177-	105bp
	Cytb_3R	CCAATCACTAGCATCATCGAAA	22	15282	
Cytb_4	Cytb_4F	CAAAGCAACCCTCACACGAT	20	14675-	127bp
	Cytb_4R	CCCTACCGGAATCTCATCAG	20	14802	

Die PCR-Reaktionen setzten sich wie in Tabelle 13 gelistet zusammen.

Tab. 13, Zusammensetzung der PCR-Ansätze

Komponenten	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
MgCl ₂ 2,5mM	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl
10xBuffer	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl
dNTPs	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl
Taq-Polymerase	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl
Primer_upper	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
Primer_lower	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
DMSO	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl
DNA	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl
ddH ₂ O	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl

Die Amplifikationen wurden mit folgenden Parametern (Tab. 14) im Mastercycler (Eppendorf) oder Thermocycler GeneAmp® 2700 (Applied Biosystems) durchgeführt.

Tab. 14, Amplifikationsparameter

	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
Initial	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s
	52°C 30 s	52°C 30 s	52°C 30 s	52°C 30 s
	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	35-42	35-42	35-42	35-42
Soak	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.
Abkühlung	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞

3.4.3. Dehydrogenase 4 subunit (ND4HL)

Zunächst wurden anhand von 45 Referenzsequenzen aus den Gendatenbanken NCBI (National Center for Biotechnology Information), EMBL (European Molecular Biology Laboratory) und DDBJ (DNA Data Bank of Japan) ein Alignment erstellt (Alignment liegt im PDF Format auf einer CD bei). Anhand dessen wurden besonders signifikante Polymorphismen ausgewählt, die in dieser Arbeit auf die aDNA angewandt wurden. Das Besondere an dem Gen Dehydrogenase 4 subunit (ND4HL) ist, dass es normalerweise nicht für populationsgenetische Fragestellungen herangezogen wird, da es sich um eine hoch konservierte Region handelt. Es ist direkt in die Atmungskette der Zellen involviert, wodurch Mutationen, die einen Aminosäureaustausch bedingen, zu schweren, meist letalen Erkrankungen führen. Es wurde daher zusätzlich eine moderne Referenzkollektion an Wild- und Hausschweinen (Tab. 7) untersucht, um die Aussagekraft von gewonnenen Daten zu unterstützen.

Wie bei klassischen populationsgenetischen bzw. aDNA-Studien wurde ein längeres zusammenhängendes Fragment durch sich überlappende kleine Fragmente amplifiziert, sodass das insgesamt 360 bp lange Gen in fünf sich überlappende Fragmente amplifiziert wird. Die Primer wurden mit Hilfe des Programms Primer 3 (ROZEN UND SKALETSKY 2000) so designt, dass die Primer in Bereichen binden, in denen wenig oder keine Polymorphismen zu finden waren. Gleichzeitig sollten die zu amplifizierenden Fragmente nicht länger als 130 bp sein. Die in Tabelle 15 aufgeführten Primer umschließen die variabelsten Polymorphismen. Die Primer sind so designt, dass sie artspezifisch sind. Dies wurde durch ein Datenbank-BLAST und einer PCR mit moderner humaner DNA getestet. Alle PCR-Bedingungen wurden durch Verdünnungsreihen so optimiert, dass die PCR bis in den pg-Bereich noch funktionierten.

Tab. 15, Primer zur Amplifikation von Fragmenten des ND4HL-Gens

Fragment	Primername	Primersequenz 5` - 3`	bp-Primer	np-Bereich	Produktlänge
ND4HL_1	ND4HL_1F	CACACACTTCACCCTAGCTAACA	23	10041 - 10155	114
	ND4HL_1R	TCCAACACATACGGTACCGA	20		
ND4HL_2	ND4HL_2F	AAAACAAAACAAATGATTTTCGACTC	25	9836 - 9965	129
	ND4HL_2R	TTGCAGGGTACTTATATATCGATCTC	27		
ND4HL_3	ND4HL_3F	TTCACTACTATGCCTAGAGGGAATGA	27	9975 - 10123	148
	ND4HL_3R	CTGCACTGGGCCTATCACTA	20		
ND4HL_4	ND4HL_4F	ACATAAACATTATTATAGCATTACGA	27	9905 - 10055	150
	ND4HL_4R	TCCTAAACACACACTTCACCC	21		
ND4HL_5	ND4HL_5F	GAAGCTGCACTGGGCCTAT	19	10099 - 10222	123
	ND4HL_5R	TATCCCAACAACAATACTACTACCCA	26		

Die PCR-Reaktionen setzten sich wie in Tabelle 16 gelistet zusammen.

Tab. 16, Zusammensetzung der PCR-Ansätze

Komponenten	ND4HL_1	ND4HL_2	ND4HL_3	ND4HL_4	ND4HL_5
MgCl ₂ 2,5mM	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl
10xBuffer	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl
dNTPs	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl
Taq-Polymerase	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl
Primer_upper	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
Primer_lower	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
DMSO	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl
DNA	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl
ddH ₂ O	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl

Die Amplifikationen wurden mit folgenden Parametern (Tab. 17) im Mastercycler (Eppendorf) oder Thermocycler GeneAmp® 2700 (Applied Biosystems) durchgeführt.

Tab. 17, Amplifikationsparameter

	ND4HL_1	ND4HL_2	ND4HL_3	ND4HL_4	ND4HL_5
Initial	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s
	52°C 30 s	52°C 30 s	52°C 30 s	52°C 30 s	52°C 30 s
	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	35-42	35-42	35-42	35-42	35-42
Soak	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.
Abkühlung	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞

3.5. Genomische Markersysteme

Die Systeme für genomische DNA wurden so gewählt, dass die Variabilität von einzelnen Individuen erfasst wird, sie orientieren sich am Forschungsstand und an ihrer Anwendbarkeit für die aDNA. Zunächst wurde ein Alignment anhand von allen verfügbaren Genomen (Referenzsequenzen) der Spezies Sus aus den Gendatenbanken NCBI (National Center for Biotechnology Information), EMBL (European Molecular Biology Laboratory) und DDBJ (DNA Data Bank of Japan) erstellt (Alignment liegt im PDF Format auf einer CD bei). Anhand dieses Vergleiches und der Literatur wurden danach hochvariable Regionen aus den Genen MC1R und Amelogenin ausgewählt.

Die Entwicklung aller Primer erfolgte mit der Software Primer 3 und folgte den allgemeinen Regeln zur Entwicklung von Primern (z. B. HUMMEL 2003). Mit dem Programm konnten einheitliche theoretische Annealing-Temperaturen der Primer und auch die Analyse der Tendenzen zur Bildung von störenden Sekundärstrukturen, wie primer dimer, primer self dimer und hairpins bestimmt werden. Das Anlagerungsverhalten des Primers an die Zielsequenz wurde so gewählt, dass sie ausschließlich Sus-spezifische-DNA amplifizieren und ein balanciertes G-Profil mit leicht ansteigenden Werten zum 3'-Ende besitzen, was eine

höhere Spezifität des Primers gewährleistet (RYCHLIK ET AL. 1995A, 1995B, BURGER ET AL. 2000).

Für rezente DNA wurde je eine Amplifikation pro DNA-Extrakt durchgeführt. Für alte DNA wurden in der Regel pro hergestelltem Extrakt drei Amplifikationen durchgeführt. In den Fällen, in denen sequenziert wurde, erfolgte immer eine Sequenzierung des L-Stranges. Bei allen Arbeiten wurden die in Kapitel 3.1. geschilderten Regeln zur Kontaminationsprävention befolgt.

Nach einer Amplifikation mit den in Kapitel 3.5.1. und 3.5.2. beschriebenen Bedingungen und Primern, folgten die allgemeinen Schritte aus Kapitel 3.3. Der Amplifikationserfolg wurde auf einem 2 %igen Agarosegel überprüft. Zur Bestimmung der Sequenzabfolge der entstandenen Fragmente mussten diese zunächst aufgereinigt werden. Hierauf folgte das Ansetzen der Taq-Cycle-Sequencing-Reaktion mit dem Big-Dye-Terminator-Kit (BDT-Kit, PE Applied Biosystems). Die Annealing-Temperatur der Taq-Cycle-Sequencing-Reaktion orientierte sich an der optimalen Annealing-Temperatur des jeweiligen Primers, die um ca. 5°C unterschritten wird. Danach wurden alle überschüssigen ddNTPs aus dieser Reaktion entfernt. Das so gewonnene Produkt wurde komplett in ein Probengefäß überführt und in das Sequenzier-Gerät (310er, PE Applied Biosystems) eingebracht. Für das MC1R Gen wurde zusätzlich ein Protokoll zur Untersuchung gezielter SNPs erstellt (siehe Kapitel 3.5.2.).

3.5.1. Amelogenin (AMEL)

Die Primer für die Amplifikation eines Teiles des Amelogenin-Gens zur Identifikation des Geschlechts von Schweinen wurde aus der Publikation von L. FONTANESI ET AL. (2008) entnommen (Tab. 18). Dabei unterscheidet sich das auf beiden Geschlechtschromosomen lokalisierte Amelogenin durch eine 10 bp lange Deletion auf dem Y-Chromosom (QUILTER ET AL. 2002, IKAWA ET AL. 2005). Der Größenunterschied ist ausreichend, um schon während der Geldokumentation das Geschlecht durch unterschiedliche Laufweiten zu bestimmen. Die PCR-Bedingungen und die Zusammensetzung des PCR-Ansatzes wurden abgeändert und an die vorhandenen Bedingungen (andere Reagenzien) angepasst.

Tab. 18, Primer zur Amplifikation von Fragmenten des Amelogenin-Gens

Fragment	Primernamen	Primersequenz 5' - 3'	bp-Primer	Produktlänge
PAMEL1	PAMEL1_F	GTTTAAGCCCTGATGGGTCA	20	112/122
	PAMEL1_R	TAAAATGAACACCCCCTGGA	20	
PAMEL2	PAMEL1_F	GTTTAAGCCCTGATGGGTCA	20	170/180
	PAMEL2_R	TGACCAGAGTTCTATCCCGG	20	

Die PCR-Reaktionen setzten sich wie in Tabelle 19 gelistet zusammen.

Tab. 19, Zusammensetzung der PCR-Ansätze

Komponenten	PAMEL1	PAMEL2
MgCl ₂ 2,5 mM	0,75 µl	0,75 µl
10xBuffer	2,5 µl	2,5 µl
dNTPs	2 µl	2 µl
Taq-Polymerase	0,2 µl	0,2 µl
Primer_upper	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
Primer_lower	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
DMSO	1 µl	1 µl
DNA	1-5 µl	1-5 µl
ddH ₂ O	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl

Die Amplifikationen wurden mit folgenden Parametern (Tab. 20) im Mastercycler (Eppendorf) oder Thermocycler GeneAmp® 2700 (Applied Biosystems) durchgeführt.

Tab. 20, Amplifikationsparameter

	PAMEL1	PAMEL2
Initial	94°C 11 min.	94°C 11 min.
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s
	52°C 30 s	52°C 30 s
	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	35-42	35-42
Soak	72°C 10 min.	72°C 10 min.
Abkühlung	4°C ∞	4°C ∞

3.5.2. Analysesysteme zur Identifikation des Phänotyps

Nach J. KIJAS ET AL. (1998, 2001), E. GIUFFRA ET AL. (2000), A. GUSTAFSSON ET AL. (2001) und M. FANG ET AL. (2009) lassen sich Fellfarbenphänotypen direkt mit Mutationen in 14 Codons im MC1R Gen assoziieren. Das Fragment MC1R 1F bis 1R beinhaltet dabei die wichtigen Codons 4, 17, 21 und 22, MC1R 2F bis 2R die Codons 95, 102, 117, 121, 122, 124, MC1R 3F bis 3R die Codons 164, 166, MC1R 4F/5F bis 4R/5R das Codon 243 und MC1R 6F bis 6R das Codon 301. Die Primer wurden mit Hilfe des Programms Primer 3 (ROZEN UND SKALETSKY 2000) so designt, dass die Primer in Bereichen binden in denen wenig oder keine Polymorphismen zu finden waren. Gleichzeitig sollten die zu amplifizierenden Fragmente nicht länger als 130 bp sein. Die in Tabelle 21 aufgeführten Primer umschließen die variabelsten Polymorphismen. Die Primer sind so designt, dass sie artspezifisch sind. Dies wurde durch ein Datenbank-BLAST und einer PCR mit moderner humaner DNA getestet. Alle PCR-Bedingungen wurden durch Verdünnungsreihen so optimiert, dass die PCR bis in den pg-Bereich noch funktionieren. Die zu amplifizierenden Fragmente des MC1R-Gens wurden wie folgt gewählt:

Referenzsequenz EU 443644-EU 443726 (Ab Position 107 beginnt das MC1R-Gen Referenzsequenzen nach FANG ET AL. 2009)

1 cgggccacgttcggccagccagggcgagtgtggggg**cacctctgggagccatg**agctga
MC1R 1F

61 gcaggacccccgagagcgactgcccctccctgctccctggcgggacgatgcccgtgcttg
 121 gcccgagaggaggtgctgcttcctcagctccgcgccccagccgccccgcctcg
 181 ggctggccgc**caaccagaccaaccagac**ggccccagtgctggaggtgtccattcccg
MC1R 1R

241 acgggctcttctcagcctgggctggtgacctcgtggagaacgtgctggtggtggccg
 301 ccacgccaagaaccgcaactgcactgccatgtactactcgtctgctgctggccg
 361 tgtcgg**acctgctggtgagcgtgag**caactgctggagacggccgtgctgctgctgctg
MC1R 2F

421 agggcggcgcctgcccccagccgcccgtggtgcagcagctggacaatgcatggacg
 481 tctcatctgcggtcc**atggtgtccagcctctg**cttctgggcgcatcgcctg**gacc**
MC1R 2R

541 **gctactgttccatct**ctacgcgctgcgtaccacagcatcgtgacgctgccccgcgcg
MC1R 3F

601 ggcgggcatcgcggccatctggggcggcagcgtgct**ctccagacccttctc**gcct
MC1R 3R

661 actaccaccaacggcgtctgctggcctcgtcagcttctcgtggccatgctggcgc
 721 tcatg**gcggtactgtactccacat**gctggcccggcctccagcacggccgcacatcg
MC1R 4F

781 cccgg**ctccacaagcagcagc**accaccgccagggtgcggcctcaagggcgcggcca
MC1R 5F

841 ccctcaccatctgctgggc**gtttctcctctgctg**ggcacccttctctgcacctct
MC1R 4R/5R

901 ccctcgtcgtctctgccccagcaccaccctgcggctgcgtcttcaagaacgtcaacc
 961 tctttctggccc**ctgcatctgcaactccatc**gtggaccccctcatctacgcttccgca
MC1R 6F

1021 gccaggagctccgcaagaccctcc**aggagtgctgagtgct**cctggtgaggggggacgg
MC1R 6R

1081 gcgctggagccaggtcgggggctgagggcagtggtgcccgtcctgcccgggttctac

Tab. 21, Primer zur Amplifikation von Fragmenten des MC1R-Gens

Fragment	Primername	Primersequenz 5' - 3'	bp-Primer	Produktlänge
MC1R1	MC1R_1f	CACCTCTGGGAGCCATGA	18	171 bp
	MC1R_1r	CGTCTGGTTGGTCTGGTTG	19	
MC1R2	MC1R_2f	ACCTGCTGGTGAGCGTGAG	19	150 bp
	MC1R_2r	AGCAGAGGCTGGACACCAT	19	
MC1R3	MC1R_3f	CGCTACCACAGCATCGTG	18	120 bp
	MC1R_3r	GATGAAGAGGGTGCTGGAGA	20	
MC1R4	MC1R_4f	GCGGTACTGTACGTCCACAT	20	154 bp
	MC1R_4r	CCCAGCAGAGGAGGAAGAC	19	
MC1R5	MC1R_5f	CTCCACAAGACGCAGCAC	18	94 bp
	MC1R_5r	CCCAGCAGAGGAGGAAGAC	19	
MC1R6	MC1R_6f	TCGTCATCTGCAACTCCATC	20	90 bp
	MC1R_6r	AGCACTGCAGCACCTCCT	18	

Die PCR-Reaktionen setzten sich wie in Tabelle 22 gelistet zusammen.

Tab. 22, Zusammensetzung der PCR-Ansätze

Komponenten	MC1R1	MC1R2	MC1R3	MC1R4	MC1R5	MC1R6
MgCl ₂ 2,5 mM	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl	0,75 µl
10xBuffer	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl	2,5 µl
dNTPs (je 200 µmo/l dATP, dCTRP, dTTP, 150 µmo/l dc7-GTP und 50 µmo/l GTP)	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl	2 µl
Taq-Polymerase	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl	0,2 µl
Primer_upper	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
Primer_lower	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)	0,75 µl (0,4 µM)
DMSO	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl	1 µl
DNA	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl	1-5 µl
ddH ₂ O	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl	12,05 - 16,05 µl

Die Amplifikationen wurden mit folgenden Parametern (Tab. 23) im Mastercycler (Eppendorf) oder Thermocycler GeneAmp® 2700 (Applied Biosystems) durchgeführt.

Bei der Amplifikation von stark G und C haltigen Abschnitten der DNA treten häufig Fehler und Amplifikationsabbrüche auf. Daher wurden verschiedene PCR-Protokolle getestet und entwickelt, um eine möglichst sensitive PCR zu erhalten. Bei den Tests stellte sich die neu entwickelte Bottomup-PCR (Tab. 23) gegenüber dem herkömmlichen PCR Protokoll, der Touchdown-PCR und einer Nested-PCR als sensitivste und effektivste heraus. Weiterhin wurden neben den üblichen Variablen wie Annealing-Temperatur, Konzentrationen von MgCl, Primer, dNTPs etc. auch verschiedene Detergenzien getestet, die eine Amplifikation von GC-reichen Regionen verbessern sollte. Ausgetestet wurden die Detergenzien: Betain, DMSO, 1,2-Propanenediol, Ethylenglycol und 7-Deaza-2'-Deoxyguanosine (dc7-GTP) (FREY ET AL. 2008). Dabei stellte sich die Zugabe aus einer Kombination von DMSO und 7-Deaza-2'-deoxyguanosine als sinnvoll heraus, da die amplifizierten Produkte spezifischer wurden. Dc7-GTP verhindert dabei ungewollte Basen-Basen-Wechselwirkungen und Superstrukturen, die bei GC-reichen Regionen als Ursache für ihre schlechte Amplifizierbarkeit gesehen werden.

Tab. 23, Amplifikationsparameter der Bottomup-PCR.

	MC1R1	MC1R2	MC1R3	MC1R4	MC1R5	MC1R6
Initial	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.	94°C 11min.
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s
	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus	60°C 30 s + 1°C pro Zyklus
	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	15	15	15	15	15	15
Cycling	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s	94°C 30 s
	60°C 30 s	60°C 30 s	60°C 30 s	60°C 30 s	60°C 30 s	60°C 30 s
	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s	72°C 30 s
Zyklenzahl	25-27	25-27	25-27	25-27	25-27	25-27
Soak	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.	72°C 10 min.
Abkühlung	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞	4°C ∞

Da sich die direkte Sequenzierung trotz optimierter PCR-Bedingungen selbst bei modernen Proben als schwierig erwiesen hat, wurde ein SNP-Analysesystem entwickelt. Die für die Fellfarbe wichtigsten SNP auf dem MC1R-Gen wurden bei J. KIJAS ET AL. (1998) und zuletzt bei M. FANG ET AL. (2009) an modernen Wildschweinen und Schweinerassen erforscht. Dabei konnte gezeigt werden, dass 15 Mutationen in 14 Codons, zu 13 Phänotypen führen. Bei sechs Mutationen handelt es sich um stille Mutationen, in neun Fällen findet ein Aminosäureaustausch statt. Für 14 dieser Polymorphismen wurde eine SNP-Analyse mit Hilfe der SingleBaseExtension (SBE) entwickelt. Die Funktionsweise dieser Analysemethode ist z. B. bei D. SCHMIDT (2004) nachzulesen. Die Primer zur Synthetisierung der Fragmente sind identisch mit denen aus der PCR-Untersuchung (s.o.). Daher musste zunächst überprüft werden, ob die Primer in einer Multiplexreaktion noch funktionierten. Nachdem dies gezeigt werden konnte, mussten diese aufeinander abgestimmt und neue Multiplex-PCR Kriterien ausgetestet werden. So genannte SBE-Primer wurden entwickelt, welche Tab. 24 zu entnehmen sind.

Die Amplifikation erfolgte im Multiplex-Ansatz, die genaue PCR Zusammensetzung ist Tab. 25 zu entnehmen. Die Amplifikationsbedingungen waren die gleichen wie jene zur Amplifikation der Fragmente für die Sequenzierung; die Temperaturen des Anlagerungsschrittes sind Tab. 23 zu entnehmen. Bevor die SBE-Analyse durchgeführt werden konnte, mussten die Amplifikationsprodukte zunächst mit ExoSap-It aufgereinigt werden. Dazu wurden 2 µl ExoSap-It zu 6 µl amplifiziertem Produkt gegeben (s.o.). Für die SNP-Analyse erfolgte die SBE-Reaktion mit Hilfe des ABI Prism® Snapshot® Multiplex Kit (PE Applied Biosystems), die genaue Zusammensetzung des Reaktionsansatzes ist Tab. 24 zu entnehmen.

Die Reaktion erfolgte bei 96°C für 10 sec, 55°C für 5 sec und 60°C für 30 s Es wurden 25 Zyklen durchgeführt. Von den entstandenen Produkten wurde je 1 µl mit 0,25 µl LIZ 120 (Längenstandard, PE Applied Biosystems) und 12 µl High-Dye-Formamid versetzt. Die Probe wurde auf das Sequenzier-Gerät Modell 3130 (PE Applied Biosystems) aufgebracht und auf dem Polymer POP7 aufgetrennt. Die Daten wurden mit der ABI Prism™ GeneScan-Collection-Software gesammelt und mit der Software GeneMapper ausgewertet (beide PE Applied Biosystems). Die Ausprägung der Polymorphismen kann entweder homozygot (nur ein Peak pro System) oder heterozygot (zwei Peaks pro System) sein. Da die SBE-Primer sowohl auf dem unteren als auch auf dem oberen Strang der DNA binden, werden die Polymorphismen im Elektropherogramm in der Farbe der komplementären Base angezeigt. Diese sind in Tab. 25 markiert.

Tab. 24, SBE-Primer, deren Konzentration und die Bedingungen für die SBE-Reaktion

Multiplex 1			Multiplex 2			SBE-Multiplex 1	SBE-Multiplex 2
SBE-Primernamen	µM	Für 1 Probe	SBE-Primernamen	µM	Für 1 Probe		
21	0,2	0, 2 µl	22	0,8	0,8 µl	5 µl Snapshot-Multiplex-Mix	5 µl Snapshot-Multiplex-Mix
121	0,1	0,1 µl	17	0,8	0,8 µl		
117	0,8	0,8 µl	102	0,1	0,1 µl	1 bis 3 µl Aufgereinigtes Multiplex-PCR-Produkt	1 bis 3 µl Aufgereinigtes Multiplex-PCR-Produkt
4	0,1	0,1 µl	122	0,4	0,4 µl		
124A	0,1	0,1 µl	164	0,4	0,4 µl	2 µl SBE-Primer-Mix	2,6 µl SBE-Primer-Mix
124B	0,1	0,1 µl	243	0,1	0,1 µl		
166	0,4	0,4 µl			2,6 µl	0 bis 2 µl ddH ₂ O	0 bis 2 µl ddH ₂ O
301	0,2	0,2 µl					
Summe		2 µl			2,6 µl	10 µl	10 bis 10,6 µl

Tab. 25, SBE-Primer und deren Farbmarkierung

	SBE-Primernamen	Primersequenz 5' - 3'	bp-Primer	Wildtyp	Mutation
Multiplex 1	21	ctcegcrcccccagcc	16	G	A
	121	carcagctggacaa	14	T	C
	117	gactgactgactcaggccgccgtggtgca	29	G	A
	4	gactgactgactgggacgatgccctgct	29	T	C
	124A	gactgactgactgactgactgactcgcagatgagcac	37	G	A
	124B	gactgactgactgactgactgactcgcagatgagcacr	39	C	T
	166	gactgactgactgactgactgactgactgatggccgcatggccc	45	C	T
	301	gactgactgactgactgactgactgactgactgactgactggacccccctatcta	48	C	T
Multiplex 2	22	cccagccrccccccg	15	(G)	+CC (G)
	17	gggggyggctggggg	15	G	A
	102	gactgactgactgagacggccgtgctgc	28	T	C
	122	aaaaaaaaaaaaaaaaaacarcagctggacaay	35	G	A
	164	gactgactgactgactgactgactgtgacgtgccccgcg	40	C	T
	243	gactgactgactgactgactgactgacttgcggcctcaagggc	43	G	A

Legende: bp = Basenpaare, a = Adenin, g = Guanin, c = Cytosin, t = Thymin, y = Cytosin oder Thymin (UPAC-Code), r = Adenin oder Guanin (UPAC-Code).

3.6. Phlogenetische Analysen und Statistik

Die reproduktive Isolation, die zu einer biologischen Spezies führt, kann entweder von präzygotischer (verhinderte Paarung und Befruchtung) oder postzygotischer (Auswirkungen erst nach der Befruchtung) Natur sein (DOBZHANSKY 1939). Geografische Trennung, Unterschiede in den Verhaltensmodi, der Anatomie sowie der Inkompatibilität von Gameten können präzygotische Barrieren sein. Postzygotische Barrieren können die Sterblichkeit von Hybriden, eine verringerte Fruchtbarkeit von Hybriden oder die Sterilität von Nachkommen der Hybriden sein (HALDANE 1922, COYNE 1985). Wenn innerhalb der Nachkommen zweier Individuen unterschiedlicher Spezies ein Geschlecht abwesend, selten oder steril ist, so ist es das heterogametische Geschlecht, wie z. B. die Hybrid-Nachkommen von Rind (*Bos taurus*) und Yak (*Bos gruniens*) Fertilität aufweisen, wenn sie weiblich sind. Alle männlichen Nachkommen hingegen sind steril (TAKASE ET AL. 2002).

Genetische Differenzierung einer Population, die zu reproduktiver Isolation führt, kann eine neue Art hervorrufen. Entweder verläuft sie durch reproduktive Isolation mit geografischer Isolation, also allopatrisch, oder sympatrisch, also durch reproduktive Isolation ohne geografische Isolation. Ein Extrembeispiel der allopatrischen Speziation ist die adaptive Radiation. Sie bezeichnet die Migration vieler Spezies in ein neues geografisches Areal (z. B. Inselmodell). Da hier neue Nischen offen stehen, kommt es zu einer schnellen und explosionsartigen Anpassung und damit zu der Neuentstehung von Eigenschaften und der Bildung endemischer Arten.

Die Populationsgenetik bedient sich unterschiedlicher Untersuchungssysteme, um die genetische Zusammensetzung einer Population zu erforschen. Jedes der Systeme hat seine speziellen Vor- und Nachteile bei den statistischen Auswertungsmöglichkeiten, deren Aussagekraft und dem Einsatzgebiet. Daher steht die Aussagekraft der Ergebnisse von populationsgenetischen Analysen in einem engen Zusammenhang mit der Repräsentativität dieser Stichproben. Die Teilmenge, die theoretisch aus einer Menge von Individuen zufällig entnommen und analysiert wird, sollte im Idealfall, also wenn die Wahrscheinlichkeit ausgewählt zu werden, für alle Individuen gleich groß ist, bei einem ausreichend großen Stichprobenumfang ein recht gutes Abbild der Gesamtmenge geben. Dieser Idealfall ist in der Populationsgenetik leider so gut wie nie gegeben. Viele unvorhersehbare Faktoren, z. B. das Verhalten des Tieres, die Domestikation, das Verhalten der Züchter/Jäger beeinflussen die Auswahl der Probe, so dass hier von keiner absolut repräsentativen Stichprobe zu sprechen ist. Die Populationsgenetik versucht mit Hilfe von statistischen Verfahren dieses Problem zu berücksichtigen und gegebenenfalls Fehler zu korrigieren.

Ein Hilfsmittel ist das Bootstrapping. Dabei wird während der Berechnung von Verwandtschaftsbäumen aus den ermittelten Daten ein multipler Datensatz erstellt. Es wird bei jeder Kopie der Daten ein Teil gelöscht, bzw. vervielfacht, so dass verschiedene Stichproben aus derselben Gesamtmenge simuliert werden können. Umso häufiger dieser Datensatz zum gleichen Ergebnis führt, desto besser ist die Qualität der Ergebnisse und die Aussagekraft.

Bei Permutationen werden die Daten zweier Gruppen von Individuen oder die Daten zweier Individuen teilweise vertauscht und die Analyse erneut durchgeführt. Als Ergebnis erhalten wir die Signifikanz der zu testenden Hypothese. Diese wird durch den Anteil der Ergebnisse ausgedrückt, die mit dem modifizierten Datensatz die Hypothese nicht unterstützen. Das Signifikanzniveau wird zudem in Abhängigkeit zur Anzahl der Tests bei der Durchführung einer Vielzahl von Tests (BONFERRONI-Korrektur) vermindert (CABIN UND MITCHELL 2000). Bei dem Mutationsmodell wird für die Untersuchung des mitochondrialen Genoms das infinite alleles model (IAM) genutzt, bei dem jede Mutation zu einem neuen Haplotypen (Allel) führt (KIMURA UND CROW 1964). Bei Mikrosatelliten wird neben dem IAM auch das SMM (stepwise mutation model) diskutiert (OHTA UND KIMURA 1973).

Bei einer Variation in der Länge eines Genabschnittes muss angenommen werden, dass es zu einem „Rutschen“ der DNA-Polymerase gekommen ist. Theoretisch wird angenommen, dass Populationen, bei denen nur eine einzige Wiederholungseinheit ergänzt oder ausgelassen ist, also eine Längendifferenz von einem bp, enger verwandt sind, als diejenigen mit größeren Unterschieden (HALLIBURTON 2004). Das TPM (Two phase model) für Mikrosatelliten geht überwiegend von Mutationen nach dem SMM aus, bezieht aber auch die selteneren größeren Mutationsereignisse mit ein (DI RIENZO ET AL. 1994). Computerprogramme bieten meist nur das SMM als Berechnungsgrundlage, daher wird das TPM nur selten verwendet.

Grundlegend finden zwei Methoden bei der Betrachtung von Wahrscheinlichkeiten Anwendung. Beiden Modellen liegt ein Hypothesentest auf der Basis der erhobenen Daten zugrunde. Einer der Ansätze berechnet die Wahrscheinlichkeit, dass genau diese Daten zustande kommen, wenn die Hypothese zutrifft (Maximum likelihood). Die andere Methode (Bayesianische) berechnet die Wahrscheinlichkeit, dass die Hypothese unter der Vorgabe der Daten zutrifft (KNOOP UND MÜLLER 2006). In beiden Fällen wird die wahrscheinlichste Hypothese ermittelt, das Ergebnis kann aber differieren.

Zur Auswertung der Sequenzen wurden verschiedene Computerprogramme benutzt: BIOEDIT SEQUENCE ALIGNMENT EDITOR, DNASTAR, CHROMAS. Dabei stellen alle Programme die Basen-Sequenz sowohl als Elektropherogramm wie auch in Buchstabenfolge dar (HALL

1999). So konnte in einigen Fällen ein automatischer Lesefehler der Sequenzierer nach dem Laserscan manuell korrigiert werden. Bei unklaren Verhältnissen wurde die Sequenzierung wiederholt oder das Individuum unter Umständen von der Analyse ausgeschlossen.

Die DNA-Abschnitte wurden anschließend auf die gleiche Länge gekürzt, so dass die Sequenzen der Primer nicht mit in die Analysen einbezogen wurden. Durch Vergleich der Basenabfolge konnten variable Stellen ausfindig gemacht, und gleiche Sequenzen zu Haplotypen zusammengefasst werden. Bei den folgenden statistischen Analysen wurden zunächst die Haplotypen in den Fokus genommen. Auf der Basis der Verteilung der Haplotypensequenzen in den Populationen wurden Maße für die Variabilität innerhalb der Populationen sowie der Grad der Differenzierung zwischen den Populationen ermittelt.

Haplotypenunterschiede, die beim paarweisen Vergleich auffallen, können auf Mutationen einer Urform zurückzuführen sein. Dabei gilt im Allgemeinen, dass Haplotypen, die weniger Unterschiede zueinander aufweisen, durch ein Mutationsereignis voneinander getrennt sind, das weniger Generationen zurückliegt, als Haplotypen mit vielen paarweisen Unterschieden. Voraussetzung ist bei dieser wahrscheinlichen Hypothese, dass keine Rückmutationen stattgefunden haben dürfen. Dabei können die Mutationen in ihrer Häufigkeit unterschiedlich gewichtet werden. In der Regel sind Transitionen am häufigsten zu finden, seltener treten Mutationen durch Transversionen, Deletionen oder Insertionen auf. Dabei werden Deletionen und Insertionen als Indels betrachtet, da zwischen ihnen im Nachhinein nicht differenziert werden kann.

Das Computerprogramm NETWORK (ver 4.6.0.0) erstellt auf der Basis der paarweisen Unterschiede ein Netzwerk, das die Beziehungen zwischen den Haplotypen optisch darstellt (BANDELT ET AL. 1999). Die Gewichtung der Mutationsarten (s.o.) kann dabei variiert werden. Für diese Arbeit wurden alle gleich gewichtet. Die Software verbindet alle Sequenzen unter Verwendung hypothetischer, nicht im Probenumfang beobachtete Haplotypen miteinander und bildet ein Netzwerk mit allen möglichen, gleichlangen Mutationsketten. Bei den Netzwerken, im Gegensatz zu Verwandtschaftsbäumen, sind die Mutationsschritte als ungerichtet anzusehen. So bleibt bei einem *Median Joining*-Netzwerk offen, welcher Haplotyp ursprünglicher ist und welcher sich aus einem anderen entwickelt hat. Dafür können ancestrale Haplotype als solche erkennbar bleiben, während sie bei einer Darstellung in einem Verwandtschaftsbaum wie alle anderen Haplotypen als Endprodukt einer Entwicklung dargestellt werden. Verwandtschaftsbäume schlagen unter Verwendung unterschiedlichster Methoden eine mögliche evolutive Entstehungsgeschichte vor.

Phylogenetische Stammbäume zeigen die historischen Beziehungen der Populationen zueinander auf. Interspezifische Verwandtschaft lässt sich durch Kladogramme (relative Abstammung von gemeinsamen Ahnen), additive Bäume (Maß des Wandels bestimmt Abstand zu gemeinsamen Ahnen), ultrametrische Bäume (additive Bäume, bei denen zusätzlich das Maß des Wandels in Form von Verzweigungslängen angegeben wird) und Netzwerke (Verbindungen aller Individuen zueinander, unabhängig von Ahnen) darstellen (Abb. 16).

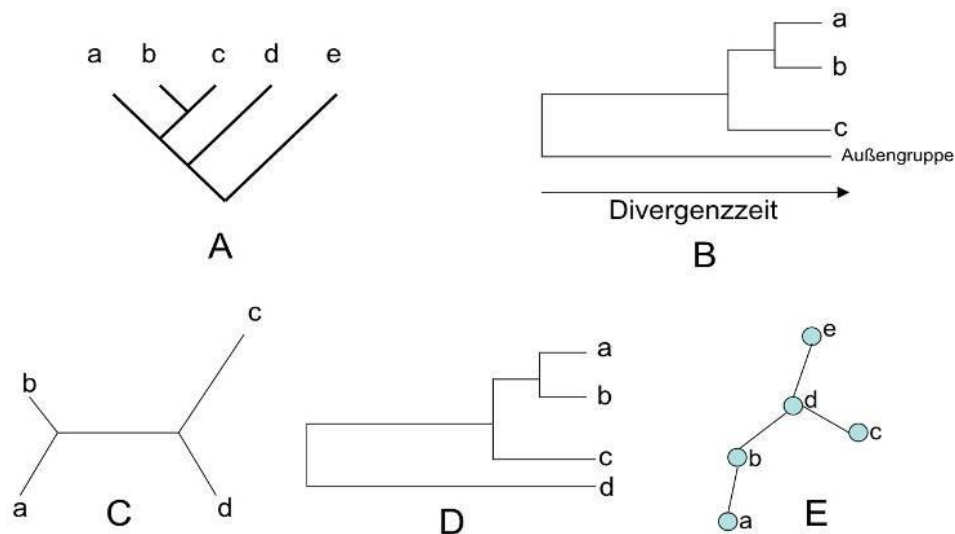


Abb. 16, Darstellung der verschiedenen Bäume, A: Kladogramm, B: phylogenetischer Baum, C: additiver Baum, D: ultrametrischer Baum, E: Netzwerk

Die Erstellung von Bäumen erfolgt entweder durch Distanz-Methoden oder diskrete Methoden. Am häufigsten Verwendung finden das Verfahren der „maximalen Sparsamkeit“ (*Maximum Parsimony* (MP)) und das der „maximalen Wahrscheinlichkeit“ (*Maximum Likelihood* (ML)). Dabei ist die MP-Methode relativ simpel und errechnet den Stammbaum, der die einfachste Erklärung, also mit den wenigsten Mutationsschritten, der Entstehung der taxonomischen Einheiten darstellt (KNOOP UND MÜLLER 2006). Die ML-Analyse ist dagegen schon aufwendiger und wird für phylogenetische Analysen häufiger verwendet. In der Analyse wird für jede variable Stelle der DNA-Sequenz die Wahrscheinlichkeit der verschiedenen Variationen berechnet. Um daraus die Gesamtwahrscheinlichkeit dafür zu ermitteln, dass eine Sequenz aus der anderen hervorgegangen ist, so dass die Evolution der Haplotypen tatsächlich stattgefunden hat, wird sie in einem bestimmten Baum dargestellt. Der Baum mit der größten Gesamtwahrscheinlichkeit wird als richtig angenommen.

Im Folgenden wird kurz auf die theoretischen Grundlagen hinter den Rechenprogrammen eingegangen. Es wird angenommen, dass sich ideale Populationen, die panmiktisch, unendlich groß und ohne Einfluss jeglicher Evolutionsfaktoren sind, im Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWG) befinden (KLUG ET AL. 2007). Zudem erfüllen sie das Hardy-Weinberg-Gesetz, welches das Verhältnis von homozygoten zu heterozygoten Individuen angibt.

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1 \text{ Hardy-Weinberg-Gesetz}$$

(mit p und q als Häufigkeit zweier Allele eines Locus)

Aus dem HWG folgt, dass sich Frequenzen der homo- und heterozygoten Genotypen im Laufe der Zeit nicht verändern. Aus einer Abweichung vom HWG kann so ersichtlich werden, inwieweit eine Population einer idealen Population ähnelt. Weichen die Werte signifikant vom HWG ab, so liegt der Verdacht nahe, dass die Bedingungen nicht hinreichend erfüllt sind und keine repräsentativen Aussagen gemacht werden können.

$$F = \frac{H_E - H_0}{H_E}$$

(F ist die Abweichung vom HWG mit H_E als erwartete Heterozygotie und H_0 als beobachtete Heterozygotie)

Dabei gibt ein Überschuss an Homo- bzw. Heterozygotie einen Hinweis auf die Ursache der Störung, wie z. B. Nullallele, Large allele drop-out oder Stotterbanden. Wenn Genotypisierungsfehler ausgeschlossen werden können, muss die Ursache für die Abweichung bei den Eigenschaften der Population liegen. Ist der Umfang der Stichprobe ausreichend und kein Selektionsdruck vorhanden, so ist ein Mangel an Panmixie, also eine Substrukturierung der Population möglich (Wahlund-Effekt). Dies kann mit dem Computerprogramm ARLEQUIN überprüft werden (GUO UND THOMPSON 1992, HALLIBURTON 2004, EXCOFFIER ET AL. 2010).

Auskunft über den Anteil der heterozygoten Individuen in einer Population kann der Heterozygotie-Wert geben, welcher sich aus Allelfrequenzen und Diversitätsmaßen bzw. der Zahl der verschiedenen Allele je Locus und je Population berechnet. Die Alleldiversität (*Allelic diversity*) beschreibt die durchschnittliche Anzahl der verschiedenen Allele je Population an einem Locus. Die beobachtete Heterozygotie (H_0) ist der Anteil der im Stichprobenumfang enthaltenen heterozygoten Individuen. Die erwartete Heterozygotie (H_E) schätzt anhand der Allelfrequenzen ab, wie viele heterozygote Individuen in der Population enthalten wären, wenn sich die Population im HWG befindet und die Stichprobe zufällig ist. Dies führt zu der mathematischen Grundlage (PONS UND PETIT 1996, NEI 1973):

$$H_0 = \sum_{j \neq i} P_{ij} \quad \text{beobachtete Heterozygotie}$$

$$H_E = 1 - \sum p_i^2 \quad \text{erwartete Heterozygotie}$$

(mit p_{ij} als beobachtete Frequenz des Heterozygoten mit den Allelen i und j sowie p_i als Frequenz des Allels i)

Die Frequenz eines Allels in einer Population errechnet sich anhand der Häufigkeit des Allels im homo- (n_{ii}) sowie im heterozygoten Zustand (n_{ij}), relativ zur Individuenzahl der Population (N).

$$p_i = \frac{2n_{ii} + \sum_{j=1}^k n_{ij}}{2N}$$

Die genetische Differenzierung beschreibt die Verteilung von Variationen innerhalb und zwischen Populationen. Sie wird anhand der Diversitätsindices (H_T , D_{ST} , H_S) berechnet. Sie sind Ausdruck der Diversität innerhalb von Populationen (H_S) und zwischen Populationen (D_{ST}) sowie der totalen Diversität (H_T).

$$H_T = D_{ST} + H_S$$

Der Koeffizient der Differenzierung (G_{ST}) ergibt sich aus dem Verhältnis der Interpopulations- Diversität zur totalen Diversität (NEI 1973).

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T}$$

Da die Stichprobenumfänge einer Population bei aDNA Studien sehr unterschiedlich sind, ist ein Variabilitätsmaß, z. B. H_0 , nur bedingt aussagekräftig bzw. schlecht vergleichbar. Zwar spiegelt ein großer Stichprobenumfang (n) entnommen aus einer Population, deren Variabilität besser wider. Andererseits wird n nur bei einigen Variabilitätsmaßen in die Berechnung einbezogen. Eine sehr variable Population mit kleinem n kann so rechnerisch eine gleich große Variabilität aufweisen wie eine genetisch ärmere, wenn sie eine ähnliche Anzahl an verschiedenen Allelen beziehungsweise eine ähnliche Allelverteilung aufweist. Die Allelic richness, ein vom Probenumfang unabhängiges Variabilitätsmaß, kann mit Hilfe von Statistik-Programmen (z. B. FSTAT) berechnet werden (GOUDET 1995). Um die Variabilität der Subpopulationen untereinander vergleichbar zu machen, werden alle Populationen künstlich auf den kleinsten vorhandenen Stichprobenumfang reduziert.

$$A_R = \sum_{i=0}^n \left(1 - \frac{\binom{2N-N_i}{2n}}{\binom{2N}{2n}} \right) \quad \text{Allelic richness}$$

(N ist die Gesamtanzahl der Allele; N_i die Anzahl der Allele vom Typ i ; n die kleinste Anzahl an analysierten Individuen an einem Locus)

Ein neues Allel verbreitet sich theoretisch in einer Population kontinuierlich, bis es deren Grenzen erreicht hat. Durch Migration zwischen zwei Populationen schreitet die Verbreitung auch über die Grenzen hinweg voran. Dabei ist die Geschwindigkeit abhängig von der Migrationsrate. Daher kann eine Stichprobe zweier Populationen, deren Allele nicht die gleiche Frequenz aufweist, Informationen über den Grad der Differenzierung beziehungsweise das Migrationsverhalten liefern. *Private Alleles* werden dabei Allele genannt, die nur in einer einzigen Population beobachtet werden (SLATKIN 1985). Kommen sie gehäuft in einer Population vor, kann dies ein Hinweis auf einen gestörten Genfluss zu den Nachbarpopulationen und damit ein Zeichen der Differenzierung zwischen den Populationen sein. Als Quantifizierung des Grades der Divergenz zweier Populationen im direkten Vergleich dient der paarweise genetische Vergleich. Es gibt zwei häufig genutzte Möglichkeiten, den Grad der Differenzierung zu berechnen, auch mit Hilfe von Computerprogrammen (z. B. ARLEQUIN) (EXCOFFIER ET AL. 2010).

Zum einen ist es der F_{ST} -Wert, welcher auf der Annahme des *Infinite Allele Model* (IAM) basiert (WRIGHT 1951). Der Wert wird aus der erwarteten Heterozygotie einer fiktiven Gesamtpopulation (H_T), bestehend aus allen Individuen der beiden Populationen, und der gemittelten erwarteten Heterozygotie der einzelnen Populationen (H_S), ermittelt.

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

Der maximale F_{ST} -Wert ist 1. Dies würde auf eine extrem starke Differenzierung der Populationen hinweisen. Ein F_{ST} -Wert von 0 lässt keine Substrukturierung, sondern eine willkürliche Unterteilung vermuten. ARLEQUIN verwendet eine modifizierte Formel, die im Prinzip aber die gleiche Aussage trifft.

Weitere Methoden für den paarweisen Vergleich finden im Programm GENETIX Anwendung (CAVALLI-SFORZA UND EDWARDS 1967, NEI 1972, BELKHIR ET AL. 1996-2004). Nach M. NEI (1972) wird die Summe der Wahrscheinlichkeiten verglichen, ob zwei entnommene Allele aus der Gesamtgruppe mit demselben Phänomen bezogen auf die zwei Teilpopulationen gleich sind.

$$D = -\log \left(\frac{\sum_m \sum_i p_{1mi} p_{2mi}}{\sqrt{\sum_m \sum_i p_{1mi}^2} \times \sqrt{\sum_m \sum_i p_{2mi}^2}} \right)$$

(mit m als Anzahl der Loci, p_{1mi} als Wahrscheinlichkeit für das Allel i des Locus m in der Population 1)

L. CAVALLI-SFORZA UND A. EDWARDS (1967) weisen jeder Population einen Punkt im Koordinatensystem zu, der durch einen von den Allelfrequenzen definierten Vektor bestimmt wird. Die räumliche Distanz zwischen zwei Punkten repräsentiert die genetische Distanz (Chord-Distanz) der Populationen.

$$D^2 = 4 \times \frac{\sum_m 1 - (\sqrt{p_{1mi}} \times \sqrt{p_{2mi}})}{\sum_m a_m - 1}$$

(mit a_m als Anzahl der Allele am Locus m)

Um Verwandtschaftsverhältnisse oder die genetische Nähe zu visualisieren, ist die Darstellung von genetischen Distanzen durch dichotom verzweigte Dendrogramme besonders geeignet. Das Programmpaket PHYLIP (ver 3.69) bietet einige Methoden, um nicht nur Allelfrequenzen, sondern auch Sequenzunterschiede zu visualisieren (FELSENSTEIN 2005). Das Programm errechnet auf der Grundlage von statistischen Annahmen Distanzen (NEI 1972; CAVALLI-SFORZA UND EDWARDS 1967). Dabei bietet sich an, ein Bootstrapping (s.o.) durchzuführen, um den Einfluss einer nicht repräsentativen Stichprobe zu vermeiden. Nach der Berechnung der Distanzen wird für jede Matrix ein Verwandtschaftsbaum nach der Neighbor-Joining-Methode (s.o.) erstellt. Die Knoten der Verzweigungen werden so gewählt, dass benachbarte Populationen, also die mit den geringsten genetischen Distanzen zueinander, auch im Dendrogramm direkt miteinander zu einem Cluster verknüpft werden. Nach jeder Verknüpfung werden die Distanzen der verbleibenden Populationen untereinander sowie zum Cluster neu berechnet und wiederum der nächste Nachbar ermittelt. Die Länge der Äste stellt dabei die Distanz zwischen den Populationen dar. Die multiplen Datensätze werden zu einer Vielzahl von möglichen Bäumen verknüpft, aus denen schließlich ein Konsensus-Baum ermittelt wird. Dabei bildet die Summe die wahrscheinlichsten Verzweigungen ab. Die Anzahl der Bäume im Datensatz kann für jeden Knoten angegeben werden, bei denen er in genau dieser Form auftritt.

Die Berechnungen der Verwandtschaftsbäume der Haplotypen wurden mit dem PHYLIP Programmpaket (ver 3.69) durchgeführt (FELSENSTEIN 2005). Mit dem Bootstrap-Verfahren wurde ein multipler Datensatz erzeugt, so dass aus 100 (für ML, für MP: 1000) Bäumen letztendlich ein Konsensus-Baum erstellt werden kann. Für die Berechnungen mit dem Maximum Likelihood Verfahren wurden die Programme Dnaml und DNA-Alignment benutzt. Das Programm *Dnapars* wurde verwendet um den Parsimonie-Baum zu berechnen. Die DNA-Sequenz einer eng verwandten Art wurde benutzt, um dem Baum eine Außengruppe und damit eine sinnvolle Wurzel zu geben. Artfremde Sequenzen sollten zu

einer frühen Abspaltung und stärkeren Divergenz führen als die Haplotypen derselben Art. Zudem kann dem Stammbaum so eine Richtung gegeben werden. Aus der Datenbank NCBI wurde dafür eine entsprechende D-Loop-Sequenz des afrikanischen Warzenschweins (*Phacochoerus africanus*) entnommen und in die Stammbaumberechnungen einbezogen.

Analog zur Alleldiversität kann auch die Haplotypendiversität als ein Maß für die Variabilität innerhalb einer Population betrachtet werden. Es ist ein Ausdruck für die Wahrscheinlichkeit, dass zwei zufällig aus der Population entnommene Individuen einen unterschiedlichen Haplotypen tragen, vernachlässigt wird hierbei, an wie vielen Stellen sich die Haplotypen unterscheiden (NEI 1987).

$$HD = \frac{n}{n-1} \left(1 - \sum_{i=1}^a x_i^2 \right)$$

(mit HD als Haplotypendiversität; n als Anzahl der untersuchten Individuen der Population; a als Anzahl der beobachteten Haplotypen innerhalb der Population; x_i als relative Häufigkeit des i-ten Haplotyps in der Population)

Neben der Haplotypendiversität kann auch die Nukleotiddiversität aus den Nukleotidsubstitutionen zwischen zwei Haplotypen zueinander berechnet werden. Dabei wird der Divergenzgrad der Haplotypen zweier zufällig aus der Population entnommener Individuen mit eingerechnet, indem man den mittleren Sequenzunterschied bestimmt.

$$ND = \frac{n}{n-1} \sum_{i,j=1}^a \gamma_{Ai} \gamma_{Aj} \delta_{ij}$$

(mit ND für Nukleotiddiversität; n für die Anzahl der untersuchten Individuen in der Population; γ_{Ai} für die relative Häufigkeit des i-ten Haplotyps in Population A; γ_{Aj} für die relative Häufigkeit des j-ten Haplotyps in Population A; δ_{ij} als relativer Sequenzunterschied von Haplotyp i und j (gen. Distanz); a für die Anzahl der Haplotypen in Population A)

Die Programme zur Berechnung der Nukleotiddiversität nutzen häufig einen Korrekturfaktor um z. B. die Möglichkeit von Rückmutationen nicht auszuschließen (JUKES UND CANTOR 1969, LIBRADO UND ROZAS 2009). Die Nettonukleotiddiversität ist der paarweise Vergleich zwischen zwei Populationen und dient als Maß für die Distanz der mittleren Sequenzdivergenz zweier Populationen (NDAB) (NEI 1987, LIBRADO UND ROZAS 2009). Sie ermöglicht damit eine Abschätzung der genetischen Distanz zwischen zwei Populationen. Dabei ist die Nettonukleotiddiversität um die Sequenzdivergenz innerhalb der Populationen (NDA; NDB) und einem Korrekturfaktor wie bei der Nukleotiddivergenz korrigiert (JUKES UND CANTOR 1969).

$$ND_{AB} = \sum_{i,j=1}^{ab} \gamma_{Ai} \gamma_{Bj} \delta_{ij}$$

$$ND_{netAB} = ND_{AB} - \frac{(ND_A - ND_B)}{2}$$

(mit ND_{AB} als Nukleotiddiversität über die Populationen A und B; γ_{Ai} für die relative Häufigkeit des i-ten Haplotyps in Population A; γ_{Bj} für die relative Häufigkeit des j-ten Haplotyps in Population B; δ_{ij} für den relativen Sequenzunterschied von Haplotyp i und j (gen. Distanz); a, b sind die Anzahl der Haplotypen in Population A bzw. B; ND_{netAB} als Nettonukleotiddiversität der Populationen A und B Korrektur, der durch nicht beachtete Rückmutationen sowie durch ungleichmäßige Verteilung der Substitutionen (γ) entstandenen Fehler)

Wie bei den Mikrosatelliten-Daten kann ein F_{ST} -Wert mit einer für DNA-Sequenzen veränderten Formel berechnet werden (z. B. mit dem Programm ARLEQUIN) (EXCOFFIER ET AL. 2010). Dabei gibt auch hier der Wert eine Auskunft über die genetische Differenzierung zwischen zwei Populationen durch den Anteil an der Gesamtvarianz, der auf die Varianz zwischen den Populationen zurückzuführen ist. Die meisten Programme benutzen einen Korrekturfaktor für die Formel. Das nötige Korrekturverfahren kann mit dem Internet Programm FINDMODEL ermittelt werden. Nach den Ergebnissen wurde der F_{ST} -Wert am genauesten durch das in ARLEQUIN enthaltene Verfahren nach TAMURA UND NEI (1993) mit $\gamma = 0,04$ korrigiert. Diese Φ_{ST} -Werte unterscheiden sich in der Regel bei intraspezifischen Vergleichen weniger stark von den F_{ST} -Werten.

Wie schon beschrieben gilt in der Theorie, dass eine geografische Nähe zweier Populationen unmittelbar eine genetische Nähe bedingt. Dabei werden allerdings Faktoren wie Migrationsbarrieren und Translokationen vernachlässigt, die den Genaustausch beeinflussen. Um diese Einflüsse auf Korrelation von genetischer und geografischer Distanz zu testen, kann der Mantel-Test benutzt werden (MANTEL 1967). Dieser vermittelt einen Eindruck, ob das Modell der Isolation durch Distanz zutrifft oder andere Faktoren eine Rolle spielen. Das Programm ARLEQUIN verarbeitet die Werte der Populationspaare und berechnet den Korrelationskoeffizienten (r) (EXCOFFIER ET AL. 2010). Wenn r gegen eins geht, ist das *Isolation durch Distanz* Modell erfüllt, geht r gegen null so besteht keine Korrelation. In die Berechnung fließen die Distanzwerte nach NEI (1972) und CAVALLI-SFORZA UND EDWARDS (1967), sowie die linearisierten F_{ST} - und R_{ST} -Werte [$F_{ST}/(1-F_{ST})$] und der natürliche Logarithmus der geografischen Distanz nach SLATKIN (1985) ein (ROUSSET 2008).

Bei der Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) handelt es sich um eine weitere Methode zur Ermittlung der genetischen Differenz. Dabei wird analog zum F_{ST} -Wert der

Anteil der Gesamtvarianz ermittelt, der auf die Substrukturierung zurückzuführen ist. Wurden in den Berechnungen der bis jetzt beschriebenen genetischen Distanzen Populationspaarungen einzeln betrachtet, so betrachtet die AMOVA eine Aussage über die Qualität der Einteilung in Populationen im Allgemeinen. Zudem lassen sich weitere Strukturierungen von Populationen wie einzelne Populationsgruppen oder Individuen nachvollziehen, so dass sich die Gesamtvarianz aller Variablen anteilig in Teilvarianzen zerlegen lässt, die den einzelnen Niveaus zugeordnet werden. Ursprünglich stammt diese Analyse aus der Berechnung von Diversitäten mit Hilfe von Mikrosatelliten. Daher beschränken sich die Indizes bei der Sequenz-Analyse auf die Variabilitäts-Niveaus der Populationen (F_{ST}) beziehungsweise der definierten Gruppen (F_{CT}) in Bezug auf die Totalpopulation sowie auf die der Subpopulationen in Bezug auf die Einteilung in Gruppen (F_{SC}), da Variabilität innerhalb eines Individuums bei diesem Markersystem nicht existiert. Die AMOVA wurde mit dem Programm ARLEQUIN berechnet (EXCOFFIER ET AL. 2010). Wie auch bei den paarweisen F_{ST} -Werten ist die Berechnung mit konventioneller und mit korrigierter Formel durchgeführt und damit Φ_{ST} - und Φ_{CT} -Werte ermittelt worden.

Einschneidende Ereignisse in einer Population, die den Bestand stark beeinflusst haben, wie z. B. plötzliche Ausbreitung, Besiedlungswellen, Flaschenhals-Effekte, lassen sich mit Hilfe einer *Mismatch Distribution*-Analyse auffinden (SCHNEIDER UND EXCOFFIER 1999). Die Sequenzen aller Individuen werden paarweise verglichen und die Unterschiede aus allen Vergleichen festgestellt. Anschließend wird die Häufigkeit für jede Anzahl von Sequenzunterschieden ausgezählt. Nach einer graphischen Auftrennung können anhand der Form der Kurve Schlussfolgerungen über den Vorgang der Besiedlung gezogen werden. Eine unimodale Verteilung der paarweisen Sequenzunterschiede (einzelner Peak) weist auf eine Bestätigung des *Sudden expansion models* (plötzliche Ausbreitung) hin. Weitere Peaks des Graphen (bimodal) würden auf eine Abweichung hindeuten und durch signifikante Werte für den *Harpending's Raggedness index* und die Summe der quadrierten Abweichungen (*squared deviations*) aufgezeigt (HARPENDING 1994). Eine bimodale (oder multimodale) Verteilung der *Mismatch Distribution* ist typisch für Populationen, die nicht durch ein einmaliges Besiedlungsereignis entstanden sind, sondern durch mehrere Wellen der Immigration. Aber auch überstandener *Bottleneck* mit anschließender Wiederausbreitung kann eine erhöhte „Zackigkeit“ und mehrere *Peaks* verursachen.

4. Ergebnisse

Im Folgenden werden nun die Ergebnisse vorgestellt und die einzelnen Systeme ausgewertet, bevor auf die Analysen bezüglich des Erhaltungszustandes und der Populationsgenetik eingegangen wird. Es wurden nur reproduzierte Ergebnisse, also wenn mindestens zwei Amplifikationen pro unabhängig hergestelltem DNA-Extrakt gelungen sind, in die Auswertung mit einbezogen.

4.1. Archäologisches Material zur Domestikation

4.1.1. Mitochondriale Markersysteme

4.1.1.1. D-Loop

Es konnten für insgesamt 144 mesolithisch/neolithische Proben Sequenzen und damit deren Haplotyp bestimmt werden (Tab. 26). Die Proben verteilen sich auf vier Haplotypen, die bei G. LARSON ET AL. (2007) mit ANC-A, ANC-C, ANC-Y1-6A, ANC-Y2-5A beschrieben wurden. Dabei entfallen 57 Haus- und 8 Wildschweine auf den Haplotypen ANC-A, 32 Haus- und 26 Wildschweine auf den Haplotypen ANC-C, 13 Haus- und 3 Wildschweine auf den Haplotypen ANC-Y1-A6 und 5 Hausschweine auf den Haplotypen ANC-Y2-A5 (Tab. 26). Einer der Polymorphismen wurde durch ein Indel hervorgerufen (ANC-Y2-A5) und an Position 15558 finden wir eine Transversion ($A \leftrightarrow T$). Die übrigen Substitutionen kamen durch Transitionen zustande ($C \leftrightarrow T$, $G \leftrightarrow A$). Zum Vergleich existieren Sequenzdaten von weiteren modernen Wildschweinen aus den Studien von G. LARSON ET AL. (2005), M. SCANDURA ET AL. (2008) und J. KIRSCHNING (2009) sowie für alte DNA aus der Studie von G. LARSON ET AL. (2007). Die in den Studien berichteten Sequenzen umfassen häufig einen längeren Abschnitt des D-Loops und mussten zum Vergleich auf die untersuchte Länge gekürzt werden. Damit geht einher, dass viele der beschriebenen Haplotypen in größeren Gruppen aufgehen. Desweiteren sind für diese Studie nur die Tiere aus Europa von Belang, so dass nur die Haplotypen, ANC-C, ANC-A, ANC-Y1-6A, ANC-Y2-5A, ANC-Italy, ANC-Arm-1T und ANC-Arm-2T als größere Gruppen von Wichtigkeit sind (Tab. 27).

Bei der Betrachtung der Verteilung der Haplotypen auf die untersuchten Individuen (Tab. 32 und 33) fallen die Haplotypen ANC-A und ANC-C nicht nur durch ihre große Häufigkeit auf. Während sich die übrigen Haplotypen auf maximal sechs Populationen beschränken, finden sich diese beiden Haplotypen jeweils in fast allen rezenten Wildschweinpopulationen wieder (SCANDURA ET AL. 2008, KIRSCHNING 2009).

D-Loop 1: Position 15520-15593 des mt-Genoms nach Ursing und Arnason (1998):

TTGCGCACAA ACATACAAAT ATGTGACCCC AAAAATTTAA CCATTGAAAA
CCAAAAAATC TAATATACTA TAAC

Tab. 26, Übersicht über den Amplifikationserfolg und der Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) und Haplotypen der mesolithischen/neolithischen Proben für das Fragment D-Loop

Position der Mutation	Individuen	Haplotyp nach Larson et al. (2007)
A↔T an Position 15558	HS 3, HS 7, HS 10, HS 11, HS 16, HS 19, HS 21, HS 22, HS 26, HS 37, HS 38, HS 43, HS 44, HS 52, HS 54, HS 55, HS 57, HS 81, HS 85, HS 87, HS 88, HS 92, HS 134, HS 141, HS 145, HS 155, HS 157, HS 160, HS 163, HS 181, HS 183, HS 184, HS 185, HS 187, HS 193, HS 194, HS 195, HS 196, HS 197, HS 198, HS 199, HS 201, HS 202, HS 209, HS 220, HS 229, HS 231, HS 267, HS 269, HS 270, HS 300, HS 302, HS 305, HS 307, HS 308, HS 313, HS 314, HS 324 WS 27, WS 29, WS 47, WS 60, WS 62, WS 95, WS 100, WS 103	ANC A
Keine Mutation	HS 1, HS 2, HS 5, HS 9, HS 12, HS 13, HS 14, HS 22, HS 24, HS 25, HS 32, HS 35, HS 51, HS 58, HS 59, HS 61, HS 84, HS 93, HS 97, HS 133, HS 139, HS 158, HS 213, HS 218, HS 259, HS 279, HS 298, HS 299, HS 319, , HS 330, HS 333, HS 334 WS 3, WS 4, WS 5, WS 6, WS7, WS 15, WS 17, WS 26, WS 28, WS 31, WS 38, WS 43, WS 52, WS 53, WS 54, WS 55, WS 56, WS 57, WS 61, WS 63, WS 68, WS 70, WS 91, WS 94, WS 97, WS 104	ANC C
T↔C an Position 15543 und A↔G an Position 15592	HS 50, HS 83, HS 101, HS 152, HS 178, HS 188, HS 255, HS 256, HS 262, HS 320, HS 321, HS 322, HS 337 WS 24, WS 44, WS 69	ANC-Y1-6A
T↔C an Position 15543, A↔- an Position 15577 und A↔G an Position 15592	HS 31, HS 176, HS 190, HS 191, HS 276	ANC-Y2-5A

Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Medianjoining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 17). Im Gegensatz zu Stammbäumen in Dendrogrammform, die immer nur einen möglichen Evolutionsweg aufzeigen, sind die Verbindungen im Netzwerk gleichwertig. Eine direkte Verbindung zwischen den Haplotypen bedeutet, dass sie sich in einzelnen Basen unterscheidet. Die an den Verbindungen notierten Zahlen geben die Mutationen zu der Referenzsequenz zwischen den verbindenden Elementen an.

Tab. 27, Sequenzunterschiede und Haplotypen nach LARSON ET AL. (2007). (Position 1 entspricht hier Basenpaar 15519 nach URSING UND ARNASON (1998))

ANC-Haplotype	Group	1	2	5	24	25	31	36	40	44	47	49	52	53	60	61	62	64	65	72	77	78
ANC-EAsia	Grey	T	G	G	C	G	-	A	A	A	A	A	-	-	A	-	-	T	T	T	G	C
ANC-GL132		C	G	G	C	G	-	A	A	A	A	A	-	C	A	-	-	T	T	T	G	T
ANC-Y2-5A*	Yellow	T	G	G	C	G	-	A	A	A	G	A	-	C	-	-	-	C	T	T	G	C
ANC-Y1-6A*	Yellow	T	G	G	C	G	-	A	A	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	T	G	C
ANC-EJ	Yellow	T	A	G	C	G	C	A	A	A	G	A	-	C	-	-	-	C	T	T	A	C
ANC-GL254	Yellow	T	A	G	C	G	-	A	A	A	A	A	-	C	-	-	-	C	T	T	A	C
ANC-Arm1T*	Yellow	T	G	G	C	G	-	A	A	A	G	T	A	C	A	-	-	C	T	T	A	C
ANC-Arm2T*	Yellow	T	G	G	C	G	-	A	A	A	G	T	A	C	-	-	T	C	T	T	A	C
ANC-GL790	Yellow	T	G	A	C	G	-	A	A	A	G	T	A	C	A	-	-	C	T	T	A	C
ANC-YueGermLandrace		T	G	G	T	G	-	A	A	A	G	A	-	-	A	-	-	T	T	C	G	C
ANC-Italy*	Orange	T	G	A	T	G	-	A	A	G	G	A	-	C	A	-	-	C	T	T	G	C
ANC-GL244	Orange	T	G	A	T	G	-	A	A	G	G	A	-	C	A	-	-	C	G	T	G	C
ANC-Cside*	Red	T	G	G	T	G	-	A	A	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	C	A	C
ANC-LDomPietrain04	Red	T	G	G	T	G	-	T	T	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	C	A	C
ANC-GL242	Red	T	G	G	T	G	-	A	A	A	A	A	-	C	A	-	-	C	T	C	A	C
ANC-Finnish41	Red	T	G	G	T	A	-	A	A	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	C	A	C
ANC-LDomBritSaddle01	Red	T	G	G	T	G	-	A	T	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	T	A	C
ANC-Aside*	Red	T	G	G	T	G	-	A	T	A	G	A	-	C	A	-	-	C	T	C	A	C

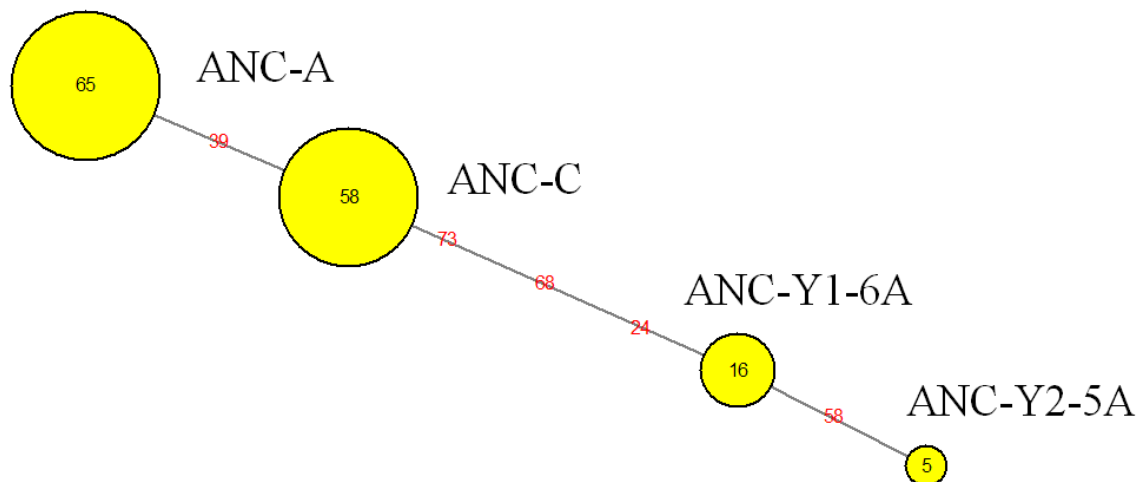


Abb. 17 Medianjoining Network für die D-Loop Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben, rote Zahlen geben die Position der Mutation im 74 bp langen Fragment an.

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt, dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 18 und 19). Die Maximum-Parsimony-Methode (MP) mit dem weniger komplizierten Algorithmus setzt mehrfach Haplotypen zu Polytomien zusammen (Gruppen,

die sich gleichzeitig von einem gemeinsamen Vorfahren abzweigend scheinen) (Die Daten sind auf beigefügter CD zu finden).

Die Maximum-Likelihood-Bäume (Abb. 19) zeigen an diesen, beim MP-Baum hierarchisch nicht weiter aufgeschlüsselten Verzweigungen, Strukturierungen, die sich im Groben jedoch wenig voneinander unterscheiden.

Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 18 und 19).

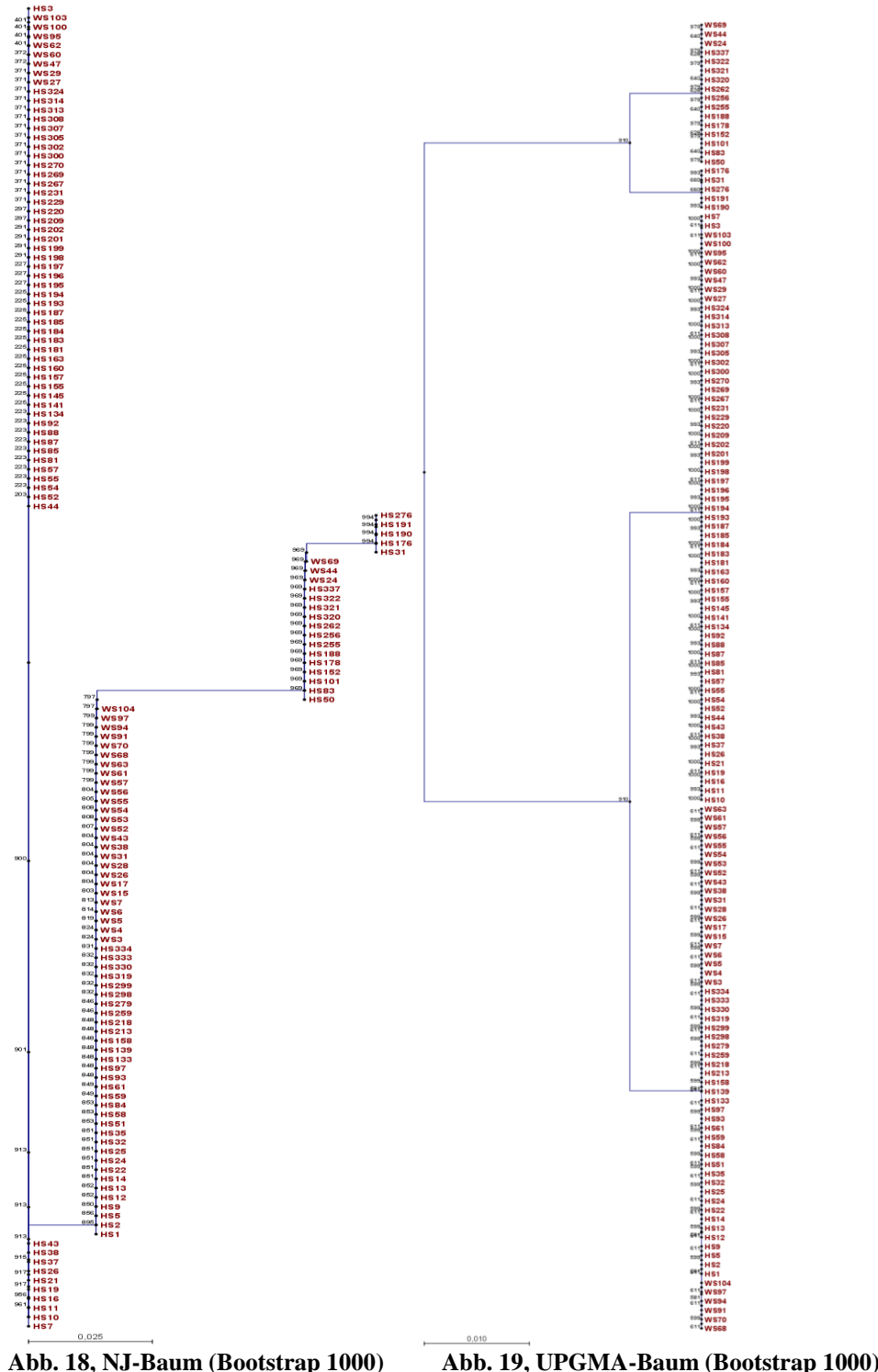


Abb. 18, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

Abb. 19, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

4.1.1.2. Cytb

Für 123 der insgesamt 304 Extrakte war eine Amplifikation des ersten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 40,5 %. Dabei verteilen sich die 123 Sequenzen auf 83 Haus- und 40 Wildschweine. Leider konnten nicht für alle Proben, bei denen es gelungen ist die Haplotypen anhand der D-Loop-Sequenz zu bestimmen, auch das erste Cytb-Fragment amplifiziert werden (Tab. 28). In den Proben wurden 22 polymorphe Stellen erkannt, aus denen sich 15 Haplotypen (A bis O) bilden lassen. Dabei entfallen 91 Proben auf den Haplotypen B, 18 auf den Haplotypen C und 4 auf den Haplotypen H. Die Haplotypen D, E, F, G, I, J, K, L, M, N und O sind jeweils durch ein Individuum vertreten (Tab. 28). Fast alle Polymorphismen werden durch Transitionen hervorgerufen ($C \leftrightarrow T$, $G \leftrightarrow A$). Nur der Haplotyp M weist zusätzlich Indels als Veränderung auf.

Cytb_1: Position 14358-14440 (83bp) des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):
 GTTACACACA TTTGTCGAGA CGTAAATTAC GGATGAGTTA TTCGCTATCT
 ACATGCAAAC GGAGCATCCA TATTCTTTAT TTG

Tab. 28, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) (Haplotyp B) und die Haplotypenzuweisung der mesolithischen/neolithischen Proben für das Fragment Cytb_1

Haplotypen	Position	14369	14374	14378	14387	14388	14389	14392	14394	14400	14401	14402	14405	14412	14417	14418	14421	14425	14429	14432	14436	14439	14440
		A	T	G	C	C	G	G	G	G	C	G	C	C	G	C	G	G	C	G	C	A	T
B												T						A					
C	C																	A					
D												T					T	A					
E												T						A				A	
F			T									T						A					
G												T				A		A					
H												T											
I	C	A																A					
J	C											T						A					
K	C								T		T							A					
L					A		A	A		A		T			A			A					
M												T						-	-	-	-		
N	C			T				A						T				A					
O					A	A	A	A		A			A					A					

Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Medianjoining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 20).

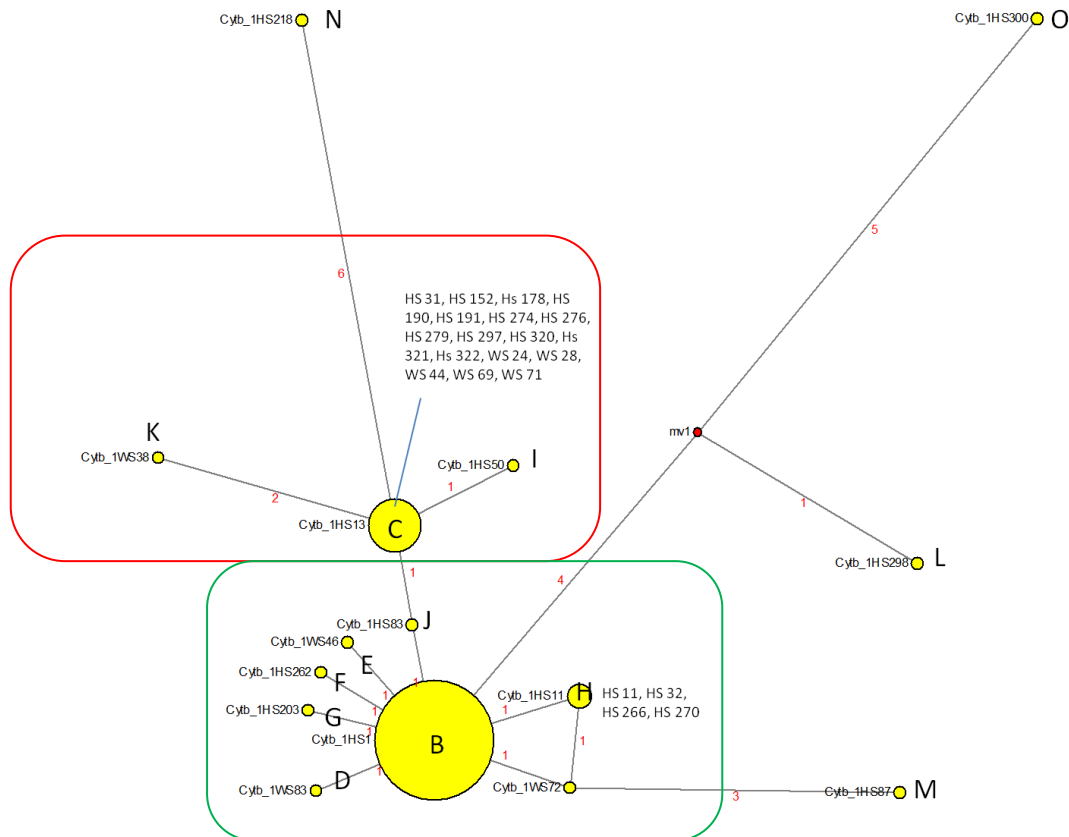


Abb. 20, Medianjoining Network für die Cytb_1 Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben (WS und HS), rote Zahlen geben die Anzahl der Mutationen an

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt, dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 21 und 22). Die Maximum-Parsimony-Bäume und Maximum-Likelihood-Bäume sind als Datensätze auf der beigefügten Daten-CD gespeichert.

Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 21 und 22).

Die Auswertung der Cytb_1 Fragmente lässt eindeutig eine Einteilung in zwei Gruppen zu. Eine Gruppe setzt sich aus C, K und I und die andere Gruppe aus B, D, E, F, G, J, H zusammen. Die Haplotypen N, M, O und L bilden durch ihre hohe Anzahl an Mutationen Sonderfälle und sind nur einzelne Individuen.

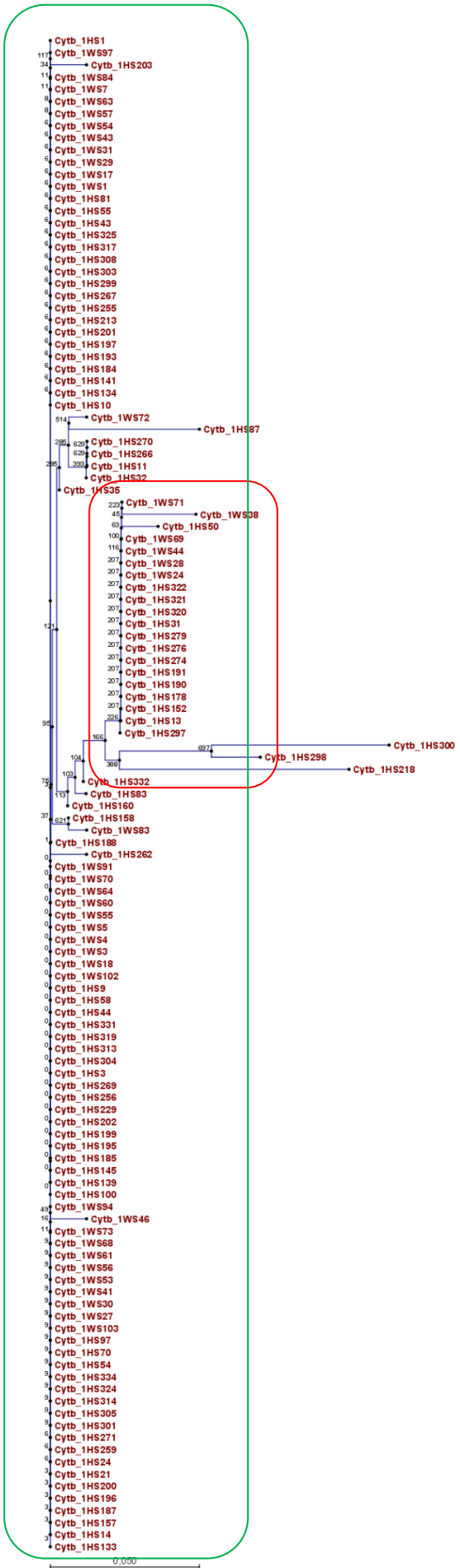


Abb. 21 NJ-Baum (Bootstrap 1000)

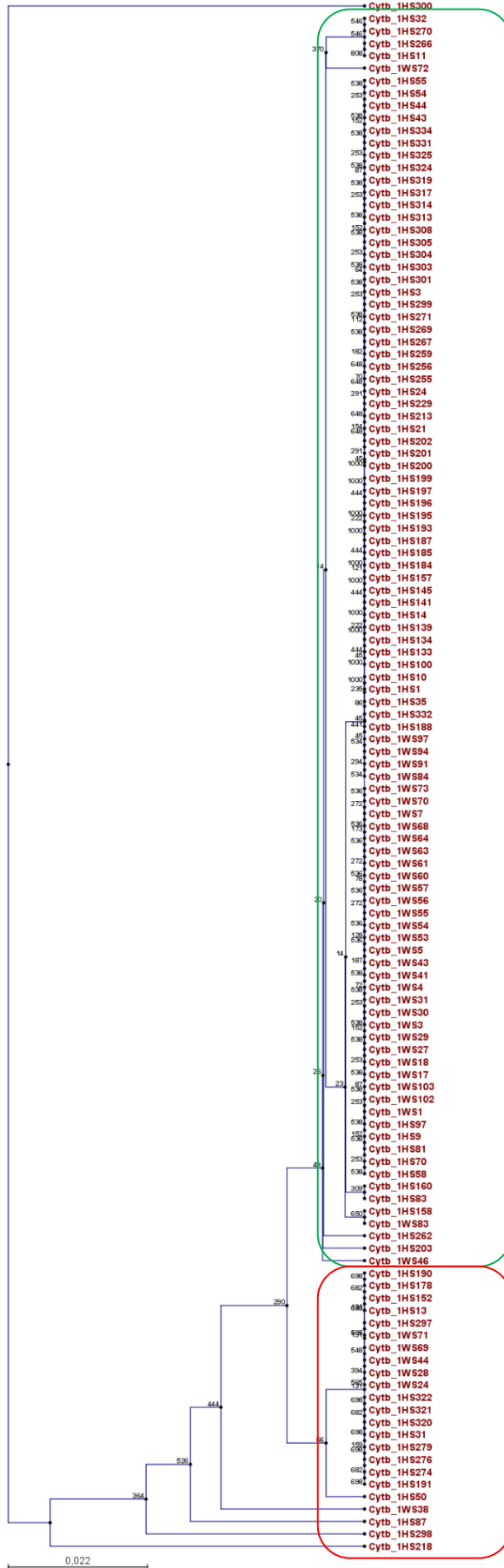


Abb. 22, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

Fast alle Polymorphismen werden durch Transitionen hervorgerufen ($C \leftrightarrow T$, $G \leftrightarrow A$). Nur die Haplotypen H und Q weisen zusätzlich Transversion ($G \leftrightarrow T$) an Position 14982 und 15014 als Veränderung auf.

Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Median Joining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 23).

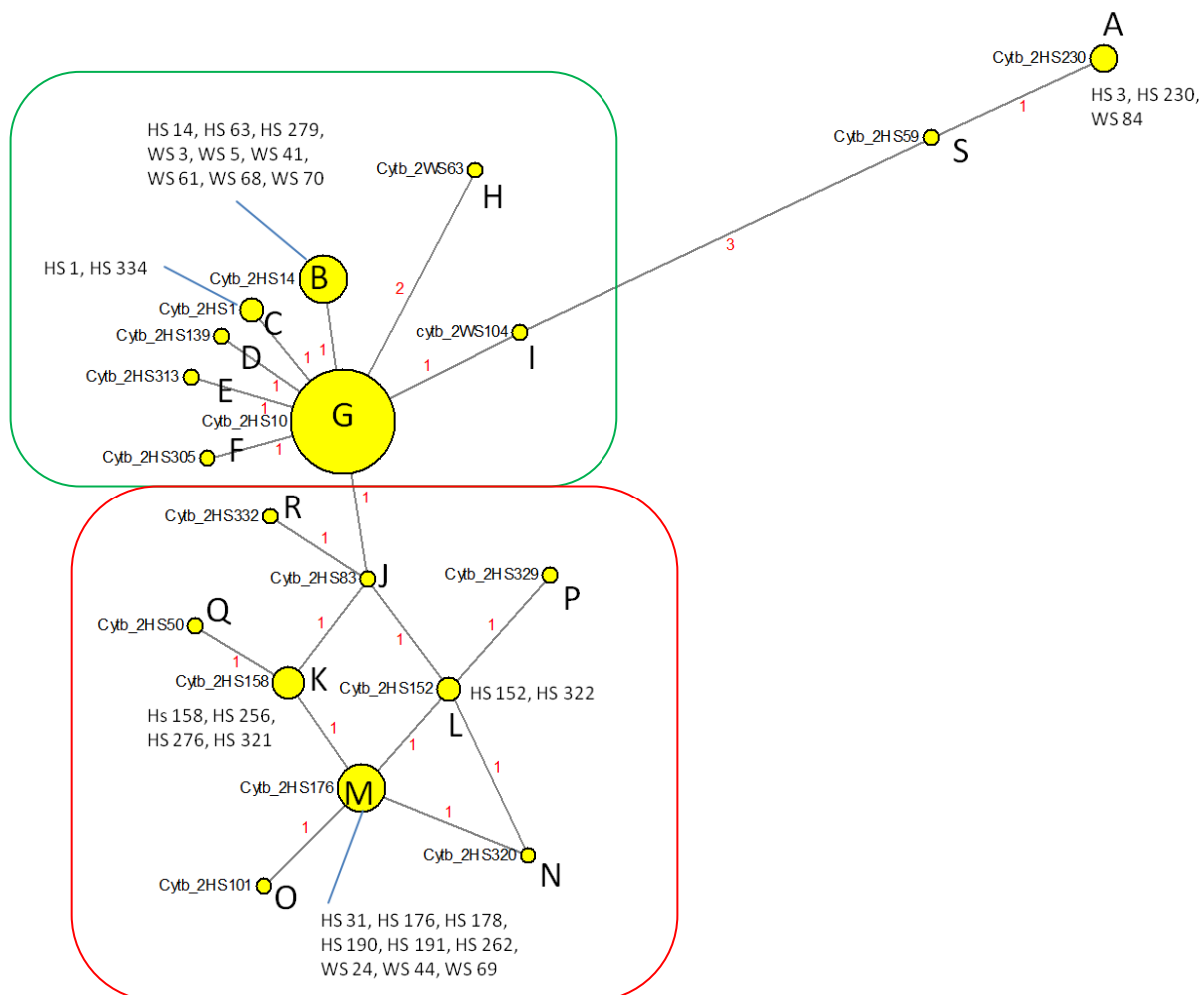


Abb. 23, Medianjoining Network für die Cytb_2 Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben (WS und HS), rote Zahlen geben die Anzahl der Mutationen an

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt, dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 24 und 25). Die Maximum-Parsimony-Bäume und Maximum-Likelihood-Bäume sind als Datensätze auf der beigefügten Daten-CD gespeichert.

Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 24 und 25).

Die Auswertung der Cytb₂ Fragmente lässt eine Einteilung in zwei Gruppen zu, die sich durch einzelne Mutationen in kleine Gruppen bzw. weitere Haplotypen auffächert. Eine Gruppe setzt sich aus A, B, C, D, E, F, G, H, I und S und die andere Gruppe aus J, K, L, M, N, O, P, Q und R zusammen. Dabei setzen sich die Haplotypen A, S und I in einer gesonderten Gruppe ab.

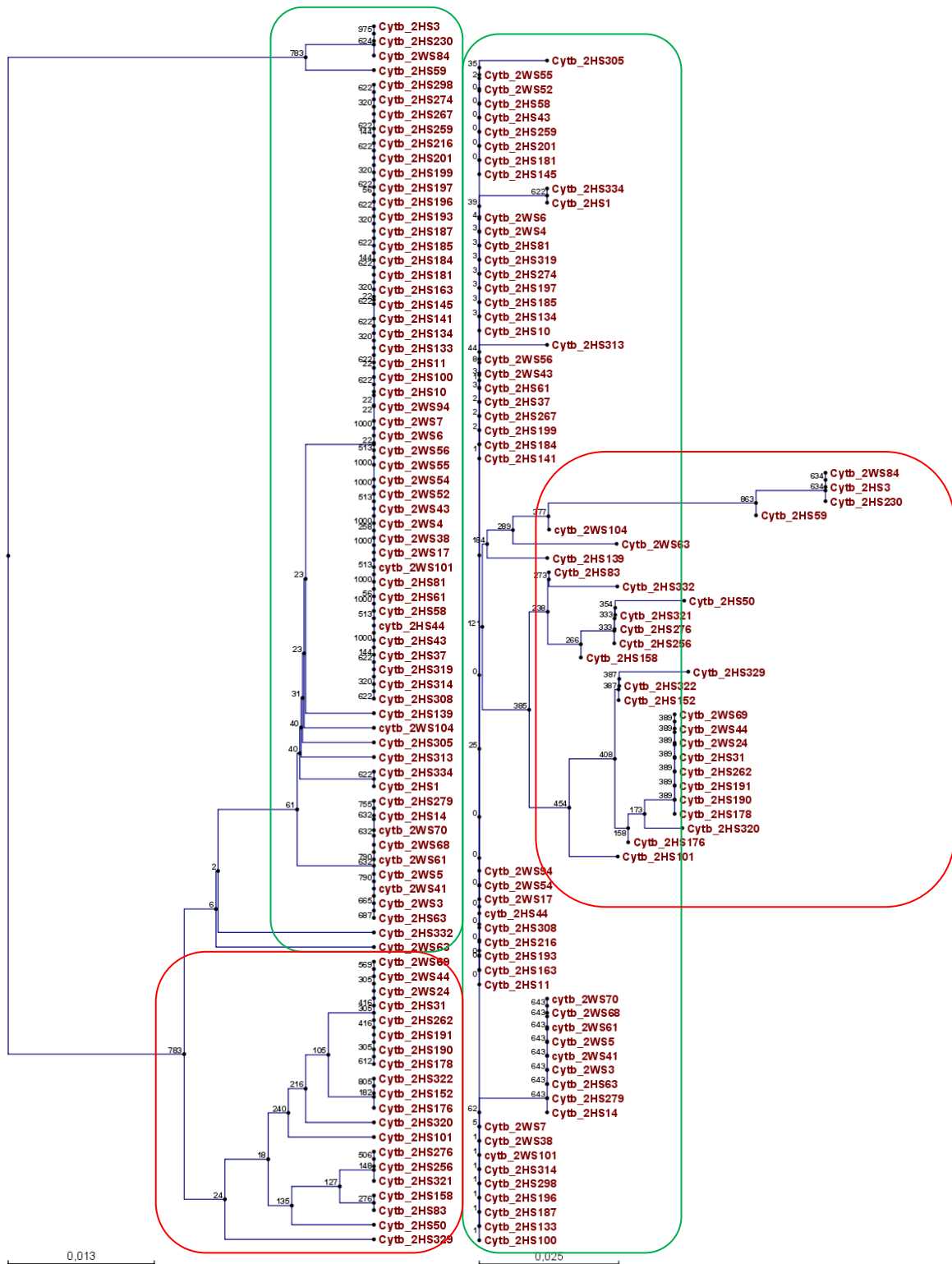


Abb. 24, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

Abb. 25, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

Für 107 der insgesamt 304 Extrakte war eine Amplifikation des dritten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 35 %. Dabei verteilen sich die 107 Sequenzen auf 79 Haus- und 28 Wildschweine. Leider konnten nicht für alle Proben, bei denen es gelungen ist, die Haplotypen anhand der D-Loop-Sequenz zu bestimmen, auch das erste Cytb-Fragment amplifiziert werden (Tab. 30). In den Proben wurden 13 polymorphe Stellen erkannt, aus denen sich 10 Haplotypen (A bis J) ableiten lassen. Dabei entfallen 75 Proben auf den Haplotypen C, 23 auf die Haplotypen B, 3 auf den Haplotypen A und jeweils eine auf die Haplotypen D, E, F, G, H, I und J (Tab. 30).

Fast alle Polymorphismen werden durch Transitionen hervorgerufen ($C \leftrightarrow T$, $G \leftrightarrow A$). Nur der Haplotyp J weist zusätzlich Transversion ($G \leftrightarrow T$) an mehreren Positionen als Veränderung auf. Die hohe Anzahl und das singuläre Auftreten deuten auf Veränderungen hin, die erst nach dem Tod des Individuums eingetreten sind und typisch für die aDNA sind.

Cytb_3 Position 15197-15260 (64bp) des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):

CCCGTTCATC ATCATCGGCC AACTAGCCTC CATCTTATAC TTCCTAATCA
TTCTAGTATT GATA

Tab. 30, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) (Haplotyp C) und die Haplotypenzuweisung der mesolithischen/neolithischen Proben für das Fragment Cytb_3

Position		15197	15200	15203	15209	15225	15226	15227	15230	15234	15236	15238	15240	15249
Haplotypen	A	C	A	C	C	T	C	C	C	T	T	T	C	C
	B		G											
	C		G								C			
	D		G										T	
	E		G					T						
	F		G	T							C			
	G		G						T		C			
	H	T	G		T						C			
	I		G				T				C			T
	J		G			G			G	G	C	G		

Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Median Joining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 26).

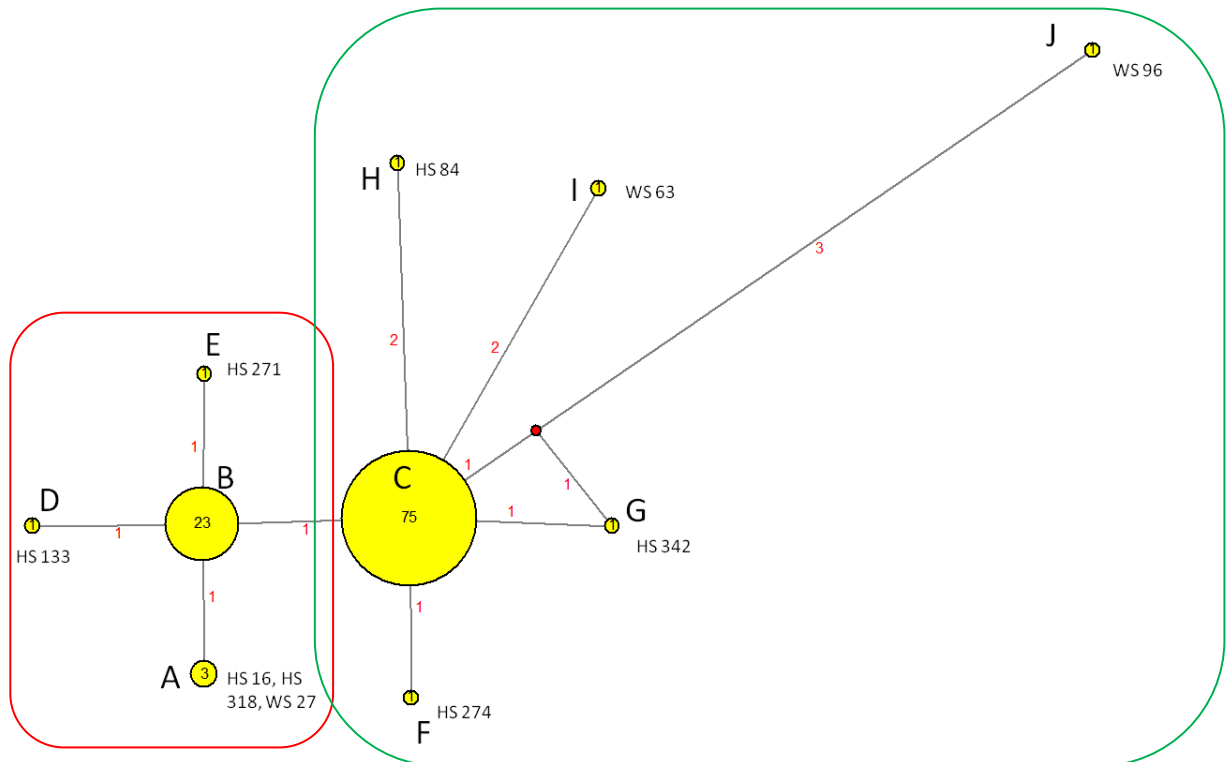


Abb. 26, Medianjoining Network für die Cytb_3 Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben (WS und HS), rote Zahlen geben die Anzahl der Mutationen an

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt, dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 27 und 28). Die Maximum-Parsimony-Bäume und Maximum-Likelihood-Bäume sind als Datensätze auf der beigefügten Daten-CD gespeichert.

Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 27 und 28).

Die Auswertung der Cytb_3 Fragmente lässt eine Einteilung in zwei Gruppen zu, die sich durch einzelne Mutationen in kleine Gruppen bzw. weitere Haplotypen auffächert. Eine Gruppe setzt sich aus A, B, D und E und die andere Gruppe aus C, F, G, H, I und J zusammen.

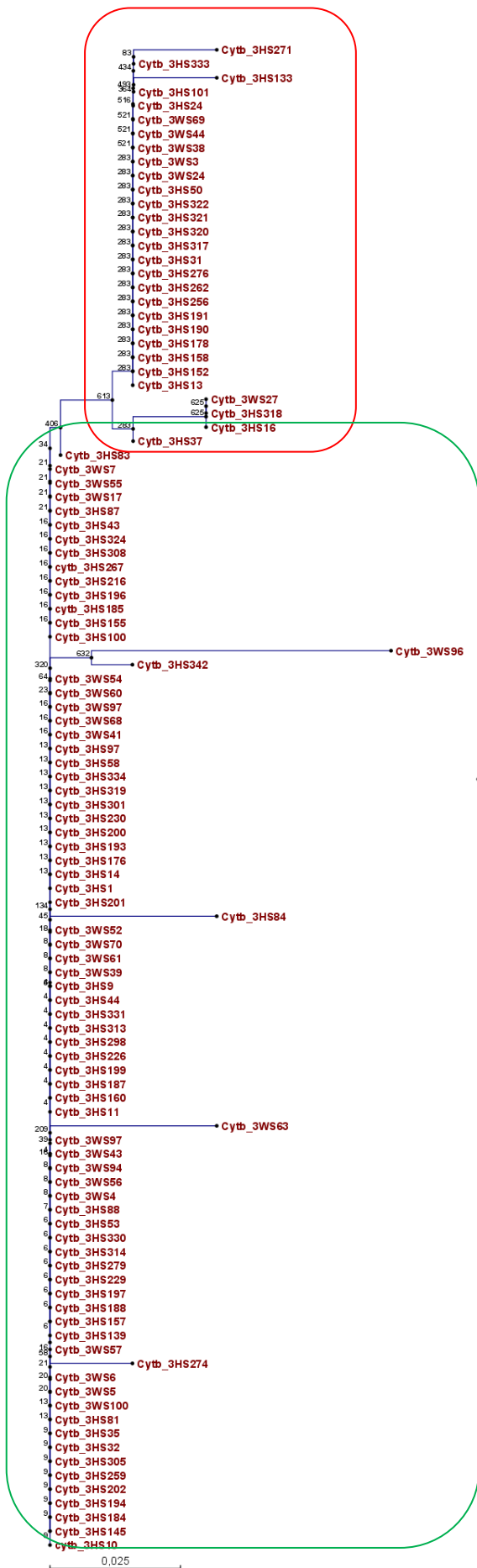


Abb. 27, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

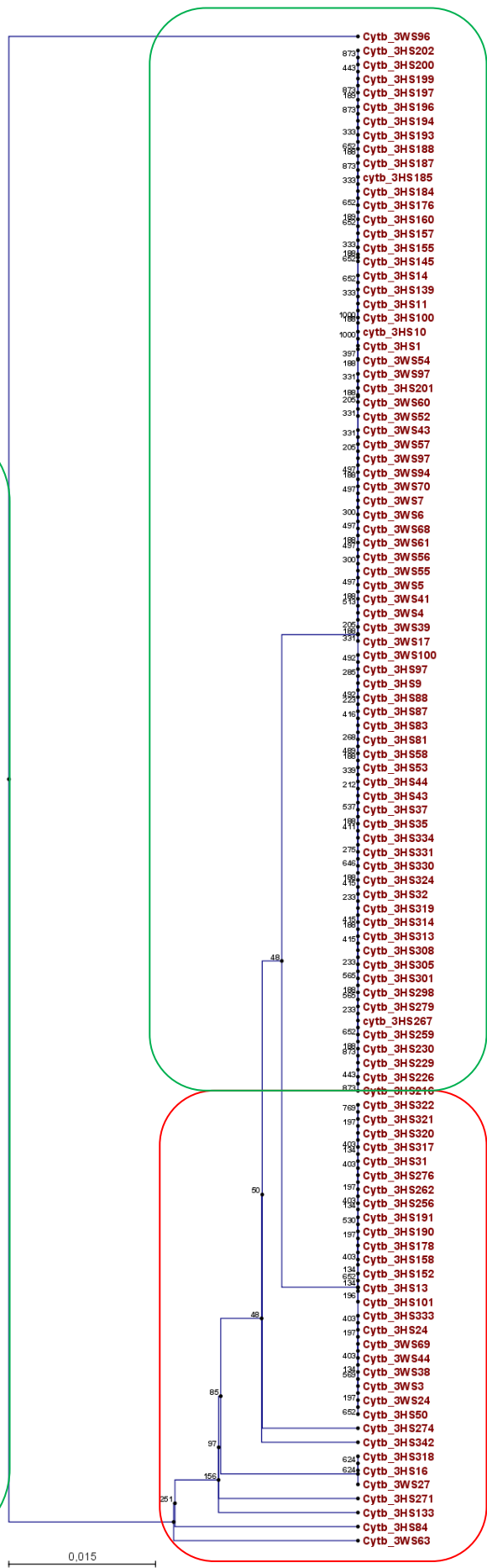


Abb. 28, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

Für 95 der insgesamt 304 Extrakte war eine Amplifikation des vierten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 31 %. Dabei verteilen sich die 95 Sequenzen auf 67 Haus- und 28 Wildschweine. Leider konnten nicht für alle Proben, bei denen es gelungen ist, die Haplotypen anhand der D-Loop-Sequenz zu bestimmen, auch das erste Cytb-Fragment amplifiziert werden (Tab. 31). In den Proben wurden 19 polymorphe Stellen erkannt, aus denen sich 15 Haplotypen (A bis Q) ableiten lassen. Dabei entfallen 54 Individuen auf den Haplotypen B, 19 auf die Haplotypen C, 7 auf den Haplotypen A, jeweils zwei auf die Haplotypen D und F und jeweils eine auf die Haplotypen E, G, H, I, J, K, L, M, N, O, P und Q (Tab. 31).

Die Mehrzahl der Haplotypen unterscheidet sich durch Transitionen (C↔T, G↔A). Die Haplotypen D, J, K, N, M, P und Q weisen zusätzlich Transversionen (G↔T, C↔A, C↔G, T↔A) an mehreren Positionen als Veränderung auf.

Cytb_4 Position 14695-14782 (88bp) des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):

TCTTCGCCTT CCACTTTATC CTGCCATTCA TCATTACCGC CCTCGCAGCC
GTACATCTCC TATTCCTGCA CGAAACCGGA TCCAACAA

Tab. 31, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) (Haplotyp B) und die Haplotypenzuweisung der mesolithischen/neolithischen Proben für das Fragment Cytb_4

Position																				
	14696	14697	14700	14703	14705	14708	14717	14718	14721	14723	14732	14733	14738	14758	14760	14770	14771	14772	14780	
Haplotypen	A	C	T	G	T	T	C	G	C	T	C	C	G	C	T	C	C	C	G	C
	B				C															
	C																			T
	D														A					
	E					C														T
	F					C	T													
	G					C	T		T											
	H		C			C														
	I	T				C														
	J					C								G						
	K			A		C														
	L					C						T								
	M				C	C				C										
	N	G																		T
	O										T						T			T
P			A				A					A						A	T	
Q	A												T		T	T	T		T	

Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Median Joining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 29).

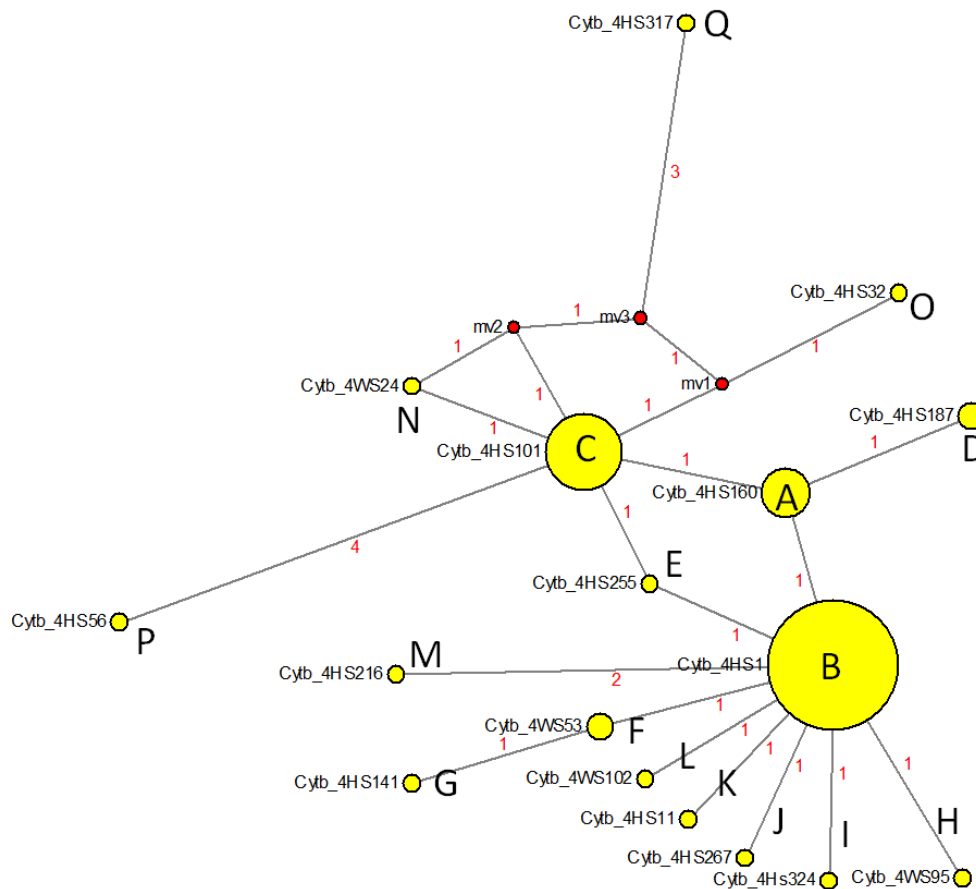


Abb. 29 Medianjoining Network für die Cytb_4 Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben (WS und HS), rote Zahlen geben die Anzahl der Mutationen an

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt, dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 30 und 31). Die Maximum-Parsimony-Bäume und Maximum-Likelihood-Bäume sind als Datensätze auf der beigefügten Daten-CD.

Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 30 und 31).

Die Auswertung der Cytb_4 Fragmente lässt eine Einteilung in zwei Gruppen zu, die sich durch einzelne Mutationen in kleine Gruppen bzw. weitere Haplotypen auffächert. Eine Gruppe setzt sich aus A, B, D, E, F, G, H, I, J, K, L und M und die andere Gruppe aus C, N, O, P und Q zusammen. Dabei fallen die Haplotypen P und Q durch eine hohe Anzahl an Mutationen auf und werden nur durch einzelne Individuen repräsentiert.

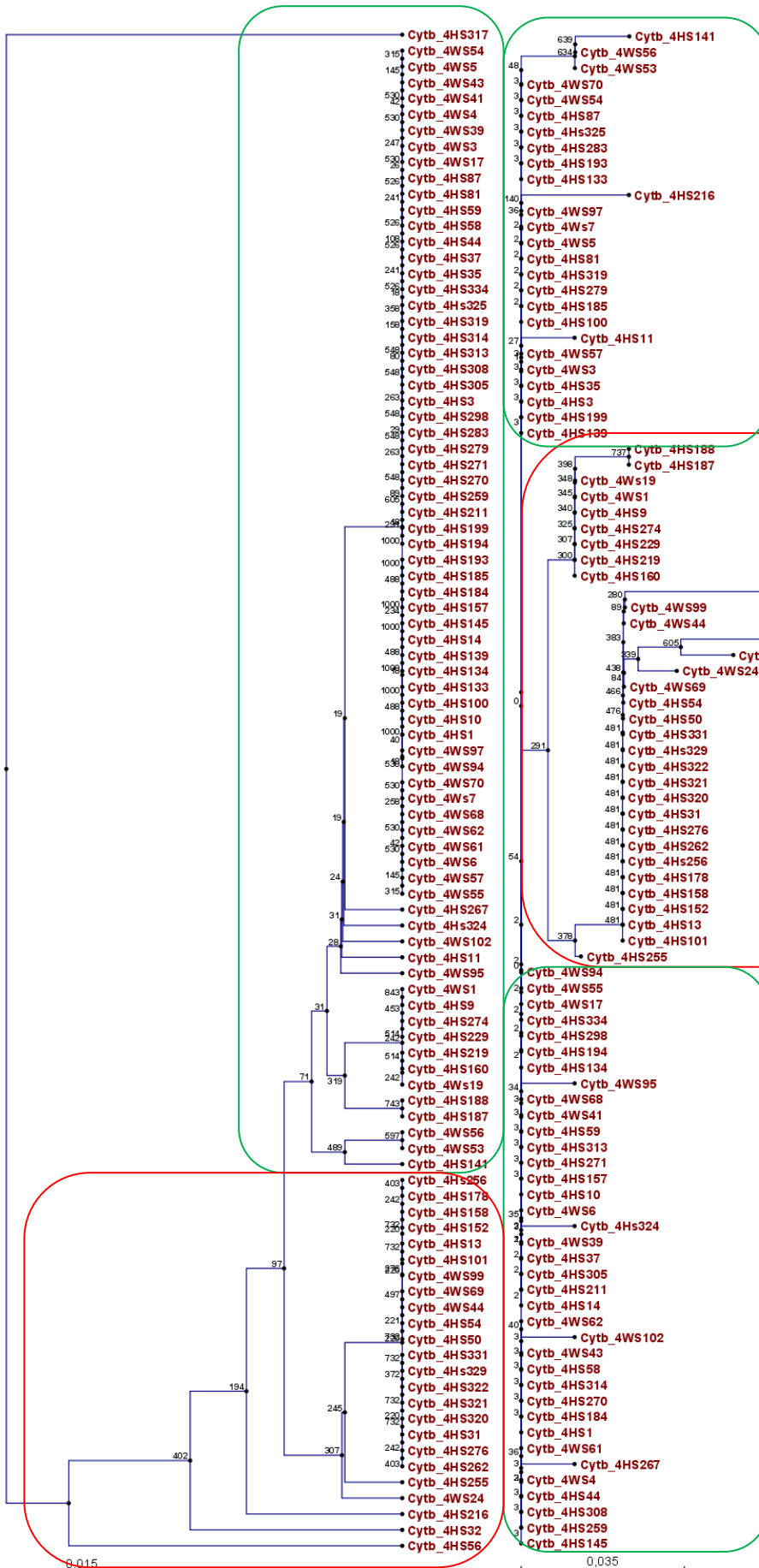


Abb. 30, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

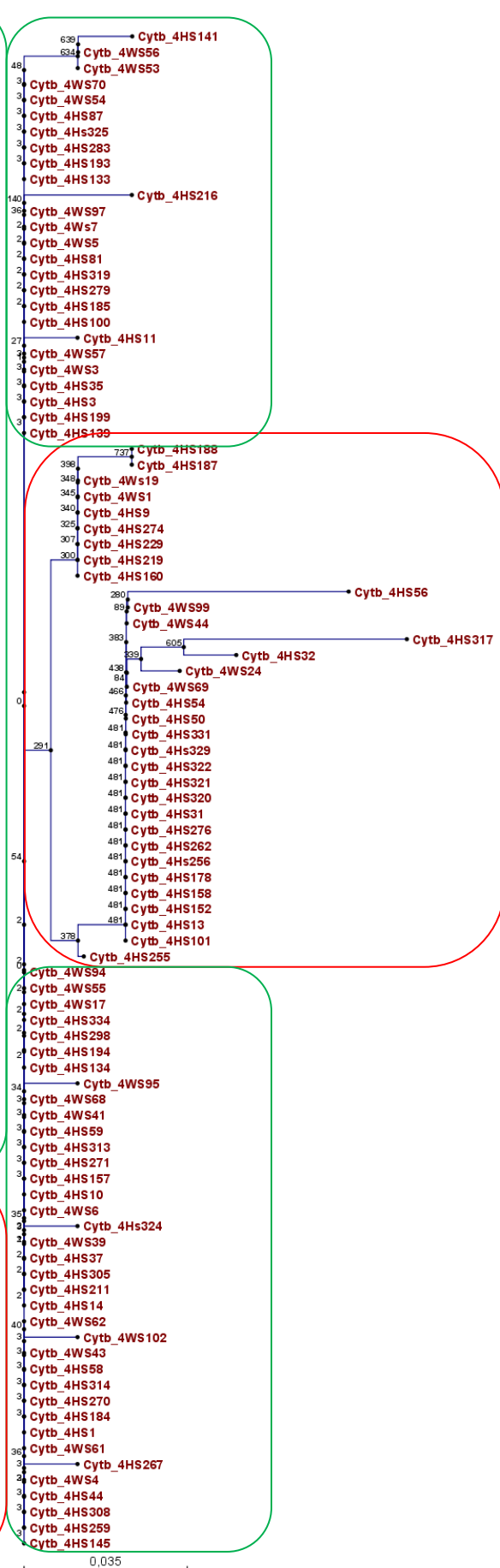


Abb. 31, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

Daten zur Sequenzierung des Cytb-Gens bzw. von Fragmenten lassen sich bei E.ALVES ET AL. (2003), A. CLOP ET AL. (2004), M. FANG UND A. ANDERSON (2006) finden. E. ALVES ET AL. (2003) und zuletzt M. FANG UND A. ANDERSON (2006) zeigen, dass sich die D-Loop-Haplotypen in den anhand des Cytb-Gens erstellten Haplotypen wiederfinden lassen. Ein besonderes Augenmerk lag auf der Differenzierung von asiatischen und europäischen Zuchtstrassen.

Um eine direkte Korrelation zwischen D-Loop- und Cytb-Daten zu erhalten, wurden in dieser Arbeit für alle Proben, bei denen die Amplifikation aller fünf D-Loop- und Cytb-Fragmente funktioniert hat, insgesamt 50 Individuen (Tab. 32 und 33), die Netzwerke und Verwandtschaftsbäume erstellt. Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte Median Joining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 32). UPGMA und NJ ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert angesehen werden können (Abb. 33 und 34). Die Maximum-Parsimony-Bäume und Maximum-Likelihood-Bäume sind als Datensätze auf der beigefügten Daten-CD gespeichert. Beiden Methoden gemein ist die große Bootstrap-Unterstützung an den Verzweigungen, die die Haplotypen voneinander trennen (Abb. 33 und 34).

Tab. 32, Haplotypen der archäozoologisch als Hausschweine bestimmten Proben zur Klärung des Verlaufs der Domestikation (sortiert nach Haplotyp und Fundort).

ID	Fundplatz	ANC 15520-15593 (nach Larson et al. 2007)	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
HS 271	Bruszczewo, Polen	-	B	-	E	B
HS 200	CHD 82 Champ Durand, Frankreich	-	B	-	C	-
HS 203	CHD 82 Champ Durand, Frankreich	-	G	-	-	-
HS 230	D. Moštre, Bosnien	-	-	A	C	-
HS 15	Dannau LA 191	-	-	-	A	-
HS 297	Dresden	-	C	-	-	-
HS 318	Dresden, Cotta	-	-	-	A	-
HS 304	Dresden, Cotta	-	B	-	-	-
HS 317	Dresden, Cotta	-	B	-	B	Q
HS 301	Dresden, Cotta	-	B	-	C	-
HS 100	Ellerbek	-	B	G	C	B
HS 68	Göttingen Grone FMZ	-	-	G	-	-
HS 70	Göttingen Grone FMZ	-	B	-	-	-
HS 219	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	A
HS 211	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	B
HS 216	Kurdu, Türkei	-	-	G	C	M

HS 274	Miekowice, Polen	-	C	G	F	A
HS 56	Okolište, Bosnien	-	-	-	-	P
HS 53	Okolište, Bosnien	-	-	-	C	-
HS 50	Okolište, Bosnien	-	I	Q	B	C
HS 266	Stüssau	-	H	-	-	-
HS 342	Vaihingen	-	-	-	G	-
HS 329	Vaihingen	-	-	P	-	C
HS 325	Vaihingen	-	B	-	-	B
HS 331	Vaihingen	-	B	-	C	C
HS 332	Vaihingen	-	B	R	-	-
HS 63	Wolkenwehe LA 154	-	-	B	-	-
HS 226	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	C	-
HS 321	Zauschwitz	-	C	K	B	C
HS 92	Bebensee LA 76	ANC-A	-	-	-	-
HS 16	Bistoft/FL LA11	ANC-A	-	-	-	-
HS 313	Bou	ANC-A	B	E	C	B
HS 305	Bou	ANC-A	B	F	C	B
HS 308	Bou	ANC-A	B	G	C	B
HS 314	Bou	ANC-A	B	G	C	B
HS 197	CHD 75 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 199	CHD 77 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	B
HS 198	CHD 78 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	-	-	-	-
HS 202	CHD 78 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	-	C	-
HS 195	CHD 79 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	-	-	-
HS 194	CHD 80 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	-	-	C	B
HS 196	CHD 81 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 201	CHD 83 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 220	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 231	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 229	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	B	-	C	A
HS 26	Dannau LA 191	ANC-A	-	-	-	-
HS 7	Dannau LA 191	ANC-A	-	-	-	-
HS 3	Dannau LA 191	ANC-A	B	A	-	B
HS 307	Dresden	ANC-A	-	-	-	-
HS 302	Dresden, Cotta	ANC-A	-	-	-	-
HS 300	Dresden, Mockritz	ANC-A	O	-	-	-
HS 43	Erdwerk Tempelhof 2/Fuchsberg	ANC-A	B	G	C	-
HS 267	Esbeck/Schöningen 1	ANC-A	B	G	C	J
HS 19	Fuchsberg-Südensee	ANC-A	-	-	-	-
HS 134	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-A	B	G	-	B

HS 85	Göttingen Grone FMZ	ANC-A	-	-	-	-
HS 87	Göttingen Grone FMZ	ANC-A	M	-	C	B
HS 88	Göttingen Grone Westumgehung	ANC-A	-	-	C	-
HS 44	Göttingen Grone Westumgehung	ANC-A	B	G	C	B
HS 270	Grabie, Polen	ANC-A	H	-	-	B
HS 21	Hüde 1	ANC-A	B	-	-	-
HS 193	Kowal 14, Polen	ANC-A	B	G	C	B
HS 209	Kurdu, Türkei	ANC-A	-	-	-	-
HS 184	Nakonowo, Polen	ANC-A	B	G	C	B
HS 185	Nakonowo, Polen	ANC-A	B	G	C	B
HS 187	Nakonowo, Polen	ANC-A	B	G	C	D
HS 269	Niederdorffelden	ANC-A	B	-	-	-
HS 52	Okolište, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 57	Okolište, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 55	Okolište, Bosnien	ANC-A	B	-	-	-
HS 37	Saiser / Lietzow-Buddelin	ANC-A	-	G	C	B
HS 10	Siggeneben Süd	ANC-A	B	G	C	B
HS 11	Siggeneben Süd	ANC-A	H	G	C	K
HS 183	Swifterbant S4, Niederlande	ANC-A	-	-	-	-
HS 181	Swifterbant S4, Niederlande	ANC-A	-	G	-	-
HS 324	Vaihingen	ANC-A	B	-	C	I
HS 38	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	-
HS 155	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	C	-
HS 163	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	G	-	-
HS 160	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	A
HS 157	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	B
HS 35	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	B
HS 141	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	G	-	G
HS 145	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	G	C	B
HS 81	Wolkenwehe LA 154	ANC-A	B	G	C	B
HS 93	Bebensee LA 76	ANC-C	-	-	-	-
HS 97	Bebensee LA 76	ANC-C	B	-	C	-
HS 259	Berlin, SE	ANC-C	B	G	C	B
HS 12	Bistoft/FL LA11	ANC-C	-	-	-	-
HS 25	Bistoft/FL LA11	ANC-C	-	-	-	-
HS 24	Bistoft/FL LA11	ANC-C	B	-	B	-
HS 5	Dannau LA 191	ANC-C	-	-	-	-
HS 299	Dresden, Cotta	ANC-C	B	-	-	-
HS 298	Dresden, Cotta	ANC-C	L	G	C	B
HS 9	Fuchsberg-Südensee	ANC-C	B	-	C	A
HS 139	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-C	B	D	C	B
HS 133	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-C	B	G	D	B

HS 84	Göttingen Grone FMZ	ANC-C	-	-	H	-
HS 58	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	B
HS 22	Hüde 1	ANC-C	-	-	-	-
HS 213	Kurdu, Türkei	ANC-C	B	-	-	-
HS 218	Kurdu, Türkei	ANC-C	N	-	-	-
HS 279	Miekowice, Polen	ANC-C	C	B	C	B
HS 2	Neukirchen Bostholm	ANC-C	-	-	-	-
HS 51	Okolište, Bosnien	ANC-C	-	-	-	-
HS 61	Schlamersdorf LA 15	ANC-C	-	G	-	-
HS 59	Seedorf LA 245, SE	ANC-C	-	S	-	B
HS 14	Siggeneben Süd	ANC-C	B	B	C	B
HS 1	Siggeneben Süd	ANC-C	B	C	C	B
HS 333	Vaihingen	ANC-C	-	-	B	-
HS 330	Vaihingen	ANC-C	-	-	C	-
HS 334	Vaihingen	ANC-C	B	C	C	B
HS 158	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	K	B	C
HS 319	Zauschwitz	ANC-C	B	G	B	B
HS 101	Ellerbek Fundstelle A	ANC-Y1-6A	-	O	B	C
HS 255	Flemsdorf (Angermünde)	ANC-Y1-6A	B	-	-	E
HS 256	Flemsdorf (Angermünde)	ANC-Y1-6A	B	K	B	C
HS 152	Grube-Siggeneben LA 25, OH	ANC-Y1-6A	C	L	B	C
HS 178	Herxheim	ANC-Y1-6A	C	M	B	C
HS 13	Hüde 1	ANC-Y1-6A	-	-	B	C
HS 262	Niederdorffelden	ANC-Y1-6A	F	M	B	C
HS 188	Racot, Polen	ANC-Y1-6A	B	-	C	D
HS 190	Racot, Polen	ANC-Y1-6A	C	M	B	-
HS 337	Vaihingen	ANC-Y1-6A	-	-	-	-
HS 31	Wangels LA 505, OH	ANC-Y1-6A	C	M	B	C
HS 32	Wangels LA 505, OH	ANC-Y1-6A	H	-	C	O
HS 83	Wolkenwehe LA 154	ANC-Y1-6A	J	J	C	-
HS 322	Zauschwitz	ANC-Y1-6A	C	L	B	C
HS 320	Zauschwitz	ANC-Y1-6A	C	N	B	C
HS 176	Herxheim	ANC-Y2-5A	-	M	C	-
HS 276	Milkostowo, Polen	ANC-Y2-5A	C	K	B	C
HS 191	Racot, Polen	ANC-Y2-5A	C	M	B	-
HS 54	Okolište, Bosnien	ANC-Y2-6A	B	-	-	C

Tab. 33, Haplotypen der archäozoologisch als Wildschweine bestimmten Proben zur Klärung des Verlaufs der Domestikation (sortiert nach Haplotyp und Fundort).

ID	Fundplatz	ANC 15520-15593 (nach Larson et al. 2007)	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
WS 85	Berlin, SE	-	B	A	-	-
WS 84	Berlin, SE	-	D	-	-	-

WS 72	D. Moštre, Bosnien	-	B	-	-	-
WS 39	Ellerbek Fundstelle D	-	-	-	C	B
WS 19	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	A
WS 41	Grube-Rosenhof LA 58, OH	-	B	B	C	B
WS 71	Neukirchen Bostholm	-	C	-	-	-
WS 101	Neustadt LA156	-	-	G	-	-
WS 102	Neustadt LA156	-	B	-	-	L
WS 73	Ralswiek-Augustenhof	-	B	-	-	-
WS 99	Vaihingen	-	-	-	-	C
WS 96	Vaihingen	-	-	-	J	-
WS 40	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 64	Wangels LA 505, OH	-	B	-	-	-
WS 1	Wangels LA 505, OH	-	B	-	-	A
WS 30	Wolkenwehe LA 154	-	B	-	-	-
WS 29	Bondebrück	ANC-A	B	-	-	-
WS 27	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-A	B	-	A	-
WS 103	Neustadt LA156	ANC-A	B	-	-	-
WS 95	Vaihingen	ANC-A	-	-	-	H
WS 100	Vaihingen	ANC-A	-	-	C	-
WS 47	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	-
WS 62	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	B
WS 60	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	-
WS 91	Dresden, Cotta	ANC-C	B	-	-	-
WS 52	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	-	G	C	-
WS 31	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	B	-	-	-
WS 53	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	B	-	-	F
WS 57	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	B	-	C	B
WS 43	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	B	G	C	B
WS 28	Grube-Rosenfelde LA 83, OH	ANC-C	C	-	-	-
WS 54	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	B
WS 55	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	B
WS 56	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	F
WS 38	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	K	G	B	-
WS 104	Neustadt LA156	ANC-C	-	I	-	-
WS 3	Neustadt LA156	ANC-C	B	B	B	B
WS 5	Neustadt LA156	ANC-C	B	B	C	B
WS 4	Neustadt LA156	ANC-C	B	G	C	B

WS 7	Neustadt LA156	ANC-C	B	G	C	B
WS 6	Neustadt LA156	ANC-C		G	C	B
WS 68	Poel	ANC-C	B	B	C	B
WS 70	Poel	ANC-C	B	B	C	B
WS 17	Saiser / Lietzow-Buddelin	ANC-C	B	G	C	B
WS 26	Satrup 2	ANC-C	-	-	-	-
WS 97	Vaihingen	ANC-C	B	-	C	B
WS 61	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	B	C	B
WS 63	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	H	I	-
WS 46	Wangels LA 505, OH	ANC-C	E	-	-	-
WS 94	Zauschwitz	ANC-C	B	G	C	B
WS 44	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-YI-6A	C	M	B	C
WS 24	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-YI-6A	C	M	B	N
WS 69	Poel	ANC-YI-6A	C	M	B	C

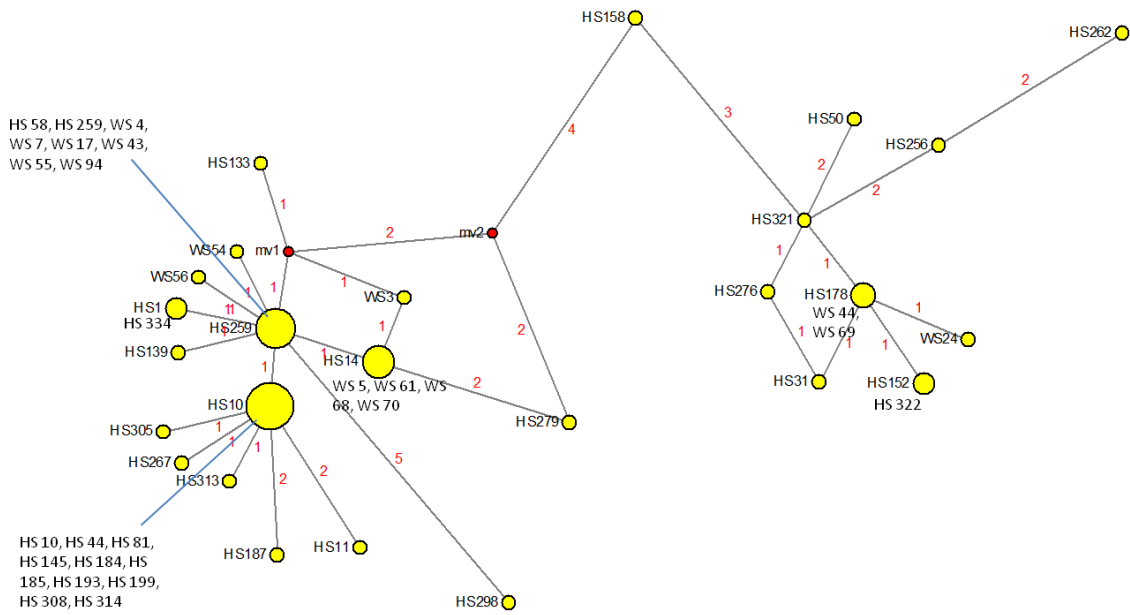


Abb. 32 Medianjoining Network für die D-Loop und vier Cytb Sequenzen der neolithisch/mesolithischen Proben (WS und HS), rote Zahlen geben die Anzahl der Mutationen an

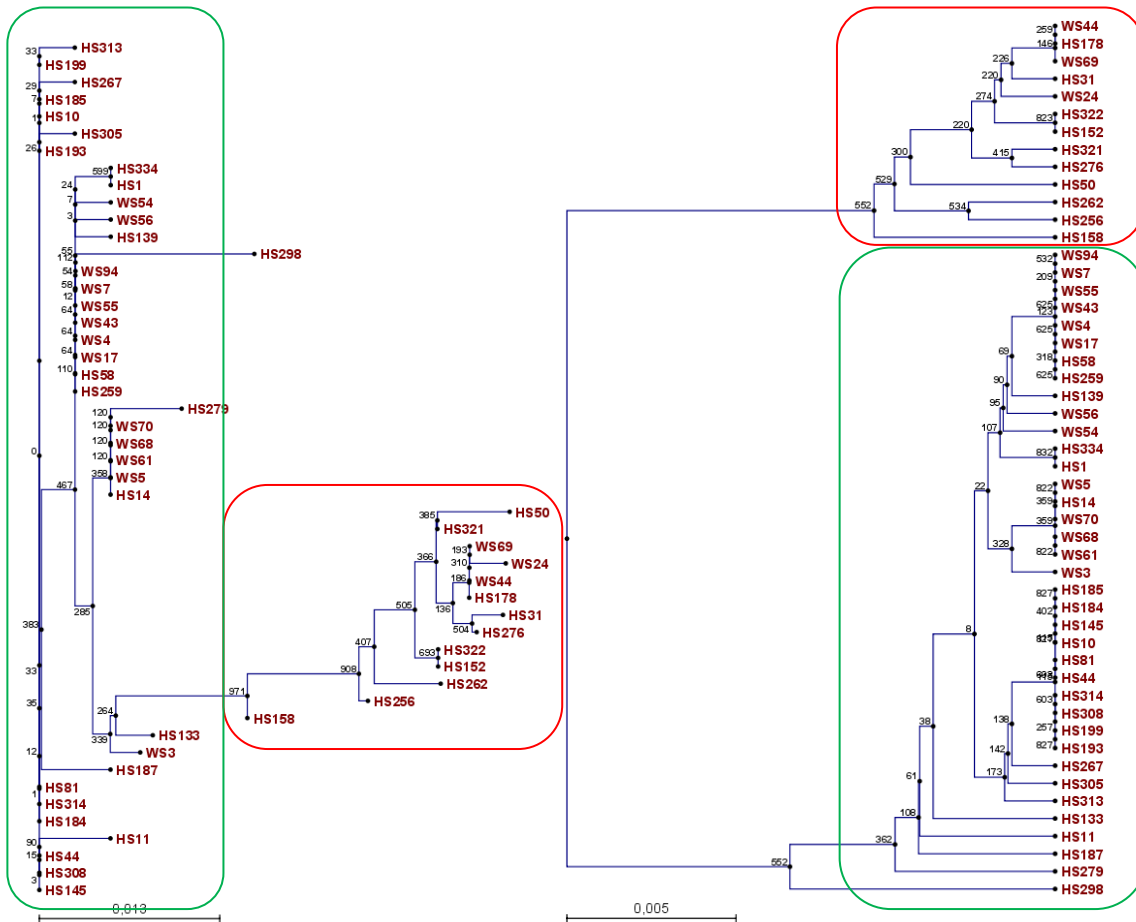


Abb. 33, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

Abb. 34, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

4.1.2. Analysesysteme zur Identifikation des Phänotyps

Die Analyse der phänotyp-assoziierten Mutationen im MC1R-Gen folgt der Publikation von M. FANG ET AL. 2009. In dieser wurde die Korrelation von Mutationen in 15 Codons des MC1R-Gens mit Fellfarben-Genotypen beschrieben. In den folgenden Tabellen sind sowohl Ergebnisse aus der Direkt-Sequenzierung von MC1R-Abschnitten (in Rot) als auch Ergebnisse aus der SNP-Analyse zusammengefasst (Tab. 33 und 34).

Die Ergebnisse führen zu keiner eindeutigen Bestimmung eines Genotyps. Es kann gezeigt werden, dass Tiere, die aus archäozoologischer und archäologischer Sicht als Wildschweine zu sehen sind (WS 3, WS 7, WS 101, WS 102, WS 103), keine Mutationen die zu einem veränderten Genotyp führen tragen. Es kann daher angenommen werden, dass für die mesolithisch/neolithischen Wildschweine auch der Genotyp 101/101 vorherrschte, der die heutigen Wildschweinpopulationen dominiert und zu der typischen Wildschweifärbung führt. Bei den untersuchten Hausschweinen HS 60 und HS 61 konnte nachgewiesen werden, dass sie mindestens das Allel E^{D2}, Genotyp 301 (dominant schwarz) oder sogar E^P, Genotyp

501, 502, 503 (schwarz gepunktet) tragen. Für die Probe HS 58, die den Haplotypen ANC-Y1-6A trägt und damit eine mütterliche Abstammungslinie in den Nahen Osten zeigt, ließ sich der Genotyp auf 503 eingrenzen, welcher heute in den Rassen Bunte Bentheimer und der Landrace gefunden wird. Dieses Schwein wird sich in der Fellfarbe stark von den Wildschweinen abgehoben haben mit einer weißen Grundfärbung und schwarzen Flecken. Bei der archäozoologisch als Wildschwein bestimmten Probe WS 24 ergab sich, dass das Tier nicht Träger des Wildtyp Allels ist, sondern mindestens das Allel 301 oder 501 tragen muss. Das Tier trug wie die Hausschweine HS 60 und 61 einen Phänotyp, der sich von den Wildschweinen abgrenzt.

Tab. 33, Sequenzierungs- (Rot) und SNP-Analyse- (Grün) Ergebnisse für die mesolithischen/neolithischen Proben

Codon	4	17	21	22	95	102	117	121	122	124 a	124 b	164	166	243	301
Wildtyp und Mutante (SNP)	T/C	G/A	G/A	CC	G/A	T/C	G/A	T/C	G/A	C/T	G/A	C/T	C/T	G/A	C/T
Mutation und die dadurch hervorgerufenen MC1R-Genotypen	C 103	A 104 / 105 /201 /202 /203	A 502	CC 501 /502 /503	A 201 /202 /203	C 201 /202 /203	A 105	C 102/ 103/ 104/ 105/ 201/ 202/ 203	A 202	T 104/ 203	A 301/ 501/ 502/ 503	T 401/ 503	T 503	A 401	T 104/ 105
Wildtyp und Mutante für die in dieser Arbeit verwendeten Analysen	T/C	C/T	G/A	CC		T/C	G/A	T/C	G/A	G/A	C/T	C/T	G/A	G/A	C/T
WS 7	T	C	G	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C
WS 24	-	-	-	-	-	-	G	T	G	G	T	-	-	G	-
HS 60	-	-	-	-	-	-	G	T	G	G	T	-	-	-	-
HS 61	-	-	-	-	-	T	G	T	G	G	T	-	-	-	-
HS 58		C	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	A	G	C
WS 3			G				G				C		G		
WS 101										G					
WS 102										G					
WS 103		C	G	-				T		G			G	G	C

Tab. 34, Interpretation bzw. resultierende MC1R-Genotypen für die gefundenen SNPs der mesolithisch/neolithischen Proben, nach Fang et. al (2009)

	Ausgeschlossen	Nicht ausgeschlossen	Nicht näher bestimmbar	Erwartet
WS 3	105, 502	101, 102, 103, 104, 201, 202, 203, 401	301, 501, 503	101/101
WS 7	103, 104, 105, 201, 202, 203, 502	101, 102, 301, 401	501, 503	101/101
WS 24	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 401	101	301, 501, 502, 503	101/101
WS 101	104, 203	101, 102, 103, 105, 201, 202, 301, 401, 501, 502, 503	-	101/101
WS 102	104, 203	101, 102, 103, 105, 201, 202, 301, 401, 501, 502, 503	-	101/101
WS 103	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 502, 503	101, 301, 401, 501	-	101/101
HS 58	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 301, 401, 501, 502	-	101, 503	?
HS 60	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203	101, 401	301, 501, 502, 503	?
HS 61	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203	101, 401	301, 501, 502, 503	?

4.2. Archäologisches Material zum Frühmittelalter

4.2.1. Mitochondriale Markersysteme

4.2.1.1. D-Loop

Es konnten für insgesamt 20 frühmittelalterliche Proben Sequenzen und damit deren Haplotyp bestimmt werden (Tab. 35). Die Proben verteilen sich auf zwei Haplotypen, die bei G. LARSON ET AL. (2007) mit ANC-A und ANC-C beschrieben wurden. Dabei entfallen 11 Hausschweine auf den Haplotypen ANC-A und 9 Hausschweine auf den Haplotypen ANC-C (Tab. 35).

Der Unterschied zwischen den beiden Haplotypen besteht aus einer Transition (A↔T) an Position 15558. Die Verteilung der Haplotypen auf die untersuchten Fundplätze (Tab. 35) zeigt, dass die Individuen mit den Haplotypen ANC-A und ANC-C gleichmäßig verteilt sind. Dies spiegelt das Bild, das in der Studie von G. LARSON ET AL. (2007) gezeichnet werden konnte, wider. Im Vergleich zu modernen Wildschweinpopulationen fällt jedoch auf, dass nur

noch zwei Haplotypen vertreten sind und die genetische Vielfalt in den frühmittelalterlichen Plätzen stark eingeschränkt war (SCANDURA ET AL. 2008, KIRSCHNING 2009).

D-Loop 1: Position 15520-15593 des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):

TTGCGCACAA ACATACAAAT ATGTGACCCC AAAAATTTAA CCATTGAAAA
CCAAAAAATC TAATATACTA TAAC

Tab. 35, Übersicht über den Amplifikationserfolg und die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) und Haplotypen der frühmittelalterlichen Proben für das Fragment D-Loop

	20	40	60						
AN CHS106	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS108	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS113	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS115	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS122	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS123	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS125	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS128	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS17	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS29	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS50	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS107	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS110	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS111	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS114	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS121	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS124	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS126	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS127	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
AN CHS129	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	74
Consensus	TTGCGCACAA	ACATACAAAT	ATGTGACCCC	AAAAATTTTA	CCATTGAAAA	CCAAAAAATC	TAATATACTA	TAAC	
Conservation									

4.2.1.2. Cytb

Für 23 der insgesamt 27 Extrakte war eine Amplifikation des ersten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 85 %. In den Proben wurden keine polymorphen Stellen zu der Vergleichs-Sequenz erkannt, sodass alle Proben den Haplotypen B tragen (Tab. 36).

Cytb_1: Position 14358-14440 (83 bp) des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):

GTTACACACA TTTGTCGAGA CGTAAATTAC GGATGAGTTA TTCGCTATCT
ACATGCAAAC GGAGCATCCA TATTCTTTAT TTG

Tab. 36, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) und die Haplotypenzuweisung der frühmittelalterlichen Proben für das Fragment Cytb_1

Cybt_1HS102	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS106	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS107	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS108	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS109	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS110	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS111	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS112	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS113	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS114	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS115	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS121	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS122	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS123	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS124	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS125	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS126	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS127	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS128	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS129	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS17	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1HS29	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Cybt_1WS50	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	83
Consensus	GTTACACACA	TTTGTGAGA	CGTAAATTAC	GGATGAGTTA	TTCGCTATCT	ACATGCAAAAC	GGAGCATCCA	TATTCTTTAT	TTG	
Conservation										

Für 21 der insgesamt 27 Extrakte war eine Amplifikation des zweiten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 77 %. In den Proben wurden keine Sequenzunterschiede zur Referenzsequenz erkannt. Alle frühmittelalterlichen Proben tragen daher den Haplotyp D (Tab. 37).

Cybt_2: Position 14972-15054 (83bp) des mt-Genoms nach URSING UND ARNASON (1998):

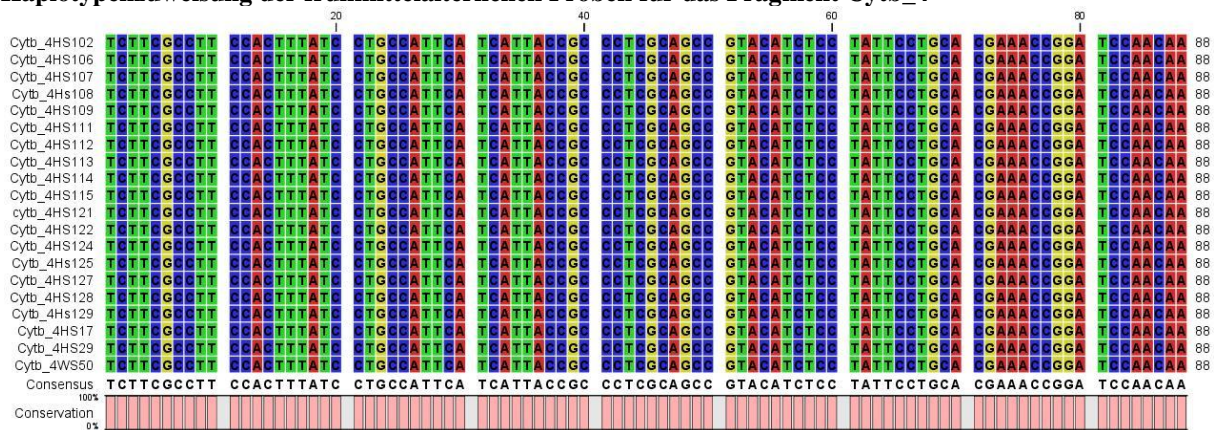
AGAATGATAT TTCTTATTCG CCTACGCTAT TCTACGTTCA ATTCCTAATA
AACTAGGTGG AGTGTTGGCC CTAGTAGCCT CC

Tab. 37, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) und die Haplotypenzuweisung der frühmittelalterlichen Proben für das Fragment Cytb_2

Cybt_2HS102	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS106	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS108	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS110	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS111	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS112	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS113	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS114	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS115	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS121	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS122	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS123	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS124	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS125	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS126	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS127	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS128	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS129	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS17	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2HS29	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Cybt_2WS50	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	83
Consensus	AGAATGATAT	TTCTTATTCG	CCTACGCTAT	TCTACGTTCA	ATTCCTAATA	AACTAGGTGG	AGTGTTGGCC	CTAGTAGCCT	CCA	
Conservation										

Für 22 der insgesamt 27 Extrakte war eine Amplifikation des dritten Fragmentes des Cytb möglich. Dies entspricht einem Amplifikationserfolg von etwa 81 %. In den Proben wurden

Tab. 39, Übersicht über die Nucleotidunterschiede zur Sequenz von URSING UND ARNASON (1998) und die Haplotypenzuweisung der frühmittelalterlichen Proben für das Fragment Cytb_4



Tab. 40, Zusammenfassung der Amplifikationserfolge bzw. die Haplotypen der frühmittelalterlichen Proben.

Fundort	Interne Bezeichnung	D-Loop	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
Haithabu Hafen	HS 17	ANC-A	B	D	C	B
	HS 29	ANC-A	B	D	C	B
	HS 110	ANC-C	B	D	C	-
	HS 111	ANC-C	B	D	C	B
	HS 112	-	B	D	C	B
	HS 113	ANC-A	B	D	C	B
	HS 114	ANC-C	B	D	C	B
	HS 115	ANC-A	B	D	C	-
Haferwisch LA 1a	HS 102	-	-	-	-	-
	HS 103	-	B	D	-	B
	HS 104	-	-	-	-	-
	HS 105	-	-	-	-	-
Feddersen Wierde	HS 106	ANC-A	B	D	C	B
	HS 107	ANC-C	B	-	C	B
	HS 108	ANC-A	B	D	C	B
	HS 109	-	B	-	C	B
Schleswig	HS 121	ANC-C	B	D	C	B
Oldenburg	HS 122	ANC-A	B	D	C	B
	HS 123	ANC-A	B	D	C	-
	HS 124	ANC-C	B	D	C	B
	HS 125	ANC-A	B	D	C	B
	HS 126	ANC-C	B	D	C	-
	HS 127	ANC-C	B	D	C	B
	HS 128	ANC-A	B	D	C	B
	HS 129	ANC-C	B	D	C	B
Hopfenbach	WS 49	-	-	-	-	-
	WS 50	ANC-A	B	D	C	B

4.2.1.3. ND4HL

Es konnte für 64 moderne Haus- und Wildschweine (Tab. 7) das komplette ND4HL Gen sequenziert und mit der Referenzsequenz nach URSING UND ARNASON (1998) verglichen werden. Dabei wurden 14 Haplotypen identifiziert (Abb. 35). Die enge Verwandtschaft der Haplotypen wird durch das auf der Grundlage der Sequenzunterschiede erstellte

Medianjoining-Netzwerk verdeutlicht (Abb. 36). Daher können die Haplotypen in fünf große Gruppen gefasst werden. In die zentrale Gruppe fällt die überwiegende Anzahl an Haus- und Wildschweinen (44). Eine Gruppe wird aus einem Wollschwein und drei Mangalitza gebildet, eine zweite aus Angler Sattelschwein, zwei modernen Zuchtrassen, Meishan und dem Wildschwein A1104. Die restlichen vier Wildschweine des Fundplatzes A1 in Westdeutschland bilden eine weitere Untergruppe. Auch die Wildschweine des rumänischen Fundplatzes Constanta bilden eine Haplotypen-Gruppe. Einzelne Individuen, wie das Wildschwein Se5 aus Segeberg, Schleswig-Holstein und Ol 5 sind aufgrund ihres singulären Auftretens als Besonderheiten zu sehen.

Aus dem Datensatz wurden Verwandtschaftsbäume erstellt. Dabei quantifizieren die Werte an den Astgabeln die Unterstützung durch das Bootstrap-Verfahren. Beide Berechnungsmethoden (UPGMA und NJ) ergaben eindeutige Ergebnisse, da die Bootstrap-Werte (1000) als gesichert gelten (Abb. 36 und 37).

Um die Haplotypenabgrenzungen auch auf asiatische Spezies auszuweiten und den Referenzdatensatz zu vergrößern wurden 45 komplette Sequenzen des ND4HL-Gens aus Datenbanken miteinander (Abb. 38 und 39) und dann mit den 64 Tieren der Referenzkollektion verglichen und als Grundlage zur Erstellung von Verwandtschaftsbäumen genutzt. Die Bäume lassen den Schluss zu, dass sich auch in dem hochgradig konservierten ND4HL-Gen die asiatischen und europäischen Populationen voneinander aufgrund von Mutationen trennen lassen.

Der Amplifikationserfolg der fünf Fragmente des ND4HL-Gens lag zwischen 15 bis 6 Proben aus 27 frühmittelalterlichen Proben, daher liegt der Amplifikationserfolg zwischen 55 % und 22 % (Tab. 41). Auch im ND4HL-Gen gibt es keine Unterschiede zwischen den Individuen der Fundplätze, sodass sie alle einem Haplotypen zuzuordnen sind. Sie fallen damit in die größte der Gruppen der modernen Referenzkollektion.

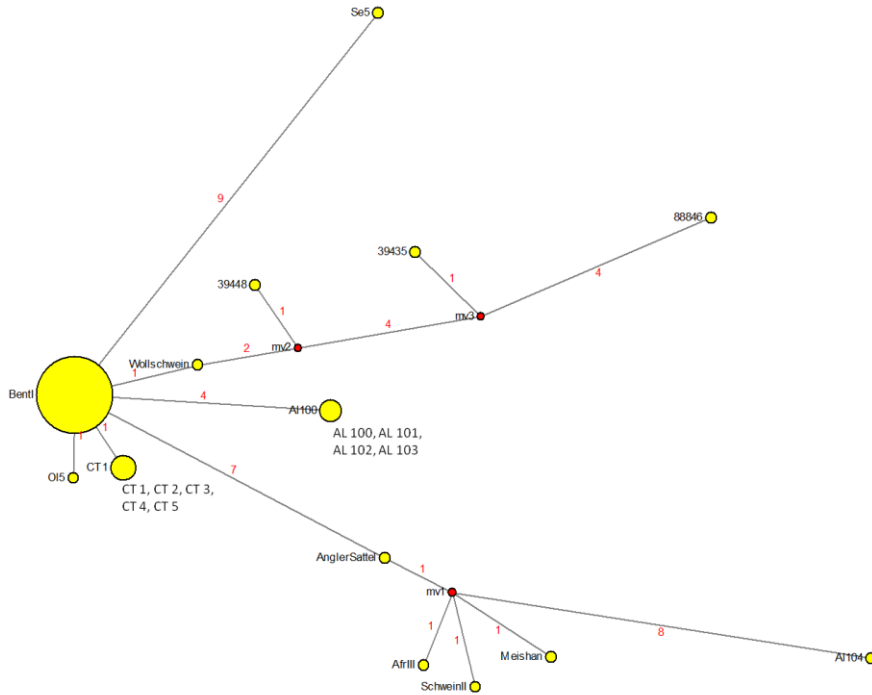


Abb. 35, Medianjoining Network für die ND4HL Sequenzen der modernen Referenzproben, rote Zahlen geben die Anzahl an Mutationen an

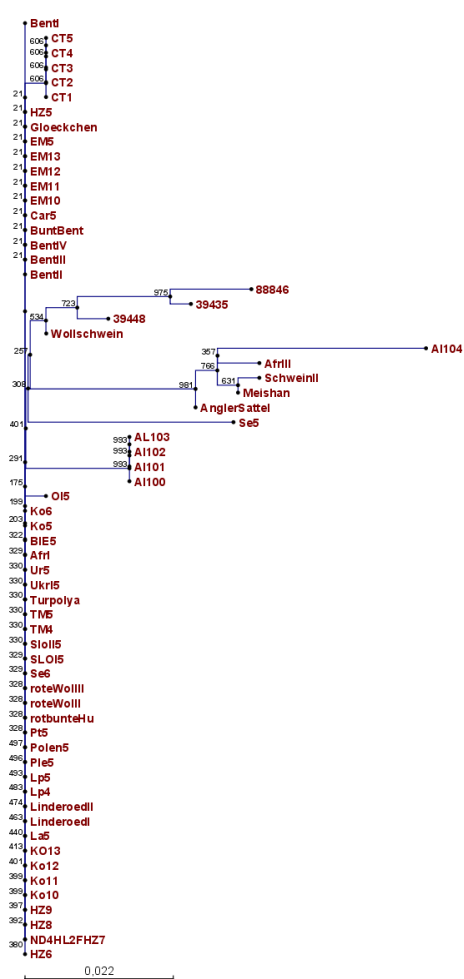


Abb. 36, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

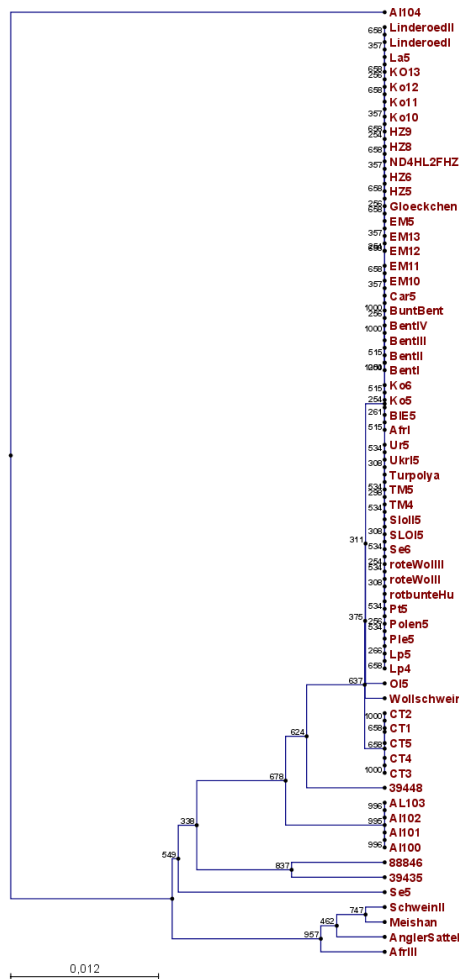


Abb. 37, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)



Abb. 38, NJ-Baum (Bootstrap 1000)

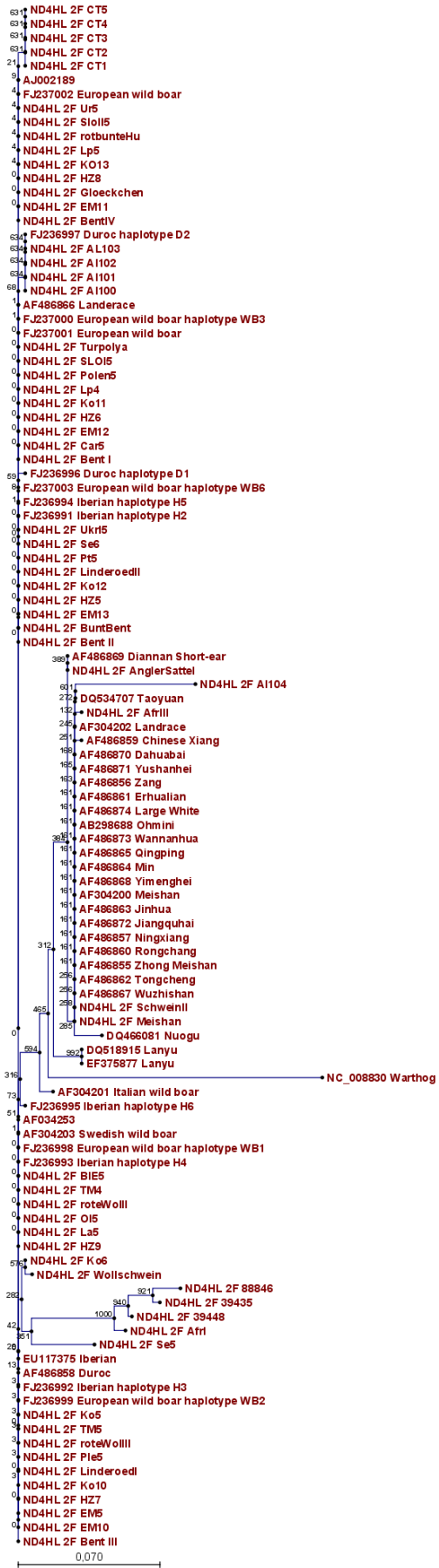


Abb. 39, UPGMA-Baum (Bootstrap 1000)

Tab. 41, Sequenzierungsergebnisse der fünf ND4HL-Fragmente der frühmittelalterlichen Proben

ID	Fundort	Fragment	Sequenz
Ref.		ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 110	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 111	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 112	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 113	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 114	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 115	Haithabu Hafen	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 121	Schleswig	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 122	Oldenburg	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 123	Oldenburg	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 124	Oldenburg	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 125	Oldenburg	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
HS 126	Oldenburg	ND4HL-1	TAATACCCATT ATTTTACTAG TGTTTGCAGC CTGCGAAGCT GCACTAGGCC TGTCACTACT AGTAATAGTA
Ref.		ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 110	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 111	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 112	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 113	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 114	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 115	Haithabu Hafen	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 121	Schleswig	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 122	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 123	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 124	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 125	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 126	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 127	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 126	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA

128			GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
HS 129	Oldenburg	ND4HL-2	ATTAGACTAT GATTTACTTC ATAATTATCA AGTGCCATTA GTATATATAA ACATCATTAT AGCATTTCGCG ATCGCCC
Ref.		ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 110	Haithabu Hafen	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 111	Haithabu Hafen	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 112	Haithabu Hafen	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 114	Haithabu Hafen	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 115	Haithabu Hafen	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 122	Oldenburg	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
HS 123	Oldenburg	ND4HL-3	TATTATCACT TTTCATCATA TCGACTCTAA TTATCCTAAA CACACACTTC ACCCTAGCTA ACATAATACC CATTATTTTA CTAGTGTTTG CAGCCTGCGA AG
Ref.		ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG AAGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 110	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 111	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 112	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 113	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 114	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 115	Haithabu Hafen	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 121	Schleswig	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA
HS 123	Oldenburg	ND4HL-4	TTGCCCTTGC AGGGTACTT ATATATCGAT CTCACTTAAT ATCTTCACTA CTATGCCTAG A G GGGAATGAT AATATCACTA TTCGTCATAT CGACTCTAAT TA

Ref.		ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 110	Haithabu Hafen	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 111	Haithabu Hafen	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 112	Haithabu Hafen	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 114	Haithabu Hafen	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 115	Haithabu Hafen	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT
HS 123	Oldenburg	ND4HL-5	CACTACTAGT AATAGTATCC AACACATACG GTACCGATTA CGTCCAAAAC TTAAACCTTT TACAATGCTA AAAATTAT

4.2.2. Genomische Markersysteme

4.2.2.1. AMEL

Sowohl die direkte Sequenzierung des Amelogenin-Abschnittes aus alter DNA, exemplarisch für ein Individuum aus Oldenburg gezeigt (Tab. 42), wie auch die Bestimmung des Geschlechts über die Fragmentgrößenauftrennung auf einem Agerosegel waren erfolgreich.

Das Geschlecht von insgesamt 30 frühmittelalterlichen und mesolithischen/neolithischen Proben konnte durch die Amplifikation und die Auftrennung auf einem Agerosegel bestimmt werden.

Tab. 42, Referenzsequenzen des Amelogenin für das X und Y Chromosom und der Amplifizierungserfolg für ein Individuum aus Oldenburg

Ref. Y		PAMEL-1	CTCAAGCCTG CATTGCCCA GAACCCTCCT ACCTGCCCC- ----- C CCCC GACTCA GTGTCTCCTC TGTATACAGC TG
Ref. X		PAMEL-1	CTCAAGCCTG CATTGCCCA GAACCCTCCT ACCTGCCCC CCAACCCAAC CCCC GACTCA GTGTCTCCTC CGTATACGGC TG
HS 122	Oldenburg	PAMEL-1	CTCAAGCCTG CATTGCCCA GAACCCTCCT ACCTGCCCC CCAACCTAAC CCCC GACTCA GTGTCTCCTC CGTATACGGC TG

4.2.2.2. Analysesysteme zur Identifikation des Phänotyps

Die Analyse der phänotyp assoziierten Mutationen im MC1R-Gen folgt der Publikation von Fang et al. 2009. In dieser wurde die Korrelation von Mutationen in 15 Codons des MC1R-Gens mit Fellfarben-Genotypen beschrieben. In den folgenden Tabellen sind sowohl Ergebnisse aus der Direkt-Sequenzierung von MC1R-Abschnitten (in Rot) als auch Ergebnisse aus der SNP-Analyse zusammengefasst (Tab. 43 und 44).

Keines der 12 Tiere trägt den Genotyp, der für europäische Wildschweine gefunden wurde. Alle Tiere, deren Genotyp eindeutig bestimmt werden konnte, tragen den Typ 501/501, welcher einen Phänotyp E^P indiziert. Er tritt als schwarz gepunktet in Erscheinung. Dieser Genotyp wurde auch in traditionellen und modernen Zuchtschweinen in den Rassen Berkshire (schwarz mit weißen Punkten), Linderöd (weiß/rot mit schwarzen Punkten), Middle White (weiß), Tamworth (rot), Landrace (weiß), Large White (weiß) und Pietrain (weiß mit schwarzen Punkten) gefunden.

Tab. 43, Sequenzierungs- (Rot) und SNP-Analyse- (Grün) Ergebnisse für die mesolithischen/neolithischen Proben

Codon	4	17	21	22	95	102	117	121	122	124a	124b	164	166	243	301
Wildtyp und Mutante (SNP)	T/C	G/A	G/A	CC	G/A	T/C	G/A	T/C	G/A	C/T	G/A	C/T	C/T	G/A	C/T
Mutation und die dadurch hervorgerufenen MC1R-Genotypen	C 103	A 104 / 105 /201 /202 /203	A 502	CC 501 /502 /503	A 201 /202 /203	C 201 /202 /203	A 105	C 102/ 103/ 104/ 105/ 201/ 202/ 203	A 202	T 104/ 203	A 301/ 501/ 502/ 503	T 401/ 503	T 503	A 401	T 104/ 105
Wildtyp und Mutante für die in dieser Arbeit verwendeten Analysen	T/C	C/T	G/A	CC		T/C	G/A	T/C	G/A	G/A	C/T	C/T	G/A	G/A	C/T
HS 107				CC										G	
HS 108		C	G	-					G	G					
HS 109		C		-					G						
HS 110		C	G	CC		T		T	G	G			G	G	C
HS 110	-	-	-	-	-	T	G	T	G	G	T	-	-	-	C
HS 111		C	G	CC		T		T	G	G			G	G	C
HS 112		C	G	CC		T		T	G	G			G	G	C
HS 112	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	-
HS 113			G					T		G			G		C
HS 114		C										C		G	
HS 115		C	G	CC		T		T	G	G	T	C		G	C
HS 115	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	G	C
HS 123	-	-	-	-	-	T	G	T	G	G	T	-	-	-	-
HS 126	-	-	-	-	-	T	G	T	G	G	T	-	-	-	-
HS 129	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C

Tab. 44, Interpretation bzw. resultierende MC1R-Genotypen für die gefundenen SNPs der frühmittelalterlichen Proben, nach FANG ET. AL (2009).

Probennummer	Ausgeschlossen	Nicht ausgeschlossen	Nicht näher bestimmbar	Bestimmt
HS 107	101, 102, 103, 104, 201, 202, 203, 301, 401	-	501, 502, 503	-
HS 108	104, 105, 201, 202, 203, 502	101, 501, 503	-	-
HS 109	104, 105, 201, 202, 203	101, 501, 502, 503	-	-
HS 110	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 301, 401, 502, 503	-	-	501/501
HS 111	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 301, 401, 502, 503	-	-	501/501
HS 112	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 301, 401, 502, 503	-	-	501/501
HS 113	102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 502, 503	101, 301, 401, 501	-	-
HS 114	104, 105, 201, 202, 203, 401	101, 102, 103, 301, 501, 502, 503	-	-
HS 115	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 301, 401, 502, 503	-	-	501/501
HS 123	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 401	301, 501, 502, 503	-	-
HS 126	101, 102, 103, 104, 105, 201, 202, 203, 401	301, 501, 502, 503	-	-
HS 129	104, 105	101, 102, 103, 201, 202, 203, 301, 401, 501, 502, 503	-	-

4.3. Erhaltungszustand und Amplifikationserfolg der aDNA

Aus den Analyseergebnissen für die mitochondriale DNA entstanden folgende Ableitungen: Den besten Untersuchungserfolg erbrachten die frühmittelalterlichen Fundorte Oldenburg, Haithabu, Feddersen Wierde und Schleswig. Hier konnten zwischen 90 % und 100 % der Proben typisiert werden. Die Proben aus dem Fundort Hopfenbach konnten zu 50 % typisiert werden; dagegen konnten nur einzelne Sequenzen für eine Probe aus dem Fundort Haferwisch analysiert werden.

Für die Fundorte aus dem Oldenburger Graben in Schleswig-Holstein, Wangels, Siggeneben-Süd und Dannau erbrachten etwa 50 % der Knochen- und Zahnproben Ergebnisse. Die ebenfalls im Oldenburger Graben gelegenen Fundplätze Grube-Rosenhof, Grube-Rosenfelde, Grube Siggeneben und Neustadt ergaben durchschnittlich sogar einen Amplifikationserfolg von mehr als 80 %.

Die weiteren Proben von Fundplätzen aus Schleswig-Holstein lassen sich in Gruppen einteilen. Dabei konnten für Satrup und Bondebrück fast 100 %, für Ellerbek etwa 75 %, für Schlamersdorf, Seedorf, Fuchsberg-Südensee und Bistoft fast 50 %, für Wolkenwehe und Bebensee etwa 20 % und für Neukirchen Bostholm, Berlin, Bergentwendt und Süssau keiner der Proben amplifiziert werden. Es zeigte sich zudem, dass der Amplifikationserfolg für Hausschweine im Durchschnitt etwa um 20 % höher ist als der für Wildschweine.

Für die Fundorte aus Mecklenburg-Vorpommern konnten für Saiser, Poel fast 100 % und für Ralswiek keiner der Proben amplifiziert werden. Die Proben aus Niedersachsen konnten für die Fundplätze Tempelhof und Esbeck Schöningen zu fast 100 %, aus Hüde 1 zu 70 % und aus Göttingen zu 20 % amplifiziert werden. Die Funde des Platzes Herzheim in Rheinland-Pfalz waren zu knapp 50 % amplifizierbar. Die Fundplätze aus Sachsen, Dresden Cotta konnten zu 40 %, aus Dresden Mockritz zu 20 %, aus Dresden Bou zu etwa 75 % und die Funde aus Zauschwitz zu 75 % amplifiziert werden. Aus Niederdorffelden, Hessen, konnten 20 % und aus Vaihingen, Baden-Württemberg, konnten 25 % der Proben erfolgreich amplifiziert werden.

Die Fundplätze Swifterbant, Niederlande, mit fast 100 %, die polnischen Fundplätze Miekowice und Milkostowo mit 100 %, Nakanowo und Racot mit 75 %, Kowal mit 50 %, Grabie mit 30 % und Bruszczewo mit keiner amplifizierbaren Probe und Champ Durand, Frankreich, mit fast 80 % amplifizierbaren Proben gehören zu den nördlichen europäischen Fundplätzen.

Der Erhaltungszustand nimmt stark ab, je weiter die Fundplätze im Süden liegen. Dies spiegelt sich in einer Erfolgsquote von 30 % für den Fundort Gatas, Spanien, 60 % für Okolište, 40 % für D.Moštre und keinen Amplifikationserfolg für die Proben aus Zagrebnice, alle Bosnien, wider. Bei Fundplätzen aus sehr trockenen und sonnenreichen Gegenden, wie Tell Kurdu, Türkei, mit einem Amplifikationserfolg von 15 % und Canta, Türkei sowie Wadi, Jordanien mit keiner geglückten Amplifikation wird deutlich, dass die Lagerungsbedingungen stark den Erhaltungszustand der DNA beeinflussen.

Die nDNA ist im Vergleich zur mtDNA, wie zu erwarten war, nur sehr vereinzelt erhalten geblieben. Die Amplifikation gelang nur in einzelnen Fällen und meist nur in schlechter Qualität bei Proben die auch einen guten Erhaltungszustand der mtDNA aufwiesen.

4.4. Auswertung zur Unterscheidung zwischen Wild- und Hausschwein

Die Detektion von Polymorphismen in modernen Schweinepopulationen, die eine sichere Klassifizierung des Status des Schweins, also wild oder domestiziert, erlauben, war nicht möglich. Ein Alignement von 50 kompletten mt-Genomen aus Datenbanken moderner Haus- und Wildschweine erbrachte keine signifikanten Unterschiede (Alignement auf CD).

Die Untersuchungen der Daten der mitochondrialen Fragmente aus dem Cytb, des ND4HL und der D-Loop-Region sowohl der neolithisch/mesolithischen als auch der frühmittelalterlichen Proben erbrachten für sich genommen keine ersichtlichen Unterschiede zwischen Haus- und Wildschweinen. In der Kombination mit archäologischen Hypothesen (siehe Kapitel 5.5. und LARSON ET AL. 2007), ist es möglich Schweine mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A in Europa als domestiziert zu identifizieren. Indirekt ist es daher möglich für europäische Schweine anhand der mtDNA eine Unterscheidung zwischen wild und domestiziert zu treffen. Die Häufigkeit und auch die Diversität der neolithisch/mesolithischen Haus- und Wildschweine lassen in einer Region keine Unterschiede erkennen. Die Unterschiede zwischen zwei Populationen lassen eine zeitliche und geografische Trennung zu. Der Unterschied in der Haplotypendiversität von neolithischen und frühmittelalterlichen Schweinepopulationen, sowie die Homogenität in der frühmittelalterlichen Population sind ein eindeutiges Zeichen für eine Unterscheidung von wilden und domestizierten Tieren. Aufgrund keiner oder nur sehr seltener paläolithischen und mesolithischen Schweinefunde kann nur mit großen Einschränkungen eine Aussage über die Diversität wilder bzw. unbeeinflusster Schweinepopulationen gemacht werden.

Das MC1R-Gen zeigt, dass wahrscheinlich nur komplexere genetische Zusammenhänge in der nDNA eine eindeutige Antwort auf die Frage des Status geben kann. Die wenigen Ergebnisse für das MC1R-Gen zeigen, dass die frühmittelalterlichen Hausschweine Mutationen besitzen, die einen Fellfarbengenotyp bedingen, der nicht dem der Wildschweine entspricht. Eine genauere Eingrenzung der Fellfarbe lässt sich nur mit weiteren Untersuchungen an anderen Genen vornehmen. Die Diversität der neolithischen und mesolithischen Proben zeigt, dass das MC1R-Gen wohl eines der schnellst mutierenden Gene ist. Damit hat es das Potential, als Marker für erste domestikationsbedingte Veränderungen an Tieren zu gelten. So zeigt die Probe WS 24, die archäozoologisch bzw. aufgrund ihrer Größe als Wildschwein bestimmt wurde, einen MC1R-Genotyp, der nicht dem von Wildschweinen entspricht. Die Stickstoff-, Sauerstoff- und Kohlenstoff-Isotopenwerte entsprechen eher denen von Hausschweinen aus dem nahe gelegenen Fundplatz Wangels als denen von Wildschweinen aus Grube-Rosenfelde bzw. Grube-Rosenhof (Tab. 52). Die Strontium-Isotopenwerte zeigen, dass das Tier nicht direkt aus dem Bereich des Fundplatzes Grube-Rosenhof stammt (Tab. 53). Zuletzt sprechen auch die ermittelten D-Loop und Cytb Haplotypen für eine mütterliche Abstammungslinie, die nicht aus Europa stammt (Tab. 33).

4.5. Populationsgenetische Auswertung anhand von AMOVA und der Haplotyp-Diversitäten

Im Folgenden werden die gefundenen genetischen Zusammensetzungen hinsichtlich ihrer Diversität betrachtet. Diese sollen der Erfassung der genetischen Variabilität zwischen regional oder zeitlich abgrenzbaren Populationen sowie möglichen Veränderungen dieser dienen. Dafür wurde aus den ermittelten Daten Gruppen gebildet, die sich geografisch und zeitlich unterscheiden. Zum einen erfolgte die Unterteilung in vier Zeitscheiben von 5500-4500 v.Chr, 4500-4000 v. Chr., 4000-3500 v. Chr. und 3500-3000 v. Chr. sowie einer spanischen bronzezeitlichen und einer früh mittelalterlichen Population. Zum anderen erfolgte die Einteilung der Ergebnisse in eine norddeutsche, deutsche, westeuropäische, osteuropäische und bosnische Gruppe. Die AMOVA und die Bestimmung der Diversitäten erfolgten mit Hilfe der Software ARLEQUIN (EXCOFFIER ET AL. 2010).

Der Vergleiche zwischen zwei Populationen und die Distanzmaße (NDnet, F_{ST} , Φ_{ST}) für die fünf untersuchten Fragmente des mtGenoms sind in Abb. 45-72 und 83-196 dargestellt. Die Daten, die den Grafiken zugrunde liegen, sind auf beigefügter CD einsehbar. Die Paarungen erbrachten F_{ST} und Φ_{ST} Werte von null bis 0,75, die signifikante Hinweise auf

Differenzierung ergaben. Die Berechnung der F_{ST} -Werte (Φ_{ST}) ergab signifikante Werte auch noch nach der BONFERRONI-Korrektur. Auffällig ist, dass einige Populationen wie die bosnische, norddeutsche 4500-4000, norddeutsche 4000-3500 und die spanische signifikante F_{ST} -Werte aufweisen (0,5 bis 0,75), während andere wie zum Beispiel die Gruppen Deutschland, Westeuropa und Osteuropa sich von wenigen Populationen signifikant unterscheiden (0 bis 0,3). Die Φ_{ST} -Werte zeigen die gleichen Tendenzen, sind jedoch sehr viel häufiger nicht signifikant. Ist der Unterschied im D-Loop-Fragment noch schwach ausgeprägt, lassen sich die Populationen mit Hilfe der Cytb-Daten klarer unterteilen und differenzieren. Die beiden Werte (F_{ST} und Φ_{ST}) verhalten sich über alle Populationen sehr gleichmäßig. In den meisten Fällen treffen alle drei Werte dieselben Aussagen über die durchschnittliche Differenzierung.

Populationen, die sich durch geringe geografische Distanzen ausweisen, zeigen in den meisten Fällen erwartungsgemäß kleine genetische Distanzen, die oft weit unter dem der Berechnungsmethode entsprechenden Mittelwert liegen. Ausnahmen bilden hier die Populationen aus Norddeutschland, welche sich im Vergleich zu den Proben aus Deutschland in den Daten aus den vier Cytb-Fragmenten stark abheben. Diese Populationen nehmen im Vergleich zu den Nachbarpopulationen eine genetische Sonderstellung ein. Während die Vergleiche zwischen den Gruppen Deutschland, Westeuropa und Osteuropa stets nicht-signifikante, extrem niedrige Werte aufweisen, unterscheiden sich die Gruppen Bosnien, Norddeutschland 4500-4000 und Norddeutschland 4000-3500 zu den restlichen Gruppen viel stärker und meist sogar signifikant, obwohl die geografischen Distanzen weit unter hundert Kilometer liegen.

Im Vergleich von genetischen und geografischen Distanzen schwanken die Werte stark unabhängig voneinander. Die Abhängigkeit der genetischen von den geografischen Distanzen wurde mittels eines MANTEL-Tests berechnet. Für F_{ST} beziehungsweise Φ_{ST} mit der geografischen Distanz ergab sich jeweils ein Korrelationskoeffizient von 0,05 mit höchst signifikanten p-Werten. Die Nettonukleotiddiversität korreliert zwar mit der geografischen Distanz, dennoch sind alle Werte sehr niedrig, so dass der MANTEL-Test (MANTEL 1967, ROHLF 1993) negativ ausfällt.

Die Analyse der molekularen Varianz (AMOVA) hat im Bezug auf den F_{ST} -Wert (Φ_{ST} -Wert) über alle Populationen (ohne Substrukturierung) einen Anteil von über 11,13 % an der Gesamtvarianz für die Einteilung der Individuen in Populationen ergeben. Die höchst signifikanten p-Werte lassen die Schlussfolgerung zu, dass die hier zugrunde gelegte Einteilung der Individuen in Populationen gerechtfertigt ist. Die um eine Hierarchiestufe

höhere Einteilung in Populationsgruppen wurde bei der Durchführung von Analysen der molekularen Varianz (AMOVA) in verschiedenen Kombinationen durchgeführt.

Die Analyse der *Mismatch Distribution* erbrachte eine Verteilung der Häufigkeiten der paarweisen Sequenzunterschiede, wie sie in Abbildung 45 bis 72 dargestellt ist. Sie zeigt ein hohes Maximum bei einem Unterschied und bei weiteren Sequenzunterschieden vergleichsweise schwache Ausprägung.

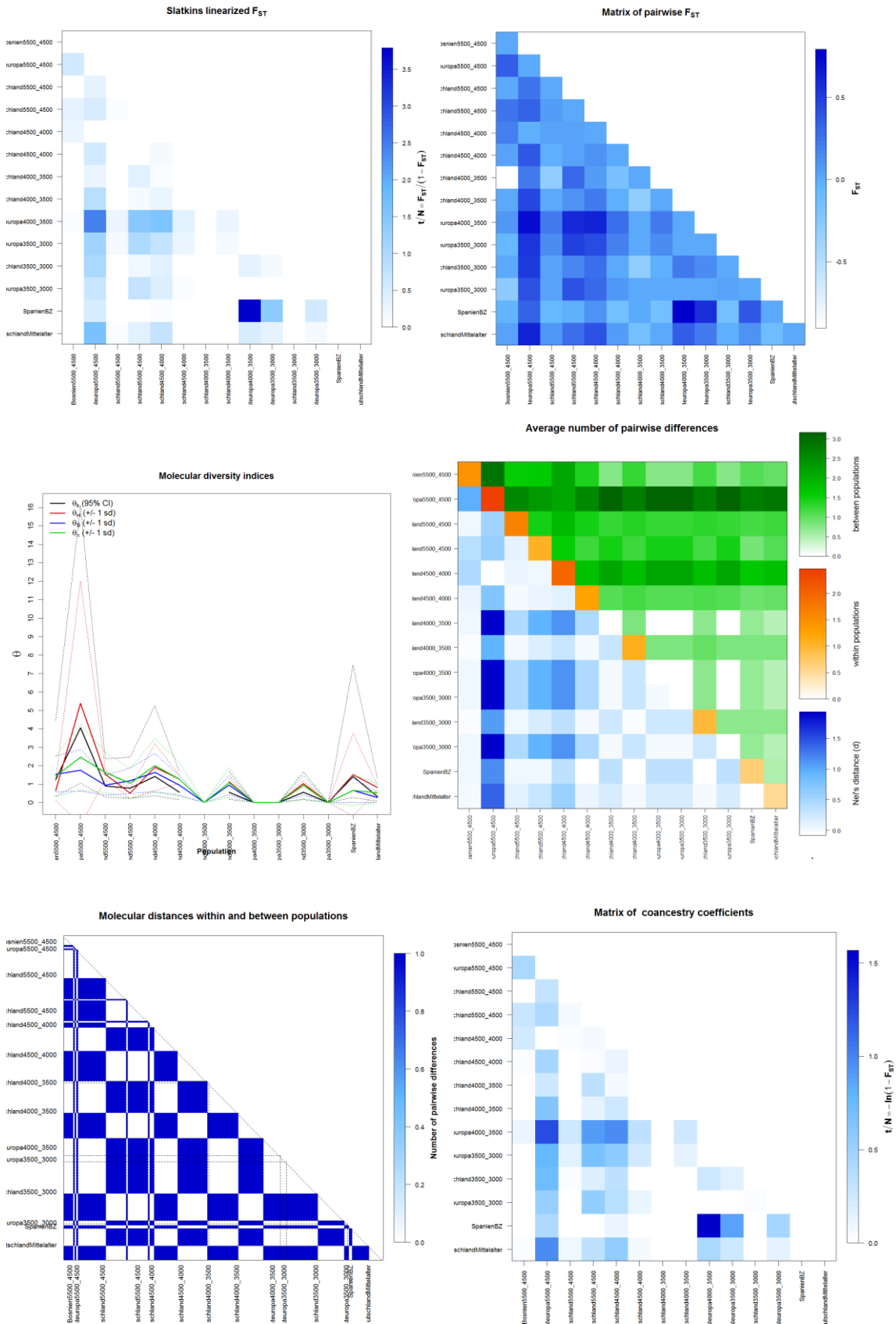


Abb. 45 - 50, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des D-Loop Fragments

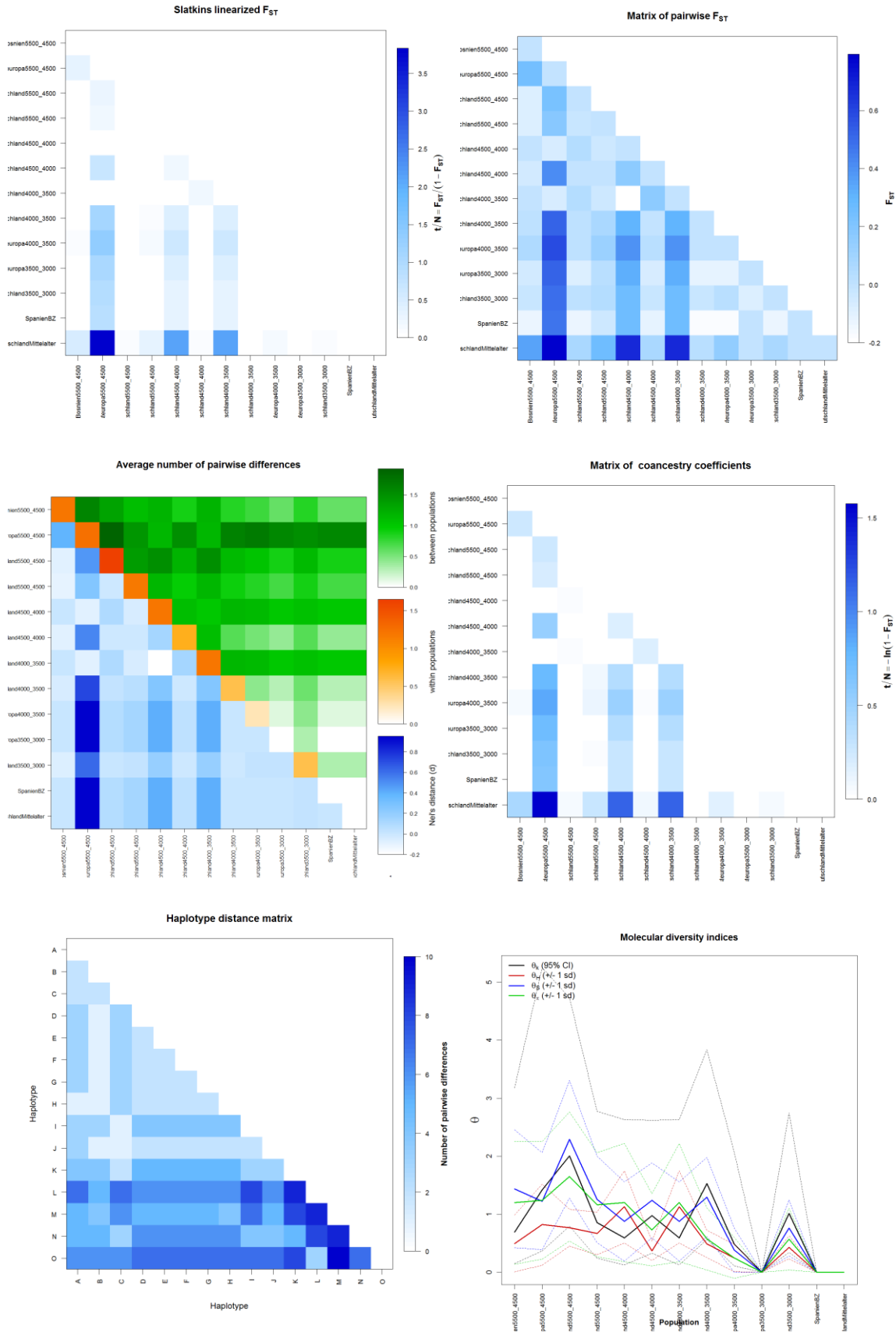


Abb. 51 - 56, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_1 Fragments

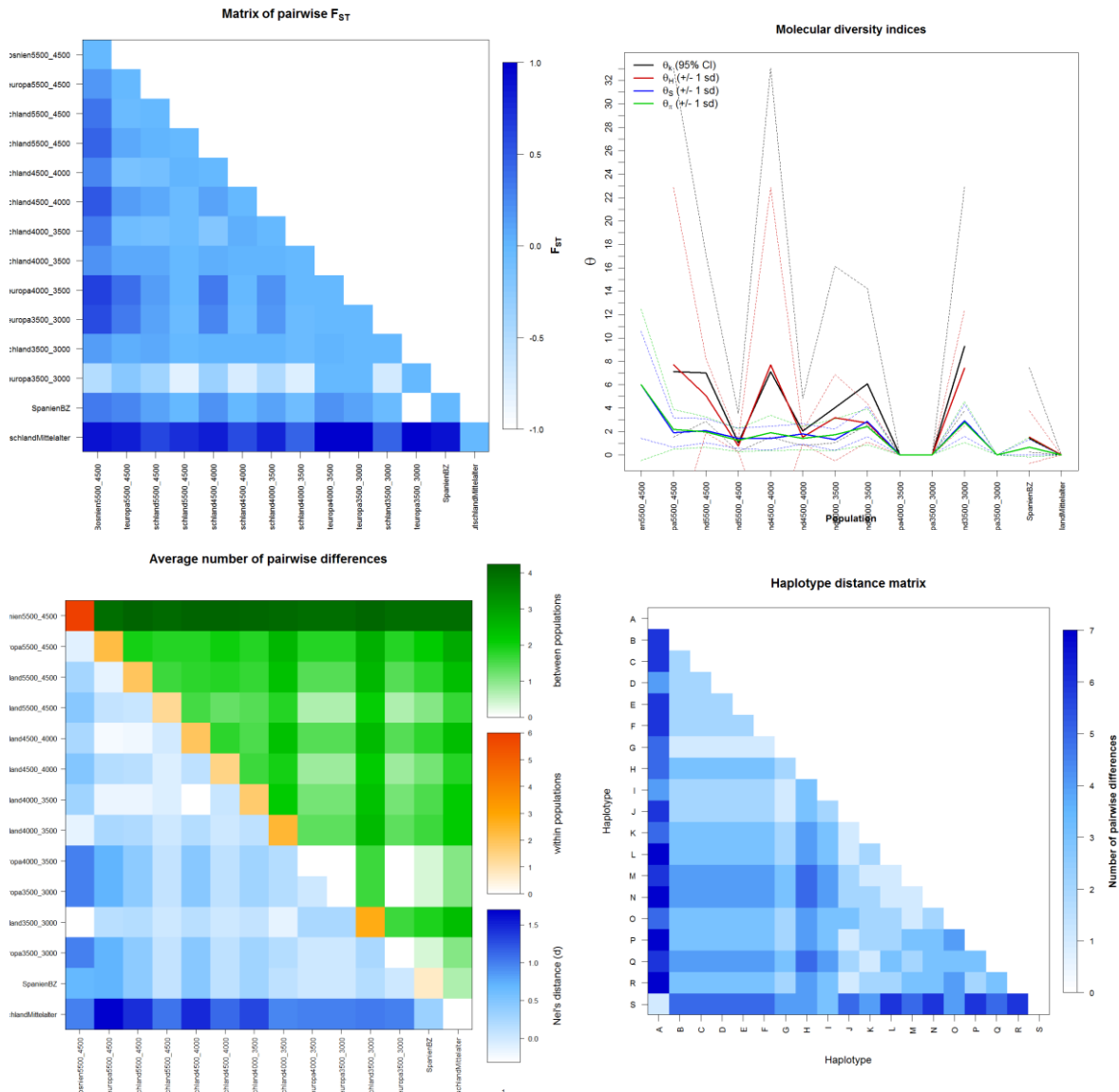


Abb. 57 - 60, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_2 Fragments

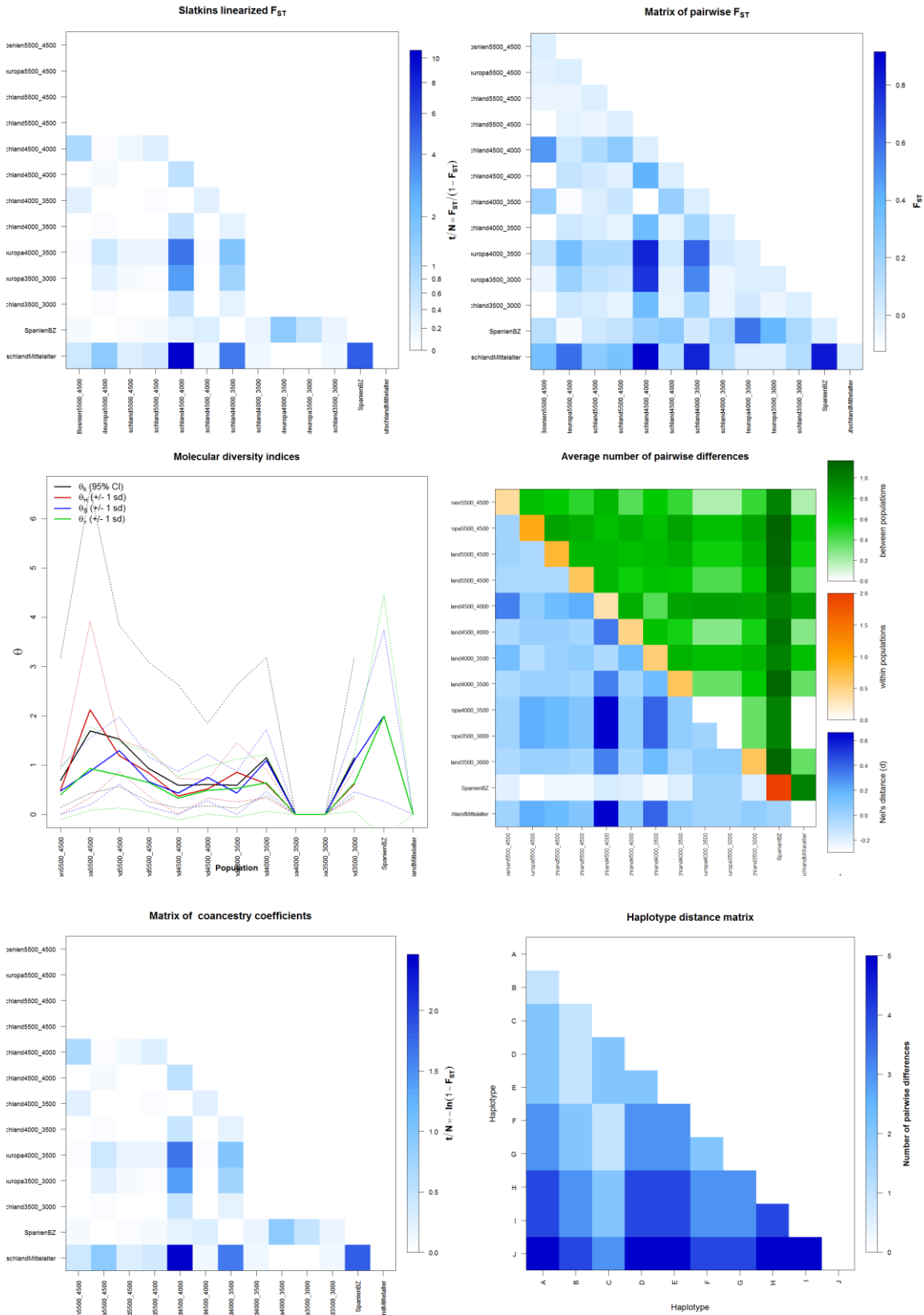


Abb. 61 - 66, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_3 Fragments

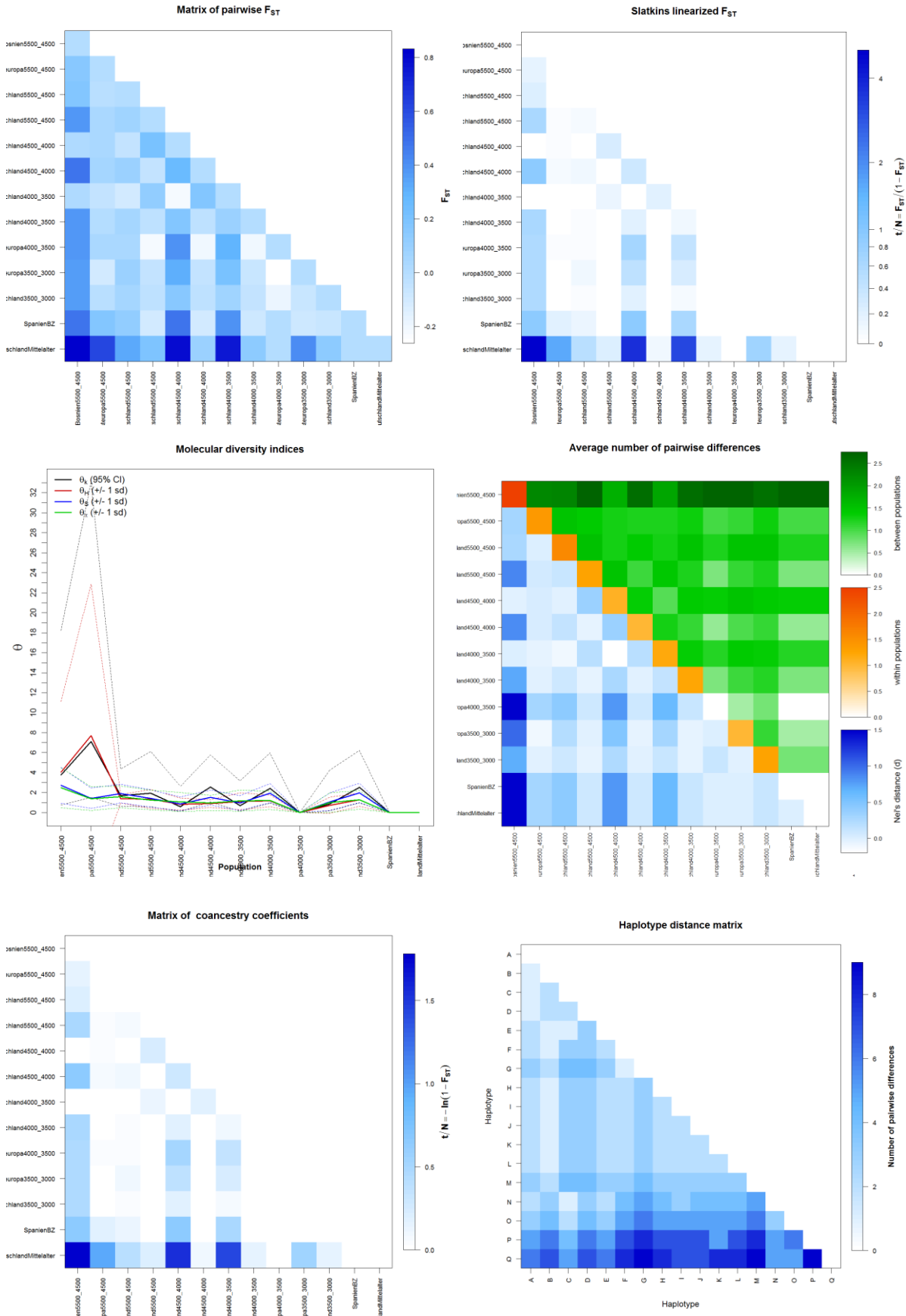


Abb. 67 - 72, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_4 Fragments.

5. Interpretation und Diskussion

5.1. DNA-Extraktion, Erhaltungszustand und Amplifikationserfolg

Die Proben von rezenten Tieren eigneten sich durchgehend sehr gut für molekulargenetische Untersuchungen. Erwartungsgemäß waren Blut- und Gewebeproben am Besten geeignet. Sie wurden für die Austestung der Analysemethoden herangezogen. Dazu wurden aus den Extrakten Verdünnungsreihen hergestellt, um die Sensitivität der Untersuchungssysteme zu testen. Dies sollte gewährleisten, dass die Systeme auch mit DNA-Mengen, die bei aDNA zu erwarten sind (wenige pg), funktionieren. Auch die Haarproben brachten ein gutes Ergebnis und eigneten sich durchgehend für die Analyse autosomaler DNA. Dieses unerwartete Ergebnis ist nicht nur auf die gewählte Extraktionmethode, sondern viel mehr auf das Material selbst zurückzuführen. In den meisten Studien kann nur auf telogene Haare zurückgegriffen werden, welche in der Regel keine bzw. nicht ausreichend chromosomale DNA enthalten (MCNEVIN ET AL. 2005), aber ausreichend mitochondriale DNA (PFEIFFER ET AL. 2007). In der vorliegenden Studie konnten die Haare direkt nach der Entnahme (mit Haarwurzel) vom Tier tiefgefroren werden, was sich im guten Erhaltungszustand der nDNA widerspiegelt.

Die Erhaltung der aDNA und deren Extraktion aus Knochen und Zähnen waren im Vergleich zu anderen aDNA-Studien zufriedenstellend (RENNEBERG 2008, FEHREN-SCHMITZ 2008, HAAK 2006). In durchschnittlich 44 % der neolithischen/mesolithischen und in über 70 % der frühmittelalterlichen Proben war eine reproduzierbare Amplifikation von mtDNA möglich (genauer in Kapitel 4.3.1.). Die Amplifizierung von nDNA stellte sich als komplexer heraus als erwartet und folgte keiner ersichtlichen Regel. Auch Versuche zur Optimierung von Untersuchungssystemen bzw. die Entwicklung neuer sensitiverer Methoden, wie der SNP-Analyse führten nur zu mäßigen Ergebnissen. Die Ursache ist daher wohl am ehesten in der DNA-Erhaltung der Proben zu sehen. Wie in Kapitel 4.3.1. beschrieben hängt der Typisierungserfolg stark von den Bedingungen an den Fundstellen ab. Es zeichnet sich in den Amplifikationserfolgen der unterschiedlichen Fundstellen ein klares Nord-Süd-Gefälle ab. Dieses kann gut mit dem vorherrschenden Klima und den Einbettungsbedingungen der Fundstellen korreliert werden. So bieten submarine bzw. aquatische Fundplätze in kalten Regionen die besten Bedingungen für den aDNA-Erhalt. Allerdings müssen die Funde auch bei diesen Bedingungen schnell in den Untergrund einsinken. Funde, die längere Zeit offen dem Salzwasser ausgesetzt sind, zeigen deutlich schlechtere Erhaltungszustände. Dagegen

zeigen Fundplätze in Regionen mit hoher Sonneneinstrahlung, hohen Temperaturen, trockenem Klima und einer geringen Sedimentationsrate die schlechtesten DNA-Erhaltungsbedingungen. Diese Datenlage stimmt mit den in der Literatur zu findenden Bedingungen zum Erhalt von DNA überein. So beschreibt schon H. HUNGER (1978), dass die Dekomposition von menschlichen Überresten im Boden annähernd parallel zu der in ihm herrschenden Temperatur verläuft, ein hohes Maß an Feuchtigkeit dagegen verhindert den Abbau von Weichgewebe. Hohe Temperaturen und ein hohes Maß an Feuchtigkeit wirken sich negativ auf den Erhalt von DNA im Knochen aus (PERRY ET AL. 1988). Dies ist identisch mit den allgemeinen Angaben zum Erhalt von aDNA. So werden pH neutrale, kalte, mäßig feuchte, Licht geschützte anaerobe Bedingungen als optimale Einlagerungsbedingungen beschrieben (MACHUGH ET AL. 2000, BOLLONGINO 2005).

Anhand der Ergebnisse lassen sich die Annahmen bestätigen, dass Funde, die schnell unter Sauerstoffabschluss, lichtgeschützt und kühl gelagert wurden, mit hoher Wahrscheinlichkeit DNA beinhalten. Diese Bedingungen sind für die Funde aus dem Oldenburger-Graben und der Küste Mecklenburg-Vorpommerns sowie Polens gegeben. Hier befand sich der Auffindungsort der untersuchten Stücke in sogenannten Abfallschichten, die schon in prähistorischen Zeiten in einem feuchten Milieu lagen, sodass die Funde schnell unter Luftabschluss gelangten. Die ungünstigsten Bedingungen sind dagegen eine längere Lagerung der Funde an der Luft, im Sonnenlicht und bei höheren Temperaturen. Diese Umstände können für Funde aus dem Bereich des „Fruchtbaren Halbmondes“ angenommen werden.

Betrachten wir die untersuchten Knochenelemente, so zeigt sich, dass Zähne einen besseren DNA-Erhalt aufweisen als andere Knochen. Allerdings ist dies nicht das wichtigste Kriterium für den Erhalt der DNA. So konnten die Proben aus Saiser erfolgreich amplifiziert werden, obwohl die Knochen schon sehr porös waren bzw. sehr schlecht erhalten aussahen. Die Einlagerungsbedingungen haben einen größeren Einfluss auf den Erhaltungszustand der DNA, als die Erhaltungsbedingungen in Abhängigkeit der Auswahl der Knochenelemente. Diese Ergebnisse entsprechen im Wesentlichen den Beobachtungen aus anderen Studien an tierischen und menschlichen Knochen (s. z. B. HAAK 2006, KLEINDORP 2006, RENNEBERG 2008).

Die Typisierbarkeit in Abhängigkeit zur Länge des untersuchten Fragmentes konnte ebenfalls beobachtet werden. Es konnten überwiegend Fragmente unter 120 bp amplifiziert werden (s.o. Kapitel 4.1. und 4.2. mit deren Unterkapiteln). Ab einer Fragmentgröße von über 160 bp ließ sich eine drastische Abnahme (meist um 80 %) des Amplifikationserfolges messen. Allerdings entstanden bei der Amplifikation von besonders kurzen Fragmenten neue

Probleme. Sie waren zum einen nicht sehr aussagekräftig und ökonomisch, da meist mehrere Fragmente amplifiziert werden mussten, um einen relevanten Bereich abzudecken. Zudem sind die auf Säulchen basierenden Aufreinigungssysteme im Verlauf der Untersuchungen nur bis zu einer minimalen Länge von 80 bp der Fragmente ausgelegt; darunter entsteht ein hoher Verlust des Produktes. Ein weiterer limitierender Faktor ist die gewählte Extraktionsmethode, die nicht geeignet ist sehr kleine Fragmente zu isolieren.

Weitere Faktoren, die den Amplifikationserfolg beeinflusst haben, ist die Lage des Fragmentes. Hier ist zu beobachten, dass besonders konservative, meist GC-reiche Regionen schlechter zu amplifizieren oder erhalten waren als Fragmente aus hoch variablen Regionen. Der Degradierungsgrad der untersuchten DNA ist als sehr hoch zu betrachten. Dieser scheint innerhalb des mitochondrialen Genoms unterschiedlich stark ausgeprägt zu sein, da z. B. das Fragment Cytb 2 schlechter zu amplifizieren war als das Fragment Cytb 1, obwohl beide die gleichen Größen aufwiesen. Den besten Amplifikationserfolg lieferte das Fragment im D-Loop.

Ein erheblicher Anstieg der Degradierung der DNA, nachdem das Probenmaterial geborgen wurde, wie bei S. HUMMEL (2003) beschrieben, konnte in den hier untersuchten Proben selten oder gar nicht beobachtet werden. Bei den Proben handelte es sich zu fast 100 % um Material aus archäozoologischen Archiven. Die Lagerungsbedingungen waren bei allen Proben nicht optimal, da sie meist bei Raumtemperatur und nicht klimatisiert gelagert wurden. Zu beobachten war, dass die Zeit der Probenlagerung einen Ausschlag auf den Erhalt der DNA hat. Proben, die in den letzten 10 Jahren ausgegraben wurden, zeigten einen besseren Erhalt als Proben die 10 Jahre im Archiv lagerten. Es ist hier aber noch einmal zu betonen, dass die Bedingungen an den Fundstellen einen weit höheren Einfluss haben.

Deaminierungsartefakte wie Heteroplasmien (LUTZ ET AL. 1996) traten nur vereinzelt auf. Da diese Artefakte meist nur einen der Stränge der DNA-Doppelhelix betreffen, konnten die Deaminierungseffekte in den Proben identifiziert und durch das mehrmalige direkte *Forward* und *Reverse* Sequenzieren der Probe ausgeschlossen werden. Die hohe Anzahl an A↔G Mutationen im Fragment Cytb 1 bei den Proben HS 298, HS 300 und HS 218, bei Fragment Cytb 3 bei der Probe W 96, sowie bei Fragment Cytb 4 bei Probe HS 56 sprechen für deaminierungsbedingte Veränderungen. Bei diesen Proben konnten die Ergebnisse mehrfach *Forward* und *Reverse* repliziert und müssen daher in der Auswertung mit berücksichtigt werden. Aufgrund der Deaminierungen ist zu diskutieren, ob ein Haplotyp schon durch eine einzige A↔G bzw. C↔T Mutation gebildet werden sollte. Deaminierungsartefakte sind aber zugleich auch die häufigst zu findenden Unterschiede zwischen zwei nahe verwandten

Haplotypen (BINLADEN ET AL. 2006). Es wurde in Kapitel 4.1.1. und 4.2.1. jeder Mutation ein Haplotyp zugewiesen, aber gleichzeitig versucht, übergeordnete Gruppen zu finden, die sich in den Dendrogrammen bzw. Netzwerken zeigten. Diese Gruppenbildung sorgt dafür, dass die Mutation, die die beiden Gruppen trennt, durch die Anzahl aller untersuchten Individuen verlässlich wird. Es konnten für alle Cytb Fragmente solche zentralen Mutationen ausfindig gemacht werden. Bei Fragment Cytb 1 ist es die Trennung zwischen Haplotyp B und C ($C \leftrightarrow T$ an Position 14369 und 14405), für Fragment Cytb 2 ist es die Trennung zwischen Haplotyp G und J ($C \leftrightarrow T$ an Position 14999), für das Fragment Cytb 3 ist es die Trennung zwischen Haplotyp B und C ($C \leftrightarrow T$ an Position 15236) und für Fragment Cytb 4 ist es die Trennung zwischen Haplotyp B und C ($C \leftrightarrow T$ an Position 14705 und 14780).

5.2. Analysemethoden und Markersysteme

Die in dieser Arbeit verwendeten Untersuchungssysteme sind als geeignet einzuordnen. Die Analyse des D-Loop Bereiches der mtDNA hat die klare Zuordnung zu Haplotypen nach G. LARSON ET AL. (2005) ermöglicht. Die Typisierung der Fragmente aus dem Cytb-Gen des mtGenoms bestätigten zum einen die Studien von E. ALVES ET AL. (2003) und M. FANG UND L. ANDERSON (2006). Sie konnten zum anderen die gewonnenen D-Loop Haplotypen (LARSON ET AL. 2007) bestätigen und teilweise weiter unterteilen. Darüber hinaus konnte eine Vielzahl von Erkenntnissen bezüglich der Phylogenetik der Tiere gewonnen werden.

Die Amplifikation von hoch polymorphen Regionen des Cytb-Gens im Vergleich zu publizierten Daten ganzer sequenzierter Cytb-Gene zeigte keine Nachteile und ermöglichte eine Analyse in einem weiten Teil des Probenmaterials. Alle Systeme wurden speziell auf die Anwendung in aDNA Bereichen designt und waren auch auf diese übertragbar. Die weiteren etablierten Systeme zur Untersuchung der mitochondrialen DNA sind als sehr gut einzustufen. Sie funktionierten stabil und lieferten reproduzierbar gute Ergebnisse auch bei geringsten DNA Mengen. Es traten keine Kontaminationen mit artfremder DNA auf.

Für die statistischen Berechnungen ist der Umfang der Datensätze der generell limitierende Faktor von aDNA-Studien. Umso genauer die Aussagen werden sollen, desto mehr Informationen müssen als Grundlage dienen. Wichtig ist, dass der Probenumfang ausreichend groß ist und möglichst viele Marker verwendet werden. Kleine Datensätze eignen sich zwar noch für Berechnungen, verlieren aber an Genauigkeit, die sich in den großen Standardabweichungen und nicht signifikanten p-Werten widerspiegelt. In dieser Arbeit sind

neben ungleichmäßig großen Gebieten zusätzlich die Anzahl der vorhandenen Daten pro Gebiet sehr unterschiedlich. Zwar wird die für moderne populationsgenetische Untersuchungen an Schweinen geltende Stichprobengröße von 20 Individuen pro Gebiet als mittelgroß bis groß (HOLSINGER UND WEIR 2009) nicht erreicht, doch werden diese in die Berechnungen mit einbezogen. Die Anzahl der mitochondrialen Marker und Sequenzen, die in den Untersuchungen zur Anwendung gekommen sind, verspricht eine recht gute Repräsentativität. Die meisten populationsgenetischen Arbeiten werden nur an einem Markersystem durchgeführt (z. B. LARSON ET AL. 2005, 2007, KIRSCHNING ET AL. 2007, NIKOLOV ET AL. 2009), was für einige Fragestellungen ausreichend ist. Aber nur eine Kombination von verschiedenen Methoden kann einen Überblick über innerartliche Systematik, Phylogeographie und Introgression einer Art geben. Im Rahmen dieser Arbeit wurden überwiegend D-Loop und Cytb Sequenzen mit einer Gesamtlänge von insgesamt 392 bp untersucht, dies ist vergleichbar mit modernen Sequenzstudien (*Sus scrofa*: GIUFFRA ET AL 2000: 440bp, SCANDURA ET AL. 2008: 411bp). Die D-Loop Sequenzen dienen vor allem dazu, die Datensätze mit Sequenzen aus Datenbanken oder früheren Studien abzugleichen. Der Probenumfang, der für die Berechnungen auf der Basis von Sequenzen verwendet wurde, beträgt zwischen 144 und 95 Individuen. Für ein Gebiet wie Europa und den großen Zeitraum ist diese Stichprobe für eine aDNA-Studie vergleichsweise groß.

5.3. Mitochondriale DNA

Die Sequenzierung des D-Loop Fragmentes ergab insgesamt 4 Haplotypen aufgrund von 5 polymorphen Stellen. Für die vier untersuchten Abschnitte des Cytb-Gens ergaben sich für den Abschnitt Cytb 1 15 Haplotypen aufgrund von 22 polymorphen Stellen, für den Abschnitt Cytb 2 19 Haplotypen aus 16 polymorphen Stellen, für den Abschnitt Cytb 3 10 Haplotypen aus 19 polymorphen Stellen, für den Abschnitt Cytb 4 15 Haplotypen aus 19 polymorphen Stellen. Für 50 neolithische/mesolithische Individuen war es möglich, alle Fragmente zu amplifizieren und zu vergleichen. Der Vergleich erbrachte, dass sich die Einteilung durch das D-Loop-Fragment auch in den Fragmenten des Cytb wiederfinden lässt. Zudem gelang eine weitere Unterteilung der D-Loop-Haplotypen.

Die Nukleotid-Diversitäten sind ein Maß für die Variabilität. In modernen Populationen gefundene innerartliche Sequenzvariabilität des Cytb-Gens, also die Anzahl der gefundenen polymorphen Stellen, gemessen an der Länge der untersuchten Sequenz, liegen bei 0,25-2,74 % (HSIEH ET AL. 2001). Diese Werte werden in den hier untersuchten Proben klar

überschritten, für den D-Loop mit 6,8 % und für das Cytb mit 19,3 bis 29,7 %, bzw. ohne Mutationen, die auf Deaminierungen zurückgeführt werden könnten, mit 1,6 bis 4,8 % (siehe Kapitel 4.1., 4.2. und 4.3.). Hohe Diversitätswerte werden in modernen Studien auf die Anwesenheit unterschiedlicher Spezies zurückgeführt, jedoch können solche Variabilitäten auch in anderen Spezies beobachtet werden (MEADOWS ET AL. 2005). Die unterschiedliche Mutationsrate des Gens selbst schränkt dabei die Interpretation ein (MCCLELLAN UND MCCRACKEN 2001). Positive Selektion scheint ein wichtiger Faktor für die Erhöhung an nicht-synonymen Mutationen zu sein (MCCLELLAN UND MCCRACKEN 2001). Ein Grund für die unterschiedliche Sequenzprägung der betrachteten Gene könnte darin liegen, dass deren Träger unterschiedliche ökologische Nischen besetzten (XU ET AL. 2005, DIROCCO ET AL. 2006). Die Geschlechter-Verteilung der Stichprobe ist ein weiterer Faktor, der eine hohe Variabilität der mitochondrialen Marker bedingen könnte. Dabei zeigen sich Männchen durchschnittlich variabler als Weibchen. Dies könnte darauf hinweisen, dass die Weibchen lokal zusammenbleiben, Männchen jedoch in die Gruppe einwandern (Matrilokalität). Die hohe Variabilität ist also nicht mit dem Vorkommen überwiegend weiblicher Individuen in der Stichprobe zu erklären. Es ist bekannt, dass Haustierhaltung zu einer Reduktion der Variabilität führt (SARNO ET AL. 2004).

Anhand moderner Studien konnte die Variabilität von Wildschweinen durch Allozym-Analysen untersucht und mit der anderer Spezies der gleichen Region verglichen und dabei für Wildschweine eine um mehr als die Hälfte niedrigere Variabilität festgestellt werden (HARTL ET AL. 1993). Dieses können wir auch in der mitochondrialen Kontrollregion wiederfinden, z. B. gibt es für den europäischen Hirsch 58 Haplotypen, bei Wildschweinen handelt es sich lediglich um 22 Haplotypen (SCANDURA ET AL. 2008, SKOG ET AL. 2009).

Die Haplotypendiversität (HD) der hier untersuchten Haus- und Wildschweine ist niedriger als die Werte für moderne Wildschweinpopulationen oder aus vergleichbaren Studien an anderen Wildtieren. Die in dieser Studie erhobenen Daten stützen die in modernen Studien gefundenen Erkenntnisse, dass Wildschwein-Populationen eine geringere Variabilität gegenüber anderen Paarhufern aufweisen (z. B. HARTL ET AL. 1993, KIRSCHNING 2009). Die Ergebnisse der fünf mtDNA-Markersysteme in Bezug auf die einzelnen Populationen haben weitgehend gleiche Aussagen. Stärkere Schwankungen finden wir bei der Variabilität der Sequenzen innerhalb der Markersysteme. Populationen mit nur einem Haplotypen sind vor allem diejenigen mit kleinem Stichprobenumfang.

Die genetische Variabilität gewinnt unter dem Gesichtspunkt der biologischen Fitness einer Population für die artenschutzbezogene Populationsgenetik an Bedeutung. So geben der

Inzuchtkoeffizient und die Variabilität einen Eindruck über die Sensibilität gegenüber Infektionen. Es konnten signifikante Korrelationen zwischen Heterozygotie, Populationsgröße und quantitativen Variationsmaßen ermittelt werden (REED UND FRANKHAM 2003). Auch konnte gezeigt werden, dass die Wahrscheinlichkeit für eine Wildschweinpopulation, mit boviner Tuberkulose infiziert zu werden, negativ mit der Heterozygotie an neutralen Markern korreliert (AMOS UND ACEVEDO-WHITEHOUSE 2009). Auch die Sterblichkeit von Jungtieren nimmt in Populationen mit geringer Heterozygotie zu (DA SILVA ET AL. 2006, RALLS UND BALLOU 1983). In den hier untersuchten mesolithischen/neolithischen Populationen scheint Inzucht kein Problem zu sein. Obwohl die Variabilität der Sequenzen in einigen Populationen extrem niedrig ist, weichen sie in ihrer erwarteten Heterozygotie vom Mittelwert über alle Populationen nicht sehr weit ab, so dass die Werte nicht stark streuen. Für die frühmittelalterlichen Populationen ist die hohe Homogenität der mtDNA-Daten ein klares Zeichen für Inzucht und resultiert wahrscheinlich aus langer isolierter Zucht in kleinen Schweinepopulationen.

Die sternförmigen Gruppierungen der neolithischen/mesolithischen mt-Haplotypen in den Netzwerken (Kapitel 4.1.1.) ist ein Hinweis auf eine rezente Expansion nach starker Reduktion der Variabilität (CALAFELL ET AL. 2002). Dies resultiert wahrscheinlich aus einem Bottleneck-Ereignis. Mit Vorsicht müssen Haplotypen betrachtet werden, die durch ein einziges Individuum vertreten sind. Sie könnten aDNA-Artefakte darstellen und müssten dann nicht als Hinweis auf rezente Expansion verstanden werden. Die angetroffene Variabilität der Tiere ist deutlich höher als erwartet. Zu berücksichtigen ist dabei, dass die Tiere unterschiedlichen Lebensräumen entstammen und sich diese in ihrem mitochondrialen Genom als adaptive Sequenzprägungen widerspiegeln könnten.

Das Ziel, den Domestikationsstatus der untersuchten Schweine zu klären, konnte nur teilweise erreicht werden. Die Untersuchung mitochondrialer Gene ermöglichte eine phylogeografische Einordnung, dagegen konnten keine Zusammenhänge zwischen Status und Genotyp festgestellt werden. Die phylogeografische Einteilung kann in der Kombination mit archäologischen Hypothesen (siehe Kapitel 5.5. und LARSON ET AL. 2007) ermöglichen, dass der Status der Schweine indirekt festgestellt werden kann. Wildschweine mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A sind nur im Nahen Osten zu finden (LARSON ET AL. 2005, 2007). Europäische Schweine, die die Haplotypen ANC-Y1 und ANC-Y2 tragen, können als domestizierte Haustiere oder deren Hybride gesehen werden. Indirekt ist es daher möglich für europäische Schweine anhand der mtDNA eine Unterscheidung zwischen wild und domestiziert zu treffen.

Die Betrachtung des Genflusses zwischen abgrenzbaren Populationen und den heutigen Wildschweinpopulationen in Europa ergibt ein erhöhtes Maß an Genfluss in mitochondrialer DNA. Dies ermöglicht Rückschlüsse auf Hybridisierungen von wilden und domestizierten Tieren. Die Daten weisen darauf hin, dass eine Kreuzung zwischen lokalen Tieren und solchen aus anderen Gebieten stattgefunden haben muss. So taucht nach der Neolithisierungspase gehäuft ein nicht lokaler Haplotyp auf, der später durch lokale bzw. durch eine erhöhte Diversität in den Haplotypen abgelöst wird. Dies könnte eine Einkreuzung mit lokalen weiblichen Tieren als Ursache haben. Auch wenn dies in der Zucht eher unüblich ist, da die Einkreuzung junger männlicher Tiere, welche sich leichter in Gruppen integrieren, einfacher erscheint.

Zwei Populationen, die geografisch getrennt leben, können als potentiell artbildend angesehen werden, sodass molekulare Divergenz sowie Nischenanpassung auch unabhängig von reproduktiver Isolation einsetzen können (MAYR 2000, WILLMANN UND MEIER 2001). Dies könnte für die Population mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A gegenüber den europäischen Haplotypen ANC-A und ANC-C verantwortlich sein, die sich auch klar in den Cytb-Fragmenten trennen lassen. Denkbar ist, dass die existente geografische Isolation zu einer reproduktiven Isolation führte. Eine genetische Isolation zwischen beiden ist in den mitochondrialen Genen nachweisbar. Da jedoch kein Nachweis einer reproduktiven Isolation vorliegt, wird die Zugehörigkeit zu einer Spezies beibehalten. Der hohe Grad der Nicht-Anpassung an die Landschaft und das Klima Mittel- und Nordeuropas können ein Grund dafür sein, dass die Nahost-Haplotypen am Ende des Neolithikums verschwinden.

Zusammengefasst kann festgestellt werden, dass sich die Haus- und Wildschweinpopulationen durch die Kombination verschiedener mitochondrialer Gene in unterschiedliche Sub-Populationen trennen lassen, die Distanzen zwischen den Gruppen jedoch nicht ausreichend sind, um sie als eigenständige Sub-Spezien bzw. einen klaren Unterschied zwischen wild und domestiziert bestimmen zu können.

5.4. Chromosomale DNA und phänotyp-assoziierte SNPs

Die Amplifikation chromosomaler DNA war in Einzelfällen aus archäologischem Material möglich. Das Untersuchungssystem zur Bestimmung des Geschlechtes durch Längenunterschiede im Amelogenin-Gen wurde anhand von modernen Referenzpopulationen aus wilden und domestizierten Tieren etabliert und validiert, sodass die Ergebnisse aus aDNA

als verlässlich gelten können. Zusammenfassend ist zu sagen, dass das Markersystem zur Geschlechtsbestimmung solide, schnell und durch die Detektion auf einem Agarose-Gel günstig durchzuführen ist, sofern chromosomale DNA vorhanden ist. Die Geschlechtsbestimmung anhand des Amelogenin von 30 frühmittelalterlichen und mesolithischen/neolithischen Proben zeigte eine vollständige Übereinstimmung mit der zuvor erfolgten Geschlechtsbestimmung durch klassische archäozoologische Messungen.

Die in dieser Arbeit entwickelten Systeme zur Untersuchung phänotyp-assoziiierter SNPs stellten ein mäßig geeignetes Analysesystem für aDNA dar. Die Amplifikation zur Detektion Phänotyp-assoziiierter SNPs war in nur einzelnen Proben und meist auch nur in einzelnen Fragmenten des MC1R-Gens möglich. Die Sequenzierung des MC1R-Gens in moderenen Proben war erfolgreich und es konnten Phänotyp-assoziierte SNPs detektiert werden. Damit können die Ergebnisse von M. FANG ET AL. (2009) bestätigt und für europäische Haus- und Wildschweine verfeinert werden. Die Etablierung einer neuen Multiplex-PCR und einer angeschlossenen SBE-Reaktion zur Detektierung von 15 SNPs war erfolgreich. Sie vereinfachte und beschleunigte die Untersuchung der modernen Proben drastisch. Die Methode ist sensitiver, kostengünstiger und schneller im Vergleich zur direkten Sequenzierung des MC1R-Gens. Zwar können neue Mutationen in dem Gen mit dieser Methode nicht detektiert werden, doch zeigten sich bei den sequenzierten Fragmenten der archäologischen Proben nur die Mutationen im MC1R-Gen, über die schon bei FANG ET AL. (2009) berichtet wurde. Das Auftreten einer hohen Anzahl unspezifischer Nebenprodukte in der Amplifikation des MC1R-Gens war auch durch die Optimierung der PCR-Parameter nicht zu erreichen. Der Einsatz von 7-Deaza-2'-deoxyguanosine (dc7-GTP) (FREY ET AL. 2008) und anderer PCR-Detergenzien (Kapitel 3.5.2.) führte zwar zu einer höheren Spezifität der Produkte, aber auch zu einem Verlust der Sensitivität der PCR. Einen Erfolg stellte die Entwicklung der Bottomup-PCR dar. Die Ergebnisse der Phänotyp-assoziierten SNPs zeigen, dass sich Zuchtveränderungen schnell in den Genen widerspiegeln können. Dies hängt auch damit zusammen, dass das MC1R-Gen mit dem Ansetzen von Fett und Fleisch in Zusammenhang gebracht wird (SIEBEL ET AL. 2001). Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die hier etablierten Methoden gut geeignet für die Untersuchung von Haus- und Wildschweinpopulationen sind.

Die Analyse der MC1R-Marker ist in archäologischem Material aufgrund der schlechten DNA-Erhaltung nur für einen geringen Anteil von Proben möglich. Die Auswertung der Ergebnisse für die mesolithischen/neolithischen Proben führte leider zu keiner eindeutigen Bestimmung eines Genotyps. Gleichwohl konnte gezeigt werden, dass Tiere, die aus

archäozoologischer und archäologischer Sicht als Wildschweine zu sehen sind, keine Mutationen, die zu einem veränderten Genotyp führen, hatten (Kapitel 4.1.2.). Es kann daher angenommen werden, dass für die mesolithischen/neolithischen Wildschweine (WS 3, 7, 101, 102, 103) auch der Genotyp 101/101 vorherrschte, der die heutigen Wildschweinpopulationen dominiert und zu der typischen Wildschweifärbung führt. Bei den untersuchten Hausschweinen HS 60 und HS 61 konnte nachgewiesen werden, dass sie mindestens das Allel E^{D2} , Genotyp 301 (dominant schwarz) oder sogar E^P , Genotyp 501, 502, 503 (schwarz gepunktet) tragen. Für die Probe HS 58, die den Haplotypen ANC-Y1-6A trägt und damit eine mütterliche Abstammungslinie in den Nahen Osten zeigt, ließ sich der Genotyp auf 503 eingrenzen, welcher heute in den Rassen Bunte Bentheimer und der Landrace gefunden wird. Dieses Schwein wird sich in der Fellfarbe stark von den Wildschweinen abgehoben haben mit einer weißen Grundfärbung und schwarzen Flecken. Bei der archäozoologisch als Wildschwein bestimmten Probe WS 24 ergab sich, dass das Tier nicht Träger des Wildtyp Allels ist, sondern mindestens das Allel 301 oder 501 tragen muss. Das Tier trug wie die Hausschweine HS 60 und 61 einen Phänotyp, der sich von dem der Wildschweine abgrenzt (Abb. 73).

Die Ergebnisse für die mittelalterlichen Hausschweine zeigen, dass keines der Tiere den Genotyp trägt, der für europäische Wildschweine gefunden wurde. Alle Tiere, deren Genotyp eindeutig bestimmt werden konnte, tragen den Typ 501/501 (Kapitel 4.2.2.2.). Nach FANG ET AL. (2009) sind die Allele typische Vertreter europäischer Schweine (Abb. 73). Sie indizieren einen Phänotyp E^P , der sich von den Wildschweinen unterscheidet und als schwarz gepunktet in Erscheinung tritt. Dieser Genotyp wurde auch in traditionellen und modernen Zuchtschweinen in den Rassen Berkshire (schwarz mit weißen Punkten), Linderöd (weiß/rot mit schwarzen Punkten), Middle White (weiß), Tamworth (rot), Landrace (weiß), Large White (weiß) und Pietrain (weiß mit schwarzen Punkten) gefunden. Da dieser Genotyp einen Fellfarbenphänotypen bedingt, der sich stark von dem des Wildschweins absetzt, ist anzunehmen, dass die mittelalterlichen Hausschweine sich deutlich von den zeitgleichen Wildschweinen abhoben. Zwar wurden die Schweine (s.o.) häufig auf hochmittelalterlichen Bildquellen noch mit einem Phänotyp dargestellt, der dem des Wildschweins gleicht, doch sprechen die hier vorgelegten Ergebnisse für ein anderes Erscheinungsbild. Aus römischen Bildquellen ist bekannt, dass zu dieser Zeit Phänotypen existierten, die durch Zucht stark von den Wildschweinen abwichen, z. B. im Fettansatz, der Fellfärbung oder Kopfform. So verwundert es nicht, dass möglicherweise im Mittelalter verschiedene Zuchttiere mit unterschiedlichen Phänotypen in Europa existierten.

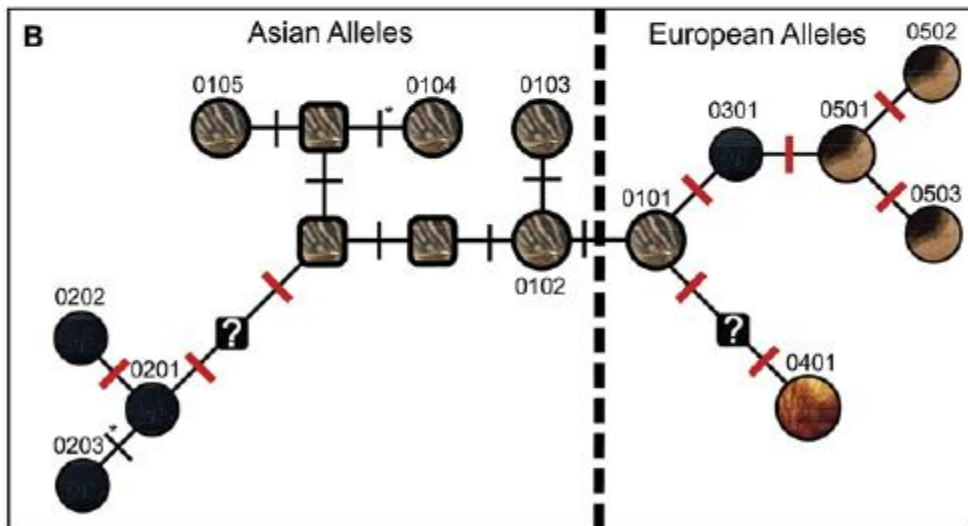


Abb. 73, MC1R-Genotypen und ihre phänotypischen Ausprägungen nach FANG ET AL. (2009).

Zusammenfassend kann festgestellt werden, dass die Analyse des Genotyps eine technische Herausforderung ist und stark vom Erhaltungsgrad der DNA abhängig bleibt, doch wichtige Erkenntnisse liefert, wenn es darum geht, den Domestikationsstatus eines Tieres zu bestimmen. Aufgrund des hohen Selektionsdruckes, der hinter den Veränderungen des Phänotyps steht, und der Verbindung zu zuchtrelevanten Faktoren, wie dem Fettansatz (siehe Kapitel 1.3.3.), könnte die Fellfarbe eines der ersten genetisch erfassbaren Veränderungen nach der Domestikation sein. Die Daten aus dieser Studie unterstützen dies und zeigen, dass sich Wild- und Hausschweine durch phänotypische Veränderungen voneinander abgrenzen lassen.

5.5. Archäologische Interpretation

Ein allgemeiner Kritikpunkt an dieser und an den meisten aDNA-Studien ist die geringe Datengrundlage, die sich nicht mit modernen populationsgenetischen Studien messen lässt. Dazu kommen die unsystematischen Fundlücken, die sich in der Archäologie nicht vermeiden lassen. Der größte limitierende Faktor von aDNA-Studien bleibt aber weiterhin der Erhaltungszustand der zu untersuchenden DNA. Die Datierung bezüglich kultureller Zuordnung kann im Rahmen dieser Arbeit nur sehr grob geschehen und folgt zumeist den Literaturangaben. Eine Datierung einzelner Funde mit der Radiokohlenstoffdatierung erfolgte nur in wichtigen Einzelfällen wie z.B. der Probe WS 24 (Tab. 54 bis 58).

Trotz dieser limitierenden Bedingungen konnten Daten von über 140 mesolithischen/neolithischen Proben aus ganz Europa gesammelt und zusammen mit den von G. LARSON ET AL. (2007) erhobenen verglichen werden. Dies stellt eine umfangreiche Datengrundlage dar, die bis jetzt bei aDNA Studien noch nicht erreicht wurde (BOLLONGINO 2005, HAAK 2006, FEHREN-SCHMITZ 2008, RENNEBERG 2008). Die Stichproben können mit Einschränkung, wie Esbeck-Schöningen, als repräsentativ angesehen werden. Somit kann der Vergleich eine Abschätzung der genetischen Wirklichkeit liefern. Es können Erkenntnisse auf der Basis der hier erhobenen Daten gezogen werden, die nicht nur Rückschlüsse auf Schweine, sondern auch auf ihre Halter erlauben.

Die Grundlage für eine Betrachtung der Phylogeografie der Schweine bildet die postglaziale Besiedlung bzw. Expansion der Wildschweine innerhalb Europas. Diese wird einerseits durch die synchronen Koaleszenz-Zeiten der meisten Haplogruppen gestützt (LARSON ET AL. 2005, 2007, SCANDURA ET AL. 2008, KIRSCHNING 2009) und andererseits durch die Vielzahl der ancestralen mtDNA-Linien, die wir in den Cytb-Daten der neolithischen/mesolithischen Individuen finden. Aufgrund der Unterscheidbarkeit im Bereich der LBK und den folgenden neolithischen Kulturen kann eine Richtungsdynamik festgestellt werden, d. h. Bewegungen von Schweinepopulationen in Raum und Zeit, wie sie z. B. für Migrationen oder Kolonisierungen postuliert werden (Abb. 74-82). Diese spiegelt sich in den vergleichbaren Frequenzen der europäischen Haplogruppen ANC-A und ANC-C und deren Subunterteilung durch das Cytb-Gen wider (Kapitel 5.3.) (Abb. 74 und 75). Die Schweinepopulationen der frühneolithischen/endmesolithischen Kulturen weisen mit ANC-A und ANC-C als Hintergrund paläolithisch bzw. mesolithisch charakterisierbare mtDNA-Haplogruppen auf (LARSON ET AL. 2007), welche allesamt nach der Eiszeit in Europa vorherrschend gewesen sein müssen. Dies bedeutet, dass Träger frühneolithischer Kulturen auf eine gemeinsame Gründerpopulation von Wildschweinen für die Domestikation zugreifen konnten. Diese Hypothese ist durchaus kompatibel mit den im archäologischen Fundmaterial angedeuteten Beziehungen zwischen verschiedenen Kulturen, wie z. B. der Ertebølle- und der LBK-Kultur (HARTZ ET AL. 2007).

Aus der Sicht der Archäologie drängt sich die Frage nach der genetischen Identität der Schweinepopulationen der spätmesolithischen bzw. frühbäuerlichen Kulturen auf. Wenn es möglich ist, die Schweinepopulationen von archäologisch definierten Kulturen, die eventuell tatsächlich existierende Einheiten darstellten, in genetischer Hinsicht zu differenzieren, schließt sich unmittelbar die Frage an, ob sich eventuell charakteristische Unterschiede zwischen den zu prüfenden genetischen Einheiten feststellen lassen. Damit könnte wiederum

ein Mosaikstein zur Beantwortung der Frage nach dem kulturellen Einfluss oder gar einem Wandel, welcher sich in den archäologischen Hinterlassenschaften deutlich belegen lässt, gefunden werden, der auch in der genetischen Struktur der betreffenden Schweinepopulationen nachweisbar ist. Die hier untersuchten maternalen Linien der Schweinepopulationen belegen eine basale Ähnlichkeit zwischen den Schweinen verschiedener Kulturen, wie Ertebølle und LBK.

Die Proben mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A lassen sich bis auf die Proben WS 24, WS 44 und WS 69 den frühneolithischen Hausschweinen zuordnen. Daher kann das Szenario, das von G. LARSON ET AL. (2007) diskutiert wird, bestätigt werden. Dabei sind die Haplogruppen unter den frühen domestizierten Tieren sehr häufig und können mit einiger Vorsicht als mit den neolithischen Bauern eingewandert betrachtet werden. In den nachfolgenden Generationen jedoch folgte eine Vermischung mit den zahlenmäßig überlegenen autochthonen Wildschweinpopulationen (LARSON ET AL. 2007), die diese bald völlig verdrängten (Abb. 74 bis 81 und Abb. 14 C-E). Das Erklärungsmodell, das hinter diesem Szenario steht, ist das biologische Modell der „leap frog colonization“, welches auch in der Archäologie Anwendung findet.

Betrachtet man die ersten klar bestimmbar Hausschweine in Schleswig-Holstein, finden wir mit dem Einsetzen der neolithischen Kultur die drei Haplotypen ANC-A, ANC-C und ANC-Y1 mit etwa den gleichen Frequenzen wie im restlichen Europa (Abb. 76 bis 81). Bis zum Ende des Neolithikums ist eine leichte Zunahme des Haplotyps ANC-A zu erkennen. Die Ergebnisse unterstützen daher die bereits formulierten Modelle und die Hypothesen zur Neolithisierung Europas. Im Verlauf des Neolithikums ist für ganz Europa zu sehen, dass die Häufigkeit der Hausschweine mit einem Nahost-Haplotypen abnimmt und die Bedeutung lokaler Haplotypen zunimmt (Abb. 74 bis 81). Besonders der Fundplatz Champ Durand (Abb. 78 und 79) zeigt durch das Auftreten nur eines Haplotyps (ANC-A) in einer repräsentativen Stichprobe, dass das Prinzip der Schweinehaltung bzw. der Zucht auf lokale Populationen angewandt wurde.

Einblicke in ein bis jetzt weitgehend nicht untersuchtes Gebiet geben uns die Proben aus Polen. Die sehr hohe Diversität der Haplotypen und das Auftreten der Haplotypen ANC-Y1-6A und -Y2-5A zu einem sehr frühen Zeitpunkt überrascht in dieser geografischen Lage. Archäologisch herrschte bis jetzt für den baltischen Raum die Forschungsmeinung vor, dass die Neolithisierung in Osteuropa langsamer vorgeschritten war und dementsprechend erst in der eigentlichen Bronzezeit die vollständige Neolithisierung, wie sie in Mitteleuropa definiert wird, erreicht wurde (DENNELL 1992, PRICE 2000, ZVELEBIL UND LILLIE 2000).

Populationsgenetische Studien an humaner aDNA unterstützen diese Ansicht (z. B. HAAK 2006). Anhand der gewonnenen Daten für Schweinepopulationen kann dieses Bild nicht mehr gestützt werden. Auch wenn die Datierung der untersuchten Proben als zu alt ausgefallen sein sollte, würde das Auftreten der Haplotypen und klar bestimmter Hausschweine für eine frühe und umfangreiche Übernahme der Viehwirtschaft sprechen. Verbreitungswege der neolithischen Ideen östlich der Schwarzmeerregion werden nur selten diskutiert, müssen aber als mögliche neue Route in Betracht gezogen werden.

Moderne Daten zeigen, dass die Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A in heutigen domestizierten Schweinepopulationen nicht mehr vorkommen. Die große Häufigkeit dieser Haplogruppen vor ca. 7500 Jahren lässt erkennen, dass eine nicht zu gering einzuschätzende Dynamik in Mitteleuropa nach dem frühen Neolithikum zu einer starken Ausdünnung und dann in der Bronzezeit (Abb. 74 bis 81 und Abb. 14 C-E) zu einer vollständigen Auslöschung dieser mütterlichen Linie geführt haben muss. Auch nachfolgende Wanderungen, Hybridisierungen und Selektion durch Zucht hatten einen ständigen und immer neu überlagernden Einfluss auf den maternalen Genpool. Die gleichen Haplogruppendiversitäten finden sich sowohl im Westen der LBK als auch im heutigen Bosnien und Rumänien. Dies bedeutet, dass es sich bei der Verbreitung nicht um ein kleinräumiges Phänomen gehandelt haben kann, welches durch einen lokalen Gründereffekt entstanden ist. Eine postneolithische Bevölkerungsdynamik scheint bis jetzt die plausibelste Erklärung für die Verdrängung der Haplotypen zu sein. Geringer hierfür sind die Belege aus archäologischer Sicht für vergleichbar große Umwälzungen, wie die der neolithischen Transition, welche eine starke Auswirkung auf die europäischen Schweinepopulationen in genetischer Hinsicht rechtfertigen (LÜNING 2000, GRONENBORN 2005). Die Herausbildung der heutigen Verteilung der Haplotypen ist daher unter der Berücksichtigung vieler größerer und kleinerer (prä)historischer Ereignisse und zuchtbedingter Eingriffe durch den Menschen zu sehen. Ein großer Bruch in der genetischen Varianz der Schweine zeichnet sich mit dem Beginn der bronzezeitlichen Hochkulturen ab (Abb. 80, 81 und Abb. 14 D-E). Dies zeigen die Daten aus den Proben aus Cantas, Spanien und aus der Studie von G. LARSON ET AL. (2007).

Offen bleibt, ob nur männliche oder weibliche Tiere gewandert bzw. mitgebracht worden sind. Das schnelle Verschwinden der Haplotypen würde für eine verstärkte Einwanderung von männlichen Individuen sprechen, welche aber für die Zucht eher ungeeignet wären. Simulationen von M. CURRAT UND L. EXCOFFIER (2005) zeigen, dass unabhängig von der Geschlechterverteilung, bereits ab einer hypothetischen 3 %igen Vermischung der neolithischen Immigranten mit der indigenen Bevölkerung Europas, die Einwanderer heute

nicht mehr nachweisbar wären. Zwar wurden diese Daten anhand von humanen mtDNA-Daten erhoben, liefern aber auch für Tiere eine Vorstellung, wie groß die gewanderten/mitgebrachten Populationen gewesen sein könnten.

Ein Problem dieses Erklärungsansatzes, der ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A als neolithischen Einfluss in Mitteleuropa ansieht, stellt die Tatsache dar, dass in Gebieten, dem dieser Haplotyp entstammen soll, diese nicht aus dem Neolithikum nachweisbar sind (LARSON ET AL. 2007). Zieht man den rezenten Datensatz der ANC-Y1-6A- und ANC-Y2-5A-Individuen zum Vergleich heran, zeigt sich auch hier, dass im geografischen Gebiet des Nahen Ostens bzw. in Südosteuropa nur sehr wenige Individuen mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A zu finden sind (LARSON ET AL. 2005, 2007, KIRSCHNING 2009).

Eine Einordnung der Haltungsbedingungen der frühneolithischen Schweine mit Hilfe von Isotopen wurde in einer Pilotstudie unternommen (Tab. 52 und 53). Die Ergebnisse zeigen die Tendenz einer unterschiedlichen Ernährungsgrundlage der spätmesolithischen Schweine gegenüber den neolithischen Hausschweinen im Oldenburger Graben. Im Rahmen der Pilotstudie wurden auch die Strontiumisotopen der Tiere gemessen, die bis auf die Probe WS 24 auf eine lokale Haltung hindeuten (Tab. 53). Die Probe WS 24 fällt aus dem Rahmen der lokalen Strontiumwerte. Es kann daher angenommen werden, dass das Tier an einem anderen Ort aufgewachsen ist und dort gejagt oder aus diesem Gebiet importiert wurde. Die Fundvergesellschaftung der Probe, datiert auf 4720-4582 cal BC (Tab. 54), mit einem Prestigeobjekt, einem verzierten Lochstab der Ertebølle Kultur, welcher auf 4620-4450 cal BC datiert ist (GOLDHAMMER 2008), zeigt die außerordentliche kulturelle Bedeutung dieser Probe. Dazu kommen die Ergebnisse der Phänotyp-assoziierten SNPs, die eine Fellfarbe erwarten lassen, die von dem der Wildschweine abweicht (Tab. 33 und 34, Kapitel 5.4.). Alles in Allem stellt die Probe WS 24 einen außerordentlichen Fund dar. Diese Probe könnte neben den nichtbiologischen Importfunden, wie Keramik und Steinbeile aus ertebøllezeitlichen Fundplätzen (HARTZ ET AL. 2007), der erste Beweis für einen direkten Kontakt, Austausch und eine Kommunikation zwischen den Trägern der LBK- und der Ertebølle-Kultur sein. Zudem wäre die Probe WS 24 mit einem sehr hohen Alter, das erste Haustier, das noch vor Rindern, Schafen und Ziegen in Schleswig-Holstein gelebt hat.

Für den Besiedlungsraum der Ertebøllekultur kann in diachroner Hinsicht eine Kontinuität einer Schweinepopulation in einem definierten Besiedlungsraum nachgewiesen werden. Für ganz Europa und durch das gesamte Neolithikum zeigt sich, dass die Wildschweine lokale europäische Haplotypen tragen (ANC-A und ANC-C). Die zu diskutierenden Proben WS 24,

WS 44 und WS 69 bilden mit dem Haplotypen ANC-Y1 Ausnahmen unter den als Wildschweine bestimmten Proben (Abb. 74 bis 81).

Allerdings wurde bei den drei Wildschweinproben WS 24, WS 44, WS 69 aus Siedlungen der Ertebølle Kultur der Haplotyp ANC-Y1-6A nachgewiesen. Für diese Befunde gibt es drei Erklärungsmodelle. Erstens könnte die archäozoologische Bestimmung des Domestikationsstatus nicht spezifisch genug gewesen sein und damit das Wildschwein ein Hausschwein sein, was durch die Fellfarbe und Isotopenanalysen in einer Probe (WS 24) gestützt wird. Diese Hypothese würde einen direkten Austausch zwischen der Ertebølle und der LBK Kultur belegen. Zweitens könnten Hausschweine aus LBK-Siedlungen verwildert und so als Wildschweine in die Gebiete der Ertebølle Kultur gelangt sein. Drittens könnte es sich um lokale wilde Tiere mit dem Haplotyp ANC-Y1-6A handeln. Es ist denkbar, dass sich paläoeuropäische Schweinepopulationen, die während der letzten Eiszeit in genetischer Hinsicht über die Refugien hinaus in Verbindung gestanden und sich nach dem Rückzug des Eisschildes wieder über ganz Europa ausgebreitet haben könnten. Die Haplotypen ANC-A, ANC-C, ANC-Y1-6A, ANC-Y2-5A und der italienische Haplotyp würden aufgrund ihrer phylogenetischen Ähnlichkeiten und dem häufigen Vorkommen hierfür in Betracht kommen (LARSON ET AL. 2005, 2007, SCANDURA ET AL. 2008, KIRSCHNING 2009). Das hätte zur Folge, dass Träger der Nahost-Haplotypen auch als lokal und europäisch zu betrachten wären. Dieses Szenario würde eher für einen Ideentransfer bzw. eine autochthone Domestikation der Schweine in Norddeutschland sprechen. In diesem Fall stellt sich die Frage, warum die häufigen Haplotypen ANC-Y1-6A und -Y2-5A in den Wildschweinen verschwunden sind. Es ist auffällig, dass bei Wild- und Hausschweinen die Haplotypen ANC-Y1-6A und -Y2-5A innerhalb des Neolithikums aus dem Genpool ausgelöscht wurden (HARTL 1994, KIRSCHNING 2009). Dies könnte auf einen noch unbekanntem biologischen Mechanismus hindeuten, z. B. eine schlechtere Reproduktionsrate oder Wachstum.

Die Mehrheit der neolithischen mitteleuropäischen beprobten Schweine besitzt in der Zeit zwischen 5500-4500 v. Chr., wie gezeigt werden konnte, charakteristische europäische Haplotypen (ANC-A und ANC-C), die je nach Region in ihrer Frequenz variieren. In Mitteleuropa treffen im Bereich der LBK Einflüsse aus mehreren Richtungen aufeinander. Eine Verbindung zu diesem Gebiet stellen die Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A dar, die auch in den Kulturen um das Schwarze Meer und in Bosnien zu finden sind. Eine Verbindung zu westasiatischen bzw. osteuropäischen Populationen im Vergleich mit heutigen Populationen ist nicht ersichtlich, wenngleich für einen Austausch in umgekehrter Richtung von Westen nach Osten das Vorhandensein der Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A

deutliche Indizien sind. Archäologische Befunde gibt es für den Austausch in dieser Richtung nur sehr wenige, was hauptsächlich mit der politischen Lage der vergangenen Jahrzehnte zu erklären ist. Einzelne archäologische wie auch genetische Daten deuten jedoch die Wichtigkeit dieser Gebiete an (HAAK 2006).

Insgesamt deutet sich für die Verbreitung der archäologischen Sachkultur, die unter der Epoche LBK zusammengefasst wird, ein vielschichtiger Prozess an, der abhängig vom einzelnen Fundplatz ein variierendes Bild von neuen Einflüssen, als auch unter diesen autochthon weiterentwickelten Elementen, aufzeigt (GRONENBORN 1999, 2003, 2005). Die unter Vorbehalt, aufgrund ihres Umfangs, zu betrachtende Stichprobe aus Polen zeigt im Kontrast zu der archäologischen Forschungslage eine sehr hohe Diversität der Haplotypen auf. Dies spricht generell gegen die Forschungsmeinung, dass in Osteuropa eine zeitlich verzögerte und langsame Annahme der bäuerlichen Lebensweise zu beobachten sei. Das Modell der „leapfrog colonization“ zeigt die höchsten Übereinstimmungen mit den gefundenen Daten und deren Interpretationen für den geografischen Raum der LBK (ZVELEBIL UND LILLIE 2000, ZVELEBIL 2000). Zu beachten ist, dass die Feinchronologien und regionalen kleinräumigen Ausprägungen der LBK Kultur in dieser Arbeit vernachlässigt wurden. Parallel zu den Hausrindern (BOLLONGINO ET AL. 2005) konnte gezeigt werden, dass die neolithischen Hausschweine Mitteleuropas genetisch identisch mit den Hausschweinen des Nahen Ostens sind und keine oder nur eine eingeschränkte autochthone Domestikation in Europa stattgefunden hat. Dies bedeutet, dass Schweine, Rinder, Schafe und Ziegen gehandelt wurden. Ein direkter oder indirekter Kontakt zwischen den neolithischen Kulturen Mitteleuropas mit denen Vorderasiens kann damit belegt werden. Hieraus ergeben sich neue Fragestellungen, die im Rahmen der hier angefertigten Arbeit nicht abschliessend bearbeitet werden konnten. Die Haplotypen ANC-Y1 und ANC-Y2 müssen im Nahen Osten aus einem neolithischen Kontext nachgewiesen werden. Auch fehlt eine kleinräumige gutdatierte Beprobung der Übergangsregionen zwischen der Starčevo-Körös-Criș- und der LBK-Kultur. Gleichzeitig werfen die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit weitere Fragen auf. Die Bedeutung der osteuropäischen Gebiete für die Neolithisierung ist bis jetzt nicht geklärt und bedarf einer grundlegenden Betrachtung durch die Genetik und die Archäologie. Hier bieten sich eine multidisziplinäre Herangehensweise an, die ein detailliertes Bild dieser komplexen Transition erbringen könnte, wie z. B. der Isotopen, der DNA, sowie der Klimaforschung (PRICE ET AL. 2001, BENTLEY ET AL. 2002, GRONENBORN 2003, 2005). Hinzu kommen die soziopsychologischen Aspekte der Neolithisierung, die nur in Anfängen erforscht sind (Prien 2005).

Für das Frühmittelalter ließ sich keine Unterscheidung zwischen den Proben und damit den Fundplätzen und deren kulturelle Zugehörigkeit feststellen. Auch die unterschiedliche Nutzung des Schweins in verschiedenen Siedlungsformen, wie Burg, Stadt, proturbane und dörfliche Siedlung ist nicht festzustellen. Wie in Kapitel 5.1. dargestellt ist der Erhaltungszustand der aDNA in den Proben mit einem Amplifikationserfolg von durchschnittlich 70 % sehr gut. Auch ist dieser Zeitabschnitt in den meisten aDNA-Studien über Tiere unberücksichtigt geblieben, sodass der Forschungsstand sehr spärlich ist und wenige Aussagen zulässt (Abb. 82). Es bleiben daher viele Fragen, die aus der archäologischen und archäozoologischen Forschung entstehen, offen. Diese außerordentliche Grundlage bietet die einmalige Chance, die Studie in Bezug auf Schweine aus dem Frühmittelalter der Ostsee- und Nordseeregion auszudehnen und auf nDNA Marker auszuweiten, um wichtige Fragen zu klären. Das MHC-Gencluster stellt sich hier, neben dem MC1R-Gen, als ein potenter Kandidat für die Betrachtung der Domestikation, zur Bildung lokaler sehr kleinräumiger Gruppen und zur Klärung von komplexen Immunantworten heraus.

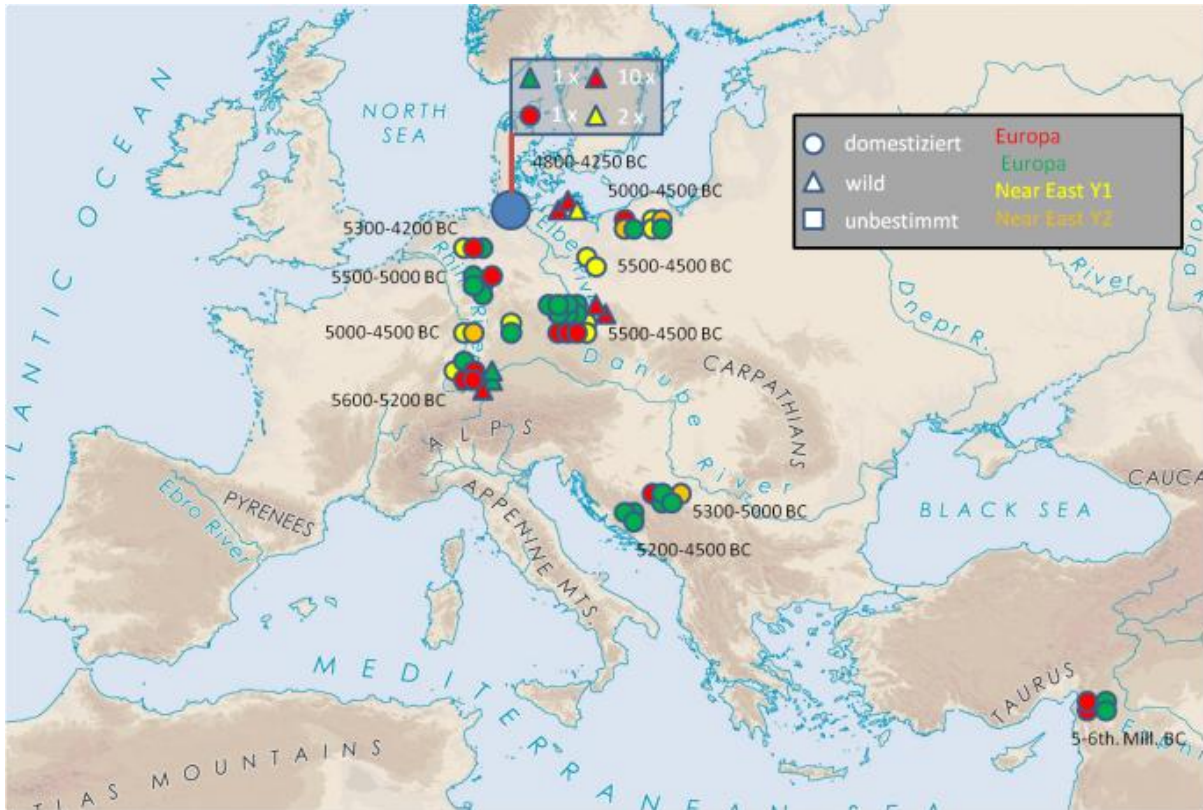


Abb. 74, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 5500-4500 v. Chr.

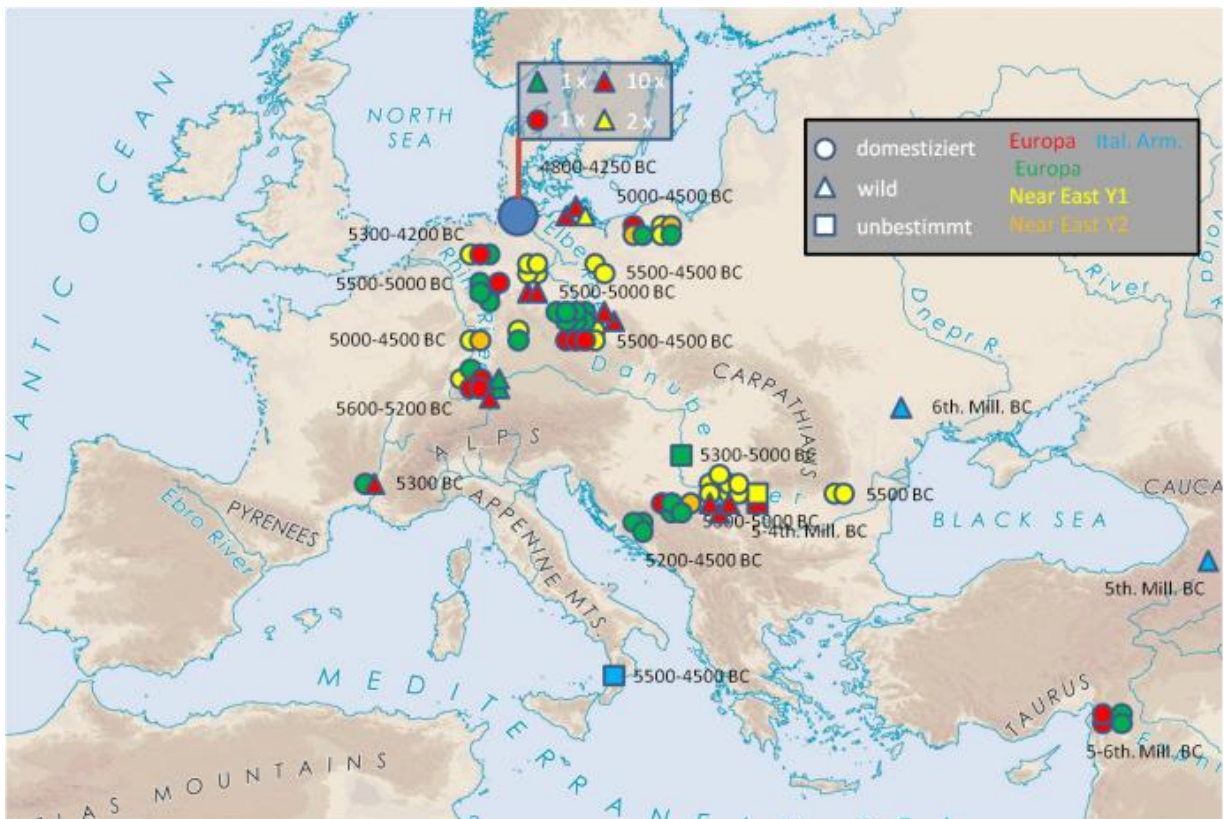


Abb. 75, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 5500-4500 v. Chr., ergänzt mit den Daten aus LARSON ET AL. 2007

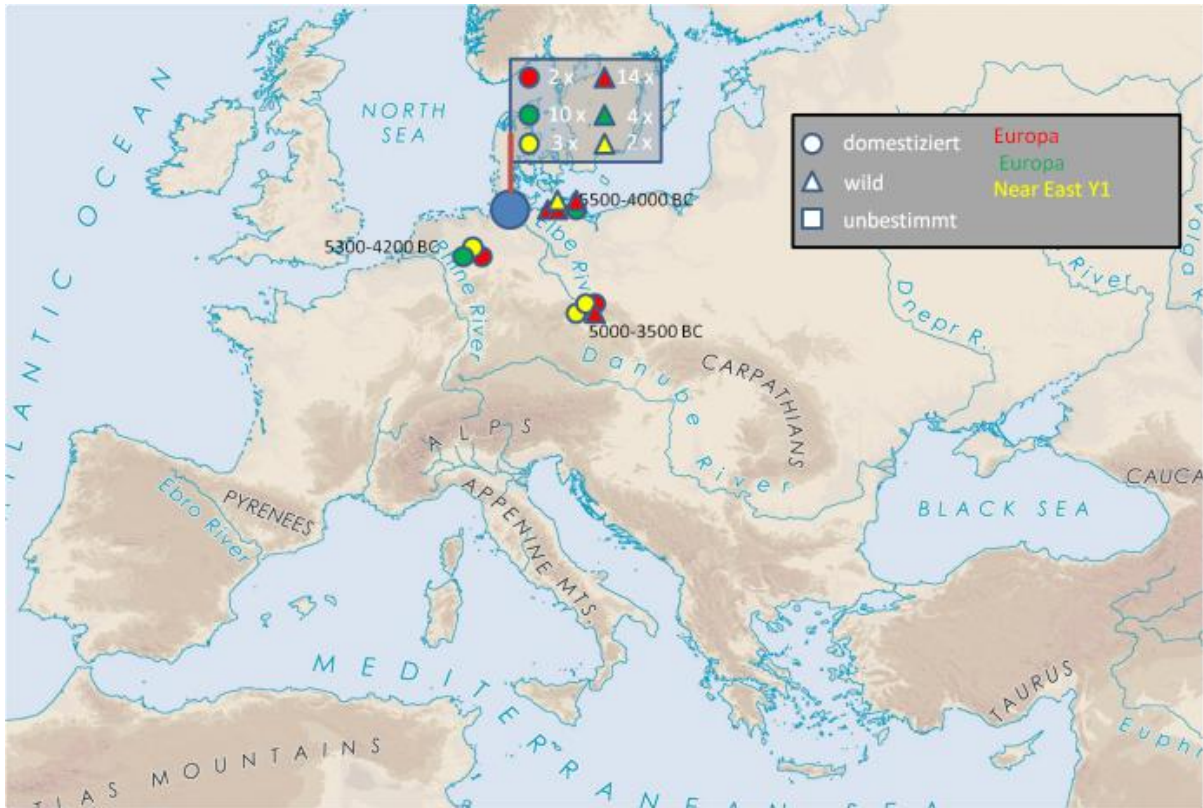


Abb. 76, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 4500-4000 v. Chr.

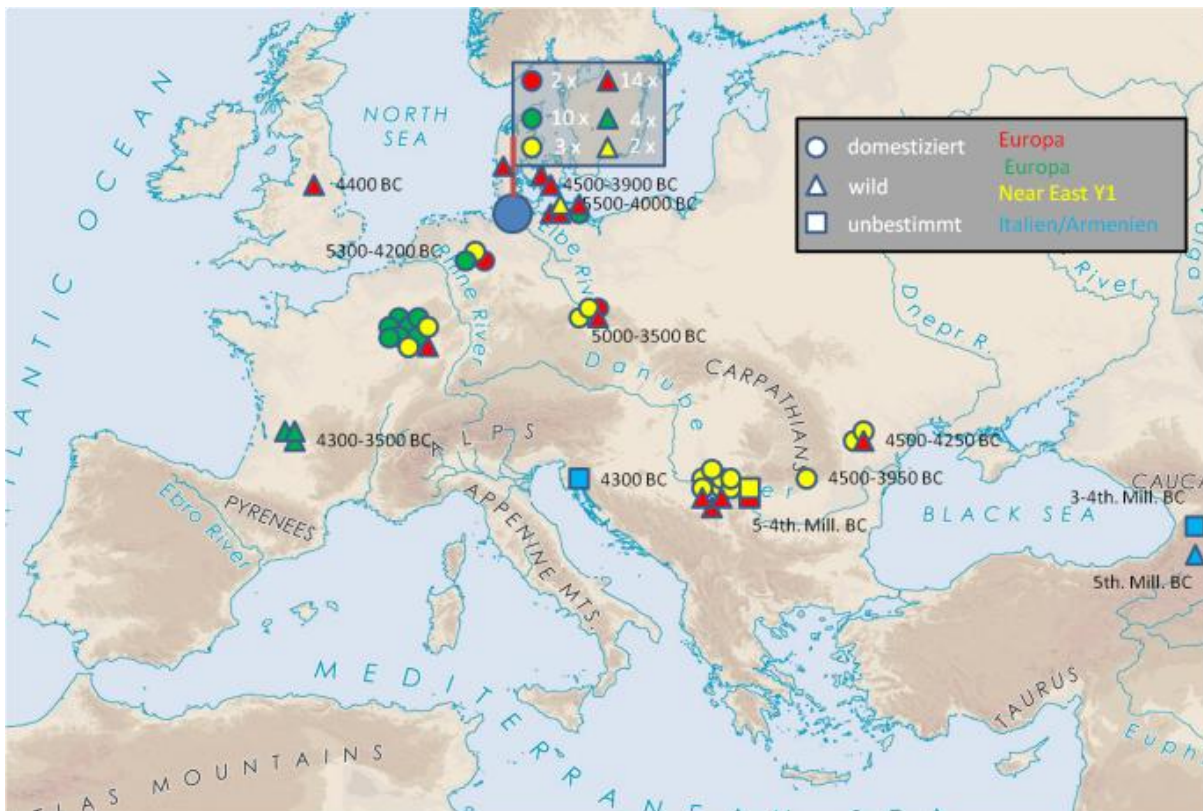


Abb. 77, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 4500-4000 v. Chr., ergänzt mit den Daten aus LARSON ET AL. 2007

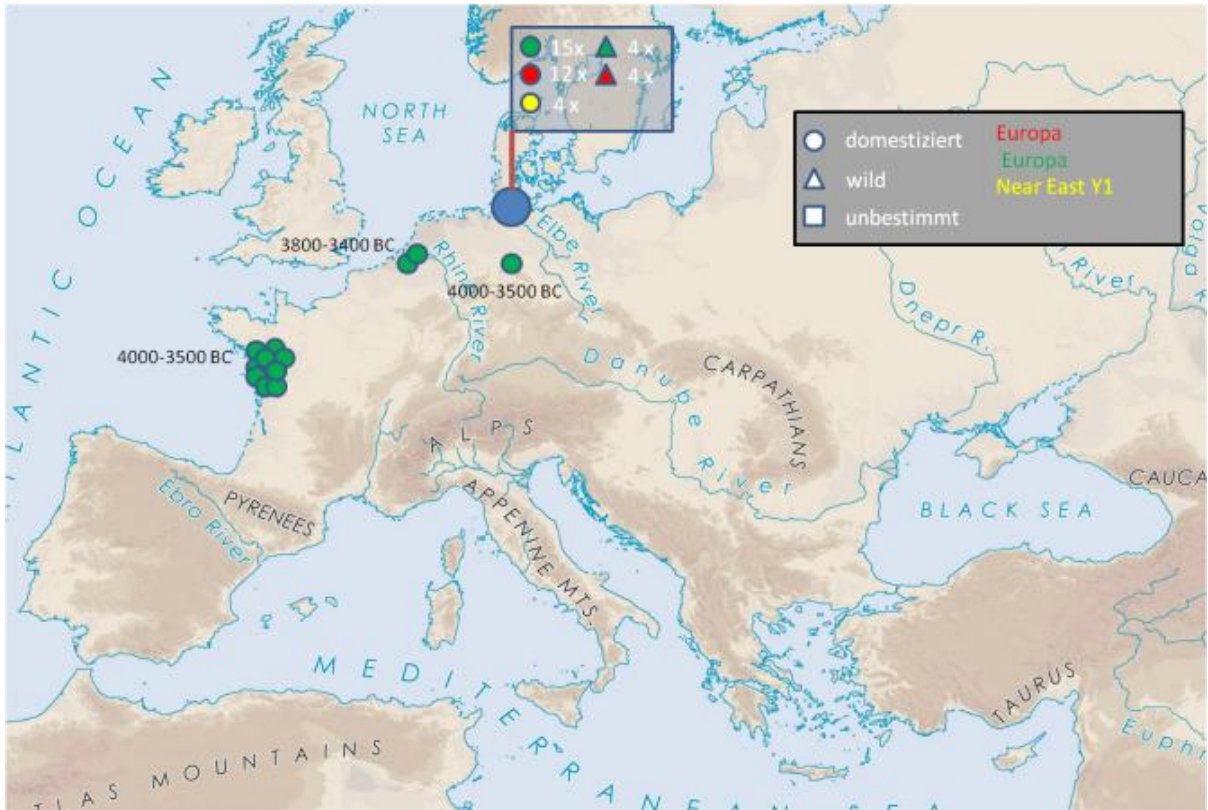


Abb. 78, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 4000-3500 v. Chr.



Abb. 79, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 4000-3500 v. Chr., ergänzt mit den Daten aus LARSON ET AL. 2007

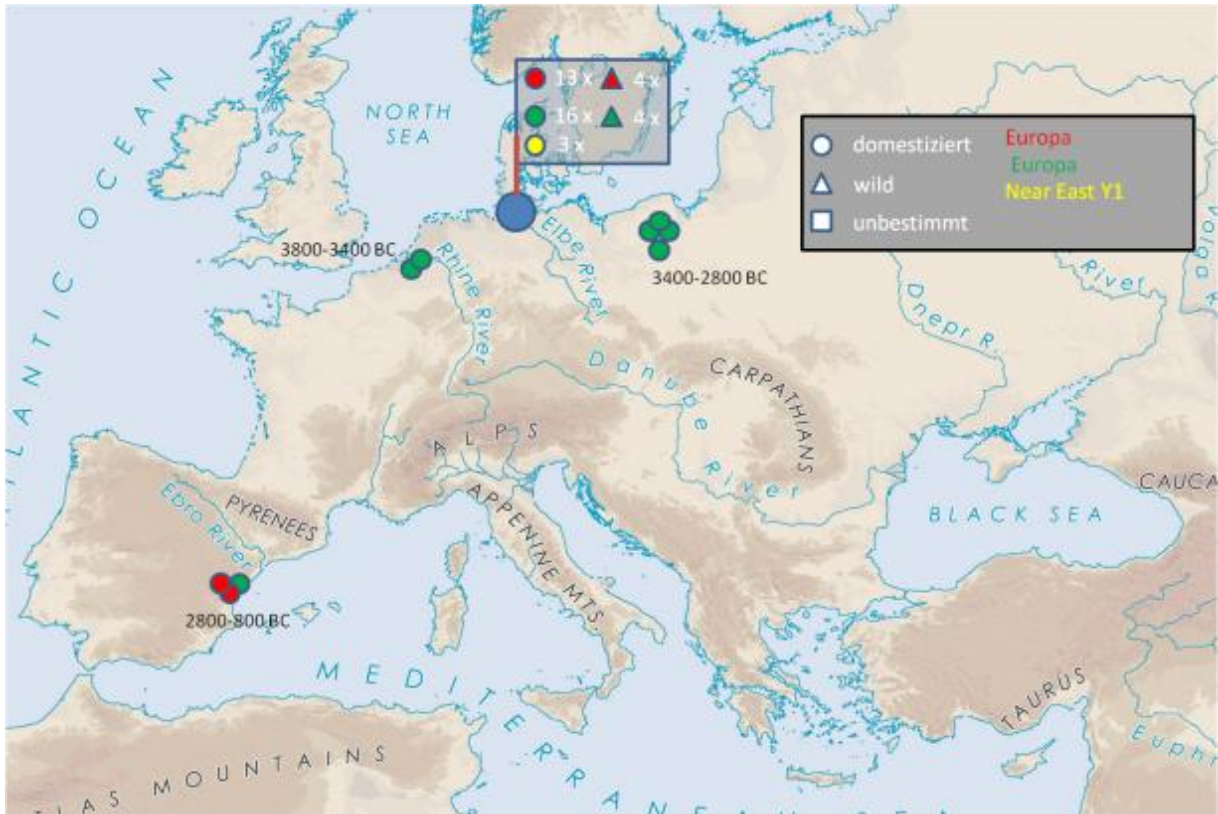


Abb. 80, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 3500-3000 v. Chr.

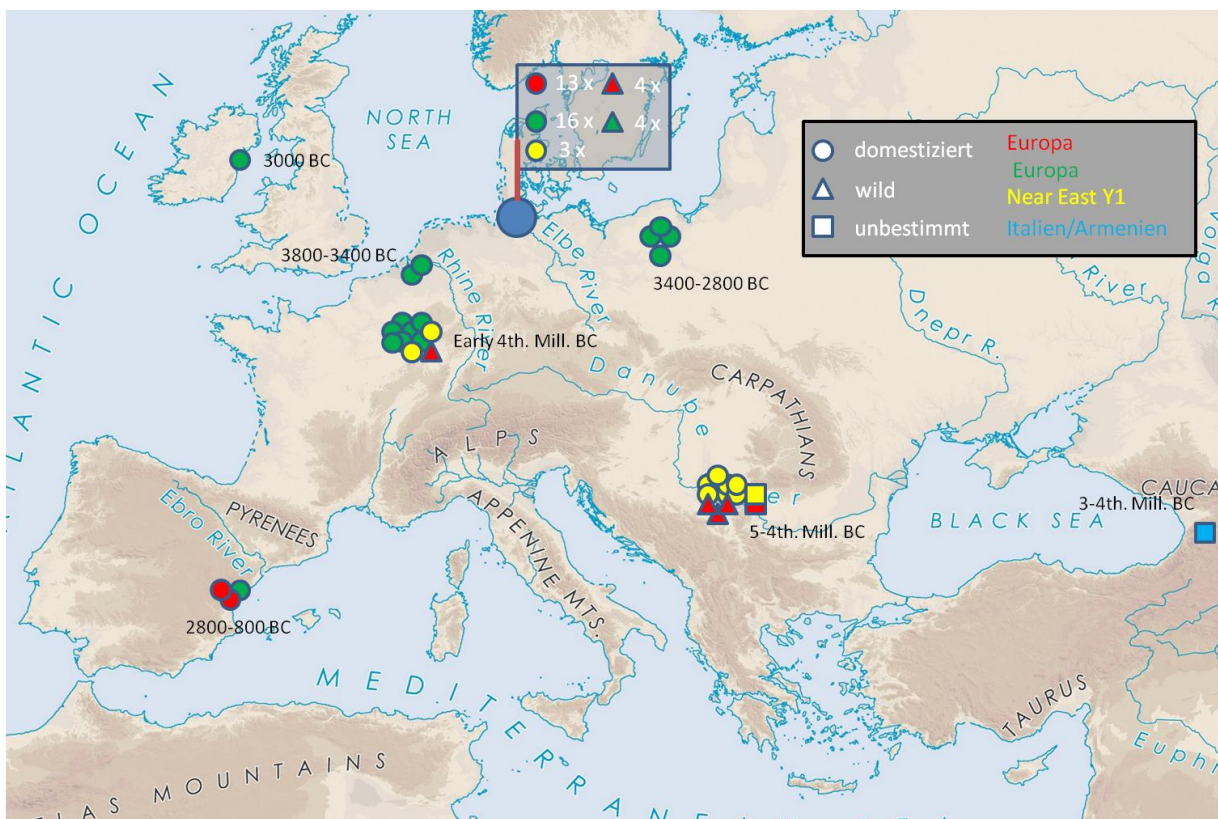


Abb. 81, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 3500-3000 v. Chr., ergänzt mit den Daten aus LARSON ET AL. 2007

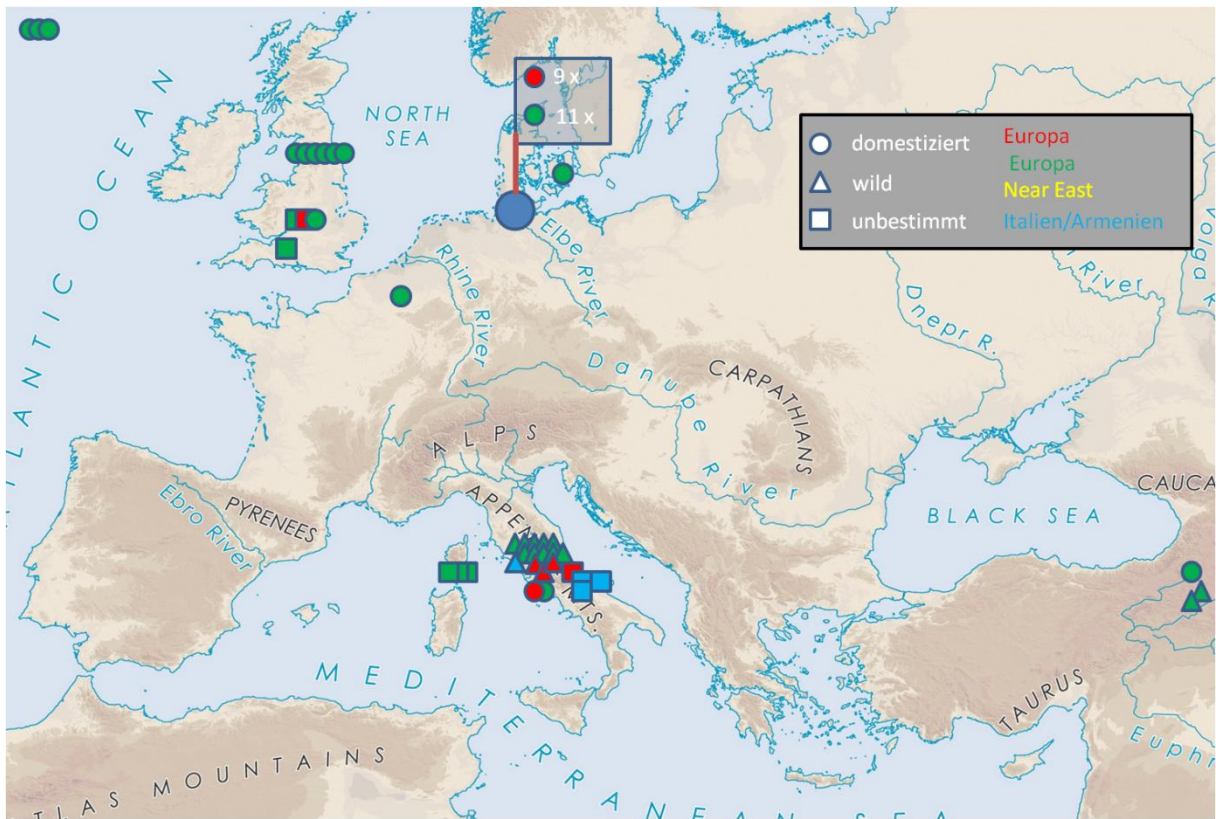


Abb. 82, Geografische Verteilung der gefundenen Haplotypen mit einer Datierung zwischen 0-1300 n. Chr., ergänzt mit den Daten aus LARSON ET AL. 2007

6. Zusammenfassung

Die Erforschung und Rekonstruktion der Interaktion zwischen den Menschen und ihren Haustieren und deren soziokultureller Einfluss hat eine lange Forschungsgeschichte. In der vorliegenden Arbeit wurden die Domestikation und die Haltung des Schweins (*Sus scrofa*) in Nordeuropa näher untersucht. Dabei wurden Methoden der Geistes- und Naturwissenschaften genutzt, die die Möglichkeit boten, eine Vielzahl unterschiedlicher Daten über Umweltbedingungen, Subsistenzstrategien und genetischen Zusammensetzungen der untersuchten Populationen zu generieren.

Im Rahmen der Arbeit wurden 348 archäologische Funde von Hausschweinen und 104 von Wildschweinen aus mesolithischen/neolithischen und frühmittelalterlichen Fundstätten untersucht. Es wurden mehrere Fragmente des mitochondrialen Genoms analysiert, verglichen und mit bereits vorhandenen Daten und einer Referenz-Kollektion von 64 modernen Wild- und Hausschweinen kombiniert. In durchschnittlich 44 % der neolithischen/mesolithischen und in über 70 % der frühmittelalterlichen Proben war eine reproduzierbare Amplifikation von mtDNA möglich. Zudem wurde eine Analysemethode für das nukleäre MC1R-Gen entwickelt und angewendet, um eine verlässliche Aussage über die Fellfarbe von Schweinen bei geringsten DNA-Mengen zu erhalten.

Durch die Analyse von einem D-Loop-Fragment und vier Cytb-Fragmenten aus dem mtGenom war es möglich, die mesolithisch/neolithischen Schweinepopulationen durch Zeit und Raum zu differenzieren. Die Proben verteilen sich auf vier Haplogruppen, dabei sind die europäischen Haplogruppen (vertreten durch die Haplotypen ANC-A und ANC-C) in 80 % der Hausschweine und die Haplogruppe aus dem Nahen Osten (vertreten durch die Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A) in 20 % der Hausschweine nachweisbar. Die Wildschweinpopulationen in Europa sind Träger der europäischen Haplogruppen ANC-A und ANC-C. Damit belegen die Hausschweine mit den Haplotypen ANC-Y1-6A und -Y2-5A in den neolithischen Fundstätten eine mütterliche Abstammungslinie aus dem Nahen Osten. Dies beweist, dass Schweine wie Rinder, Ziegen und Schafe eingeführt wurden. Die gefundenen genetischen Daten sprechen für eine Ausbreitung der Neolithischen Kultur nach dem „leap frog colonization“-Modell.

In den untersuchten Gruppen zeigt sich eine höhere Haplotypen-Diversität als in modernen Wild- und Hausschweinpopulationen. Der Selektionsdruck durch Zucht und Haltung führte bei Hausschweinen schnell zu einem Verschwinden der Haplotypen aus dem Nahen Osten. Die starke Abnahme der Diversität bei den Wildschweinen könnte auf direkte und indirekte

Faktoren, wie z. B. auf den Verlust an Lebensraum oder die schlechte Anpassung an das Klima und die Landschaft Nordeuropas zurückzuführen sein.

Anhand der mtDaten ist keine direkte Differenzierung zwischen domestiziert und wild zu treffen. Eine indirekte Differenzierung ist möglich durch die Kombination mit archäologischen Hypothesen. Da in Europa nur die Hausschweine Träger der Haplotypen ANC-Y1-6A und ANC-Y2-5A sind, können alle Schweine, die eine Haplogruppe aus dem Nahen Osten besitzen, in Europa als domestiziert angesehen werden. Über die Analyse des MC1R-Gens und damit der Bestimmung der Fellfarbe war eine Differenzierung zwischen wild und domestiziert möglich. Es konnten für drei Hausschweine und ein Wildschwein ein vom Wildtyp abweichender Genotyp und als schwarz gepunktet beschriebener Phänotyp ermittelt werden.

Erstmalig wurde bei drei Wildschweinen aus Siedlungen der Ertebølle Kultur der Haplotyp ANC-Y1 nachgewiesen. Für diesen Befund gibt es drei mögliche Erklärungsmodelle. Erstens könnte die archäozoologische Bestimmung des Domestikationsstatus nicht spezifisch genug gewesen sein und damit das Wildschwein ein Hausschwein sein, was durch die Fellfarbe und Isotopenanalysen in einer Probe (WS 24) gestützt wird. Diese Hypothese würde einen direkten Austausch zwischen der Ertebølle und der LBK Kultur belegen. Zweitens könnten Hausschweine aus LBK-Siedlungen verwildert und so als Wildschweine in die Gebiete der Ertebølle Kultur gelangt sein. Drittens könnte es sich um lokale wilde Tiere mit dem Haplotyp ANC-Y1 handeln, die sich während der letzten Eiszeit bis nach Nordeuropa ausgebreitet haben. Das hätte zur Folge, dass Träger der Nahost-Haplotypen auch als lokal und europäisch zu betrachten wären. Dieses Szenario würde eher für einen Ideentransfer bzw. eine autochtone Domestikation der Schweine in Norddeutschland sprechen.

In den frühmittelalterlichen Proben wurde eine sehr hohe Homogenität der mitochondrialen Haplotypen gefunden, die eine lange Tradition von Zucht und damit bedingter genetischer Selektion belegt. Die genetischen Ergebnisse zeigten keine Assoziation mit den verschiedenen friesischen, sächsischen, slawischen und dänischen Kulturgruppen. Auch die Analyse des MC1R-Gens zeigte ein einheitliches Ergebnis. Die Tiere waren Träger der Allele 501/501 und haben damit einen Phänotyp E^P, der sich von den Wildschweinen unterscheidet und als schwarz gepunktet in Erscheinung tritt.

Die Erfassung einer Vielzahl genetischer Informationen im Rahmen dieser Arbeit leistet einen Beitrag zur Klärung der Phylogenetik der Schweine. Darüber hinaus tragen die Ergebnisse zur Kontextualisierung und Rekonstruktion der Subsistenzstrategie und den sozioökonomischen Begebenheiten im Neolithikum Nordeuropas und dem Frühmittelalter Norddeutschlands bei.

7. Summary

The exploration and reconstruction of the interaction between humans, their domestic animals and their sociocultural influences have a long research history. The focus of this work is the domestication and the keeping of the pig (*Sus scrofa*) in Northern Europe during the Neolithic and early medieval times. This study applied approaches from the humanities and natural sciences to generate a multiplicity of data over different environmental conditions, which offered the possibility to clarify the biological compositions of the examined pig populations and the life strategies and living conditions of past societies. In this study, 348 domestic pigs and 104 wild boars from Mesolithic/Neolithic and early medieval sites were examined. Several fragments of the mitochondrial genome (mtDNA) were analyzed and compared with already existing data from databases and a reference collection of 64 modern wild boars and domestic pigs. It was possible to amplify mtDNA for 44 % of the Neolithic/Mesolithic and for 70 % of the early medieval samples. Furthermore, an analysis method utilizing SNPs associated with phenotype was developed and applied for a reliable estimation of the coat color from the smallest quantities of DNA.

It was possible to differentiate the Mesolithic/Neolithic pig populations by time and space, within the analysis of one D-loop-fragment and four cytochrome b (*cytb*)-fragments of the mtDNA. Four haplogroups could be identified in the results, the European haplogroups (represented by the haplotypes ANC-A and ANC-C) is found in 80% of the domestic pigs and the Near Eastern haplogroups (represented by the haplotypes ANC-Y1-6A and ANC-Y2-5A) in 20% of the domestic pigs. The wild boar populations in Europe are posed the European haplogroups ANC-A and ANC-C. Thus the domestic pigs with the haplotypes ANC-Y1-6A and -Y2-5A in the Neolithic period shows a maternal lineage from the Near East. This indicates that the domestic pigs were introduced into Europe in a similar way as other animals such as cattle, goats and sheep from the Near East. The observed genetic data supports the scenario that the Neolithic transition could be explained by the “leap frog colonization“-model. Higher haplotype diversity was observed in the examined ancient samples than in modern wild and domestic pig populations. The genetic selection of domestic pigs through breeding could have led to a fast disappearance of the haplotypes from the Near East. The strong reduction of the diversity within the wild boars could be due to direct and indirect factors, e.g. the loss of habitat or poor adaptation to the climate and the landscapes of Northern Europe.

It was not possible to differentiate domestic and wild pigs based on the mtDNA data. Combining the genetic data with the archaeological context allowed some distinction between the two animals. Due to the fact that only the domestic pigs carried the haplotypes ANC-Y1-6A and ANC-Y2-5A in Europe, all European pigs assigned to a haplogroup from the Near East can be considered domestic. The analysis of the MC1R gene shows a clear differentiation between wild and domestic pigs according to coat color. The genotype of three domestic pigs and a wild boar were determined; all of them are reflecting black-spotted phenotypes, which differ from the wild type.

For the first time, the haplotype of three wild pigs from settlements of the Ertebølle culture could be assigned to ANC-Y1. Three possible explanations for this finding are possible. First, the archaeozoological determination of the domestication-status is not sensitive enough and thus domestic pigs have been determined as wild. This is supported by the coat color and isotope analyses of one sample (WG 24). This hypothesis would suggest a direct exchange between the Ertebølle and the LBK culture. Second, feral pigs from LBK settlements have immigrated as wild boars into Ertebølle settlements. Third, this may reflect local wild animals with the haplotype ANC-Y1, which spread until the last ice age into Northern Europe. The result shows that the Near East haplotypes could be regarded as local and European. Furthermore, this can be interpreted as an “idea transfer” and/or an autochthonous domestication of the pigs in Northern Germany.

Samples from the early medieval sites are genetically very homogeneous, which shows a long tradition of breeding and thereby continuous genetic selection. The genetic results did not show an association with the different cultural groups such as Friesian, Saxony, Slavonic and Danish. The results of the MC1R gene corroborate this. The animals showed the allele 501/501, which is the phenotype E^P described as black-spotted, and differs from the wild type. The collection of a multiplicity of genetic information in the context of this work contributes to the clarification of the pig phylogeny. Beyond that, the results contribute to the contextualization and reconstruction of the subsistence strategy of the Neolithic of Northern Europe and the early medieval period of Northern Germany.

8. Literatur

- Adachi, S.; Nakano, T.; Vliagoftis, H.; Metcalfe, D.D. (1999): Receptor-mediated modulation of murine mast cell function by α -melanocyte stimulating hormone. *The Journal of Immunology*, 163, 3363-3368,
- Adcock GJ, Dennis ES, Eastal S, Huttley GA, Jermin LS, Peacock WJ, Thorne A (2001): Mitochondrial DNA sequences in ancient Australians: Implications for modern human origins. *PNAS* 98:537-542 Al-Zahery N, Semino O, Benuzzi G, Magri C, Passarino G, Torroni A, Santachiara-Benerecetti AS (2003) Y-chromosome and mtDNA polymorphisms in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations. *Mol Phylogenet Evol* 28:458-472.
- Adler M (2007): Degradierungsmuster alter DNA - Quantifizierung von DNA Erhaltung unterschiedlicher chromosomaler Lokalisation durch Real-Time-PCR. Diplomarbeit Biol. Fak. Univ. Göttingen / Jena, Göttingen.
- Albarella, U. (2007): Pigs and humans: 10.000 years of interaction, Oxford Univ. Press, New York.
- Albarella, U. (2010): The Wild Boar. in: O'CONNOR, TERRY & SYKES, NAOMI (EDS.): Extinctions and Invasions: A Social History of British Fauna, 59-67, Oxford.
- Alves E., Ovilo C, Rodríguez MC, Silió L. (2003): Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Anim Genet*. 2003 Oct;34(5):319-24.
- Alves-Silva J, da Silva SM, Guimaraes PE, Ferreira AC, Bandelt HJ, Pena SD, Prado VF (2000): The ancestry of Brazilian mtDNA lineages. *Am J Hum Genet* 67:444-461
- Ammerman A, Cavalli-Sforza L (1984): The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe. Princeton Univ. Press, New Jersey
- Amos W und Aceved-Whitehouse K (2009): 'A new test for genotype - fitness associations reveals a single microsatellite allele that strongly predicts the nature of tuberculosis infections in wild boar', *Molecular Ecology Resources* 9(4), 1102-1111.
- Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJ, Staden R, Young IG (1981): Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature* 290:457-465
- Anthony DW (1990): Migration in Archaeology: The Baby and the Bathwater. *American Anthropologist* 92: 895-914
- Anthony DW, Brown DR (1991): The origins of horseback riding. *Antiquity* 65:22-38
- Arndt B. (1998): Die Toten und die Lebenden. Ein Siedlungs- und Bestattungsplatz der linienbandkeramischen Kultur in Göttingen-Grone. *Archäologie in Niedersachsen* 1, 1998, 16-20.
- Bailey JF, Richards MB, Macaulay VA, Colson IB, James IT, Bradley DG, Hedges RE, Sykes BC (1996): Ancient DNA suggests a recent expansion of European cattle from a diverse wild progenitor species. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 263:1467-1473
- Bandelt HJ (2005): Mosaics of ancient mitochondrial DNA: positive indicators of nonauthenticity. *Eur J Hum Genet* 13 [10]: 1106-1112
- Bandelt HJ, Kong QP, Parson W, Salas A (2005): More evidence for non-maternal inheritance of mitochondrial DNA? *J Med Genet* 42 (12): 957-960
- Bandelt HJ, Herrnstadt C, Yao YG, Kong QP, Kivisild T, Rengo C, Scozzari R, Richards M, Villems R, Macaulay V, Howell N, Torroni A, Zhang YP (2003): Identification of Native American founder mtDNAs through the analysis of complete mtDNA sequences: some caveats. *Ann Hum Genet* 67 [6]: 512-524

- Bandelt HJ, Forster P, Rohl A (1999): Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol* 16 [1]: 37-48
- Bar-Gal GK, Khalaily H, Mader O, Ducos P, Horwitz LK (2002): Ancient DNA Evidence for the Transition from Wild to Domestic Status in Neolithic Goats: A case study from the site of Abu Gosh, Israel. *Ancient Biomolecules* 4:9-17
- Barker G (1985): *Prehistoric Farming in Europe*. Cambridge University Press, Cambridge
- Barnes I, Matheus P, Shapiro B, Jensen D, Cooper A (2002): Dynamics of Pleistocene population extinctions in Beringian brown bears. *Science* 295:2267-2270
- Becker, C. (1980): Untersuchungen an Skelettresten von Haus und Wildschweinen. Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 15. Neumünster.
- Beja-Pereira A, Caramelli D, Lalueza-Fox C, Vernesi C, Ferrand N, Casoli A, Goyache F, Royo LJ, Conti S, Lari M, Martini A, Ouragh L, Magid A, Atash A, Zsolnai A, Boscato P, Triantaphylidis C, Ploumi K, Sineo L, Mallegni F, Taberlet P, Erhardt G, Sampietro L, Bertranpetit J, Barbujani G, Luikart G, Bertorelle G (2006): The origin of European cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 103(21): 8113-8118
- Belkhir, K.; Borsa, P.; Chikhi, L.; Raufaste, N. & Bonhomme, F. (1996-2004), 'GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations', Technical report, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Belyaev DK (1979): Destabilizing selection as a factor in domestication. *J Hered* 70: 301-308
- Benecke, N. (1994): Archäologische Studien zur Entwicklung der Haustierhaltung in Mitteleuropa und Südsandinavien von den Anfängen bis zum ausgehenden mittelalter, Akad. Verl., Berlin.
- Benecke, N. (1993): *Exploitation des Animaux Sauvage à travers le Temps*, Editions AAPDCA. Juan-les-Pins, pp. 233-245.
- Benecke, N (1988): Archäozoologische Untersuchungen an Tierknochen aus der frühmittelalterlichen Siedlung von Menzlin, Materialhefte zur Ur- und Frühgeschichte Mecklenburgs 3, Schwerin
- Bentley RA, Chikhi L, Price TD (2003): The Neolithic transition in Europe: comparing broad scale genetic and local scale isotope evidence. *Antiquity* 77:63-66
- Bentley RA, Price TD, Lüning J, Gronenborn D, Wahl J, Fullagar PD (2002): Prehistoric Migration in Europe: Strontium Isotope Analysis of Early Neolithic Skeletons. *Current Anthropology* 43:799-804
- Binladen J, Wiuf C, Gilbert MT, Bunce M, Barnett R, Larson G, Greenwood AD, Haile J, Ho SY, Hansen AJ, Willerslev E (2006): Assessing the fidelity of ancient DNA sequences amplified from nuclear genes. *Genetics* 172 [2]: 733-741
- Boessneck J. (1977): Die Tierknochen aus der Siedlung der Rössener Kultur von Schöningen, Kr. Helmstedt, Eichendorfstr., und die Probleme ihrer Ausdeutung. In: *Neue Ausgrabungen und Forschungen in Niedersachsen* 11, 153-158.
- Bogenhagen D, Clayton DA (1974): The number of mitochondrial deoxyribonucleic acid genomes in mouse L and human HeLa cells. Quantitative isolation of mitochondrial deoxyribonucleic acid. *J Biol Chem.* 249 [24]: 7991-7995
- Bogucki P (1988): *Forest farmers and stockherders. Early agriculture and its consequences in North-Central Europe*. Cambridge University Press, Cambridge
- Bökönyi S. (1974): *History of Domestic Mammals in Central and Eastern Europe*. Budapest.
- Bollongino R, Edwards CJ, Alt KW, Burger J, Bradley D (2005): Early history of European domestic cattle as revealed by ancient DNA. *Biol. Lett.* Published online December 2005 Bowcock AM, Ruiz-Linares A, Tomfohrde J, Minch E, Kidd JR, Cavalli-Sforza LL (1994) High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature* 368:455-457

- Bollongino R (2005): Die Herkunft der Hausrinder in Europa. Eine aDNA-Studie an neolithischen Knochenfunden. Johannes Gutenberg Universität Mainz
- Bollongino R, Burger J, Alt KW (2003): Import oder sekundäre Domestikation? Der Ursprung der europäischen Hausrinder im Spiegel molekulargenetischer Analysen an neolithischen Knochenfunden. *Beitr z Archäozool u Prähist Anthropol* IV: 211-217
- Bollongino R (2000): Speziesidentifikation an Spuren-DNA. Bestimmung humanökologisch relevanter Tierarten aus historischen, musealen und forensischen Materialien durch Sequenzierung mitochondrialer Genorte. Institut für Zoologie und Anthropologie, Abteilung Historische Anthropologie und Humanökologie, Georg-August-Universität Göttingen
- Bonilla C, Boxill LA, Donald SA, Williams T, Sylvester N, Parra EJ, Dios S, Norton HL, Shriver MD, Kittles RA (2005): The 8818G allele of the agouti signaling protein (ASIP) gene is ancestral and is associated with darker skin color in African Americans. *Hum Genet* 116(5): 402-406
- Bouwman AS, Brown TA (2004): The limits of biomolecular palaeopathology: ancient DNA cannot be used to study venereal syphilis. *J Arch Sci* 32: 703-715
- Bramanti B, Hummel S, Chiarelli B, Herrmann B (2003): Ancient DNA analysis of the delta F508 mutation. *Hum Biol* 75:105-115
- Bramanti B, Thomas MG, Haak W, Unterlaender M, Jores P, Tambets K, Antanaitis-Jacobs I, Haidle MN, Jankauskas R, Kind CJ, Lueth F, Terberger T, Hiller J, Matsumura S, Forster P, Burger J. (2009): Genetic discontinuity between local hunter-gatherers and central Europe's first farmers. *Science*. Oct 2;326(5949):137-40. Epub 2009 Sep 3.
- Brotherton P, Endicott P, Sanchez JJ, Beaumont M, Barnett R, Austin J, Cooper A (2007): Novel high-resolution characterization of ancient DNA reveals C > U-type base modification events as the sole cause of post mortem miscoding lesions. *Nucleic Acids Res* 35 [17]: 5717-5728
- Brown WM, George M, Jr., Wilson AC (1979) Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A* 76:1967-1971
- Brown TA, Brown KA. (2011): *Biomolecular Archaeology: An Introduction*. Chichester: Wiley-Blackwell.
- Buckley M, Collins M, Thomas-Oates J, Wilson JC (2009): Species identification by analysis of bone collagen using matrix-assisted laser desorption/ionisation time-of-flight mass spectrometry. *Rapid Communications in Mass Spectrometry* 23: 3843-3854.
- Budiansky S. (1992): *The covenant of the wild: why animals chose domestication*. William Morrow, New York.
- Buikstra, J.E., P.V. Castro, R.W. Chapman, P. Gonzalez Marcen, L. M. Hoshower, V. Lull, M. Picazo, R. Risch & M.E. Sanahuja. (1995): Approaches to class inequalities in the later prehistory of south-east Iberia: the Gatas project, in K. Lillios (ed.), *The origins of complex societies in late prehistoric Iberia*: 153-86. Ann Arbor (MI): International Monographs in Prehistory.
- Bunce M, Szulkin M, Lerner HR, Barnes I, Shapiro B, Cooper A, Holdaway RN (2005): Ancient DNA provides new insights into the evolutionary history of New Zealand's extinct giant eagle. *PLoS Biol* 3:9
- Bunce M, Worthy TH, Ford T, Hoppitt W, Willerslev E, Drummond A, Cooper A (2003): Extreme reversed sexual size dimorphism in the extinct New Zealand moa *Dinornis*. *Nature*:172-175
- Bunce M, Worthy TH, Phillips MJ, Holdaway RN, Willerslev E, Haile J, Shapiro B, Scofield RP, Drummond A, Kamp PJ, Cooper A. (2009): The evolutionary history of the extinct ratite moa and New Zealand Neogene paleogeography. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2009 Dec 8;106(49):20646-51.
- Burger J, Rosendahl W, Loreille o, Hemmer H, Eriksson T, Gotherstrom A, Hiller J, Collins MJ, Wess T, Alt KW (2004): Molecular phylogeny of the extinct cave lion *Panthera leo spelaea*. *Mol Phylogenet Evol* 30:841-849
- Burger J, Pfeiffer I, Hummel S, Fuchs R, Brenig B, Herrmann B (2001): Mitochondrial and nuclear DNA from (pre)historic hide-derived material. *Ancient Biomolecules* 3:227-238

- Burger J, Hummel S, Herrmann B (2000a): Palaeogenetics and cultural heritage. Species determination and STR-genotyping from ancient DNA in art and artefacts. *Thermochimica Acta* 365:141-146
- Burger J (2000b): Sequenzierung, RFLP-Analyse und STR-Genotypisierung alter DNA aus archäologischen Funden und historischen Werkstoffen. Universität Göttingen
- Burger J, Hummel S, Pfeifer I, Herrmann B (2000c): Palaeogenetic analysis of (pre)historic artifacts and its significance for anthropology. *Anthropol Anz* 58 [1]: 69-76
- Burger J, Hummel S, Herrmann B, Henke W (1999): DNA preservation: A microsatellite-DNA study on ancient skeletal remains. *Electrophoresis* 20:1722-1728
- Burger J, Hummel S, Herrmann B (1997): Nachweis von DNA-Einzelkopiesequenzen aus prähistorischen Zähnen. Liegemilieu als Faktor für den Erhalt von DNA. *Anthropol Anz* 55:193-198
- Busca R, Galotti R (2000): Cycling AMP a key messenger in the regulation of skin pigmentation. *Pigment Cell Res* 13(2): 60-69
- Cabin, R. und Mitchell, R. (2000): 'To Bonferroni or not to Bonferroni: when and how are the questions', *Bulletin of the Ecological Society of America* 81(3), 246-248.
- Calafell F, Comas D, Bertranpetit J (2002): Why Names. *Genome Res* 12: 219-221
- Calafell F, Underhill P, Tolun A, Angelicheva D, Kalaydjieva L (1996): From Asia to Europe: mitochondrial DNA sequence variability in Bulgarians and Turks. *Ann Hum Genet* 60 (Pt 1):35-49
- Cann RL, Stoneking M, Wilson AC (1987): Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325:31-36
- Caramelli D, Lalueza-Fox C, Vernesi C, Lari M, Casoli A, Mallegni F, Chiarelli B, Dupanloup I, Bertranpetit J, Barbujani G, Bertorelle G (2003): Evidence for a genetic discontinuity between Neandertals and 24,000-year-old anatomically modern Europeans. *PNAS*:7
- Cavalli-Sforza L, Feldman MW (2003): The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. *Nat Genet* 33: 266-275
- Cavalli-Sforza LL (2003): Returning to the Neolithic transition in Europe. In: Ammerman AJ, Paolo B (eds) *The widening harvest. The Neolithic transition in Europe: Looking back, looking forward*. Archaeological Institute of America, Boston, pp 297-314
- Cavalli-Sforza LL (1998) *The DNA revolution in population genetics*. *Trends in Genetics* 14:60-65
- Cavalli-Sforza LL, Minch E (1997): Paleolithic and Neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am J Hum Genet* 61:247-254
- Cavalli-Sforza LL (1996): The spread of agriculture and nomadic pastoralism: insights from genetics, linguistics and archaeology. In: Harris DR (Hrsg.) *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. UCL Press, London
- Cavalli-Sforza LL, Menozzi P, Piazza A (1994): *The History and Geography of Human Genes*. Princeton University Press, Princeton
- Cavalli-Sforza L, Piazza A, Menozzi P, Mountain J (1989): Genetic and linguistic evolution. *Science* 244 [4909]: 1128-1129
- Cavalli-Sforza L, Feldman M, Dornbusch S, Chen KH (1983): Cultural evolution. *Anthropology and cultural transmission*. *Nature* 304 [5922]: 124-140
- Cavalli-Sforza, L. & Edwards, A. (1967): 'Phylogenetic analysis: models and estimation procedures', *American Journal of Human Genetics* 19(3 part 1), 233-257.

- Chakraborty, R.; Andrade, M.; Daiger, S. & Budowle, B. (1992): 'Apparent heterozygote deficiencies observed in DNA typing data and their implications in forensic applications', *Annals of Human Genetics* 56(1), 45-57.
- Chapman J (1994): The origins of farming in Southeast Europe. pp 133-156
- Chen K., Baxter T., Muir W., Groenen M., Schook L. (2007): Genetic Resources, Genome Mapping and Evolutionary Genomics of the Pig (*Sus scrofa*.) *International Journal of Biological Sciences* 3(3):153-165
- Chen, Y.; Duhl, D.M.J.; Barsh, G.S. (1996): Opposite orientation of an inverted duplication and allelic variation at the mouse agouti locus. *Genetics*,144,265-277
- Chhajlani, V.; Wikberg, J E.S.(1992): Molecular cloning and expression of the human melanocyte stimulating hormone receptor cDNA. *Federation of Europea Biochemical Societies*,309(3),417-420,1992
- Chhajlani, V.; Xu, X.; Blauw, J.; Sudarshi, S. (1996): Identification of ligand binding residue in extracellular loops of the melanocortin 1 receptor. *Biochemical and Biophysical Research Communications*,219,521-525,1996
- Childe VG (2001): The urban Revolution. In: Pacione M (Hrsg.) *The City: Critical Concepts in the Social Sciences*. Routledge, London
- Childe VG (1957): *The Dawn of European Civilisation*, 6th edn. Routledge & Kegan Paul, London
- Childe VG (1950): *Prehistoric Migrations in Europe*. Harvard Univ. Press, Cambridge
- Childe VG (1925): *The Dawn of European Civilization*. Alfred Knopf, New York
- Ciobanu, D.C.; Nagy, A.; Wales, R.; Day, A.E.; Plastow, G.S. (1999): Genetic variation of two local Romanian pig breeds assessed using DNA markers. 50th Annual Meeting of the European Association for Animal Production,Zurich,Switzerland
- Clark JGD (1965): Radiocarbon dating and the expansion of farming culture from the Near East over Europe. *Proc Prehist Soc* 31:57-73
- Cleffmann, G. (1963a): Agouti pigment cells in situ and in vivo. *Annals New York Academy of Sciences*,100,749-761
- Cleffmann,G. (1963b): Die Bedeutung von äußeren Einflüssen auf die Pigmentzelle für die rythmische Musterbildung im Haar. *Roux'Archiv für Entwicklungsmechanik*,154,239- 271,
- Cleffmann, G. (1953): Untersuchungen über die Fellzeichnung des Wildkaninchens. Ein Beitrag zur Wirkungsweise des Agoutifaktors. *Zeitschrift für indukt. Abstammungsund Vererbungslehre*,85,137-162
- Clop A, Amills M, Noguera JL, Fernández A, Capote J, Ramón MM, Kelly L, Kijas JM, Andersson L, Sánchez A. (2004): Estimating the frequency of Asian cytochrome B haplotypes in standard European and local Spanish pig breeds. *Genet Sel Evol*. Jan-Feb;36(1):97-104.
- Clop A, Ovilo C, Perez-Enciso M, Cercos A, Tomas A, Fernandez A, Coll A, Folch JM, Barragan C, Diaz I, Oliver MA, Varona L, Silio L, Sanchez A, Noguera JL. (2003) Detection of QTL affecting fatty acid composition in the pig. *Mamm Genome*. Sep;14(9):650-6.
- Clutton-Brock J (1999): *A natural history of Domesticated Mammals*. Cambridge University Press, Cambridge
- Cone RW, Fairfax MR (1993): Protocol for ultraviolet irradiation of surfaces to reduce PCR contamination. *PCR Methods Appl* 3:S15-S17
- Cone, R.D.; Lu, D.; Koppula, S.; Vage, D.I.; Klungland, H.; Boston, B.; Chen, W.; Orth, D.N.; Kesterson, R.A. (1996): The melanocortin receptors: agonists, antagonists, and the hormonal control of pigmentation. *Recent Progress in Hormone Research*,51,287- 318
- Constable JJ, Packer C, Collins DA, Pusey AE (1995): Nuclear DNA from primate dung. *Nature* 373:393

- Cooper A (1997): Reply to Stoneking: ancient DNA--how do you really know when you have it? *Am J Hum Genet* 60:1001-1003
- Cooper A, Drummond AJ, Willerslev E (2004): Ancient DNA: would the real Neandertal please stand up? *Curr Biol* 14:R431-R433
- Cooper A, Lalueza-Fox C, Anderson S, Rambaut A, Austin J, Ward R (2001a): Complete mitochondrial genome sequences of two extinct moas clarify ratite evolution. *Nature* 409:704-707
- Cooper A, Rambaut A, Macaulay V, Willerslev E, Hansen AJ, Stringer C (2001b): Human origins and ancient human DNA. *Science* 292:1655-1656
- Cooper A, Poinar HN (2001): Ancient DNA: do it right or not at all. *Science* 289:1139
- Cooper A, Mourer-Chauvire C, Chambers GK, von Haeseler A, Wilson AC, Pääbo S (1992): Independent origins of New Zealand moas and kiwis 75. *Proc Natl Acad Sci U S A* 89:8741-8744
- Coyne JA (1985): The genetic basis of Haldane's rule. *Nature* 314(25): 736-738
- Curat M, Excoffier L (2004): Modern Humans Did Not Admix with Neanderthals during Their Range Expansion into Europe. *PLOS Biology* 2:e421
- Curat M, Excoffier L (2005): The effect of the Neolithic expansion on European molecular diversity. *Proc Biol Sci* 272:679-688
- Da Silva A, Luikart G, Yoccoz N, Cohas A, Allainé D (2006): 'Genetic diversity-fitness correlation revealed by microsatellite analyses in European alpine marmots (*Marmota marmota*)', *Conservation Genetics* 7(3), 371-382.
- Davis, S.J.M., Valla F.R. (1978); Evidence for domestication of the dog 12000 years ago in the Natufium of Israel. *Nature* 276, 608-610.
- Dennell R (1992): The origins of crop agriculture in Europe. In: Cowan CW, Watson PJ (eds) *The Origins of agriculture: an International Perspective*. Smithsonian Institution Press, Washington (DC),
- Dennell R (1983): *European Economic Prehistory: a New Approach*. Academic Press, London
- Di Benedetto G, Nasidze IS, Stenico M, Nigro L, Krings M, Lanzinger M, Vigilant L, Stoneking M, Pääbo S, Barbujani G (2000): Mitochondrial DNA sequences in prehistoric human remains from the Alps. *Eur J Hum Genet* 8:669-677
- Di Giacomo F, Luca F, Popa LO, Akar N, Anagnou N, Banyko J, Brdicka R, Barbujani G, Papola F, Ciavarella G, Cucci F, Di SL, Gavrilu L, Kerimova MG, Kovatchev D, Kozlov AI, Loutradis A, Mandarino V, Mammi' C, Michalodimitrakis EN, Paoli G, Pappa KI, Pedicini G, Terrenato L, Tofaneli S, Malaspina P, Novelletto A (2004): Y chromosomal haplogroup J as a signature of the post-neolithic colonization of Europe. *Hum Genet* 115:357-371
- Di Rienzo A, Peterson AC, Garza JC, Valdes AM, Slatkin M, Freimer NB (1994): Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 1994 Apr 12;91(8):3166-70.
- Di Rocco L, Parisi G, Zambelli A, Vidal-Rioja L (2006): Rapid evolution of cytochrome c oxidase subunit II in camelids (Tylopoda, Camelidae). *J Bioenerg Biomembr* 38(5-66): 293-297
- Dobberstein R.C., Collins M. J., Craig O. E., Taylor G., Penkman K. E. H. and Ritz-Timme S. (2009): Archaeological collagen: Why worry about collagen diagenesis? *Archaeological and Anthropological Sciences* 1,31-42.
- Dobney, K. M. and Brothwell, D.R. (1986): Dental calculus: its relevance to ancient diet and oral ecology, in Cruwys, E. and Foley, R. A. (eds.), *Teeth and Anthropology*. B.A.R. International Series **291**
- Dobzhansky T (1939): *Die genetischen Grundlagen der Artbildung*. Fischer Verlag, Jena

- Döhle HJ 1990: Linienbandkeramische Tierknochen von Eisleben, Kr. Wanzleben - einige Aspekte der frühen Haustierhaltung. *Jahresschr. Mitteldt. Vorgesch.* 73, 1990, 41- 48.
- Domanska L. (2003): Interactions between the late Mesolithic hunter-gatherers and farming communities in northern Poland.
- Donat P, Lange E (1983): Botanische Quellen und Probleme der Landschaftsentwicklung im ersten Jahrtausend. In: *Jahresschrift für Archäologie* 17, 223-247.
- Donoghue HD, Holton J, Spigelman M (2001): PCR primers that can detect low levels of *Mycobacterium leprae* DNA. *J Med Microbiol* 50:177-182
- Donoghue HD, Spigelman M, Zias J, Gernaey-Child AM, Minnikin DE (1998): *Mycobacterium tuberculosis* complex DNA in calcified pleura from remains 1400 years old. *Lett Appl Microbiol* 27:265-269
- Drancourt M, Roux V, Dang LV, Tran-Hung L, Castex D, Chenal-Francisque V, Ogata H, Fournier PE, Crubezy E, Raoult D (2004): Genotyping, Orientalis-like *Yersinia pestis*, and plague pandemics. *Emerg Infect Dis* 10:1585-1592
- Drancourt M, Raoult D (2002): Molecular insights into the history of plague. *Microbes Infect* 4:105-109
- Drancourt M, Aboudharam G, Signoli M, Dutour O, Raoult D (1998): Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: an approach to the diagnosis of ancient septicemia. *Proc Natl Acad Sci U S A* 95:12637-12640
- Ducos, P (1957): Étude de la faune du gisement neolithique Roucadour (Lot.). In: *Bulletin du Musee d'Anthropologie Prehistorique de Monaco* 4, 165-188.
- Edwards CJ, Ginja C, Kantanen J, Pérez-Pardal L, Tresset A, Stock F; European Cattle Genetic Diversity Consortium, Gama LT, Penedo MC, Bradley DG, Lenstra JA, Nijman IJ. (2011): Dual origins of dairy cattle farming--evidence from a comprehensive survey of European Y-chromosomal variation. *PLoS One*. 2011 Jan 6;6(1):e15922
- Edwards CJ, Bollongino R, Scheu A, Chamberlain A, Tresset A, Vigne JD, Baird JF, Larson G, Ho SY, Heupink TH, Shapiro B, Freeman AR, Thomas MG, Arbogast RM, Arndt B, Bartosiewicz L, Benecke N, Budja M, Chaix L, Choyke AM, Coqueugniot E, Döhle HJ, Göldner H, Hartz S, Helmer D, Herzig B, Hongo H, Mashkour M, Ozdogan M, Pucher E, Roth G, Schade-Lindig S, Schmölcke U, Schulting RJ, Stephan E, Uerpmann HP, Vörös I, Voytek B, 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 Biol Sci*. 2007 Jun 7;274(1616):1377-85.
- Eglinton G, Logan GA (1991): Molecular preservation. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 333 [1268]: 315-327
- Elson JL, Andrews RM, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N (2001): Analysis of European mtDNAs for recombination. *Am J Hum Genet* 68:145-153
- Epstein H. (1969): *Domestic animals of China*. Commonwealth Agricultural Bureaux, England.
- Epstein H. (1971): *The origin of the domestic animals of Africa*, 2 vols. Africana Publishing Corporation, New York.
- Epstein H. (1977): *Domestic animals of Nepal*. Holmes und Meier. New York.
- Ewersen J. (2007): Die Tierknochenfunde aus der neolithischen Siedlung Heidmoor, Kr. Segeberg, unter besonderer Berücksichtigung wirtschaftshistorischer Aspekte (Neumünster 2007).
- Excoffier L, Lischer HE. (2010): Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*. 2010 May;10(3):564-7. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x. Epub 2010 Mar 1.
- Eyre-Walker A, Awadalla P, Smith JM (1999): Linkage disequilibrium and recombination in hominid mitochondrial DNA. *Science* 286:2524-2525

- Fang M, Andersson L. (2006): Mitochondrial diversity in European and Chinese pigs is consistent with population expansions that occurred prior to domestication. *Proc Biol Sci.* 2006 Jul 22;273(1595):1803-10.
- Fang M, Larson G, Ribeiro HS, Li N, Andersson L. (2009): Contrasting mode of evolution at a coat color locus in wild and domestic pigs. *PLoS Genet.* 2009 Jan;5(1):e1000341. Epub 2009 Jan 16.
- Fehren-Schmitz L (2008): Molekularanthropologische Untersuchungen zur präkolumbischen Besiedlungsgeschichte des südlichen Perus am Beispiel der Palpa-Region. Dissertation, Universität Göttingen
- Felsenstein, J. (2005): 'PHYLIP (phylogeny inference package) version 3.6', Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, Technical report, Department of Genome Sciences and Department of Biology, University of Washington.
- Fletcher HA, Donoghue HD, Holton J, Pap I, Spigelman M (2003): Widespread occurrence of *Mycobacterium tuberculosis* DNA from 18th-19th century Hungarians. *Am J Phys Anthropol* 120:144-152
- Fokkinga A (2004): *Het Varkensboek*. The Netherlands: Uitgeverij Thoth
- Fontanesi L, Tazzoli M, Beretti F, Russo V (2006): Mutations in the melanocortin 1 receptor (MC1R) gene are associated with coat colours in the domestic rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Anim Genet* 37(5): 489-493
- Fontanesi L, Scotti E, Russo V. (2008): Differences of the porcine amelogenin X and Y chromosome genes (AMELX and AMELY) and their application for sex determination in pigs. *Mol Reprod Dev.* 2008 Nov;75(11):1662-8.
- Fox, H.M.; Vevers, G.: *The nature of animal colours*. Sidgwick & Jackson, London, 1960 Eyre-Walker A, Smith NH, Smith JM (1999): How clonal are human mitochondria? *Proc Biol Sci* 266:477-483
- Frey UH, Bachmann HS, Peters J, Siffert W. (2008): PCR-amplification of GC-rich regions: 'slowdown PCR'. *Nat Protoc.* 2008;3(8):1312-7.
- Gehl O. (1928): *Postglaziale Haushunde aus Schleswig-Holstein. Nebst einem Beitrag zur Canidenosteometrie*. Dissertation, Kiel.
- Gehl O. (1976): Die steinzeitliche Siedlung Stinhorst bei Waren/Müritz im Spiegel des Säugetierfundgutes. In: *Bodendenkmalspflege in Mecklenburg, Jahrbuch 1975*, 39-53.
- Genov, P. (1981): 'Die Verbreitung des Schwarzwildes (*Sus scrofa* L.) in Eurasien und seine Anpassung an die Nahrungsverhältnisse', *Zeitschrift für Jagdwissenschaft* 27(4), 221-231.
- Gerstenberger J, Hummel S, Schultes T, Hack B, Herrmann B (1999): Reconstruction of a historical genealogy by means of STR analysis and Y- haplotyping of ancient DNA. *Eur J Hum Genet* 7:469-477
- Geschwinde M (2010): *Die Zeit der Hirten. – Archäologie in Niedersachsen* 13, 39-42
- Geschwinde M., Raetzl-Fabian D. (2009): Eine Fallstudie zu den jungneolithischen Erdwerken am Nordrand der Mittelgebirge. *Beiträge zur Archäologie in Niedersachsen* 14, VML, Rahden/Westf.
- Gilbert MT, Bandelt H-J, Hofreiter M, Barnes I (2005a): Assessing ancient DNA studies. *Trends in Ecology & Evolution*. In press
- Gilbert MTP, Rudbeck L, Willerslev E, Hansen AJ, Smith C, Penkman KEH, Prangenberg K, Nielsen-Marsh CM, Jans ME, Arthur P, Lynnerup N, Turner-Walker G, Biddle M, Kjolbye-Biddle B, Collins MJ (2005b): Biochemical and physical correlates of DNA contamination in archaeological human bones and teeth excavated at Matera, Italy. *J Arch Sci* 32: 785-793.
- Gilbert MT, Barnes I, Collins MJ, Smith C, Eklund J, Goudsmit J, Poiner H, Cooper A (2005c): Long-term survival of ancient DNA in Egypt: response to Zink and Nerlich (2003). *Am J Phys Anthropol* 128(1): 110-114

- Gilbert MT, Cucui J, White W, Lynnerup N, Titball RW, Cooper A, Prentice MB (2004a): Absence of *Yersinia pestis*-specific DNA in human teeth from five European excavations of putative plague victims. *Microbiology* 150:341-354
- Gilbert MT, Wilson AS, Bunce M, Hansen AJ, Willerslev E, Shapiro B, Higham TF, Richards MP, O'Connell TC, Tobin DJ, Janaway RC, Cooper A (2004b): Ancient mitochondrial DNA from hair. *Curr Biol* 14:R463-R464
- Gilbert MT, Hansen AJ, Willerslev E, Rudbeck L, Barnes I, Lynnerup N, Cooper A (2003a): Characterization of genetic miscoding lesions caused by postmortem damage. *Am J Hum Genet* 72:48-61
- Gilbert MT, Willerslev E, Hansen AJ, Barnes I, Rudbeck L, Lynnerup N, Cooper A (2003b): Distribution patterns of postmortem damage in human mitochondrial DNA. *Am J Hum Genet* 72:32-47
- Giuffra, E.; Kijas, J. M. H.; Amarger, V.; Carlborg, O.; Jeon, J. & Andersson, L. (2000): 'The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression', *Genetics* 154(4), 1785-1791.
- Goldhammer J. (2008): Untersuchungen zur Stratigraphie, Fundverteilung und zum Fundspektrum der mittleren Ertebøllekultur in Ostholstein, Universitätsforschungen zur Prähistorischen Archäologie, 163, Habelt, Bonn.
- Goudet, J. (1995): 'FSTAT (Version 2.9.3.3): A Computer Program to calculate F-Statistics', *Journal of Heredity* 86, 485-486.
- Green RE, Krause J, Briggs AW, Maricic T, Stenzel U, Kircher M, Patterson N, Li H, Zhai W, Fritz MH, Hansen NF, Durand EY, Malaspina AS, Jensen JD, Marques-Bonet T, Alkan C, Prüfer K, Meyer M, Burbano HA, Good JM, Schultz R, Aximu-Petri A, Butthof A, Höber B, Höffner B, Siegemund M, Weihmann A, Nusbaum C, Lander ES, Russ C, Novod N, Affourtit J, Egholm M, Verna C, Rudan P, Brajkovic D, Kucan Z, Gusic I, Doronichev VB, Golovanova LV, Lalueza-Fox C, de la Rasilla M, Fortea J, Rosas A, Schmitz RW, Johnson PL, Eichler EE, Falush D, Birney E, Mullikin JC, Slatkin M, Nielsen R, Kelso J, Lachmann M, Reich D, Pääbo S. (2010): A draft sequence of the Neandertal genome. *Science*. May 7;328(5979):710-22.
- Greenwood AD, Capelli C, Possnert G, Pääbo S (1999): Nuclear DNA sequences from late Pleistocene megafauna. *Mol Biol Evol* 16:1466-1473
- Gronenborn D (2006): Beyond the Models: 'Neolithization' in Central Europe. In: Whittle A, Cummings V (eds) *Going Over: the Mesolithic-Neolithic Transition in North-West Europe*. British Academy, London, in press
- Gronenborn D (2005a): Bauern - Priester - Häuptlinge. Die Anfänge der Landwirtschaft und die frühe Gesellschaftsentwicklung zwischen Orient und Europa. In: Daim F, Neubauer W (eds) *Zeitreise*
- Gronenborn D (2005b): Freundliche Übernahme. *Spektrum der Wissenschaft* 2, 56-61
- Gronenborn D (2004): Comparing Contact Period Archaeologies: The Expansion of Farming and Pastoralist Societies to Europe and to Southern Africa. *Before Farming*, 226-260
- Gronenborn D (2003): Migration, acculturation, and culture change in western temperate Eurasia, 6500-5000 cal BC. In: Budja M (ed) *Documenta Praehistorica*, XXX edn. Univerzav Ljubljani, Filozofzka Fakulteta, Oddelek za Arheologijo, Ljubljana, pp 79-91
- Gronenborn D (1999): A Variation on a Basic Theme: The Transition to Farming in Southern Central Europe. *Journal of World Prehistory* 13(2): 123-210
- Groves C und Grubb P (1993): Pigs, Peccaries and Hippos Status Survey and Action Plan, IUCN (World Conservation Union), Gland, Switzerland, chapter Taxonomy and Description.
- Grzimeks, B. (1979): *Grzimeks Tierleben – Enzyklopädie des Tierreichs*, Bd. 13, dtv, München.
- Guitérrez G, Sanchez D, Marin A (2002): A reanalysis of the ancient mitochondrial DNA sequences recovered from Neandertal bones. *Mol Biol Evol* 19:1359-1366

- Guo, S. & Thompson, E. (1992): 'Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles.', *Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles.* 48, 361-372.
- Gustafsson AC, Kijas JM, Alderborn A, Uhlén M, Andersson L, Lundeberg J., (2001): Screening and scanning of single nucleotide polymorphisms in the pig melanocortin 1 receptor gene (MC1R) by pyrosequencing. *Anim Biotechnol.* 2001 Nov;12(2):145-53.
- Haak W, Balanovsky O, Sanchez JJ, Koshel S, Zaporozhchenko V, Adler CJ, Der Sarkissian CS, Brandt G, Schwarz C, Nicklisch N, Dresely V, Fritsch B, Balanovska E, Villems R, Meller H, Alt KW, Cooper A; Members of the Genographic Consortium. (2010): Ancient DNA from European early neolithic farmers reveals their near eastern affinities. *PLoS Biol.* 2010 Nov 9;8(11):e1000536.
- Haak W, Brandt G, de Jong HN, Meyer C, Ganslmeier R, Heyd V, Hawkesworth C, Pike AW, Meller H, Alt KW. (2008): Ancient DNA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. *Proc Natl Acad Sci U S A.* Nov 25;105(47):18226-31.
- Haak W (2006): Populationsgenetik der ersten Bauern Mitteleuropa Eine aDNA-Studie an neolithischem Skelettmaterial, Dissertation, Universität Mainz
- Haak W, Gruber P, Rühli FJ, Böni T, Ulrich-Bochsler S, Frauendorf E, Burger J, Alt KW (2005a): Molecular evidence of HLA-B27 in a historical case of ankylosing spondylitis. *Arthritis Rheum* 52:3318-3319
- Haak W, Forster P, Bramanti B, Matsumura S, Brandt G, Tänzer M, Villems R, Renfrew C, Gronenborn D, Alt KW, Burger J (2005b): Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic Sites. *Science* 310:1016-1018
- Haak W, Burger J, Alt KW (2004): ABO genotyping by PCR-RFLP and cloning and sequencing. *Anthropol Anz* 62:397-410
- Haas CJ, Zink A, Molnar E, Szeimies U, Reischl U, Marcsik A, Ardagna Y, Dutour O, Palfi G, Nerlich AG (2000a): Molecular evidence for different stages of tuberculosis in ancient bone samples from Hungary. *Am J Phys Anthropol* 113:293-304
- Haas CJ, Zink A, Palfi G, Szeimies U, Nerlich AG (2000b): Detection of leprosy in ancient human skeletal remains by molecular identification of *Mycobacterium leprae*. *Am J Clin Pathol* 114:428-436
- Hagelberg E, Goldman N, Lio P, Whelan S, Schiefenhovel W, Clegg JB, Bowden DK (2000): Evidence for mitochondrial DNA recombination in a human population of island Melanesia. Erratum. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 267:1595-1596
- Hagelberg E, Thomas MG, Cook CE, Jr., Sher AV, Baryshnikov GF, Lister AM (1994): DNA from ancient mammoth bones [letter; comment]. *Nature* 370:333-334
- Hagelberg E, Sykes B, Hedges R (1989): Ancient bone DNA amplified. *Nature* 342:485
- Haldane, J. B. S. (1922): "Sex ratio and unisexual sterility in hybrid animals". *J. Genet.* 12: 101–109.
- Hall, T. A. (1999), 'BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT.', *Nucleic Acids Symposium Series* 41, 95-98.
- Halliburton, R. (2004): *Introduction to Population Genetics*, Pearson Education International.
- Hanni C, Brousseau T, Laudet V, Stehelin D (1995): Isopropanol precipitation removes PCR inhibitors from ancient bone extracts. *Nucleic Acids Res* 23:881-882
- Hanni C, Laudet V, Stehelin D, Taberlet P (1994): Tracking the origins of the cave bear (*Ursus spelaeus*) by mitochondrial DNA sequencing. *Proc Natl Acad Sci U S A* 91:12336-12340
- Hardy C, Callou C, Vigne JD, Casane D, Dennebouy N, Mounolou JC, Monnerot M (1995): Rabbit mitochondrial DNA diversity from prehistoric to modern times. *J Mol Evol* 40:227-237
- Harpending H, Rogers A (2000): Genetic perspectives on human origins and differentiation. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 1: 361-385

- Harpending, H (1994): 'Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution.', *Human Biology* 66, 591-600
- Harpending H, Sherry ST, Rogers AR, Stoneking M (1993a): The genetic structure of ancient human populations. *Current Anthropology* 34:483-496
- Harpending H, Sherry ST, Rogers AR, Stoneking M (1993b): Structure of ancient human populations. *Current Anthropology* 34:483-496
- Hartl, G. & Hell, P. (1994): 'Maintenance of high levels of allelic variation in spite of severe bottleneck in population size: the brown bear (*Ursus arctos*) in the Western Carpathians', *Biodiversity and Conservation* 3, 546-554.
- Hartl, G. & Csaikl, F. (1987): 'Genetic Variability and Differentiation in Wild Boars (*Sus scrofa ferus* L.): Comparison of Isolated Populations', *Journal of Mammalogy* 68, 119-125.
- Hartl, G.; Markov, G.; Rubin, A.; Findo, S.; Lang, G. & Willing, R. (1993): 'Allozyme diversity within and among populations of three ungulate species (*Cervus elaphus*, *Capreolus capreolus*, *Sus scrofa*) of Southeastern and Central Europe', *Zeitschrift für Säugetierkunde* 58, 352-361.
- Hartz S., Lübke H., Terberger T., (2007): From fish and seal to sheep and cattle: new research into the process of neolithisation in northern Germany. In: *Proceedings of the British Academy* 144, 567–594
- Hebsgaard MB, Phillips MJ, Willerslev E (2005) Geologically ancient DNA: fact or artefact? *Trends Microbiol* 13:212-220
- Heinrich, D. (2000): Die Tierknochen aus einer spätmesolithischen Grube des Fundplatzes Seedorf LA 296, Kreis Segeberg. *Offa* 56, 1999, S. 199-203.
- Heinrich, D. (1991): Die Fische, Pisces. In: Reichstein, H.: Die Fauna des germanischen Dorfes Feddersen Wierde. Feddersen Wierde IV, S. 293-301. Stuttgart.
- Heinrich, D. (1987): Untersuchungen an mittelalterlichen Fischresten aus Schleswig. Ausgrabung Schild 1971-1975. Ausgrabungen in Schleswig. Berichte und Studien 6. Neumünster.
- Hemmer, H. (1983): Domestikation. Verarmung der Merkwelt. Braunschweig, Wiesbaden.
- Herre, W. (1986), *Handbuch der Säugetiere Europas Band 2/II Paarhufer*, Niethammer, Jochen and Krapp, Franz, chapter Suidae - Schweine, pp. 36-66.
- Herre, W., Nobis G., Requate H., Siewing G. (1960); Die Haustiere von Haithabu. (Die Ausgrabungen in Haithabu Bd. 3), Neumünster.
- Herrmann B, Hummel S (1995) Ancient DNA: Recovery and Analysis of Genetic Material from Paleontological, Archaeological, Museum, Medical and Forensic Specimens. Springer Berlin-Heidelberg-New York
- Heske I & Grefen-Peters S (2010): Mensch und Tier – eine jahrtausende alte Beziehung. – *Archäologie in Niedersachsen* 13, 11-26
- Hespeler, B. (2004), *Schwarzwild heute*, BLV Jagdpraxis.
- Hetzer, H.O. (1946): Inheritance of coat color in swine: V. Results of Landrace by Duroc-Jersey Crosses. *The Journal of Heredity*,37(7),217-224
- Hetzer, H.O. (1945a): Inheritance of coat color in swine: I. General survey of major color variations in swine.- VII. *The Journal of Heredity*,36(4),121-128
- Hetzer, H.O. (1945b): Inheritance of coat color in swine: II. Results of Landrace by Poland China Crosses. *The Journal of Heredity*,36(6),187-192
- Hetzer, H.O. (1945c): Inheritance of coat color in swine: III. Results of Landrace by Berkshire Crosses. *The Journal of Heredity*,36(8),255-256

- Hetzer, H.O. (1945d): Inheritance of coat color in swine: IV. Analysis of Hybrids of Landrace and Large Black. *The Journal of Heredity*, 36(10), 309-312
- Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, Ryder OA, Wilson AC (1984): DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312:282-284
- Hsieh HM, Chiang HL, Tsai LC, Lai SY, Huang NE, Linacre A, Lee JC (2001): Cytochrome b gene for species identification of the conservation animals. *Forensic Sci Int* 122(1): 7-18
- Hofmann R, Müller-Scheeßel N. (2005): Die Ausgrabungen in der spätneolithischen Siedlung Okolište in Zentralbosnien (ca. 5200-4500 v. Chr.). *Starigard* 6, 90-96.
- Hofmann R., Kujundžić-Vejzagić Z., Müller J., Müller-Scheeßel N., Rassmann K (2007): Prospektionen und Ausgrabungen in Okolište (Bosnien-Herzegowina): Siedlungsarchäologische Studien zum zentralbosnischen Spätneolithikum (5300-4500 v. Chr.). *Ber. RGK* 86, 41–212.
- Hofreiter M, Mead JI, Martin P, Poinar HN (2003): Molecular caving. *Curr Biol* 13:R693-R695
- Hofreiter M, Capelli C, Krings M, Waits L, Conard N, Munzel S, Rabeder G, Nagel D, Paunovic M, Jambresic G, Meyer S, Weiss G, Pääbo S (2002a): Ancient DNA analyses reveal high mitochondrial DNA sequence diversity and parallel morphological evolution of late pleistocene cave bears. *Mol Biol Evol* 19:1244-1250
- Hofreiter M, Capelli C, Krings M, Waits L, Conard N, Munzel S, Rabeder G, Nagel D, Paunovic M, Jambresic G, Meyer S, Weiss G, Pääbo S (2002b): Ancient DNA analyses reveal high mitochondrial DNA sequence diversity and parallel morphological evolution of late pleistocene cave bears. *Mol Biol Evol* 19:1244-1250
- Hofreiter M, Jaenicke V, Serre D, Haeseler Av A, Pääbo S (2001): DNA sequences from multiple amplifications reveal artifacts induced by cytosine deamination in ancient DNA. *Nucleic Acids Res* 29(23): 4793-4799
- Hofreiter M, Poinar HN, Spaulding WG, Bauer K, Martin PS, Possnert G, Pääbo S (2000): A molecular analysis of ground sloth diet through the last glaciation. *Mol Ecol* 9:1975-1984
- Hofreiter M, Serre D, Poinar HN, Kuch M, Pääbo S (2001b): Ancient DNA. *Nat Rev Genet* 2:353-359
- Hoika J. (1981): Jungsteinzeitliche Siedlungsreste aus Oldenburg-Dannau, Kreis Ostholstein. *Offa* 38, 53-83.
- Holsinger, K. E. & Weir, B. S. (2009): 'Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST', *Nature Reviews Genetic* 10(9), 639-650.
- Höss M, Dilling A, Currant A, Pääbo S (1996a): Molecular phylogeny of the extinct ground sloth *Myiodon darwini* 50. *Proc Natl Acad Sci U S A* 93:181-185
- Höss M, Jaruga P, Zastawny TH, Dizdaroglu M, Pääbo S (1996b): DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues 47. *Nucleic Acids Res* 24:1304-1307
- Höss M, Kohn M, Pääbo S, Knauer F, Schroder W (1992): Excrement analysis by PCR [letter] [see comments] 74. *Nature* 359:199
- Hübner, K.-D., Saur, R. u. Reichstein, H. (1988): Die Säugetierknochen der neolithischen Seeufersiedlung Hüde I. In: Palynologische und säugetierkundliche Untersuchungen zum Siedlungsplatz Hüde I am Dümmer Landkreis Diepholz. *Göttinger Schriften zur Vor und Frühgeschichte* 23, S. 35-142.
- Hummel S (2003): *Ancient DNA Typing Methods. Strategies and Applications*. Springer Verlag, Heidelberg, Berlin, New York
- Hummel S, Schmidt D, Kahle M, Herrmann B (2002): AB0 blood group genotyping of ancient DNA by PCR-RFLP. *Int J Legal Med* 116:327-333
- Hummel S, Bramanti B, Schultes T, Kahle M, Haffner S, Herrmann B (2000): Megaplex DNA typing can provide a strong indication of the authenticity of ancient DNA amplifications by clearly recognizing any possible type of modern contamination. *Anthropol Anz* 58:15-21

- Hummel S, Schultes T, Bramanti B, Herrmann B (1999): Ancient DNA profiling by megaplex amplifications. *Electrophoresis* 20 [8]: 1717-1721
- Hummel S, Herrmann B (1991): Y-chromosome-specific DNA amplified in ancient human bone. *Naturwissenschaften* 78:266-267
- Hunger H (1978): Identifikation. Berlin, Heidelberg, New York, Springer Verlag.
- Hüster H (1986): Untersuchungen an Skelettresten von Pferden aus Haithabu (Ausgrabung 1966-1969). Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 23. Neumünster.
- Hüster, H. (1990): Untersuchungen an Skelettresten von Rindern, Schafen, Ziegen und Schweinen aus dem mittelalterlichen Schleswig (Ausgrabung Schild 1971-1975). Ausgrabungen in Schleswig. Berichte und Studien 8. Neumünster.
- Hüster-Plogmann H (1993): Eine experimentelle Schweineschlachtung nach Studien an frühmittelalterlichem Knochenmaterial aus dem Haithabu-Hafen. *Zeitschrift für Archäologie* 27, S. 225-234.
- Huynen L, Millar C, Scofield R, Lambert D (2003): Nuclear DNA sequences detect species limits in ancient moa. *Nature* 425:175-178
- Ikawa T, Kakegawa A, Nagano T, Ando H, Yamakoshi Y, Tanabe T, Simmer JP, Hu CC, Fukae M, Oida S. (2005): Porcine amelogenin is expressed from the X and Y chromosomes. *J Dent Res.* Feb;84(2):144-8.
- Ingman M, Gyllensten U (2001): Analysis of the complete human mtDNA genome: methodology and inferences for human evolution. *J Hered* 92:454-461
- Ingman M, Kaessmann H, Pääbo S, Gyllensten U (2000): Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature* 408:708-713
- Jansen T, Forster P, Levine MA, Oelke H, Hurler M, Renfrew C, Weber J, Olek K (2002): Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proc Natl Acad Sci U S A* 99:10905-10910
- Jarman M, Jarman H (1968): The fauna and economy of early Neolithic Knossos In *Knossos Neolithic, Part 11*, by J. D. Evans. A. Brit. Sch. Archaeol
- Johansson F (1979): Die Knochenfunde von Säugetieren und Vögeln von Bistoft LA 11. In: Johansson, L., *Socioekonomiska Strukturer i tidigt Neolitikum och deras Förutsättningar. Studier över Bistoft LA 11 ett boplatstyp från Schleswig-Holstein.* Göteborg.
- Johansson F (1982): Untersuchungen an Skelettresten von Rindern aus Haithabu (Ausgrabung 1966-1969). Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 15. Neumünster.
- Johansson F u. Hüster H (1987): Untersuchungen an Skelettresten von Katzen aus Haithabu (Ausgrabung 1966-1969). Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 24. Neumünster.
- Johansson L (1981): Bistoft LA 11. Siedlungs- und Wirtschaftsformen im frühen Neolithikum Norddeutschlands und Südkandinaviens in *Festschrift für Karl Wilhelm Struve zum 65. Geburtstag.* Offa. Berichte und Mitteilungen zur Urgeschichte, Frühgeschichte und Mittelalterarchäologie Neumünster 38: 91-129.
- Johns GC, Avise JC (1998): A Comparative Summary of genetic Distances in the Vertebrates from the Mitochondrial Cytochrome B gene. *Mol Biol Evol* 15(11): 1481-1490
- Jorde LB, Bamshad M (2000): Questioning evidence for recombination in human mitochondrial DNA. *Science* 288:1931
- Jukes, T. & Cantor, C. (1969): *Mammalian Protein Metabolism*, New York: Academic press, chapter Evolution of protein molecules., pp. 21-132.
- Kaestle F, Horsburgh K (2002): Ancient DNA in anthropology: methods, applications, and ethics. *Am J Phys Anthropol Suppl* 35: 92-130
- Kalicz N, Makkay J (1977): *Die Linienbandkeramik in der Grossen Ungarischen Tiefebene.* Akadémiai Kiadó, Budapest

- Kayser M, de Knijff P. (2011): Improving human forensics through advances in genetics, genomics and molecular biology. *Nat Rev Genet*. Mar;12(3):179-92. Review.
- Kelm, H. (1938): 'Die postembryonale Schädelentwicklung des Wild- und Berkshire-Schweines.', *Zeitschrift für Anatomie und Entwicklungsgeschichte* 43, 362-369.
- Keuling, O.; Stier, N. & Roth, M. (2007): 'Annual and seasonal space use of different age classes of female wild boar *Sus scrofa*', *European Journal of Wildlife Research* 54(3), 403-412.
- Keuling, O.; Stier, N. & Roth, M. (2008): 'Commuting, shifting or remaining? Different spatial utilisation patterns of wild boar *Sus scrofa* L. in forest and field crops during summer', *Mammalian Biology*.
- Keuling, O.; Stier, N. & Roth, M. (2008): 'How does hunting influence activity and spatial usage in wild boar *Sus scrofa* L.?', *European Journal of Wildlife Research*.
- Keyser-Tracqui C, Blandin-Frappin P, Francfort HP, Ricaut FX, Lepetz S, Crubezy E, Samashev Z, Ludes B (2005): Mitochondrial DNA analysis of horses recovered from a frozen tomb (Berel site, Kazakhstan, 3rd Century BC). *Anim Genet* 36(3): 203-209
- Keyser-Tracqui C, Crubezy E, Ludes B (2003): Nuclear and mitochondrial DNA analysis of a 2,000- year-old necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. *Am J Hum Genet* 73:247-260
- Kijas JM, Andersson L (2001): A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near complete mtDNA genome. *J Mol Evol* 52:302-308
- Kijas, J.M.H.; Tornsten, A.; Chowdhary, B.; Andersson, L. (1998a): Porcine Agouti gene map position SSC 17q21. *Chromosome Research*,6,243
- Kijas, J.M.H.; Wales, R.; Törnstein, A.; Chardon, P.; Moller, M.; Andersson, L. (1998b): Melanocortin receptor 1 (MC1R) mutations and coat color in pigs. *Genetics*,150,1177-1185,
- Kimura, M. & Crow, J. F. (1964): 'The number of alleles that can be maintained in a finite population', *Genetics* 49, 725-738.
- Kind CJ (1998): Komplexe Wildbeuter und frühe Ackerbauern. Bemerkungen zur Ausbreitung der Linearbandkeramik im südlichen Mitteleuropa. *Germania* 76:1-24
- Kirschning, J. (2009): Untersuchungen zur innerartlichen Systematik, Phylogeographie und Introgression des Europäischen Wildschweins (*Sus scrofa*), Dissertation Universität Kiel.
- Kirschning, J.; Zachos, F.; Cirovic, D.; Radovic, I.; Hmwe, S. & Hartl, G. (2007): 'Population Genetic Analysis of Serbian Red Foxes (*Vulpes vulpes*) by Means of Mitochondrial Control Region Sequences', *Biochemical Genetics* 45(5), 409-420.
- Kitano T, Umetsu K, Tian W, Osawa M (2007): Two universal primer sets for species identification among vertebrates. *Int J Legal Med* 121(5): 423-427
- Kitchin PA, Szotyori Z, Fromholz C, Almond N (1990): Avoidance of PCR false positives [corrected]. *Nature* 344 [6263]: 201-220
- Kivisild T, Shen P, Wall DP, Do B, Sung R, Davis K, Passarino G, Underhill PA, Scharfe C, Torroni A, Scozzari R, Modiano D, Coppa A, de Knijff P, Feldman M, Cavalli-Sforza LL, Oefner PJ (2006) The role of selection in the evolution of human mitochondrial genomes. *Genetics* 172 [1]: 373-387
- Kivisild T, Reidla M, Metspalu E, Rosa A, Brehm A, Pennarun E, Parik J, Geberhiwot T, Usanga E, Villems R (2004): Ethiopian mitochondrial DNA heritage: tracking gene flow across and around the gate of tears. *Am J Hum Genet* 75:752-770
- Kivisild T, Tolk HV, Parik J, Wang Y, Papiha SS, Bandelt HJ, Villems R (2002) The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. *Mol Biol Evol* 19:1737-1751
- Kivisild T, Villems R (2000): Questioning evidence for recombination in human mitochondrial DNA. *Science* 288:1931

- Kivisild T, Bamshad MJ, Kaldma K, Metspalu M, Metspalu E, Reidla M, Laos S, Parik J, Watkins WS, Dixon ME, Papiha SS, Mastana SS, Mir MR, Ferak V, Villems R (1999): Deep common ancestry of Indian and western-Eurasian mitochondrial DNA lineages. *Curr Biol* 9:1331-1334
- Klein, P. u. Reichstein, H. (1977): Metrische Untersuchungen an Metapodien von Ziegen und Schafen aus der frühmittelalterlichen Siedlung Haithabu. *Schriften aus der Archäologisch-Zoologischen Arbeitsgruppe Schleswig-Kiel*, Heft 2. Kiel.
- Kleindorp R (2006): Vergleichende Untersuchung der DNA-Erhaltung in verschiedenen Skelettelementen. *Diplom-Arbeit*, Universität Göttingen
- Klug, W. S., Cummings, M. R. & Spencer, C. A. (2007): *Genetik*, Pearson Education Deutschland GmbH.
- Knight A, Underhill PA, Mortensen HM, Zhivotovsky LA, Lin AA, Henn BM, Louis D, Ruhlen M, Mountain JL (2003): African Y chromosome and mtDNA divergence provides insight into the history of click languages. *Curr Biol* 13:464-473
- Knight A, Zhivotovsky LA, Kass DH, Litwin DE, Green LD, White PS, Mountain JL (2004): Molecular, forensic and haplotypic inconsistencies regarding the identity of the Ekaterinburg remains. *Ann Hum Biol* 31:129-138
- Knoop, V. & Müller, K., ed. (2006): *Gene und Stammbäume*, Spektrum Akademische Verlag.
- Kohn M, Knauer F, Stoffella A, Schroder W, Pääbo S (1995): Conservation genetics of the European brown bear--a study using excremental PCR of nuclear and mitochondrial sequences 60. *Mol Ecol* 4:95-103
- Kong QP, Yao YG, Liu M, Shen SP, Chen C, Zhu CL, Palanichamy MG, Zhang YP (2003): Mitochondrial DNA sequence polymorphisms of five ethnic populations from northern China. *Hum Genet* 113:391-405
- Kozłowski S.K. (1989): *Mesolithic in Poland. A new approach*. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego.
- Krajewski C, Buckley L, Westerman M. (1997): DNA phylogeny of the marsupial wolf resolved. *Proc Biol Sci.* Jun 22;264(1383):911-7.
- Krause J, Briggs AW, Kircher M, Maricic T, Zwyns N, Derevianko A, Pääbo S. (2010): A complete mtDNA genome of an early modern human from Kostenki, Russia. *Curr Biol.* Feb 9;20(3):231-6.
- Krause J, Fu Q, Good JM, Viola B, Shunkov MV, Derevianko AP, Pääbo S. (2010): The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. *Nature.* Apr 8;464(7290):894-7.
- Krause J, Dear PH, Pollack JL, Slatkin M, Spriggs H, Barnes I, Lister AM, Ebersberger I, Pääbo S, Hofreiter M (2005): Multiplex amplification of the mammoth mitochondrial genome and the evolution of Elephantidae. *Nature* 439: 724-727
- Krause R (2002): Zum Abschluss der Grabungen 1994-2002 in der bandkeramischen Siedlung bei Vaihingen an der Enz, Kreis Ludwigsburg. *Archäologische Ausgrabungen in Baden-Württemberg* 2002:34-39
- Krause R (2001): Die bandkeramischen Siedlungsgrabungen von Vaihingen an der Enz, Kreis Ludwigsburg. *Archäologische Ausgrabungen in Baden-Württemberg* 2001:33-36
- Krause-Kyora, Ben & Reinhard, Jochen (2010): Einheimische Schweine und Rinder aus dem Morgenland – Genetische Untersuchungen zur Abstammungsgeschichte der frühjungsteinzeitlichen Haustiere am Beispiel Göttingen-Grone. – *Archäologie in Niedersachsen* 13, 32-35
- Kräusslich, H. (1994): Farbe und Abzeichen. *Tierzuchtungslehre*, 4. Aufl., 139-146
- Kräusslich, H. (1996): Zur Genetik der Grundfarben beim Pferd. *Züchtungskunde*, 68(1), 1-11
- Kreskas DC (2005): On the evolutionary significance of encephalization in some eutherian mammals: effects of adaptive radiation, domestication, and feralization. *Brain Behav Evol* 65(2): 73-108
- Krings M, Capelli C, Tschentscher F, Geisert H, Meyer S, von HA, Grossschmidt K, Possnert G, Paunovic M, Pääbo S (2000): A view of Neandertal genetic diversity. *Nat Genet* 26:144-146

- Krings M, Geisert H, Schmitz RW, Krainitzki H, Pääbo S (1999): DNA sequence of the mitochondrial hypervariable region II from the neandertal type specimen. *Proc Natl Acad Sci U S A* 96:5581-5585
- Krings M, Salem AE, Bauer K, Geisert H, Malek AK, Chaix L, Simon C, Welsby D, Di Rienzo A, Utermann G, Sajantila A, Pääbo S, Stoneking M (1999): mtDNA analysis of Nile River Valley populations: A genetic corridor or a barrier to migration? *Am J Hum Genet* 64(4): 1166-1176
- Krings M, Stone A, Schmitz RW, Krainitzki H, Stoneking M, Pääbo S (1997): Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. *Cell* 90:19-30
- Kuehn R, Ludt CJ, Schroeder W, Rottmann O (2005) Molecular Phylogeny of *Megaloceros giganteus* - the Giant Deer or Just a Giant Red Deer? *Zoolog Sci* 22:1031-1044
- Kumar S, Hedrick P, Dowling T, Stoneking M (2000) Questioning evidence for recombination in human mitochondrial DNA. *Science* 288:1931
- Lange E (1976): Grundlagen und Entwicklungstendenzen der frühgeschichtlichen Agrarpopulation aus botanischer Sicht. In: *Zeitschrift für Archäologie* 10, 75-120.
- Larson G, Liu R, Zhao X, Yuan J, Fuller D, Barton L, Dobney K, Fan Q, Gu Z, Liu XH, Luo Y, Lv P, Andersson L, Li N. (2010): Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2010 Apr 27;107(17):7686-91
- Larson G, Albarella U, Dobney K, Rowley-Conwy P, Schibler J, Tresset A, Vigne JD, Edwards CJ, Schlumbaum A, Dinu A, Balaşescu A, Dolman G, Tagliacozzo A, Manaseryan N, Miracle P, Van Wijngaarden-Bakker L, Masseti M, Bradley DG, Cooper A. (2007): Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2007 Sep 25;104(39):15276-81.
- Larson, G.; Dobney, K.; Albarella, U.; Fang, M.; Matisoo-Smith, E.; Robins, J.; Lowden, S.; Finlayson, H.; Brand, T.; Willerslev, E.; Rowley-Conwy, P.; Andersson, L. & Cooper, A. (2005): 'Worldwide Phylogeography of Wild Boar Reveals Multiple Centers of Pig Domestication', *Science* 307(5715), 1618-1621.
- Larson S, Jameson R, Etnier M, Fleming M, Bentzen P (2002): Loss of genetic diversity in sea otters (*Enhydra lutris*) associated with the fur trade of the 18th and 19th centuries. *Mol Ecol* 11:1899-1903
- Legault, C. (1998): Genetics of colour variation. The genetics of the pig, CAB INTERNATIONAL, Wallingford, UK,
- Legge T (1996): The beginning of caprine domestication in Southwest Asia In: Harris DR (Hrsg.) *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. Kap.13 UCL Press, London
- Lehmkuhl U. (1989): Erste Ergebnisse der Tierknochenuntersuchungen von der neolithischen Siedlung Parchim (Löddigsee). In: *Bodendenkmalpflege in Mecklenburg, Jahrbuch 1988*, 47-83.
- Leonard JA, Wayne RK, Cooper A (2000): Population genetics of ice age brown bears. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97:1651-1654
- Leonard JA, Wayne RK, Wheeler J, Valadez R, Guillen S, Vila C (2002): Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs. *Science* 298(5598): 1613-1616
- Librado, P. & Rozas, J. (2009): 'DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data', *Bioinformatics* 25, 1451-1452.
- Lightowlers RN, Chinnery PF, Turnbull DM, Howell N. (1997): Mammalian mitochondrial genetics: heredity, heteroplasmy and disease. *Trends Genet.* 1997 Nov;13(11):450-5. Review.
- Lindahl T (1993): Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362:709-715
- Lister AM, Edwards CJ, Nock DA, Bunce M, van P, I, Bradley DG, Thomas MG, Barnes I (2005): The phylogenetic position of the 'giant deer' *Megaloceros giganteus*. *Nature* 438:850-853
- Lister AM, Kadwell M, Kaagan LM, Jordan WC, Richards M, Stanley HF (1998): Ancient and Modern DNA in a Study of Horse Domestication. *Ancient Biomolecules* 2:267-280

- Longo MC, Berninger MS, Hartley JL (1990): Use of uracil DNA glycosylase to control carryover contamination in polymerase chain reactions. *Gene* 93 [1]: 125-128
- Loreille O, Orlando L, Patou-Mathis M, Philippe M, Taberlet P, Hanni C (2001): Ancient DNA analysis reveals divergence of the cave bear, *Ursus spelaeus*, and brown bear, *Ursus arctos*, lineages. *Curr Biol* 11:200-203
- Loreille O, Vigne J-D, Hardy C, Callou C, Treinen-Claustre F, Dennebouy N, Monnerot M (1997): First Distinction of Sheep and Goat Archaeological Bones by the Means of their Fossil mtDNA. *Journal of Archaeological Science* 24:33-37
- Lu D, Vage DI, Cone RD (1998): A ligand-mimetic model for the constitutive activation of the melanocortin-1 receptor. *Molecular Endocrinology*, 12(4), 592-604
- Lu D., Willard D., Patel IR, Kadwell S, Overton L, Kost T, Luther M, Chen W, Woychik RP, Wilkison WO, Cone RD (1994): Agouti protein is an antagonist of the melanocyte-stimulating-hormone receptor. *Nature*, 371, 799-802
- Lübke H. (2000): Die steinzeitlichen Fundplätze Bebensee LA 26 und LA 76, Kreis Segeberg. Die Steinartefakte. Technologisch-ergologische Studien zum Nordischen Frühneolithikum. Untersuchungen und Materialien zur Steinzeit in Schleswig-Holstein, Band 3 (Schleswig - Neumünster).
- Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne JD, Bouvet J, Taberlet P (2001): Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proc Natl Acad Sci USA* 98:5927-5932
- Luikart G, Sherwin WB, Steele BM, Allendorf FW (1998): Usefulness of molecular markers for detecting population bottlenecks via monitoring genetic change. *Mol Ecol* 7(8): 963-974
- Lüning J (2000): Steinzeitliche Bauern in Deutschland - die Landwirtschaft im Neolithikum. Rudolf Habelt GmbH, Bonn
- Lüning, J. (2002): Grundlagen sesshaften Lebens. In U. von Freeden und S. von Schnurbein (eds), Spuren der Jahrtausende. Archäologie und Geschichte in Deutschland, 110–39. Stuttgart: Theiss Verlag.
- Lüttswager J. (1967): Kurzbericht über Tierfunde aus meso- und neolithischen Moorsiedlungen in Schleswig-Holstein. In: Schriften des Naturwissenschaftlichen Vereins für Schleswig-Holstein 37, 53-64.
- Lutz S, Weisser HJ, Heizmann J, Pollak S (1996): mtDNA as a tool for identification of human remains. Identification using mtDNA. *Int J Legal Med* 109(4): 205-209
- Lutz S, Weisser HJ, Heizmann J, Pollak S (1998): Location and frequency of polymorphic positions in the mtDNA control region of individuals from Germany. *Int J Legal Med* 111:67-77
- Macaulay V, Hill C, Achilli A, Rengo C, Clarke D, Meehan W, Blackburn J, Semino O, Scozzari R, Cruciani F, Taha A, Shaari NK, Raja JM, Ismail P, Zainuddin Z, Goodwin W, Bulbeck D, Bandelt HJ, Oppenheimer S, Torroni A, Richards M (2005): Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. *Science* 308:1034-1036
- Macaulay V, Richards M, Hickey E, Vega E, Cruciani F, Guida V, Scozzari R, Bonne-Tamir B, Sykes B, Torroni A (1999a): The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs. *Am J Hum Genet* 64:232-249
- Macaulay V, Richards M, Sykes B (1999b): Mitochondrial DNA recombination-no need to panic. *Proc R Soc Lond B Biol Sci* 266:2037-2039
- Macaulay VA, Richards MB, Forster P, Bendall KE, Watson E, Sykes B, Bandelt HJ (1997): mtDNA mutation rates--no need to panic. *Am J Hum Genet* 61:983-990
- MacHugh DE, Edwards CJ, Bailey JF, Bancroft DR, Bradley DG (2000): The extraction and analysis of ancient DNA from bone and teeth: a survey of current methodologies. *Ancient Biomolecules* 3: 81-102
- Makowiecki D (2003): Historia Ryb i Rybołówstwa w Holocenie na Niziu Polskim w Świetle Badań Archeoichtologicznych. Instytut Archeologii i Etnologii Polskiej Akademii Nauk, Poznań.

- Malmström H, Gilbert MT, Thomas MG, Brandström M, Storå J, Molnar P, Andersen PK, Bendixen C, Holmlund G, Götherström A, Willerslev E. (2009): Ancient DNA reveals lack of continuity between neolithic hunter-gatherers and contemporary Scandinavians. *Curr Biol.* 2009 Nov 3;19(20):1758-62. Epub 2009 Sep 24.
- Mantel N (1967): The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Res.* 27: 209-220.
- Mariani, P.; Moller, M.J.; Høyheim, B.; Marklund, L.; Davies, W.; Ellegren, H.; Andersson, L. (1996): The extension coat color locus and the loci for blood group O and tyrosine aminotransferase are on pig chromosome 6. *Journal of Heredity*,87,272-276
- Maricic T, Whitten M, Pääbo S. (2010): Multiplexed DNA sequence capture of mitochondrial genomes using PCR products. *PLoS One.* 2010 Nov 16;5(11).
- Marin I, García T, Fajardo V, Rojas M, Hernández PE, González I, Martín R (2007): Technical note: Detection of cat, dog, and rat or mouse tissues in food and animal feed using species-specific polymerase chain reaction. *J Anim Sci* 85(10): 2734-2739
- Martin R (1996): *Labor im Fokus Elektrophorese von Nucleinsäuren.* Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg Berlin Oxford
- Marota I, Basile C, Ubaldi M, Rollo F (2002): DNA decay rate in papyrus and human remains from Egyptian archaeological sites. *Am J Phys Anthropol* 117 [4]: 310-318
- Mason I (1984): *Evolution of Domesticated Animals.* London-New York.
- Mayr E (1947): *Systematics and the origin of species: from the viewpoint of a zoologist.* 3. Aufl., Columbia University Press, New York
- Mayr E (2001a): A Critique from the Biological Species Concept Perspective: What is a Species, and What is Not In: Wheeler QD, Meier R (Hrsg.) *Species Concept and Phylogenetic Theory.* Columbia University Press, New York
- Mayr E (2001b): The Biological Species Concept. In: Wheeler QD, Meier R (Hrsg.) *Species Concept and Phylogenetic Theory.* Columbia University Press, New York
- Mayr E (2000): Darwin's influence on modern thoughts. *Scientific American.* July: 78-83 <http://www.udel.edu/anthro/krosenberg/mayr.pdf>
- McClellan DA, McCracken KG (2001): Estimating the Influence of Selection on the Variable Amino Acid Sites of the Cytochrome b Proteins Functional Domains. *Mol Biol Evol* 18(6): 917-925
- McNevin D, Wilson-Wilde L, Robertson J, Kyd J, Lennard C (2005a): Short tandem repeat (STR) genotyping of keratinised hair. Part 1. Review of current status and knowledge gaps. *Forensic Sci Int* 153(2-3): 237-246
- McNevin D, Wilson-Wilde L, Robertson J, Kyd J, Lennard C (2005b): Short tandem repeat (STR) genotyping of keratinised hair. Part 2. An optimised genomic DNA extraction procedure reveals donor dependence of STR profiles. *Forensic Sci Int* 153(2-3): 247-259
- Meadows JRS, Li K, Kantanen J, Tapio M, Sipos W, Pardeshi V, Gupta V, Calvo JH, Wahn V, Norris B, Kijas JW (2005): Mitochondrial Sequence Reveals High Levels of gene Flow Between Breeds of Domestic Sheep from Asia and Europe. *J Hered* 96(5): 494-501
- Meadow R (1989): Osteological evidence for the process of animal domestication. In: J. Clutton-Brock (Ed.) *The Walking Larder: Patterns of domestication pastoralism and predation (80-90)* London
- Meier D. (2007): *Die Nordseeküste. Geschichte einer Landschaft* (Heide 2007), Boyens.
- Meier D. (2001): *Landschaftsentwicklung und Siedlungsgeschichte des Eiderstedter und Dithmarscher Küstengebietes als Teilregionen des Nordseeküstenraumes.* Teil 1: Die Siedlungen; Teil 2: Der Siedlungsraum. *Untersuchungen AG Küstenarchäologie des FTZ-Westküste* Universitätsforschungen zur Prähistorischen Archäologie 79 (Bonn 2001), Habelt.

- Meyer C, Alt KW (2005): Kultur- und Bevölkerungswandel am Oberrhein? Ein osteometrischer Vergleich früh- und mittelneolithischer Populationen, eingereicht.
- Meyer C, Kürbis O, Alt KW (2004): Das Massengrab von Wiederstedt, Ldkr. Mansfelder Land. Auswertung und Gedanken zur Deutung im Kontext der Linienbandkeramik. *Jahresschrift für mitteldeutsche Vorgeschichte* 88:31-66
- Meyer C (2004): Vergleichend osteometrische Studie zur Frage der Kontinuität früh- und mittelneolithischer Populationen. Magisterarbeit, Johannes Gutenberg Universität Mainz
- Meyer E. (1969): Das germanische Gräberfeld von Zauschwitz, Kr. Borna. Ein Beitrag zur spätrömischen Kaiserzeit in Sachsen, Arbeits- und Forschungsberichte zur sächsischen Bodendenkmalpflege, Beiheft 6 (Berlin 1969)
- Meyer S, Weiss G, von Haeseler A (1999): Pattern of nucleotide substitution and rate heterogeneity in the hypervariable regions I and II of human mtDNA. *Genetics* 152 [3]:1103-1110
- Mignon-Grasteau S, Boissy A, Bouix J, Faure J-M, Fisher AD, Hinch GN, Jemden P, Le Neindre P, Mormede P, Prunet P, Vandeputte M, Beaumont C (2005): Genetics of adaptation and domestication in livestock. *Livestock Production Science* 93: 3-14
- Miller CR, Waits LP (2003): The history of effective population size and genetic diversity in the Yellowstone grizzly (*Ursus arctos*): implications for conservation. *Proc Natl Acad Sci U S A* 100:4334-4339
- Miller GR, Burger RL (1995): Our father the cayman, our dinner the llama; animal utilization at chavin de huantar, Peru. *American Antiquity* 60(3): 421-458
- Mischka D., W. Dörfler, P. Grootes, D. Heinrich, J. Müller und O. Nelle (2007): Die neolithische Feuchtbodensiedlung Bad Oldesloe-Wolkenwehe LA 154. Vorbericht zu den Untersuchungen 2006. *Offa* 61/62, 25-63.
- Mishmar D, Ruiz-Pesini E, Golik P, Macaulay V, Clark AG, Hosseini S, Brandon M, Easley K, Chen E, Brown MD, Sukernik RI, Olckers A, Wallace DC (2003): Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proc Natl Acad Sci USA* 100:171-176
- Mona S, Randi E, Tommaseo-Ponzetta M. (2007): Evolutionary history of the genus *Sus* inferred from cytochrome b sequences. *Mol Phylogenet Evol.* 2007 Nov;45(2):757-62. Epub 2007 Jun 16.
- Moncrieff, E.; Joseph, S.; Joseph, I. (1996): Development in pig breeding , Farm animal portraits. *Antique Collectors Club Ltd.*,229-251
- Montpetit SA, Fitch IT, O'Donnell PT (2005): A simple automated instrument for DNA extraction in forensic casework. *J Forensic Sci* 50 [3]: 555-563
- Moussa, N.M. (1998): La protéine Agouti et son rôle dans les syndromes d'obésité. *médecine/sciences*,14,898-906
- Moussa, N.M.; Claycombe, K.J. (1999): The yellow mouse obesity syndrome and mechanisms of agouti-induced obesity. *Obesity research*,7(5),506-514
- Moyer, F. (1961): Electron microscope observations on the origin, development and genetic control of melanin granules in the mouse eye. The structure of the eye, ed. G.K. Smelser, Academic Press New York,469-486
- Moyer, F. (1966): Genetic variations in the fine structure and ontogeny of mouse melanin granules. *Am. Zoologist*,6,43-66
- Moyer, F. (1960): Some effects of pigment mutations on the fine structure of mouse melanin granules. *The Anatomical Records*,138,372
- Moyer, F.H. (1963): Genetic effects on melanosome fine structure and ontogeny in normal and malignant cells. *Annals New York Academy of Sciences*,100,584-606
- Müller A (1989): *Lehrbuch der Paläozoologie, Band III: Vertebraten, Teil 3: Mammalia*, Stuttgart

- Müller A (1992): Lehrbuch der Paläozoologie, Band I: Allgemeine Grundlagen, 5. Auflage, Stuttgart
- Müller J., Czebreszuk J., Kneisel J. (2010): Bruszczewo II. Ausgrabungen und Forschungen in einer prähistorischen Siedlungskammer Großpolens, *Badania mikroregionu osadniczego z terenu Wielkopolski, Studien zur Archäologie in Ostmitteleuropa/ Studia nad Pradziejami Europy Srodkowej* 6, 1.2 (Habelt, Bonn)
- Müller J. (2006): Demographische Variablen des Bosnischen Spätneolithikums – zur Frage der Bevölkerungsrekonstruktion im südosteuropäischen Neolithikum. In: N. Tasić/C. Graždanov (Hrsg.), *Homage to Milutin Garašanin (Belgrade)* 367-78.
- Müller J, Rassmann K, Schüler T (2005): Okolište und Obre - geophysikalische Prospektionen auf neolithischen Siedlungshügeln in Zentralbosnien. In: W. Bruyn de (Hrsg.), *Georadar und andere zerstörungsfreie Untersuchungsmethoden von Bodenaltertümern. Grenzen und Möglichkeiten (Storkow)* 201-218.
- Müller J (1994) Das ostadriatische Frühneolithikum. Die Impresso-Kultur und die Neolithisierung des Adriaumes. *Prähistorische Archäologie in Südosteuropa* (Berlin).
- Mullis K, Faloona F (1987): Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods Enzymol* 155:335-350
- Mullis K, Faloona F, Scharf S, Saiki R, Horn G, Erlich H (1986): Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harb.Symp. Quant Biol* 51: 263-273
- Nebelsick Th, Engelmann A, Kämpfner G, Peter T, Schreiber G, Reuter U, Schulze-Forster J, Stäuble H, Wagner G, Mittag S (2006): Zauschwitz - der archäologische Hauptort des Leipziger Landes. Begleitband zur Ausstellung "Venus und Adonis - Archäologische Schätze aus Mitteldeutschland und dem Landkreis Borna" im Museum der Stadt Borna vom 14. Dezember 2006 bis 15. April 2007., *Schriftenreihe des Museums der Stadt Borna - Geschichtsverein Borna e. V. (Borna)*
- Nei M (1987): *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York
- Nei M, Li WH (1979): Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc Natl Acad Sci USA* 76 [10]: 5269-5273
- Nei M (1978): Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89(3): 583-590
- Nei M (1973): Analysis of gene Diversity in Subdivides Populations. *Proc Nat Acad Sci USA* 70(12,I): 3321-3323
- Nei, M. (1972): 'Genetic distance between populations.', *American Naturalist* 106, 283-292.
- Neustupny E (1982): Prehistoric migration by infiltration. *Archeologické Rozhledy* 34:278-293
- Niethammer, J. & Krapp, F. (1986), *Handbuch der Säugetiere Europas. Band II/2 Paarhufer*, Aula-Verlag, Wiesbaden.
- Nikolov, I. S.; Gum, B.; Markov, G. & Kuehn, R. (2009): 'Population genetic structure of wild boar *Sus scrofa* in Bulgaria as revealed by microsatellite analysis', *Acta Theriologica* 54, 193-205.
- Nobis G. (1962): Die Tierreste prähistorischer Siedlungen aus dem Satrupholmer Moor (Schleswig-Holstein). In: *Zeitschrift für tierzüchtung und Züchtungsbiologie* 77, 16-30.
- Nobis G. (1971): Die Tierreste prähistorischer Siedlungen Süssau, Kr. Oldenburg (Schleswig-Holstein). In: *Schriften des naturwissenschaftlichen Vereins für Schleswig-Holstein* 41, 89-99.
- Nobis G. (1975): Zur Fauna des ellerbekzeitlichen Wohnplatzes Rosenhof in Holstein (Grabung 1968 bis 1973). In: *Schriften des naturwissenschaftlichen Vereins für Schleswig-Holstein* 45, 5-30.
- Nobis G. (1983): Wild- und Haustierfunde des Fundplatzes Siggeneben-Süd. In: J. Meurers-Balke, *Siggeneben-Süd. Ein Fundplatz der frühen Trichterbecherkultur an der holsteinischen Ostseeküste*, Offa Bücher Bd. 50, Neumünster, 115-118.

- Nobis G. (1987): Wildtiere aus Nordwestböhmen als Indikator der natürlichen Umwelt in der Urzeit. In: E. Černá, Archäologische Rettungstätigkeiten in den Braunkohlengebieten und die Problematik der siedlungsgeschichtlichen Forschung. Prag, 215-216.
- Nordborg M (1998): On the probability of Neanderthal ancestry. *Am J Hum Genet* 63:1237-1240
- Noro M, Masuda R, Dubrovo IA, Yoshida MC, Kato M (1998): Molecular phylogenetic inference of the woolly mammoth *Mammuthus primigenius*, based on complete sequences of mitochondrial cytochrome b and 12S ribosomal RNA genes. *J Mol Evol* 46:314-326
- Ohta, T. & Kimura, M. (1973): 'A model of mutation appropriate to estimate the number of electrophoretically detectable alleles in a finite population', *Genetical Research* 22, 201-204.
- Oliver W. (1993): Pigs, Peccaries and Hippos Status Survey and Action Plan, IUCN (World Conservation Union), Gland, Switzerland, chapter Taxonomy and Description.
- Ollivier, L.; Sellier, P. (1982): Pig genetics: a review. *Ann. Genet. Sel. Anim.*,14,481-544
- Ophoven, E. (2005): Wildtierkunde. Biologie - Merkmale - Bejagung, Kosmos.
- Orlando L, Metcalf JL, Alberdi MT, Telles-Antunes M, Bonjean D, Otte M, Martin F, Eisenmann V, Mashkour M, Morello F, Prado JL, Salas-Gismondi R, Shockey BJ, Wrinn PJ, Vasil'ev SK, Ovodov ND, Cherry MI, Hopwood B, Male D, Austin JJ, Hanni C, Cooper A. (2009): Revising the recent evolutionary history of equids using ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci USA*. Dec 22;106(51):21754-9.
- Orlando L, Bonjean D, Bocherens H, Thenot A, Argant A, Otte M, Hanni C (2002): Ancient DNA and the population genetics of cave bears (*Ursus spelaeus*) through space and time. *Mol Biol Evol* 19:1920-1933
- Oskam CL, Haile J, McLay E, Rigby P, Allentoft ME, Olsen ME, Bengtsson C, Miller GH, Schwenninger JL, Jacomb C, Walter R, Baynes A, Dortch J, Parker-Pearson M, Gilbert MT, Holdaway RN, Willerslev E, Bunce M. (2010): Fossil avian eggshell preserves ancient DNA. *Proc Biol Sci*. Jul 7;277(1690):1991-2000.
- Otoni C., Koon H., Collins M., Penkman K., Rickards O., Craig O. (2009): Preservation of ancient DNA in thermally damaged archaeological bone, *Naturwissenschaften* 96, 267-278
- Ovchinnikov IV, Gotherstrom A. Romanova GP, Kharitonov VM, Lidén K, Goodwin W (2000): Molecular analysis of Neanderthal DNA from the northern Caucasus. *Nature* 404: 490-493
- Özbal R, Gerritsen F (2004): Introduction, In Tell Kurdu Excavations 2001, *Anatolica* 30:37-38.
- Pääbo S, Poinar H, Serre D, Jaenicke-Despres V, Hebler J, Rohland N, Kuch M, Krause J, Vigilant L, Hofreiter M (2004): Genetic analyses from ancient DNA. *Annu Rev Genet* 38:645-679
- Pääbo S, Wilson AC (1991): Miocene DNA sequences - a dream come true? *Curr Biol* 1:45-46
- Pääbo S (1989): Ancient DNA: extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification. *Proc Natl Acad Sci U S A* 86:1939-1943
- Pääbo S (1985): Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA. *Nature* 314:644-645
- Pääbo S (1984): Über den Nachweis von DNA in altägyptischen Mumien. *Das Altertum* 30:213-218
- Pakendorf B, Stoneking M (2005): Mitochondrial DNA and human evolution. *Annu Rev Genomics Hum Genet* 6: 165-183
- Parsons TJ, Muniec DS, Sullivan K, Woodyatt N, liston-Greiner R, Wilson MR, Berry DL, Holland KA, Weedn VW, Gill P, Holland MM (1997): A high observed substitution rate in the human mitochondrial DNA control region. *Nat Genet* 15:363-368
- Passarge E (2004): Taschenatlas der Genetik, 2.Auflage. Georg Thieme Verlag, Stuttgart

- Paxinos EE, James HF, Olson SL, Sorenson MD, Jackson J, Fleischer RC (2002): mtDNA from fossils reveals a radiation of Hawaiian geese recently derived from the Canada goose (*Brantacanadensis*). *Proc Natl Acad Sci U S A* 99:1399-1404
- Perry WL, Bass WM, Riggsby WS, Sirotkin K (1988): The autodegradation of deoxyribonucleic acid (DNA) in human rib bone and its relationship to the time interval since death. *J Forensic Sci* 33(1) : 144-153
- Pfeiffer I (2007): Molekulargenetische Bestimmung der einheimischen Fauna und CITESgeschützter Tierarten. In: Herrmann B, Saternus KS (Hrsg.) *Biologische Spurenkunde – Kriminalbiologie*. Springer Verlag, New York, Heidelberg, Berlin
- Piganeau G, Eyre-Walker A (2004): A reanalysis of the indirect evidence for recombination in human mitochondrial DNA. *Heredity* 92:282-288
- Piggott S (1965) *Ancient Europe from the beginnings of agriculture to classical antiquity*. University Press, Edinburgh
- Pinhasi R, Pluciennik M (2005): A Regional Biological Approach to the Spread of Farming in Europe. *Current Anthropology* 45:S59-S82
- Pinhasi R, Foley RA, Lahr MM (2000): Spatial and Temporal Patterns in the Mesolithic-Neolithic Archaeological Record of Europe. In: Renfrew C, Boyle K (eds) *Archaeogenetics: DNA and the population history of Europe*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, pp 45-56
- Poinar H, Kuch M, McDonald G, Martin P, Pääbo S (2003) Nuclear gene sequences from a late pleistocene sloth coprolite. *Curr Biol* 13 [13]: 1150-1152
- Poinar HN, Kuch M, Sobolik KD, Barnes I, Stankiewicz AB, Kuder T, Spaulding WG, Bryant VM, Cooper A, Pääbo S (2001) A molecular analysis of dietary diversity for three archaic Native Americans. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98:4317-4322
- Poinar HN, Hofreiter M, Spaulding WG, Martin PS, Stankiewicz BA, Bland H, Evershed RP, Possnert G, Pääbo S (1998): Molecular coproscopy: dung and diet of the extinct ground sloth *Nothrotheriops shastensis*. *Science* 281:402-406
- Poinar HN, Hoss M, Bada JL, Pääbo S (1996): Amino acid racemization and the preservation of ancient DNA. *Science* 272:864-866
- Poinar H, Cano RJ, Poinar GO, Jr. (1993): DNA from an extinct plant. *Nature* 363:677
- Pollok, K. (1976): Untersuchungen an Schädeln von Schafen und Ziegen aus der frühmittelalterlichen Siedlung Haithabu. *Schriften aus der Archäologisch-Zoologischen Arbeitsgruppe Schleswig-Kiel*, Heft 1. Kiel.
- Pons O, Petit RJ (1996): Measuring and testing genetic differentiation with ordered versus unordered alleles. *Genetics* 144(3): 1237-1245
- Porter, V. (1993): *Pigs. A Handbook to the Breeds of the World*, Comstock Publishing Associates, Ithaca, New York.
- Price TD (2000): *Europe's First Farmers*. Cambridge University Press, Cambridge
- Price TD, Bentley RA, Lüning J, Gronenborn D, Wahl J (2001): Prehistoric human migration in the Linearbandkeramik of Central Europe. *Antiquity* 75:593-603
- Price ER, Horstmann MA, Wells AG, Weilbaecher KN, Takemoto CM, Landis MW, Fisher DE, (1998): α -Melanocyte-stimulating hormone signaling regulates expression of microphthalmia, a gene deficient in Waardenburg Syndrome. *The Journal of Biological Chemistry*, 273,49,33042-33047,
- Prien R (2005): *Archäologie und Migration. Vergleichende Studien zur archäologischen Nachweisbarkeit von Wanderungsbewegungen*. Universitätsforschungen zur prähistorischen Archäologie 120, Rudolph Habelt GmbH, Bonn
- Prummel, W. (1991): Haus und Wildtiere. In: Müller-Wille, M. (Hrsg.): *Starigard/Oldenburg. Ein slawischer Herrschersitz des frühen Mittelalters in Ostholstein*, S. 299-306. Neumünster.

- Pruvost M, Schwarz R, Correia VB, Champlot S, Braguier S, Morel N, Fernandez-Jalvo Y, Grange T, Geigl EM. (2007): Freshly excavated fossil bones are best for amplification of ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2007 Jan 16;104(3):739-44.
- Quilter CR, Blott SC, Mileham AJ, Affara NA, Sargent CA, Griffin DK. (2002): A mapping and evolutionary study of porcine sex chromosome genes. *Mamm Genome*. 2002 Oct;13(10):588-94.
- Raemakers D (2006): *De spiegel van Swifterbant*, University of Groningen.
- Ralls K und Ballou J (1983): *Genetics and Conservation: A Reference for Managing Wild Animal and Plant Populations*, Benjamin/Cummings, Menlo Park, CA, chapter Extinction: lessons from zoos, pp. 164-184.
- Ramminger B (2007) *Wirtschaftsarchäologische Untersuchungen zu alt- und mittelneolithischen Felsgesteingeräten in Mittel- und Nordhessen - Archäologie und Rohmaterialversorgung*. *Internationale Archäologie* 102 (Rahden/Westfalen).
- Randi E, Lucchini V, Diong CH. (1996): Evolutionary genetics of the suiformes as reconstructed using mtDNA sequencing. *J Mamm Evol.*; 3:163-194.
- Raoult D, Aboudharam G, Crubezy E, Larrouy G, Ludes B, Drancourt M (2000): Molecular identification by "suicide PCR" of *Yersinia pestis* as the agent of medieval black death. *Proc Natl Acad Sci U S A* 97:12800-12803
- Rasmussen M, Li Y, Lindgreen S, Pedersen JS, Albrechtsen A, Moltke I, Metspalu M, Metspalu E, Kivisild T, Gupta R, Bertalan M, Nielsen K, Gilbert MT, Wang Y, Raghavan M, Campos PF, Kamp HM, Wilson AS, Gledhill A, Tridico S, Bunce M, Lorenzen ED, Binladen J, Guo X, Zhao J, Zhang X, Zhang H, Li Z, Chen M, Orlando L, Kristiansen K, Bak M, Tommerup N, Bendixen C, Pierre TL, Grønnow B, Meldgaard M, Andreasen C, Fedorova SA, Osipova LP, Higham TF, Ramsey CB, Hansen TV, Nielsen FC, Crawford MH, Brunak S, Sicheritz-Pontén T, Villems R, Nielsen R, Krogh A, Wang J, Willerslev E. (2010): Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. *Nature*. Feb 11;463(7282):757-62.
- Rasson J (1983): *Interaction Spheres as Adaptive Mechanisms. Bosnian-Dalmatian Relations in the Neolithic*. (State University at Binghamton).
- Reed D und Frankham R (2003): 'Correlation between Fitness and Genetic Diversity', *Conservation Biology* 17, 230-237.
- Rees JL (2000): The melanocortin 1 receptor (MC1R): more than just red hair. *Pigment Cell Res* 13(3): 135-140
- Reich D, Green RE, Kircher M, Krause J, Patterson N, Durand EY, Viola B, Briggs AW, Stenzel U, Johnson PL, Maricic T, Good JM, Marques-Bonet T, Alkan C, Fu Q, Mallick S, Li H, Meyer M, Eichler EE, Stoneking M, Richards M, Talamo S, Shunkov MV, Derevianko AP, Hublin JJ, Kelso J, Slatkin M, Pääbo S. (2010): Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*. Dec 23;468(7327):1053-60.
- Reichstein H (1969): *Untersuchungen an Geweihresten des Rothirsches (Cervus elaphus L.) aus der frühmittelalterlichen Siedlung Haithabu. Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 2, S. 57-71*. Neumünster.
- Reichstein H (1972): *Einige Bemerkungen zu den Haustierfunden auf der Feddersen Wierde und vergleichbarer Siedlungen in Nordwest-Deutschland*. *Die Kunde N.F.* 23, S. 142-156.
- Reichstein H (1973): *Die Haustier-Knochenfunde der Feddersen Wierde (allgemeiner Teil)*. *Probleme der Küstenforschung im südlichen Nordseegebiet* 10, S. 95-112.
- Reichstein H (1974): *Ergebnisse und Probleme von Untersuchungen an Wildtieren aus Haithabu (Ausgrabung 1963-1964)*. *Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 7, S. 103-144*. Neumünster.
- Reichstein H (1984a): 1.2 Die Tierwelt im Bereich von Haithabu. In: *Archäologische und naturwissenschaftliche Untersuchungen an ländlichen und frühstädtischen Siedlungen im deutschen Küstengebiet vom 5. Jh. v.Chr. bis zum 11. Jh. n.Chr. Bd. 2 Handelsplätze des frühen und hohen Mittelalters* (Hrsg.: Jankuhn,

- H., Schietzel, K. u. Reichstein, H.), S. 78-82. DFG Acta humaniora.
- Reichstein H (1984b): 3.1.2 Jagd und Fischfang. In: Archäologische und naturwissenschaftliche Untersuchungen an ländlichen und frühstädtischen Siedlungen im deutschen Küstengebiet vom 5. Jh. v.Chr. bis zum 11. Jh. n.Chr. Bd.1 Ländliche Siedlungen (Hrsg.: Kossack, K., Schmid, P. u. Behre, K.-E.), S. 275-276. DFG Acta humaniora.
- Reichstein H (1984c): 3.1.3 Haustiere. In: Archäologische und naturwissenschaftliche Untersuchungen an ländlichen und frühstädtischen Siedlungen im deutschen Küstengebiet vom 5. Jh. v.Chr. bis zum 11. Jh. n.Chr. Bd. 1 Ländliche Siedlungen (Hrsg.: Kossack, K., Schmid, P. u. Behre, K.-E.), S. 277-284. DFG Acta humaniora.
- Reichstein H (1984d): Tierische Nahrung in Haithabu. In: Archäologische und naturwissenschaftliche Untersuchungen an ländlichen und frühstädtischen Siedlungen im deutschen Küstengebiet vom 5. Jh. v.Chr. bis zum 11. Jh. n.Chr. Bd. 2 Handelsplätze des frühen und hohen Mittelalters (Hrsg.: Jankuhn, H., Schietzel, K. u. Reichstein, H.), S. 215-230. DFG Acta humaniora
- Reichstein H (1985): Die Tierknochenfunde vom mittelneolithischen Fundplatz Neukirchen-Bostholm, Kreis Schleswig-Flensburg. Offa 42, S. 331-345.
- Reichstein H (1987): Tierknochenfunde: Eine Quelle zur qualitativen und quantitativen Erfassung des Nahrungskonsums? In: Herrmann, B. u. Sprandel, R. (Hrsg.): Determinanten der Bevölkerungsentwicklung im Mittelalter, S. 127-141. Acta humaniora, Weinheim.
- Reichstein H (1991a): Die Fauna des germanischen Dorfes Feddersen Wierde. Feddersen Wierde IV. Stuttgart
- Reichstein H (1991b): Die wildlebenden Säugetiere von Haithabu (Ausgrabungen 1966-1969 und 1979-1980). Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu 30. Neumünster.
- Reichstein H (2002): Vergleichende Betrachtungen zur Nahrungsversorgung der Bewohner von Haithabu und Schleswig. In: Haithabu und die frühe Stadtentwicklung im nördlichen Mitteleuropa. Schriften des Archäologischen Landesmuseums 8, 169-179. Neumünster.
- Reichstein H u. Tiessen M (1974): Ergebnisse neuerer Untersuchungen an Knochen aus Haithabu (Ausgrabung 1963-1964). Berichte über die Ausgrabungen in Haithabu, Bericht 7, S. 9-101. Neumünster.
- Reid AH, Fanning TG, Hultin JV, Taubenberger JK (1999): Origin and evolution of the 1918 "Spanish" influenza virus hemagglutinin gene. Proc Natl Acad Sci U S A 96:1651-1656
- Reinhard J (2007): Die bandkeramische Siedlung Göttingen-Grone – zum Stand der Aufarbeitung. Berichte zur Denkmalpflege in Niedersachsen 3/2007, 107-109.
- Relethford JH (2001): Ancient DNA and the origin of modern humans. Proc Natl Acad Sci U S A 98:390-391
- Renfrew C (1987): Archaeology and Language. Cambridge University Press, Cambridge
- Renneberg R (2008): Molekulargenetische Untersuchungen an Überresten präkolumbischer Neuwelt-Camelidae aus dem Palpa-Tal (Peru) Dissertation Universität Göttingen.
- Ricaud FX, Fedoseeva A, Keyser-Tracqui C, Crubezy E, Ludes B (2004a): Ancient DNA analysis of human Neolithic remains found in northeastern Siberia. Am J Phys Anthropol
- Ricaud FX, Keyser-Tracqui C, Bourgeois J, Crubezy E, Ludes B (2004b) Genetic analysis of a Scytho-Siberian skeleton and its implications for ancient Central Asian migrations. Hum Biol 76:109-125
- Ricaud FX, Keyser-Tracqui C, Cammaert L, Crubezy E, Ludes B (2004c) Genetic analysis and ethnic affinities from two Scytho-Siberian skeletons. Am J Phys Anthropol 123:351-360
- Ricaud FX, Kolodetsnikov S, Keyser-Tracqui C, Alekseev AN, Crubezy E, Ludes B (2004d) Genetic analysis of human remains found in two eighteenth century Yakut graves at At-Dabaan. Int J Legal Med 118:24-31
- Richards M (2003): The neolithic invasion of Europe. Annu Rev Anthropol 32:135-162
- Richards M, Macaulay V (2001): The mitochondrial gene tree comes of age. Am J Hum Genet 68:1315- 1320

- Richards M, Macaulay V (2000a): Genetic Data and the Colonization of Europe: Genealogies and Founders. In: Renfrew C, Boyle K (eds) *Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe*. McDonald Institute of Archaeological Research, Cambridge, pp 139-152
- Richards M, Macaulay V, Hickey E, Vega E, Sykes B, Guida V, Rengo C, Sellitto D, Cruciani F, Kivisild T, Villems R, Thomas M, Rychkov S, Rychkov O, Rychkov Y, Golge M, Dimitrov D, Hill E, Bradley D, Romano V, Cali F, Vona G, Demaine A, Papiha S, Triantaphyllidis C, Stefanescu G (2000b): Tracing european founder lineages in the near eastern mtDNA pool. *Am J Hum Genet* 67:1251-1276
- Richards M, Sykes B (1998a) Reply to Barbujani et al. *Am J Hum Genet* 62:491-492
- Richards M, Macaulay VA, Bandelt HJ, Sykes BC (1998b) Phylogeography of mitochondrial DNA in western Europe. *Ann Hum Genet* 62 (Pt 3):241-260
- Richards M, Macaulay V, Sykes B, Pettitt P, Hedges R, Forster P, Bandelt H-J (1997): Reply to Cavalli- Sforza and Minch. *Am J Hum Genet* 61:251-254
- Richards M, Corte-Real H, Forster P, Macaulay V, Wilkinson-Herbots H, Demaine A, Papiha S, Hedges R, Bandelt HJ, Sykes B (1996): Paleolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *Am J Hum Genet* 59:185-203
- Ritchie PA, Millar CD, Gibb GC, Baroni C, Lambert DM. (2004): Ancient DNA enables timing of the pleistocene origin and holocene expansion of two adélie penguin lineages in antarctica. *Mol Biol Evol.* 2004 Feb;21(2).
- Robbins L, Nadeau J, Johnson K, Kelly M, Roselli-Rehffuss L, Baack E, Mountjoy K, Cone D (1993): Pigmentation phenotypes of variant extension locus alleles results from point mutations that alter MSH receptor function. *Cell*,72,827-834
- Robin E, Wong R (1988): Mitochondrial DNA molecules and virtual number of mitochondria per cell in mammalian cells. *J Cell Physiol* 136:507-13
- Robins JH, Ross HA, Allen MS, Matisoo-Smith E. (2006): Taxonomy: *Sus bucculentus* revisited. *Nature.*; 440(7086):E7.
- Rohlf, F. J. (1993), 'NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate analysis System Version 1.80', Technical report, Department of Ecology and Evolution, State University of New York.
- Rokas A, Carroll SB (2005): More genes or more taxa? The relative contribution of gene number and taxon number to phylogenetic accuracy. *Mol Biol Evol* 22(5): 1337-1344
- Römpler H, Rohland N, Lalueza-Fox C, Willerslev E, Kuznetsova T, Rabeder G, Bertranpetit J, Schöneberg T, Hofreiter M (2006): Nuclear gene indicates coat-color polymorphism in mammoths. *Science* 313(5783): 62-72
- Rousset, F. (2008): 'genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux.', *Molecular Ecology Resources* 8, 103-106.
- Rozen S und Skaletsky H (2000): Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. In: Krawetz S, Misener S (eds) *Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, Totowa, NJ, pp 365-386
- Ruiz-Pesini E, Mishmar D, Brandon M, Procaccio V, Wallace DC (2004): Effects of purifying and adaptive selection on regional variation in human mtDNA. *Science* 303(5655): 223-226
- Russo CA, Takezaki N, Nei M (1996): Efficiencies of different genes and different tree-building methods in recovering a known vertebrate phylogeny. *Mol Biol Evol* 13(3): 525-536
- Rychlik W (1995a): Priming efficiency in PCR. *Biotechniques* 18:84-90
- Rychlik W (1995b): Selection of primers for polymerase chain reaction. *Mol Biotechnol* 3:129-134

- Saetre, P., Lindberg, J., Leonard, J., Olsson, K., Pettersson, U., Ellegren, H., Bergström, T., Vilà, C., Jazin, E. (2004): From wild wolf to domestic dog: Gene expression changes in the brain. *Brain Research: Molecular Brain Research* 126:198-206.
- Salman, A.H. (1977): Untersuchungen an Tierknochenfunden aus der mittelalterlichen Stadt Schleswig, Ausgrabungen Rathausmarkt (Schild) 1970/71. Dissertation Universität Kiel.
- Salo WL, Aufderheide AC, Buikstra J, Holcomb TA (1994): Identification of *Mycobacterium tuberculosis* DNA in a pre-Columbian Peruvian mummy. *Proc Natl Acad Sci U S A* 91:2091-2094
- Sambraus H (1994): Atlas der Nutztierassen. Eugen Ulmer GmbH & Co,
- Sambrook J, Fritsch E, Maniatis T (1989): *Molecular cloning. A laboratory manual*, 2 edn. Cold Spring Harbor University Press, Cold Spring Harbor, New York
- F. Sanger, S. Nicklen, A. R. Coulson (1977): "DNA sequencing with chain-terminating inhibitors", *Proc Natl Acad Sci U S A*, 74, S. 5463–5467.
- Sarno RJ, Villaalba L, Bonacic C, Gonzalez B, Zapata B, MacDonald DW, O'Brien SJ, Johnson WE (2004): Phylogeography and subspecies assessment of *Vicugna* in Chile and Bolivia utilizing mtDNA and microsatellite markers: implications for vicugna conservation and management. *Conservation Genetics* 5(1): 89-102
- Savolainen P, Zhang YP, Luo J, Lundeberg J, Leitner T (2002): Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science* 298:1610-1613
- Scandura M, Iacolina L, Crestanello B, Pecchioli E, Di Benedetto MF, Russo V, Davoli R, Apollonio M, Bertorelle G. (2008): Ancient vs. recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: are the effects of the last glaciation still detectable? *Mol Ecol.* 2008 Apr;17(7):1745-62.
- Scandura, M.; Iacolina, L.; Crestanello, B.; Pecchioli, E.; Di Benedetto, M. F.; Russo, V.; Davoli, R.; Apollonio, M. & Bertorelle, G. (2008): 'Ancient vs. recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: are the effects of the last glaciation still detectable?', *Molecular Ecology* 17(7), 1745-1762.
- Schäfer J, Haswell K, Bauer U, Schulz R (2004): Heißer gegessen als gekocht? Eine kritische Betrachtung paläogenetischer Forschungen zur Abstammung des Menschen. *EAZ* 1/2004:1-34
- Scharl S (2004): Die Neolithisierung Europas; Ausgewählte Modelle und Hypothesen. Leidorf, Rahden/Westf.
- Scherf BD (1995): World watch List for domestic animal diversity. 2.Aufl., Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Rom
- Schewe C, Goldmann T, Grosser M, Zink A, Schluns K, Pahl S, Ulrichs T, Kaufmann SH, Nerlich A, Baretton GB, Dietel M, Vollmer E, Petersen I (2005): Inter-laboratory validation of PCR-based detection of *Mycobacterium tuberculosis* in formalin-fixed, paraffin-embedded tissues. *Virchows Arch* 447:573- 585
- Schilz F (2006): Molekulargenetische Verwandtschaftsanalysen am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle. Dissertation Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät, Universität Göttingen
- Schilz F, Hummel S, Herrmann B (2004): Design of a multiplex PCR for genotyping 16 short tandem repeats in degraded DNA samples. *Anthropol Anz* 62: 369-378
- Schmidt D (2004): Entwicklung neuer Markersysteme für die ancient DNA-Analyse. Erweiterung des molekulargenetischen Zugangs zu kultur- und sozialgeschichtlichen Fragestellungen der Prähistorischen Anthropologie. Dissertation, Universität Göttingen
- Schmidt T, Hummel S, Herrmann B (1995): Evidence of contamination in PCR laboratory disposables. *Naturwissenschaften* 82 [9]: 423-431
- Schmitz RW, Serre D, Bonani G, Feine S, Hillgruber F, Krainitzki H, Pääbo S, Smith FH (2002): The Neandertal type site revisited: interdisciplinary investigations of skeletal remains from the Neander Valley, Germany. *Proc Natl Acad Sci U S A* 99:13342-13347

- Schmölcke U. (2000): Die Fauna des endmittelneolithischen Wohnplatzes Wangels LA 505 aus paläoökologischer Sicht. *Archäologische Nachrichten aus Schleswig-Holstein* 11, 24-33.
- Schmölcke U., Heinrich, D. (2006): Die Tierknochen aus dem Hafen von Haithabu – Schlammfunde. In: K. Schietzel (Hrsg.), *Untersuchungen an Skelettresten von Tieren aus dem Hafen von Haithabu*, 195–240, Neumünster.
- Schneider, S. und Excoffier, L. (1999): 'Estimation of demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: Application to human mitochondrial DNA', *Genetics* 152, 1079-1089.
- Schuh C. (2008): Palaeogenetische und archäologische Untersuchungen an eisenzeitlichen Pferden nördlich und südlich der Alpen, Magisterarbeit Universität Mainz.
- Schultes T, Hummel S, Herrmann B (2000): Ancient DNA-typing approaches for the determination of kinship in a disturbed collective burial site. *Anthropol Anz* 58:37-44
- Schwabedissen H. (1957): Die Ausgrabungen im Satruper Moor – zur Frage nach Ursprung und frühester Entwicklung des nordischen Neolithikums. *Offa* 16, 1957/58, 5-28.
- Schwabedissen H. (1958): Untersuchung mesolithischer-neolithischer Moorsiedlungen in Schleswig-Holstein. In: W. Krämer, *Neue Ausgrabungen in Deutschland* (Berlin 1958) 26-42.
- Schwabedissen H. (1994): Die Ellerbek-Kultur in Schleswig-Holstein und das Vordringen des Neolithikums über die Elbe nach Norden. In: J. Hoika, J. Meurers-Balke, *Beiträge zur frühneolithischen Trichterbecherkultur im westlichen Ostseegebiet*. 1. Internationales Trichterbechersymposium in Schleswig vom 4. Bis 7. März 1985 (Neumünster 1994) 361-401.
- Schwartz, M. & Vissing, J. (2002): 'Paternal Inheritance of Mitochondrial DNA', *New England Journal of Medicine* 347(8), 576-580.
- Searle A (1968): *Comparative genetics of coat colour in mammals*. Logos Press,
- Serre D, Langaney A, Chech M, Teschler-Nicola M, Paunovic M, Menecier P, Hofreiter M, Possnert G, Pääbo S (2004) No evidence of Neandertal mtDNA contribution to early modern humans. *PLoS Biol* 2:313-317
- Shapiro B, Drummond AJ, Rambaut A, Wilson MC, Matheus PE, Sher AV, Pybus OG, Gilbert MT, Barnes I, Binladen J, Willerslev E, Hansen AJ, Baryshnikov GF, Burns JA, Davydov S, Driver JC, Froese DG, Harington CR, Keddie G, Kosintsev P, Kunz ML, Martin LD, Stephenson RO, Storer J, Tedford R, Zimov S, Cooper A (2004) Rise and fall of the Beringian steppe bison. *Science* 306:1561-1565
- Siebel, K. (2001): *Analyse genetischer Varianten von Loci für die Fellfarbe und ihre Beziehungen zum Farbphänotyp und zu quantitativen Leistungsmerkmalen beim Schwein*. Dissertation Universität Berlin
- Silvers W (1961): Genes and the pigment cells of mammals. *Science*, 134, 368-373, 1961
- Silvers W (1979): *The coat colors of mice. A model for mammalian gene action and interaction*. Springer Verlag New York Inc.
- Skog, A.; Zachos, F. E.; Rueness, E. K.; Feulner, P. G. D.; Mysterud, A.; Langvatn, R.; Lorenzini, R.; Hmwe, S. S.; Lehoczy, I.; Hartl, G. B.; Stenseth, N. C. & Jakobsen, K. S. (2009): 'Phylogeography of red deer (*Cervus elaphus*) in Europe', *Journal of Biogeography* 36(1), 66-77.
- Slatkin, M. (1985): 'Gene flow in natural populations', *Annual Review of Ecology and Systematics* 16(1), 393-430.
- Slatkin, M. (1995): 'A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies', *Genetics* 139(1), 457-462.
- Sobociński, M. (1985): Szczałki kostne z osad ludności kultury ceramiki wstęgowej na Kujawach (ze studiów nad rozwojem kultur wstęgowych na Kujawach). *Roczniki Akademii Rolniczej w Poznaniu* 164: 87-127.

- Sodeikat, G. & Pohlmeier, K. (2003): 'Escape movements of family groups of wild boar *Sus scrofa* influenced by drive hunts in Lower Saxony, Germany', *Wildlife Biology* 9 (Supplement 1), 43-52.
- Sommer, R. S. & Nadachowski, A. (2006): 'Glacial refugia of mammals in Europe: evidence from fossil records', *Mammal Review* 36(4), 251-265.
- Sønstebø JH, Gielly L, Brysting AK, Elven R, Edwards M, Haile J, Willerslev E, Coissac E, Rioux D, Sannier J, Taberlet P, Brochmann C. (2010): Using next-generation sequencing for molecular reconstruction of past Arctic vegetation and climate. *Mol Ecol Resour.* 2010 Nov;10(6):1009-1018.
- Spahn N. (1978): Untersuchungen an Skelettresten von Hunden und Katzen aus dem mittelalterlichen Schleswig. Ausgrabung Schild 1971-1975. (Ausgrabungen in Schleswig, Berichte und Studien Bd. 5), Neumünster.
- Sponenberg D (1997): Genetics of colour and hair texture. The genetics of sheep, CAB International, 51-86
- Sponenberg D (1997b); Weise, M.C.: Dominant black in horses. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 403-408
- Sponenberg D (1996a): Bowling, A.T.: Champagne, a dominant color dilution of horses. *Genetics-Selection-Evolution*, 28, 457-462
- Sponenberg, D.P.; Dolling, C.H.S.; Lundie, R.S.; rae, A.L.; Renieri, C.; Lauvergne, J.J.: Coat colour loci. Mendelian Inheritance in Sheep (1996b): Committee on Genetic Nomenclature of Sheep and Goats, 13-57
- Sponenberg D (1996c): Lamarsh, C.: Dominant and recessive brown in goats. *Genetics Selection-Evolution*, 28, 117-120
- Stampfli H.R. (1961): Die tierreste der slawischen Siedlungen Oldenburg in holstein und Scharstorf. In: *Offa* 17/18, 109-124.
- Stiller M, Green RE, Ronan M, Simons JF, Du L, He W, Egholm M, Rothberg JM, Keates SG, Ovodov ND, Antipina EE, Baryshnikov GF, Kuzmin YV, Vasilevski AA, Wuenschell GE, Termini J, Hofreiter M, Jaenicke-Després V, Pääbo S (2006): Patterns of nucleotide misincorporations during enzymatic amplification and direct large-scale sequencing of ancient DNA. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2006 Sep 12;103(37):13578-84. Epub 2006 Aug 25. Erratum in: *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2006
- Stokstad E (2003): Paleontology. Ancient DNA pulled from soil. *Science* 300:407
- Stone AC, Starrs JE, Stoneking M (2001): Mitochondrial DNA analysis of the presumptive remains of Jesse James. *J Forensic Sci* 46:173-176
- Stoneking, M. (2000): 'Hypervariable Sites in the mtDNA Control Region Are Mutational Hotspots', *The American Journal of Human Genetics* 67(4), 1029-1032.
- Stryer L (1991): Biochemie. Spektrum Akademischer Verlag
- Sturm R (1998a): Human pigmentation genes and their response to solar UV radiation. *Mutation Research*, 422, 69-76
- Sturm R (1998b): Box, N.F.; Ramsay, M.: Human pigmentation genetics: the difference is only skin deep. *BioEssays*, 20, 712-721
- Swallow DM (2003): Genetics of lactase persistence and lactose intolerance. *Annu Rev Genet* 37: 197-219
- Takase H, Tumennasan K, Hiratsuka K, Chandley AC, Hotta, Y. (2002): Fertility investigation in F1 Hybrid and Backcross Progeny of Cattle (*Bos taurus*) and Yak (*B. grunniens*) in Mongolia. II. Little variation in gene products studied in male sterile and fertile animals. *Niigata journal of health and welfare* 2(1): 42-52
- Tamariz J, Voynarovska K, Prinz M, Caragine T (2006): The application of ultraviolet irradiation to exogenous sources of DNA in plasticware and water for the amplification of low copy number DNA. *J Forensic Sci* 51 [4]: 790-794
- Tamura K, Nei M (1993): Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Mol Biol Evol* 10 [3]: 512- 526

- Tapio M, Grigaliunaite I (2003): Use of mitochondrial DNA as a genetic marker in domesticated mammals. *Ekologija* 1: 31-33
- Taubenberger JK, Reid AH, Krafft AE, Bijwaard KE, Fanning TG. (1997): Initial genetic characterization of the 1918 "Spanish" influenza virus.
- Taylor GM, Widdison S, Brown IN, Young D, Molleson T (2000): A Medieval Case of Lepromatous Leprosy from 13-14th Century Orkney, Scotland. *J Arch Sci* 27:1133-1138
- Thieschler, H (1986): Farbvarianten bei Wildschweinkreuzungen. *Vet. Med. Nachrichten*,2,183-188
- Thieschler H (1985): Farbvariationen bei Kreuzungsprodukten aus Wildschwein x Hausschwein. *Tierärztl. Umschau*,40,381
- Thomas J (1996): The cultural context of the first use of domesticates in continental Central and Northwest Europe. In: Harris DR (ed) *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. UCL Press, London, pp 310-322
- Thomas RH, Schaffner W, Wilson AC, Pääbo S (1989): DNA phylogeny of the extinct marsupial wolf 83. *Nature* 340:465-467
- Thörnwall M, Dimitriou A, XU X, Larsson E, Chhajlani V (1997): Immunohistochemical detection of the melanocortin 1 receptor in human testis, ovary and placenta using specific monoclonal antibody. *Hormone Research*,48,215-218,
- Thorpe I (1996): *The Origins of Agriculture in Europe*. Routledge, London
- Tiessen M. (1970): Die Tierknochenfunde von Haithabu und Elisenhof. Ein Vergleich zweier frühmittelalterlicher Siedlungen in Schleswig-Holstein. Dissertation Universität Kiel.
- Torroni A, Achilli A, Macaulay V, Richards M, Bandelt HJ (2006): Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. *Trends Genet* 22 [6]: 339-345
- Trapezov O (1997a): Black crystal: a novel color mutant in the american mink (*Mustela vison* Schreber). *Journal of Heredity*,88(2),164-166
- Trapezov O (1997b): A rise of new colour phases in American mink (*Mustela vison* Schreber) in the course of selection for domestic behaviour. *Scientifur*,21,41-47,
- Tresset A., Vigne J-D (2007): Substitution of species, techniques and symbols at the Mesolithic-Neolithic transition in Western Europe, *Proceedings of the British Academy* 144, 189–210,
- Troy CS, MacHugh DE, Bailey JF, Magee DA, Loftus RT, Cunningham P, Chamberlain AT, Sykes BC, Bradley DG (2001): Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410:1088-1091
- Trut LN (1999) Early Canid Domestication: The Farm-Fox-Experiment. *American Scientist* 87: 160-169.
- Ucko, P. J. & Dimbleby, G.W. (1969): *The domestication & exploitation of plants and animals*.
- Uerpmann HP (1996): Animal domestication – Accident or intention? In: Harris DR (Hrsg.) *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. Kap.12, UCL Press, London
- Uerpmann, H-P (1989): Animal exploitation and the phasing of the transition from the Palaeolithic to the Neolithic. In: Clutton-Brock, J. *The Walking Larder: Patterns of Domestication, Pastoralism, and Predation One World Archaeology, Volume: 2*, Oxford, 91-96.
- Underhill PA, Kivisild T (2007): Use of Y Chromosome and Mitochondrial DNA Population Structure in Tracing Human Migrations. *Annu Rev Genet* 41: 539-564
- Ursing BM, Arnason U (1998): The complete mitochondrial DNA sequence of the pig (*Sus scrofa*). *J Mol Evol.* 1998 Sep;47(3):302-6.
- Ursing BM, Slack KE, Arnason U (2000): Subordinal artiodactyl relationships in the light of phylogenetic analysis of 12 mitochondrial protein-coding genes. *Zoologica Scripta* 29(2): 83-88

- Vage DI, Lu D, Klungland H, Lien S, Adalsteinsson S, Cone RD (1997): A non-epistatic interaction of agouti and extension in the fox, *Vulpes vulpes*. *Nature Genetics* 15(3): 311-315
- Valverde P, Healy E, Jackson I, Rees J, Thody A (1995): Variants of the melanocystimulating hormone receptor gene are associated with red hair and fair skin in humans. *Nature genetics*,11,328-330
- Valverde P, Healy E, Sikkink S, Haldane F, Thody A, Carothers A, Jackson I, Rees J (1996): The Asp84Glu variant of the melanocortin 1 receptor (MC1R) is associated with melanoma. *Human Molecular Genetics*,5,1663-1666
- van Andel TH, Runnels CN (1995): The earliest farmers in Europe. *Antiquity* 69:481-500
- Vanetti M, Schönrock C, Meyerhof W, Höllt V (1994): Molecular cloning of a bovine MSH receptor which is highly expressed in the testis. *FEBS Letters*,348,268- 272
- Vigilant L, Hofreiter M (2004): Genetic analyses from ancient DNA. *Annu Rev Genet* 38: 645-679
- Vigilant L, Stoneking M, Harpending H, Hawkes K, Wilson AC (1991): African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science* 253:1503-1507
- Vila C, Seddon J, Ellegren H (2005): Genes of domestic mammals augmented by backcrossing with wild ancestors. *Trends Genet* 21(4): 214-218
- Vila C, Leonard JA, Gotherstrom A, Marklund S, Sandberg K, Liden K, Wayne RK, Ellegren H (2001): Widespread Origins of Domestic Horse Lineages. *Science* 291:474-477
- Vila C, Maldonado JE, Wayne RK (1999): Phylogenetic relationships, evolution, and genetic diversity of the domestic dog. *J Hered* 90:71-77
- Werle E, Schneider C, Renner M, Volker M, Fiehn W (1994): Convenient single-step, one tube purification of PCR products for direct sequencing. *Nucleic Acids Res* 22:4354-4355
- Westenthanner M (2006): Optimierung der Real Time PCR zur Charakterisierung der Degradation von ancient DNA (aDNA) in ausgewählten Skelettelementen. Diplom-Arbeit, Universität Göttingen
- Westerhof W (2006): The discovery of human melanocyte. *Pigment Cell Res* 19: 183-193
- Westheide W und Rieger R (2004): Spezielle Zoologie. Teil 2: Wirbel- oder Schädeltiere, Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Berlin.
- Whittle A (1996): Europe in the Neolithic. The Creation of New Worlds. Cambridge University Press, Cambridge
- Whittle A, Bartosiewicz L, Boric D, Pettitt P, Richards M (2002): In the beginning: New Radiocarbon Dates for the Early Neolithic in Northern Serbia and South-East Hungary. *Anteus* 25:63-117
- Wiesemüller B, Rothe H, Henke W (2002) *Phylogenetische Systematik*. Springer Verlag, Berlin Heidelberg New York
- Willerslev E, Gilbert MT, Binladen J, Ho SY, Campos PF, Ratan A, Tomsho LP, da Fonseca RR, Sher A, Kuznetsova TV, Nowak-Kemp M, Roth TL, Miller W, Schuster SC. (2009): Analysis of complete mitochondrial genomes from extinct and extant rhinoceroses reveals lack of phylogenetic resolution. *BMC Evol Biol*. May 11;9:95.
- Willerslev E, Cooper A (2005): Ancient DNA. *Proc Biol Sci* 272 [1558]: 3-16
- Willerslev E, Hansen AJ, Ronn R, Brand TB, Barnes I, Wiuf C, Gilichinsky D, Mitchell D, Cooper A (2004): Long-term persistence of bacterial DNA. *Curr Biol* 14:R9-10
- Willerslev E, Hansen AJ, Binladen J, Brand TB, Gilbert MT, Shapiro B, Bunce M, Wiuf C, Gilichinsky DA, Cooper A (2003): Diverse plant and animal genetic records from Holocene and Pleistocene sediments. *Science* 300 [5620]: 791-795

- Willerslev E, Hansen AJ, Christensen B, Steffensen JP, Arctander P (1999): Diversity of Holocene life forms in fossil glacier ice 11. *Proc Natl Acad Sci U S A* 96:8017-8021
- Willis M (1984): *Züchtung des Hundes*. Verlag Eugen Ulmer Stuttgart
- Willmann R, Meier R (2001): A Critique from the Hennigian Species Concept Perspective. In: Wheeler QD, Meier R (Hrsg.) *Species Concept and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York
- Willmann R, Meier R (2001): The Hennigian Species Concept. In: Wheeler QD, Meier R (Hrsg.) *Species Concept and Phylogenetic Theory*. Columbia University Press, New York
- Xu SQ, Yang YZ, Zhou J, Jing GE, Chen YL, Wang J, Yang HM, Wang J, Yu J, Zhong XC, Ge RL (2005): A mitochondrial genome Sequence of the Tibetean Antelope (*Phantolops hodgsonii*). *Geno Prot Bioinfo* 3(1): 5-17
- Zardoya R, Meyer A (1996): Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates. *Mol Biol Evol* 13(7): 933-942
- Zeder MA. (2008): Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2008 Aug 19;105(33):11597-604. Epub 2008 Aug 12.
- Zeder MA, Emswiller SE, Smith BD, Bradley DG (2006): Documenting domestication: the intersection of genetics and archaeology. *Trends Genet* 22(3): 139-155
- Zeder MA, Hesse B (2000): The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science* 287(5461): 2254-2257
- Zeeb-Lanz A. (2010): Die bandkeramische Grubenanlage von Herxheim (Südpfalz) – ein überörtlicher Ritualort und sein Umfeld. In: I. Matuschik/Ch. Strahm et al. (Hrsg.), *Vernetzungen. Festschrift für Helmut Schlichtherle* (Freiburg i.Br. 2010) 63–73.
- Zeeb-Lanz A., Boulestin B., Haack F., Jeunesse Ch., (2009): Außergewöhnliche Totenbehandlung - Überraschendes aus der bandkeramischen Anlage von Herxheim bei Landau (Südpfalz). *Mitt. Berliner Ges. f. Anthropologie, Ethnologie und Urgeschichte* 30, 115–126.
- Zeuner, F.E. (1967); *Geschichte der Haustiere*. München.
- Zilhão J (2000): From the Mesolithic to the Neolithic in the Iberian Peninsula. In: Price TD (ed) *Europe's First Farmers*. Cambridge University Press, Cambridge, pp 144-182
- Zilhão J (2001): Radiocarbon evidence for maritime pioneer colonization at the origins of farming in west Mediterranean Europe. *Proc Natl Acad Sci U S A* 98:14180-14185
- Zilhão J (1997): Maritime pioneer colonization in the Early Neolithic of the west Mediterranean. Testing the model against the evidence. *Porocilo* 24:19-42
- Zilhão, J. (1993): The spread of agro-pastoral economies across Mediterranean Europe: A view from the Farwest. «*Journal of Mediterranean Archaeology*», 6 (1), p. 5-63.
- Zimmermann A (2002a): Der Beginn der Landwirtschaft in Mitteleuropa. Evolution oder Revolution? In: Menghin W, Planck D (eds) *Menschen, Zeiten, Räume - Archäologie in Deutschland*. Theiss, Stuttgart, pp 133-134
- Zimmermann A (2002b): Die ersten Bauern. Bandkeramik. In: Menghin W, Planck D (eds) *Menschen, Zeiten, Räume - Archäologie in Deutschland*. Theiss, Stuttgart, pp 135-138
- Zink A, Grabner W, Reischl U, Wolf H, Nerlich AG (2003a): Molecular study on human tuberculosis in three geographically distinct and time delineated populations from ancient Egypt. *Epidemiol Infect* 130:239-249
- Zink A, Sola C, Reischl U, Grabner W, Rastogi N, Wolf H, Nerlich AG (2003b): Characterization of *Mycobacterium Tuberculosis Complex* DNAs from Egyptian Mummies by Spoligotyping. *J Clin Microbiol* 41:5350-5351

- Zink A, Haas CJ, Reischl U, Szeimies U, Nerlich AG (2001): Molecular analysis of skeletal tuberculosis in an ancient Egyptian population. *J Med Microbiol* 50:355-366
- Zsurka G, Kravtsov Y, Kudina T, Kornblum C, Elger CE, Khrapko K, Kunz WS (2005): Recombination of mitochondrial DNA in skeletal muscle of individuals with multiple mitochondrial DNA heteroplasmy. *Nat Genet* 37 [8]: 873-877
- Zvelebil M (2002): Demography and Dispersal of Early Farming Populations at the Mesolithic- Neolithic Transition: Linguistic and Genetic Implications. In: Bellwood P, Renfrew C (eds) *Examining the farming/language dispersal hypothesis*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, pp 379-394
- Zvelebil M (2000): The social context of the agricultural transition in Europe. In: Renfrew C, Boyle K (eds) *Archaeogenetics: DNA and the Population Prehistory of Europe*. McDonald Institute for Archaeological Research, Cambridge, pp 57-79
- Zvelebil M, Lillie M (2000): Transition to agriculture in Eastern Europe. In: Price TD (ed) *Europe's First Farmers*. Cambridge University Press, Cambridge, pp 57-92
- Zvelebil M (1998): What's in a name: The Mesolithic, the Neolithic and social change at the Mesolithic-Neolithic Societies of Temperate Eurasia and their Transition to Farming. In: Edmonds M, Richards C (eds) *Understanding the Neolithic of North Western Europe*. Routledge, London, pp 1-36
- Zvelebil M (1996): The agricultural frontier and the transition to agriculture in the circum-Baltic region. In: Harris D (ed) *The origin and spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. University of London Press, London, pp 323-335
- Zvelebil M (1995): Neolithisation in eastern Europe: a review from the frontier. *Porocilo* 22:107-150
- Zvelebil M (1989): On the transition to farming in Europe, or what was spreading with the Neolithic: a reply to Ammerman. *Antiquity* 63:379-383
- Zvelebil (1986): Mesolithic Prelude and Neolithic revolution. In: Zvelebil M (ed) *Hunters in transition. Mesolithic Societies of Temperate Eurasia and their Transition to Farming*. Cambridge University Press, Cambridge, pp 5-15
- Zvelebil M. und Rowley-Conwy P. (1984): Transition to Farming in Northern Europe: A Hunter-Gatherer Perspective. *Norwegian Archaeological Review* 17,2 1984, 104-128.

9. Appendix

9.1. Verzeichnis der Einheiten und Abkürzungen

®	rechtlich geschützt
Abb.	Abbildung
aDNA	ancient DNA
Aufl.	Auflage
bp	Basenpaare
bzw.	beziehungsweise
°C	Grad-Celcius
ca.	circa
cm	Zentimeter
Cytb	Cytochrom b
d.h.	das heißt
dATP	Desoxyadenosintriphosphat
dCTP	Desoxycytidintriphosphat
dGTP	Desoxyguanosintriphosphat
D-Loop	displacement Loop
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dTTP	Desoxythymidintriphosphat
EDTA	Ethylendinitrotetraacetat Dinatriumsalz-Dihydrat
et al.	et alii = und andere
etc.	et cetera
g	Gramm
h	Stunden
Hrsg.	Herausgeber
HVR I und HVR II	Hypervariableregion 1 und 2
Kap.	siehe Kapitel
kb	Kilobasen
Kn.	Knochen
LBK	Linienbandkeramik
Lsg.	Lösung
m	Meter

Mb	Mega Basen
mg	Milligramm
min	Minute
ml	Milliliter
mm	Millimeter
M	Molar
MM	Master-Mix
mM	Milimolar
NJ	Neighborjoining
μ M	Mikromolar
mtDNA	mitochondriale DNA
n. Chr.	nach Christus (eng. AD)
nDNA	nucleäre DNA
NEB	NewEnglandBiolabs
OK	Oberkiefer
PCR	Polymerase-Chain-Reaction
pg	pikogramm
pH	potentia hydrogenii
pmol	picomol
RFLP	Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus
rpm	rounds per minute
s	Sekunde
s.	siehe
SNP	SingleNucleotidePolymorphism
STR	ShortTandemRepeat
Tab.	Tabelle
TM	engl. trademark
U	Unit, Einheit für Enzymaktivität
UK	Unterkiefer
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
v. Chr.	vor Christus (engl. BC)
z. B.	zum Beispiel
%	Prozent
=	gleich

9.2. Geräte, Chemikalien und Einwegmaterialien

Geräte

ABI PRISMTM 310 Genetic Analyzer, APPLIED BIOSYSTEMS

ApplePowerMac G4

Brutschrank Incubat, MELAG

DNA-Extraktor EZ1 Biorobot, Qiagen

DNA-Thermal-Cycler Typ Mastercycler®Gradient, Eppendorf

DNA-Workstation UV-Cleaner UVC/T-M-AR, KISKER

Electrophoresis Power Supply ST 304, GIBCO BRL

Gel Doc EQ, BIORAD

GeneScan® Analysis Software Version 3.1.2, APPLIED BIOSYSTEMS

Glaskapillaren 310Capillaries 47cmx50um 5/pkg, PE Applied Biosystems

Horizontale Gelelektrophorese-Einheit MIDI, ROTH

Invisorb® Gyrator, INVITEK

Kugelschwingmühle Typ MM2 mit Zirkonium- und Stahl-Mahlbechern, Retsch

Microwave 800, SEVERIN

Microzentrifuge, ROTH

Multitool mit Hochgeschwindigkeitsdiamanttrennscheibenaufsatz, Alphatools

Präzisionswaage, Sartorius

Sequencing Analysis Software Version 3.4.1, APPLIED BIOSYSTEMS

Stromversorgung Typ ST606 Electrophoresis Power Supply, Gibco BRL

Termocycler GeneAmp® PCR System 2700, APPLIED BIOSYSTEMS

Thermomixer comfort mit 1,5 ml Thermoblock, EPPENDORF

Thermorüttler Typ 5437, Eppendorf

Tischzentrifuge 5415C, EPPENDORF

Trockenschrank, Memmert

Variable Mikroliterpipetten Typ Refernce® und Research®, 0,1-2,5 µl, 0,5-10 µl, 1-20 µl,
10-100 µl, 20-200 µl, 100-1000 µl, Eppendorf

Vortex Genie® 2TM, SCIENTIFIC INDUSTRIES INC.

Waage SAC62, SCALTEC

Zentrifuge minispin, Eppendorf

Zentrifuge Typ5402, Eppendorf

Einwegmaterialien

Dental-Diamantsägeblätter Typ Diaflex-T H350 220, Horico

Einmalskalpell, FEATHER

Einmaluntersuchungshandschuhe Peha®-safe, Peha®-soft, Hartmann

Eppendorf-Reaktionsgefäße (0,2, 0,5ml und 2ml) safe-lock, Eppendorf

Genetic Analyzer Sample Tubes 0,5 ml, APPLIED BIOSYSTEMS

Genetic Analyzer Septa, APPLIED BIOSYSTEMS

Gesichtsmasken Surgine face mask, Johnson und Johnson

Kimwipes®Präzisionstücher, Kimberley-Clark

Kleenex®Tücher, Kimberley-Clark

LightCycler® Capillaries, Roche

Mundschutz, HARTMANN

Parafilm®M, American National Can™

Pipettenspitzen mit Filter 10 µl, 20 µl, 100 µl, 200 µl, 1000 µl Eppendorf

Schutzanzüge, Tyvek

Chemikalien und Kits

310 10X Buffer with EDTA, PE Applied Biosystems

310 POP-4™Polymer, PE Applied Biosystems

310 POP-6™Polymer, PE Applied Biosystems

310 POP-7™Polymer, PE Applied Biosystems

7-Deaza-2`-deoxyguanosine (dc7-GTP), Affymetrix/USB

ABI BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit, APPLIED BIOSYSTEMS

ABI PRISM® SNaPshot® Multiplex Kit (SNaPshot® Multiplex Kit, GeneScan™-120
LIZ™) APPLIED BIOSYSTEMS

Agarose LE, BIOZYM

AmpliTaq Gold® DNA Polymerase, 250 units with Buffer II and MgCl₂ solution, PE

Aqua bidest, H₂O HPLC analyzed, J.T. BAKER

Bleiche (DanKlorix von COLGATE-PALMOLIVE)

Borsäure, MERCK

Bromphenolblau, MERCK

dATP, dCTP, dGTP, dTTP – Set, Fermentas

Dimethylsulfoxide (DMSO), Q·BIO GENE

DNA-Exitus Plus™, AppliChem

dNTP Mix, 2,5 mM each, BIOLINE
Dye Ex Kit, QIAGEN
EDTA (Ethylendiaminotetraacetat), 0,5 M, pH 8, ROTH
Ethanol absolut, J.T.Baker
Ethanol vergällt (99 % Ethanol und 1 % Petroläther), Büfa
Ethidium Bromide Solution (10mg/ml), INVITROGEN
ExoI, New England Biolabs
ExoSAP-IT®, USB CORPORATION
EZ1 DNA Tissue Kit, Qiagen
Formamid Hi-Di, APPLIED BIOSYSTEMS
G2-Puffer, Qiagen
GeneScan™ – 120 Liz™ Size Standard, APPLIED BIOSYSTEMS
Hyperladder™ I, IV, V; BIOLINE
ImmoBuffer 10x, BIOLINE
Immolase™ DNA Polymerase, BIOLINE
Invisorb® Spin Forensic Kit I, INVITEK
Isopropanol p.a., Merck
MinElute® PCR Purification Kit, QIAGEN
NucleoSEQ Kit, MACHEREY und NAGEL
PCR-Reagenzien und Enzyme
Proteinase K, BIOLINE
Qiagen Multiplex Mastermix, Qiagen
QIAquick PCRMiniElute Kit, Qiagen
Shrimp Alkaline Phosphatase (SAP), PROMEGA
ShrimppalkalinePhosphatase (SAP), Roche, fermentas
Size Standard) AppliedBiosystems
Tris (Trishydroxymethylaminomethan) SERVA

Ansätze der Lösungen und Reagenzien

Ladepuffer für Agarosegele: in 100 ml sind 0,25 % Bromphenolblau, 0,25 % Xylene-
Cyanol, 25 % Ficoll 400

Puffer für Agarosegele: TBE-Puffer 5x (270 g TRIS, 137,5 g Borsäure, 100 ml 0,5 M EDTA,
pH 8)

10. Tabellenanhang

Tab. 45, Liste der Proben, die archäozoologisch als Hausschwein bestimmt wurden

ID	Fundplatz	Datierung	Beschreibung	Fundort	Besonderheiten
HS 1	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Mandibula, M3, H 19, L 32,46, B 16,68, M2 H 22,63, L 20,83, B 15,26, M1, H 16,84, L 14,85, B 12,95, P3, H 17,81, L 11,68, B 13,13	SIG 76 116/62/1	
HS 2	Neukirchen Bostholm	3000-2900 BC	L 24,19, H 21,20 H Zahnschmelz, 8,71 B 15,15		849 wahrscheinlich gehärtet
HS 3	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	Ulna, L 141, B 38,15, Gelenk 28,10	Dan 1996/99	Elektronenmikroskop
HS 4	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Mandibula, M3, H Zahnschmelz 10,71, L 20,83, B 12,96, M2 H Zahnschmelz 7,72, L 18,30, B 11,13, M1, H Zahnschmelz 13,64, L 14,12, B 9,22	SIG 75 20c/4	
HS 5	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	M2, OK	Dan 1986/91	
HS 6	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	OK, M3, re, L 34,99, B 19,88, H mit Wurzel 20,70, H nur Schmelz 9,27	N 13,22, W 8,68, x -0,71, Datum 6/6-77	lackiert/gehärtet
HS 7	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	UK, re, Altersstufe 5, M2, L 23,19, B 14,62, H Zahnschmelz 12,44	Dannau 80 Fdnr. 124	
HS 8	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	M3, OK, re, L 32,51, B 19,19, H Zahnschmelz 9,94, stark fragmentiert	Dan 1986/81	
HS 9	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	M3, L 30,53, B 16,48, H Zahnschmelz 12,59, H 24,13	F. Sü.	
HS 10	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	UK, li, M1?, juveniel, L 19,93, B 8,92, H Zahnschmelz 8,04, H 17,89	SIG 75 41w / 9	
HS 11	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Maxillare, li, M3 bricht durch L 32,7, B 18,60, H Zahnschmelz 12,01, M2 beprobt L 21,22, B 16,58, H Zahnschmelz 9,58, H 21,87	SIG 76 1161/21 (1)	gehärtet, Elektronenmikroskop
HS 12	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	Uk Molar, L 21,01, B 14,54, H Zahnschmelz 6,46 H 16,59	N 11,18, W 4,15, x - 56, 13/9/1976	gehärtet, Movolith
HS 13	Hüde 1	5300-4200 BC	Uk, re, M1, L 21,23, B 10,23, H Zahnschmelz 7,47	Hüde 1 XX5 50-70BT	
HS 14	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Tallus L 41,86, B 23,64, H 24,10	SIG 75 3c.	zerbrochen
HS 15	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	Ulna, B 37,4, L 121,70 (beide Seiten abgebrochen) H 22,07, Gelenk Dm. 28,76	Dan 1997/11	
HS 16	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-	UK, li, M3, L 30,71, B 14,45, H Zahnschmelz 10,53, M1	S 18, W 13	SUS

		3000 BC	(beprob) L 13,65, B 10,37, H Zahnschmelz 4,27, H 13,83		
HS 17	Haithabu Hafen		Uk, re, M3 bricht durch, L 29,05, B 14,80, H Zahnschmelz 10,6, M2 (beprob) L 20,96, B 12,99, H Zahnschmelz 6,82, H 23,7	Planquadrat G10	
HS 18	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	Tibia, L (Rest) 98,7, B (Mitte) 17,44x18,80, "Kopf" 28,17 x 23,59	F. Sü. FL: A+B 310a	
HS 19	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	Ulnafragment Rest L 68,54, Rest B 25,70, Rest H 13,71	F. Sü. FL: E 264e	
HS 20	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	Humerusfragment (Hypophysen unverwachsen) L 83,12, B 31,38, D 28,81	F. Sü. Sgr. I 39b- in c	
HS 21	Hüde 1	5300-4200 BC	re UK M1 L 17,68, B 10,25, H 10,15	XIX 25 20-30 KSI BT	sehr porös
HS 22	Hüde 1	5300-4200 BC	M1 L 19,30, B 12,09, H weiß 8,80	XIX 25 40-50 BT	
HS 23	Hüde 1	5300-4200 BC	M1 L 16,17, B 10,95, H 12,44	I 4 10-20	sehr brüchig
HS 24	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	Tibia re., L 1600,00 B 29,31 D 19,51, B 27,35, D 23,23	N 15,20, W 0,36, x -0,76, 1-Torf	
HS 25	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	Tibia re., L 1560,00 B 30,97 D 22,37, B 24,64, D 30,10	N 12,00, W 4,59, x 0,35 Datum 25/5-77	gefestigt Movolith Juni 197.. (14)
HS 26	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	Ulnafragment L 110,26, B 37,58, D 16,21, Gelenk 27,83	Beschr. Dannau. 80 Fdnr. 155	
HS 27	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	Ulnafragment L 110,61, B 33,49, D 15,16, Gelenk 19,26	Beschr. Dan 1997/11	
HS 28	Dannau LA 191	TRB 4000-3000 BC	Ulnafragment L 85,14, B 41,01, D 23,76, Gelenk 27,37	Beschr. Dan 1996/102	
HS 29	Haithabu Hafen		M 3 re. L 30,27, B 13,28, H Zahnschmelz 12,20	Planquadrat G10	schwarz patiniert
HS 30	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	Langknochenfragment L Rest 151,51, Rest B 24,64, D 22,12	S 18 W 13	WS/HS
HS 31	Wangels LA 505, OH	cal BC 3800 - 3693	Hs, Scapula, li., SLC 19,40, HS 161,95, LD 97,10, GLP 32,69	Beschr. Wa 505 99/640	
HS 32	Wangels LA 505, OH	cal BC 3876 - 3805	Sus, Scapula li., Jungtier	Beschr. Wa 505 97/294	
HS 33	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	L 21,17, Wa 17,57, Wp 17,08, H 6,49	Schnitt 1, Schicht 4, S 124-124,5, E 128,5-129, Tiefe 1,11, 1996, 6g	
HS 34	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, weiblich, Ok, re., P3 (beprob), van den Driesch 29: 36,46, Alveole B 15,50, L 24,65	Schnitt 5, Schicht 5, S 115,5-116, E 128,5-129, Tiefe 1,6	

HS 35	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, Uk, M1, L 17,59, Wa 10,10, Wp 10,60, H 7,42	Schnitt 5, Schicht Mu/Sch., S 111-111,5, E 127-127,5, Tiefe 1,78, 08.07.1996
HS 36	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, Ph 2, SD 7,82, Bp 8,72, Bd 7,64, Glpe 9,50, GL 11,13	1999/668, Schnitt 11, Schicht Kies/Moll, S 76-76,5, E 82,5-83, Tiefe 2,25, FN1, 05.06.1999
HS 37	Saiser / Lietzow-Buddelin	4500-4000 BC	Hsw, Ok, re., M3, L 38,88, Ba 20,45, Ha 14,75, Bm 17,85, Hm 15,64, Bp 13,24, Hp 15,6	92/219, V4 / 2098-32, 2002 FP 1, Abtrag 22
HS 38	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Sus, Ok, M1, L 16,72, H 3,94	Schnitt 5, Schicht 2 (Sand/Mu), S 113,5-114, E 129-129,5, Tiefe 1,64, 15.07.1996
HS 39	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, Ok, li., M1, L 14,32, Wa 10,88, Wp 10,45, M2, L 19,72, Wa 13,27, Wp 13,90, H 9,64, Hypo 1,75, M3, L 33,22, Wa 17,25, Wm 15,03, Wp 10,86, H 3,83, Hypoa 5,89, 3,37, Hypom 5,57	Schnitt 5, Schicht 2, S 114,5-115, E 129-129,5, Tiefe 1,60, 16.07.1996
HS 40	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Sus, Ok, Cran. weiblich L 11,78	Schnitt 5, Schicht 3, S 116-116,5, E 127-127,5, Tiefe 1,52, 27.08.96
HS 41	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, M3, re., L 35,04, Wa 14,75, Wm 15,14, Wp 12,24, H 9,78	Schnitt 8, Schicht 1, S 98,5-99, E 141,5-142, Tiefe 2,20, 10g, 09.06.96
HS 42	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hsw, Ok, li., M1, L 16,98, Wa 11,73, Wp 13,46, Hypo 3,58, H 5,73, M2, L 21,03, Wa 16,30, Wp 16,11 Hypo 2,48, H 9,12 (beprob), Teile des Cranium und P3	Schnitt 5, Schicht 3, S 116,5-117, E 127-127,5, Tiefe 1,52, 28.08.96
HS 43	Erdwerk Tempelhof 2/Fuchsberg	4000-3500 BC	Sus, Uk, M2, L 19,93, Wp 13,17, Hypop 2,65 und 1,06, Wa 12,13, Hypoa 2,31 und 1,56 und 6,12, H 9,03	Erdwerk Tempelhof 2/Fuchsberg (FstNr. 25c), Gde Stadt Homburg, Ldkr. Wolfenbüttel, Erdwerk mit einem Graben, (05.07), FdNr. 05:07/34, Befund 1.4, Lfd.Nr. 22
HS 44	Göttingen Grone Westumgehung	5500-5000 BC	P1, L 7,31, B 3,08, H 4,25	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 108, Fundort Götting Grone Westumgehung, Fundstellencode 6521/22-1, Fläche 2, Objektnummer 400B, Datum 09.11.1995, Beschriftung 6521/22-1 400B
HS 45	Göttingen Grone Westumgehung	5500-5000 BC	Canini, Mandibula, Alveole L 10,17	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 191, Fundort Götting Grone Westumgehung, Fundstellencode 6521/22-1, Fläche 2, Objektnummer 327, Datum 28.11.1995, Beschriftung 6521/22-1
HS 46	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M2, L 20,37, Ma 15,85, H 9,9, Hypo 2,11 und 3,3 Mp 15,24, H 9,9, Hypo 1,93 (beprob) M1 teilweise L 15,99, P3 teilweise	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 25, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Objektnummer 659Q7, Datum 08.07.1997, Beschriftung 6521/2-657Q7

HS 47	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	Mandibula, M1, L 17,39, Ma 9,78, Ha 8,98, Mp 10,97, Hp 8,18 (beprob), P3, L 18,79, Ma 6,12, Ha 4,46, Mm 7,10, Mp 8,33, Hp 5,06	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 662, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 4, Objektnummer 731, Datum 15.09.1997, Beschriftung 6521/2-731	
HS 48	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3, L 30,69, Ma 17,79, Ha 11,5, Hypoa 1,95, Mm 15,59, Hm 11,75, Mp 9,70, Hp 9,61, M2 L 21,83, Ma 13,96, Ha 9,43, Hypoa 3,83, Mp 14,5, Hp 10,6, Hypop 3,83, P3 (beprob)	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 810, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1301/1303, Datum 10.11.1997, Beschriftung 6521/2-1302/1303	
HS 49	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Mandibula, Sus, li., (re. fragmentiert), weiblich, P3, L 15,19, M 7,00 (beprob), M3 noch nicht durchgebrochen, M2, L 23,4, Ma 14,9, Ha 13,16, Hypoa 5,86, Mp 16,42, Hp 13,16, Hypop 5,86, M1, L 18,22, Ma 10,70, Ha 9,06, Mp 12,58, Hp 7,38	Wa 505 97/69	
HS 50	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Uk, li. oder Ok, re. M1, L 16,40, Wa 12,96, Wp 12,87, H Zahnschmelz 6,5, H 17,62	Okolište 2006, Schnitt 44, Abtrag 8, Fundnr. 44173, Befundnr. 44065, E 922-923, N 1116-1114	
HS 51	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Incisivus inf., Rest H 24,65, B 6,43, L 5,74	Okolište 2004, Schnitt 2, Abtrag 6, Fundnr. 2139, Befundnr. 2122, E 1003-1004, N 1007-1008	
HS 52	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Caninus inf., weiblich, Rest H 25,84, B 2,49, L 6,02	Okolište 2006, Schnitt 46, Abtrag 4, Fundnr. 46007, Befundnr. 37007, E 916-918, N 1107-1110	
HS 53	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Phalanx 3, DLS 33,97, MBS 14,54, LD 31,21	Okolište 2004, Schnitt 2, Abtrag 6, Fundnr. 2074, Befundnr. 2126, E 1001-1002, N 1007-1008	
HS 54	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Humerus-Fragment	Okolište 2004, Schnitt 82, Abtrag 82009, Fundnr. 82316, Befundnr. 82029, Fläche Q21	
HS 55	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Tibia-Distal-Fragment, Dd 30,35, Bd 34,47	Okolište 2006, Schnitt 44, Abtrag 4, Fundnr. 44085, Befundnr. 44013, 22.09.06	
HS 56	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Radiusfragment, proximal	Okolište 2006, Schnitt 43, Abtrag 6, Fundnr. 43083, Befundnr. 43010, E 928-929, N 1113-1114	
HS 57	Okolište, Bosnien	5200-4500 BC	Femurfragment, Epiphysen unverwachsen	Okolište 2006, Schnitt 43, Abtrag 7, Fundnr. 43102, Befundnr. 43021, E 928-929, N 1115-1116	

HS 58	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	Sus, M3-Fragment, Ba 15,13, H Zahnschmelz 14,80, H 26,33	Fd.-Nr.: 2001/344, S 97,5-98, E 109-109,5, Tiefe - 3,82m, 07.08.2001 K.B.	
HS 59	Seedorf LA 245, SE	4000-3000 BC	M3, L 40,49, Ba 17,01, Bm 17,77, Bp 15,23, H 14,01 wenig Abrasion	Seedorf LA 245, SE, 1991, N 10,00, E 97,30, Strate: Bruchwaldtorf mit Sand, x - 134,5	
HS 60	Schlamersdorf LA 15	4000-3000 BC	M2, L 25,29, Ba 17,82, Bp 19,49, H Zahnschmelz 7,92, H 20,59	Fundnr.1990/, Niv. X - 107,7, E 53,45, S 117,58, Dat. 19/6	
HS 61	Schlamersdorf LA 15	4000-3000 BC	M3, L 40,79, Bp 14,76, Bm 17,00, Ba 19,93, Hypoa 2,2, Ha 10,36	Fundnr.1990/, Niv. X - 108,4, E 53,44, S 117,68, Dat. 18/6	
HS 62	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Sus, P3, L 19,24, B 8,7, H Zahnschmelz 4,76, H 15,84	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, 6-213	
HS 63	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Inci., männlich, L 10,25, B 6,99, H Zahnschmelz 32,01, H 54,43	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, 6-213	
HS 64	Seedorf LA 245, SE	4000-3000 BC	M3, L 41,97, Ba 17,70, Ha 15,04, Hypoa 5,52, Bm 17,64, Hm 16,09, Hypom 7,54, Bp 13,62, Hp 16,05	Seedorf LA 245, SE, 1991, N 14,79, E 97,64, Strate: Bruchwaldtorf mit Sandlinse, x - 139,5	
HS 65	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	Sw, Uk, re., M1, L 16,37, B 10,47, H 5,27 (beprob), M2, L 20,12, Ba 12,87, Bp 13,34, H 11,20	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 702, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1046, Datum 18.12.1997	
HS 66	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 375, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 2, Objektnummer 501, Datum 06.06.1997	
HS 67	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 315, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 5, Objektnummer 227 E1, Datum 07.05.1997	
HS 68	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M?, L 15,25, B 11,95, H Zahnschmelz 5,7, H 15,64	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 673, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 4, Objektnummer 731, Datum 18.12.1997	
HS 69	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 376, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 2, Objektnummer 476, Datum 09.06.1996	
HS 70	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M?-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 678, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 4, Objektnummer 978, Datum 15.01.1997	

HS 71	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment sehr groß WS? B 18,20	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 480, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 2, Objektnummer 594, Datum 08.07.1997
HS 72	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M?-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 309, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 5, Objektnummer 227 D3, Datum 06.05.1997
HS 73	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 312, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 5, Objektnummer 227 E3, Datum 07.05.1997
HS 74	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 825, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1169, Datum 05.01.1998
HS 75	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3, L 30,67, Ha 10,44, Ba 10,53, Hm 12,00, Bm 14,71, Hp 12,85, Bp 17,07	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 746, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1035, Datum 06.01.1998
HS 76	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Uk, li., P2, L 13,39, B 6,5, H 10,37 (beprob), P3, L 14,20, B 8,40, H 9,94	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 1011-198, Quad. 6, 22.08.08
HS 77	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Incecivo, L 8,80, B 11,63, H Zahnschmelz 18,49, H 35,75	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 2006-30, Quad. 10, 29.09.08
HS 78	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	P3, L 14,15, B 8,88, H 3,31, M1, L 14,87, B 11,59, H 5,37 (beprob), M2, L 19,28, Ba 13,63, Bp 14,19, H 9,88, Hypoa 5,78, Hypop 4,1	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 2004-133, Quad. 10, 24.09.08
HS 79	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	P?, L 13,56, B 5,41, H 10,67	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 2006-45, Quad. 8, 29.09.08
HS 80	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	P?, L 13,40, B 8,26, H 7,86 (Abrasion)	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 1011-71, Quad. 1, 18.09.08
HS 81	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	M?, L 18,28, Ba 13,54, Ha 8, Bp 13,50, Hp 6,90	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 1011-118, Quad. 7, 18.09.08
HS 82	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Uk, re., P2, L 15,03, B 7,16, H 11,18, P3, L 16,61, B 9,72, H 10,72, M1, L 18,80, Ba 10,85, Bp 11,89, Ha 7,23, Hp 7,08 (beprob)	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, Stelle 2005-13, Quad. 8, 25.09.08
HS 83	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Uk, sehr jung, Schneidezahn noch nicht durchgebrochen, Alveole L 9,32	Wolkenwehe LA 154, 12-213
HS 84	Göttingen Grone FMZ	5500-5000	Uk, Bruchstück vom Schneidezahn	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr.

		BC		758, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 4, Objektnummer 967, Datum 22.12.1997	
HS 85	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	Radiusfragment, Epiphyse noch nicht verwachsen, B 25,12, H 22,50	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 99, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 1 ost, Objektnummer 659 Q IV, Datum 11.08.1997	
HS 86	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M3-Fragment beprobt, Wirbel, PL 35,33, B 56,78	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 728, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1278, Datum 30.09.1997	
HS 87	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	Sw, Radius, li., Btp 28,13, SD 19,04	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 40, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche II Nord (Doris Fl. I Ost, Objektnummer 661 Q5, Datum 15.07.1997	
HS 88	Göttingen Grone Westumgehung	5500-5000 BC	Tibia GL 139,63, L 135,20, SD 15,75, Bp 33,86, Bd 18,40	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 68, Fundort Götting Grone Westumgehung, Fundstellencode 6521/22-1, Fläche 1, Objektnummer 80	
HS 89	Göttingen Grone Westumgehung	5500-5000 BC	Humerus-Fragment, BT 36,60	Stadtarchäologie Göttingen, Fundort Götting Grone Westumgehung, Fundstellencode 6521/22-1, Fläche 1, Objektnummer 265A, Datum 28.11.1995	
HS 90	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 91	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 92	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 93	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 94	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 95	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			
HS 96	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC			

HS 97	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC		
HS 98	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC		
HS 99	Ellerbek Fundstelle D	4500-3500 BC		
HS 100	Ellerbek	4500-3500 BC		
HS 101	Ellerbek Fundstelle A	4500-3500 BC	Scapulafragment, GLP 38,18, SLC 25,65	KS 11048
HS 102	Haferwisch LA 1a		Mandibula 3 Schneidezähne, li. P1 und P2, re. P1 bis P3, P1, L 9,87, B 4,30, H 3,18, P2, L 11,96, B 6,40, H 5,13 (beprobt), P3, L 13,16, B 8,02, H 5,17, Alveole 11,05 (starke Abrasion)	Haf. O. 1992, LA 1a, Schn. 1, 34, Grube/Brunnen
HS 103	Haferwisch LA 1a		M3, L 31,18, Ba 14,07, Ha 13,45, Bm 14,40, Hm 12,43, Bp 10,02, Hp 11,55 (keine Abrasion)	Haf. O. 1992, LA 1a, Schn. 1, 56, Pl.5 FNR 225
HS 104	Haferwisch LA 1a		M3, L 32,09, Ha 7,20, Bm 14,34, Hm 8,03, Bp 11,57, Hp 10,33 (Abrasion)	227 H7
HS 105	Haferwisch LA 1a		M2, L 22,03, Ba 13,33, Ha 10,43, Bp 13,27, Hp 9,60 (leichte Abrasion)	Hf 238
HS 106	Feddersen Wierde		Uk, li., P3 bis M3 und Eckzahn, männlich, M3, L 30,30, Ba 14,71, Ha 10,69, Bm 14,14, Hm 9,74, Bp 11,15, Hp 8,77, M2, L 17,37, Ba 13,13, Ha 6,29, Bp 13,54, Hp 4,48, M1, L 12,97, Ba 10,10, Ha 3,63, Bp 10,25, Hp 3,55 (beprobt) P3, L 13,16, B 8,43, H 7,04, M3-P1 96,50, Alveole 16,70, deutliche Zerlegungsspuren	F 5951 Bb
HS 107	Feddersen Wierde		Uk, re., P1-M3 101,20, M3, L 33,11, Ba 14,79, Ha 12,84, hypoa 1,88, Bm 15,30, Hm 11,48, Hypom 1,21, Bp 12,88, Hp 10,77, M2, L 19,51, Ba 12,20, Ha 6,93, Bp 13,62, Hp 4,82, Hypop 1,98, M1, L 13,19, Ba 9,26, Ha 3,68, Bp 10,74, Hp 2,10 (beprobt), P3, L 13,26, B 7,75, H 7,50, P2, L 12,57, B 6,17, H 6,33, P1, L 10,77, B 4,37, H 6,73 (starke Abrasion)	Bleistiftbeschriftung 108
HS 108	Feddersen Wierde		Uk, li., M3, L 31,33, Ba 13,91, Ha 11,02, Hypoa 3,73, Bm 14,56, Hm 9,19, Hypom 3,54, Bp 11,00, Hp 10,26, Hypop 5,10, M2, L 17,64, Ba 12,55, ha 5,44, hypoa 2,41, Bp 13,33, hp 3,21, Hypop 2,12, M1, L 12,40, Ba 9,96, Ha 3,36, Bp 10,75, hp 1,62 (beprobt), P3 L 12,91, B 8,39, H 6,44, Alveole 12,03 (starke Abrasion)	Bleistiftbeschriftung 198

HS 109	Feddersen Wierde		UK, li., M3, L 30,43, Ba 14,24, Ha 9,61, Hypoa 5,33, Bm 14,00, Hm 9,58, Hypom 5,67 und 1,02, Bp 11,63, Hp 8,45, Hypop 1,97, M2, L 17,25, Ba 12,34, Ha 6,43, Hypoa 3,40, Bp 12,66, Hp 4,90, Hypop 2,20, M1, L 13,35, Ba 9,61, Ha 3,37, Bp 9,81, Hp 1,37 (beprobt), P3, L 12,96, B 8,00, H 8,06	Beschriftung F 6186a	Abrasion
HS 110	Haithabu Hafen		Uk, M3, L 26,34, Ba 12,77, Ha 11,76, Bm 12,17, Hm 11,95, Bp 9,88, M2, L 18,68, Ba 11,28, Ha 6,44, Bp 12,03, Hp 4,17 (beprobt), M1, L 13,16, Ba 8,66, Ha 1,80, Bp 9,55, Hp 0,00 (Abrasion), P3, L 13,26, B 7,95, H 7,59, P2, L 12,37, B 6,24, H 9,38, M3-P1: 92,75, 16b: 40,15, Alveole 13,46	Hb all Hb 79 90	Schnittspuren hinter M3 an Wangen innen und außen
HS 111	Haithabu Hafen		Uk, li., M2, L 20,11, Ba 12,74, Ha 10,24, Bp 12,50, Hp 9,31, Hypop 2,26 (beprobt), M1, L 15,34, Ba 9,33, Hp 5,99, Bp 9,90, Hp 4,46, P3, L 12,67, B 7,26, H 10,4, P2 L 12,04, B 5,77, H 9,02, 16b:32,91	Hb all Hb 79 90	M3 noch nicht durchgebrochen kaum Abrasion
HS 112	Haithabu Hafen		Ok, li., M3, Ba 17,00, Ha 10,68, Hypoa 2,22, Bm 12,91, M2 L 20,28, Ba 15,43, ha 5,13, Bp 14,52, Hp 5,93 (beprobt)	Hb all Hb 79 90	M3 bricht durch
HS 113	Haithabu Hafen		Ok, li., M1, L 16,15, Ba 13,55, Ha 5,02, Bp 13,44, Hp 6,10, P2, L 12,63, B 8,41, H 9,85 (beprobt), P3, L 10,95, B 11,74, H 10,62	Hb G11	Milchgebiss, klein
HS 114	Haithabu Hafen		Uk, li., M3, L 30,13, Ba 13,68, Ha 8,28, Bm 13,69, Hm 7,87, Bp 11,05, Hp 7,62, M2, L 17,95, Ba 9,46, ha 5,41, Bp 11,05, Hp 3,56, M1, L 12,01, Ba 9,46, Ha 2,46, Bp 9,77, Hp 0,0 abgekaut, Anomalie, P3, L 12,38, B 7,74, H 6,74 (beprobt), M3-P1 93,99, Alveole 14,07	Hb a10	starke Abrasion
HS 115	Haithabu Hafen		Ok, li., M2, L 19,81, Ba 15,86, Ha 9,13, hypoa 1,83, M1, L 16,60, Ba 12,73, Ha 4,88, Bp 12,31, Hp 4,07 (beprobt), P3, L 12,83, B 11,80, H 9,20, P1-M3 86,23, Alveole 16,81	Hb 79 65	M3 bricht durch
HS 116	Canta 1, Türkei	BZ 3000-2000 BC	Uk, re., männlich, relativ klein, M3, L 22,12, ba 12,97, Ha 10,40, Hypoa 3,73, Bm 12,77, hm 9,71, Hypom 4,92, Bp 9,60, Hp 8,80, M2, L 18,02, Ba 11,06, Ha 4,8, Bp 10,93, Hp 4,03, P3, L 12,21, B 6,31, H 8,61 (beprobt)	Beschr. HM07 Ao 496-97 # 00830	
HS 117	Canta 1, Türkei	BZ 3000-2000 BC	Uk, re., relativ groß, M3-Fragment, Ba 19,61, Ha 11,65, Hypoa 2,08 und 6,50, Bm 19,11, Hm 11,17, hypom 1,87 und 6,09, Bp 14,43, hp 13,06	Beschr. P..287 # 00316	
HS 118	Canta 1, Türkei	BZ 3000-2000 BC	Uk, re., relativ klein, M3, L 33,40, Ba 15,01, Ha 9,34, Hypoa 2,25, Bm 15,23, hm 8,46, Hypom 1,62, Bp 12,29, Hp 8,57, M2, L 18,46, Ba 12,94, Ha 4,93, Bp 13,43, Hp 5,10 (beprobt)	Beschr. HM07 Ao496-97 # 00831	
HS 119	Canta 1, Türkei	BZ 3000-	Ok, re., M3, L 19,66, Ba 16,35, ha 6,75, Bp 15,29, hp 9,18,	Beschr. HM Ao407 # 01727	

		2000 BC	M2, L 15,65, ba 12,84, ha 4,04, Bp 12,81, Hp 4,04 (beprobt), M1, L 11,48, B 11,51, H 8,99		
HS 120	Canta 1, Türkei	BZ 3000-2000 BC	Talus, GL1 56,16, GLm 50,40, Bd 32,01, DL 28,96	Beschr. HM Ao003 # 03212	
HS 121	Schleswig		Uk, li., männlich, M2, L 19,60, Ba 12,01, Ha 9,15, Bp 12,68, Hp 8,86, M1, L 16,01, B 10,84, H 5,05 (beprobt), P3, L 12,60, B 7,43, H 9,31, P2, L 11,53, B 5,36, H 7,82, Alveole 12,79, 16b: 34,37, 9a: 31,33	SL 2 / 15,15	
HS 122	Oldenburg		Uk, re., weiblich, 6-9+++ , P1, L 9,99, H 4,56, H 5,55, P2, L 11,81, B 6,55, H 8,30 (beprobt), P3, L 13,24, B 8,66, H 8,70, Alveole 9,61, 16b: 34,47	Beschr. OLD 82 08 1622	Pathologie, Entzündung, Verknöcherung des Uk ab M1
HS 123	Oldenburg		Uk, re., weiblich, 6-7+++ , P2, L 11,07, B 5,90, H 7,57, P3, L 12,23, b 7,20, H 6,20 (beprobt), M1, L 13,08, B 9,11, H 2,45	Beschr. OLD 82 07 1605	
HS 124	Oldenburg		Uk, re., weiblich, 6-7+++ , P1, L 10,21, B 4,42, H 7,26, P2, L 12,05, B 6,21, H 8,77 (beprobt), P3, L 13,08, B 8,50, H 8,70, M1, L 16,11, B 10,01, H 3,18, 16b: 39,24	Beschr. OLD 81 08 1518	
HS 125	Oldenburg		Uk, re., männlich, 6-7+++ , P1, L 9,75, B 4,61, H 5,96, P2, L 12,15, B 6,45, H 8,01, P3, L 13,34, B 9,19, H 9,21 (beprobt), Alveole 19,00	Beschr. OLD 81 07 1527	
HS 126	Oldenburg		Uk, re., männlich, 6-7+++ , P2, L 11,96, B 6,21, H 9,27, P3, L 13,03, B 8,40, H 8,66, M1, L 14,67, B 10,66, H 3,43 (beprobt)	Beschr. OLD 82 08 1706	
HS 127	Oldenburg		Uk, re., männlich, 6-7+++ , P1, L 10,76, B 4,79, H 7,90 (beprobt), P2, L 12,34, B 6,52, H 11,00, P3, L 13,15, b 7,97, H 9,95, M1, L 15,05, B 11,07, H 6,27, Alveole 13,54	Beschr. OLD 81 07 1404	
HS 128	Oldenburg		Uk, re., männlich, 6-7+++ , P2, L 11,90, B 5,80, H 10,01, P3, L 12,50, B 7,19, H 9,55 (beprobt), M1, L 15,776, B 10,00, H 4,85, M2 L 19,65, Ba 11,61, Ha 9,48, Hypoa 1,85, Hp 9,43, Hypop 2,10	Beschr. OLD 82 07 1745	
HS 129	Oldenburg		Uk, re., männlich, 6-7+++ , P1, L 10,35, B 4,5, h 8,81, P2, L 12,61, B 6,02, H 7,65, P3, L 13,65, B 8,59, H 8,66, M1, L 14,88, B 10,35, H 3,11	Beschr. OLD 81 08 1507	
HS 130	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	Uk, re., M3, L 29,08, Ba 16,14, Ha 14,44, Bm 14,73, Hm 12,64, Bp 9,75, Hp 11,90, M2, L 20,55, Ba 14,70, Ha 7,99, Bp 14,74, Hp 8,99 (beprobt), M1, L 15,98, Ba 10,33, ha 5,43, Bp 11,18, Hp 3,78	G01-MS-F-19	
HS 131	Gatas Turre (Almeria,	BZ 2800-	Uk, re., M3-Fragment, Bm 17,86, Hm 12,35, Bp 14,74, Hp	G01-MS-F-841	verbrannt

	Spanien)	800 BC	11,85		
HS 132	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	M-Fragment, L 20,10, Ba 12,46, Ha 7,57, Bp 13,55, Hp 7,71	G95-ZC-F-11182	
HS 133	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	Uk, li., Milchgebiss, M1, Ba 5,74, Ha 4,23, Bp 7,54, Hp 5,04 (beprob), M2, L 15,26, Ba 8,89, Ha 7,44, Bp 9,10, Hp 6,53	G95-ZC-F-11251	
HS 134	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	Ok, re., M1-Fragment, M2, L 16,66, Ba 12,74, Ha 7,32, Bp 13,06, Hp 7,33, P3, L 11,47, Ba 5,85, ha 4,5, Bp 7,83, Hp 4,10	G95-ZC-F-11544	
HS 135	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	M3-Fragment, Bm 17,37, Hm 12,40, Hp 12,95	G95-ZC-F-12572	
HS 136	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	Uk, re., Milchgebiss, M1, L 18,69, Ba 6,34, Ha 6,64, Bp 4,91, Hp 6,91, M2, L 15,30, Ba 6,28, Ha 6,14, Bp 8,48, Hp 4,89 (beprob)	G95-ZC-F-12979	
HS 137	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	Ok, re., M2-Fragment	G95-ZC-F-13252	
HS 138	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	M?, L 14,35, Ba 14,49, Ha 6,26, Bp 15,32, Hp 6,68	G95-ZC-F-13254	
HS 139	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	BZ 2800-800 BC	UK, re., Milchgebiss, P3, L 14,35, ba 0,75, Ha 0,78, Bp 3,02, Hp 0,78	G95-ZC-F-13342	
HS 140	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Eckzahn, weiblich, L 13,09	Schnitt 11, Schicht Sand/Moll/Torf, S 80,5-81, E 83-83,5, Tiefe 1,99, 1999	MN 5
HS 141	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Os, Maxillare, re., Milchgebiss, P2?, L 10,00, B 5,81, H 5,64	Schnitt 11, S 79-79,5, E 82,5-83, Tiefe 2,20, 1999	
HS 142	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	M3, re. L 36,24, Ba 14,70, Ha 13,63, Bm 15,14, Hm 13,57, Bp 12,66, Hp 12,93	Schnitt 11, S 79,5-80, E 82-82,5, Tiefe 1,92, 1999	
HS 143	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Hs, M2- Fragment, Bp 15,10, Hp 11,47	Schnitt 5, S 111,5-112, E 127-127,5, Tiefe 1,66, 1996	
HS 144	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Hs, weiblich, Uk, l./r.	Schnitt 5, Schicht Sa/Mu, S 111,5-112, E 127,5-128, Tiefe 1,75, 1996	
HS 145	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Sus, juvenil, Mandibula, re., P2, L 9,72, B 4,81, H 5,25, P3, L 18,93, B 8,41, H 3,57 (beprob), M1, L 17,23, Ba 10, Ha 8,83, hypoa 2,82, Bp 10,61, Hp 8,31, Hypop 2,44	Schnitt 11, Schicht Sa/Mollgrus, S 78,5-79, E 80-80,5, Tiefe 1,97, 1999	
HS 146	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Hs, Mandibula, Inc.	Schnitt 10, Schicht Sa/Mu, S 76-76,5, E 87-87,5, Tiefe 1,90, 1998	
HS 147	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Sus, Zahn Ok., L 14,27, B 9,57	Schnitt 11, Schicht Sa/Mu/Schnecken, S 84-84,5, E 88-88,5, Tiefe 1,75, 1998	
HS 148	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Sus, Zahn, L 11,97, B 8,12, H 5,00	Schnitt 11, Schicht grauer Sa, S 89,10, E 84,85, Tiefe 1,59, 1999	

HS 149	Wangels LA 505, OH	3500-2800 BC	Hs, Ok, re., M2, L 23,21, Ba 16,79, Ha 10,53, Bp 17,13, hp 10,80, 5g	Schnitt 3, Schicht Sa, S 117-117,5, E 127-127,5, Tiefe 1,40, 1996	
HS 150	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	P2, L 15,24, B 10,54, H 5,18	SIG 75 40w 4	
HS 151	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Inc, L 7,13	SIG 76 148/62/1	
HS 152	Grube-Siggeneben LA 25, OH	4000-3250 BC	Sus, Uk, re., Milchgebiss, P2, L 11,64, B 5,72, H 6,50, P3, L 20,81, B 10,10, H 5,39, M1, L 19,88, Ba 12,24, Ha 8,8, Bp 12,78, Hp 9,2, van den Driesch 21: 7,14, 16b: 30,31, 7a: 22,17, 9a: 43,66, 1: 189,57	Fd-nr. 1974/?, Beschriftung: 1974 Sgr. I	
HS 153	Neukirchen Bostholm	3000-2900 BC	P2, L 13,97, B 6,41, H 10,07		
HS 154	Neukirchen Bostholm	3000-2900 BC	P2, L 14,55, B 8,33, H 13,14	Beschriftung 931	
HS 155	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Scapula, li., SLC: 25,60, BG: 25,43	Schnitt 5, Schicht 2, S 113,5-114, E 127,5-128, Tiefe 1,62, 09.07.96, MN 5	
HS 156	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Scapula, li., SLC: 23,29	Schnitt 11, S 97-97,5, E 87,5-88, Tiefe 1,22, gelb Sand/SchwarzMudde 31.08.99, MN 5	
HS 157	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Scapula, re., SLC: 22,20	Schnitt 11, S 91-91,5, E 83,5-84, Tiefe 1,70, grauer Sand, 07.09.99, MN 5	
HS 158	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	HS, Humerus, li., Bt 32,31, Bd 37,56	Schnitt 11, S 81,5-82, E 82-82,5, Tiefe 2,04, 17.08.99, MN 5	
HS 159	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	HS, Pelvis, re. LAR 35,42	Schnitt 11, S 82-82,5, E 79-79,5, Tiefe 2,09, 30.08.99, MN 5	
HS 160	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Sus, Ulna, li., juvenil, GL 193,05, SD 18,99, BPC 22,53, DPA 37,62	Schnitt 10, S 80,5-81, E 90-90,5, Tiefe 1,83, 07.09.99, MN 5	
HS 161	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Ulna, re.	Schnitt 5, Schicht 2, S 113-113,5, E 128,5-129, Tiefe 1,66, 11.07.96, MN 5	
HS 162	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Tibia, li., SD 19,74	S 86,5-87, E 83,5-84, Tiefe 1,78, 29.07.97, MN 5	
HS 163	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Tibia, re. juvenil, SD 18,95	Schnitt 5, Schicht 2, S 111-111,5, E 127-127,5, Tiefe 1,75, 08.07.96, MN 5	
HS 164	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Humerus, li., Schnittspuren	Schnitt 5, Schicht 6, S 116-116,5, E 128,5-129, Tiefe 1,63, 25.09.96, MN 5	
HS 165	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Hs, Tibia, re. Bd 28,78, Dd 26,00	Schnitt 5, Schicht 1, S 109-109,5, E 128,5-129, Tiefe 1,70, 25.06.96, MN 5	
HS 166	Wadi, Shhèib		M3, L 42,22, Ba 18,16, Ha 16,18, Bm 17,37, Hm 14,52, Bp 14,46, Hp 12,46, Inc L 12,32 (beprobt)	Area 1, sq 1, 119, S65	

HS 167	Wadi, Shhèib		Inc und Knochenfragment L 13,30	14, II, 95, WS 8
HS 168	Wadi, Shhèib		L 14,25	III 17, Temp A I, WS 22
HS 169	Wadi, Shhèib		M3-Fragment, Bp 14,5	000, I, 1-3,56, WS 88 1.1-3
HS 170	Wadi, Shhèib		M-Fragment und Cranium	WS 88, 1,1-55
HS 171	Wadi, Shhèib		M3 im Durchbruch und Craniumfragment, P3 Milchzahn, L 14,43, B 12,17, H 4,99	Area I - Unit I, Baq 132, Date 5/7/88, 060
HS 172	Wadi, Shhèib		Cranium-Fragment, P3, L 12,92, B 9,19, H 5,2 (beprobt), M1, L14,12, Ba 11,82, Ha5,2, Bp 12,36, Hp 4,62, M2, L 17,85, Ba 14,14, Ha 7,58, Bp 15,27, Hp 7,58	Locus 12, WS 88, II.54
HS 173	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Mandibula, re., Milchgebiss, P1, L 8,5, B 3,16, H 5,27, P2, L 9,92, B 4,83, H 6,63, P3, L 20,09, B 8,96, H 5,37	Kurdu, TK 7300
HS 174	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC	M3, L 32,53, Ba 14,61, Ha 8,88, Bm 14,39, Hm 7,78, Bp, Hp 7,78, M1, Ba 10,05, Ha 3,35, M2, Ba 12,22, Ha 4,43, Bp 13,19 (beprobt)	Bebensee LA 76, 1990/297
HS 175	Bebensee LA 76	TRB 4000-3000 BC	P?, L 12,25, B 4,62, H 6,17	Bebensee LA 76, 1990/723
HS 176	Herxheim	LBK 5000-4500 BC	Mandibula	Proben-Nachweis-Nr. 297, E97/102, 1428-I
HS 177	Herxheim	LBK 5000-4500 BC	Mandibula, re.	Proben-Nachweis-Nr. 296, E96/102, 349-I
HS 178	Herxheim	LBK 5000-4500 BC	Sus spec, Mandibula	Proben-Nachweis-Nr. 285, E97/102, 282-97-3
HS 179	Herxheim	LBK 5000-4500 BC	Mandibula, re.	Proben-Nachweis-Nr. 296, E96/102, 589-7
HS 180	China	5000 BC	dP4-teilweise, B 9,36, H 3,74	TO719:3
HS 181	Swifterbant S4, Niederlande	3800-3400 BC	Mandibula, M1 Bruchstück, domestiziert	Fundnummer 517, Year 2005, Trench 1, Layer 1, Internal reference number 1:9/31:20
HS 182	Swifterbant S4, Niederlande	3800-3400 BC	Maxillare M3 re., L 39,14, Ba 21,95, bm 18,72, Bp 15,32, Ha 13,64, Hm 13,99, Hp 14,25 domestiziert	Fundnummer P025, year 2006, internal reference number 3:1:12
HS 183	Swifterbant S4, Niederlande	3800-3400 BC	Mandibula I 3, domestic/wild	Fundnummer 6507, year 2007, trench 1, layer 7, internal reference number 2:11:14
HS 184	Nakonowo, Polen	GAC (Globular Amphora Cultur) 3400-2800 BC	P 4, L 20,70, B 8,86, H 5,59	Inv.Nr. 9/97, osobnik 4, miol 4
HS 185	Nakonowo, Polen	GAC 3400-	P 4, L 20,63, B 9,35, H 6,68	Inv.Nr. 9/97, osobnik 2, Individuum 2

		2800 BC			
HS 186	Nakonowo, Polen	GAC 3400-2800 BC	M1 od. M2, L 16,73, Ba 10,74, Bp 10,20, Ha 5,75, Hp 5,75, starke Abrasion	Inv.Nr. 9/97, Individuum 1	starke Abrasion
HS 187	Nakonowo, Polen	GAC 3400-2800 BC	M1 od. M2, L 23,15, Ba 13,32, Bp 12,83, Ha 11,70, Hp 12,34, relativ jung	Inv.Nr. 9/97, Individuum 5	wenig Abrasion
HS 188	Racot, Polen	LBPC (Late Band Pottery Culture) 5000-4500 BC	Mandibula-Frag.	Inv.Nr. 330/85, Objekt 91, beschr. R18/330/85	
HS 189	Racot, Polen	LBPC 5000-4500 BC	Mandibula, Teil P4	Inv.Nr. 258/85, Objekt 32, beschr. R18/258/85	
HS 190	Racot, Polen	LBPC 5000-4500 BC	Cranium-Fragment	Inv.Nr. 339/85, Objekt 63, beschr. R18/339/85	
HS 191	Racot, Polen	LBPC 5000-4500 BC	Cranium-Fragment	Inv.Nr. 465/85, Objekt 111, beschr. R18/465/85	
HS 192	Kowal 14, Polen	GAC 3400-2800 BC	Mandibula C1, männlich	Inv.Nr. 120/07, Objekt 238	
HS 193	Kowal 14, Polen	GAC 3400-2800 BC	Tibia-Fragment	Inv.Nr. 122/07, Objekt 238	
HS 194	CHD 80 Champ Durand, Frankreich	TRB 4000-3500 BC	(Milchgebiss) M1, L 12,92, B 13, 58, H 10,42, M2, L 17,37, Ba 13,81, Bp 14,06, Ha 5,47, Hp 6,28	cane E, CP. 5.6.3.17, beschr. 858002 ES 150	
HS 195	CHD 79	TRB 4000-3500 BC	Cranium re. M2, L 22,00, Ba 15,39, Bp 15,66, Ha 7,50, Hp 8,36	F II2 172-190, CP 3.6.2.46	
HS 196	CHD 81	TRB 4000-3500 BC	Cranium re, M1, L 17,27, Ba 14,25, Bp 15,10, Ha 7,77, Hp 7,55 (beprobt), M2, L 21,44, Ba 17,82, Bp 17,76, ha 11,78, hp 11,78	A12, CP.5.4.2.30	
HS 197	CHD 75	TRB 4000-3500 BC	Mandibula re., M2, L 23,72, Ba 17,65, Bp 17,60, Ha 11,03, Hp 12,21 (beprobt), M3, L 34,96, Ba 18,68, Bm 14,94, Bp 10,57, Ha 13,83, Hm 13,84, Hp 12,27	D1, CP.1.5.2.63, beschr. 8NSR.CH.D1	
HS 198	CHD 78	TRB 4000-3500 BC	M3-Fragment, Ba 18,61, Bm 15,05, Ha 15,29, Hm 14,09	H4-100, CP.3.5.1.6	
HS 199	CHD 77	TRB 4000-3500 BC	Mandibula li., M1, L 16,10, B 11,75, H 6,75 (beprobt), M2, L 21,18, Ba 13,12, Bp 14,56, Ha 9,36, Hp 7,92	FI II-205, Pince Est, CP.2.5.4.10	
HS 200	CHD 82	TRB 4000-3500 BC	Cranium re. P2, L 11,19, B 9,49, H 4,97, P3, L 9,98, B 13,01, H 4,98, M1, L 13,43, B 14,29, H 3,90 (beprobt), M2, L 19,49, Ba 17,44, Bp 17,54, Ha 3,27, Hp 4,70, M3, L 30,61, Ba 18,69, Bm 16,02, Bp 12,73, Ha 8,22, Hm 9,62, Hp 9,55, VandenDriesch(28) 65,82	Lot no 81 temoin, CP 1.3.4.31, Beschr. CH.D.82, F1.81.HS	

HS 201	CHD 83	TRB 4000-3500 BC	Cranium li. M1, L 14,54, B 15,77, H 5,03 (beprobt), M2 L 22,96, Ba 19,73, Bp 19,20, Ha 7,59, Hp 7,08, M3 L 38,78, Ba -, Bm 17,48, Bp 14,21, Ha 10,09, Hm 9,88, Hp 8,89, Vandendriesch(28) 78,06	FI coupe est, CP 5.5.2.72	
HS 202	CHD 78	TRB 4000-3500 BC	M3 L 32,11, Ba 18,50, Bm 14,73, Bp 11,02, Ha 13,58, Hm 12,88, Hp 10,71	FIII, CP 3.5.1.31, Beschr. CH78 FIII co 250	
HS 203	CHD 82	TRB 4000-3500 BC	M3 L 36,80, Ba 15,19, Bm 15,06, Bp 12,09, Ha 12,52 (Hypo 4,92), Hm 11,26 (Hypo 3,63), Hp 8,80 (Hypo 2,42)	FI D 16, CP 1.3.4.2	
HS 204	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Prämolar, Sus	TK 8807, 25.79.180, 9/2 RO Y	
HS 205	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Mandibula re., M3-Fragment, Bm 14,87, Bp 11,64, Hm 5,53, Hp 5,45	TK 8607, 22.81.153, 8/31 KK Y	
HS 206	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	M3-Fragment, Bp 17,7, Hp 10,89 Sus	TK 8858, 25.103.192, 9/3 GRC Y	
HS 207	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P4, juvenil, Sus	TK 4050, 80.2.53, 8/2 YT Y	
HS 208	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	M1 L 16,20, B 10,58, H 5,96 (beprobt), M2 L 20,55, B 13,46, H 10,22 (Hypo 5,17)	TK 6986, 22.44.137, 8/14, KK Y	
HS 209	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	M1-Fragment, B 11,20, H 5,64, M2 L 18,44, B 13,82, H 9,44, Sus	TK 6112, 21.21.58, 8/5, RO Y	
HS 210	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Prämolar-Fragment, Sus	TK 8615, 26.41.95, 8/31, KK Y	
HS 211	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P3 L 14,34, B 7,87, H 10,89 (beprobt), M1 L 17,67, B 11,32, H 6,33, Sus	TK 8414, 26.35.87, 8/30, KK Y	
HS 212	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Cranium li., P1 L 8,01, B 4,00, H 6,02, P2 L 9,68, B 5,42, H 5,49, P3 L 12,12, B 8,30, H 5,19, M1 L 14,42, B 10,91, H 5,45 (beprobt), M2 L 17,54, B 13,14, H 9,23, juvenil	TK 6100, 20.2.73, 8/7 YÖ Y	
HS 213	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Mandibula li., P4 L 20,27, B 8,41, H 5,19, M1 L 15,95, B 10,47, H 10,13, juvenil	TK 8555, 25.73.152, 8/30 SKC Y	
HS 214	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P3-Fragment, B 15,56, H 13,61	TK 8558, 25.34.153, 8/30 SKC N	
HS 215	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	M3 L 34,27, Ba 15,37, Bm 14,92, Bp 11,83, Ha 5,76, Hm 5,48, Hp 6,46, M2 L-, Ba 13,03, Bp-, Ha 7,72, Hp-, M1 L 15,82, B 10,88, H 5,52 (beprobt)	TK 8441, 22.81.152, 8/30 KK Y	
HS 216	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Cranium re. M2-Fragment, juvenil	TK 8224, 23.48.104, 8/27 FG Y	
HS 217	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Cranium li. P2 L 13,02, B 8,33, H 5,66 (beprobt), P3 L 13,86, B 11,08, H 4,72, M1 L 17,80, B 13,87, H 8,63, M2 L 21,72, B 16,93, H 11,47	TK 8880, 25.107.197, 9/3 SKC N	

HS 218	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Cranium li. M2 L 22,11, Ba 18,16,, Bp 17,76, Ha 8,41, Hp 10,08 (beprob), M3 L 28,76, Ba 19,94, Bm 16,37, Bp 11,06, Ha 13,44, hm 11,62, Hp 5,25,	TK 9869, 23.42.85, 8/24 FG NO	
HS 219	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	Cranium re. P1 L 8,17, B 4,86, H-, P2 L 12,75, B 5,90, H 4,45, P3 L 13,42, B 7,08, H 7,14, P4 L 11,61, B 12,07, H 8,48, M1 L 15,47, B 14,80, H-, M2 L 21,27, Ba 17,95, Bp 17,07, Ha 6,57, Hp 7,02, M3 L 30,33, ba 17,86, Bm 15,23, Bp 10,50, Ha 9,85 (Hypo 2,18), Hm 9,79, Hp 8,73, vandendriesch(28) 66,70 (27) 114,45, Alveole weiblich 15,14	TK 7503, 26.3.15, TKO KK	
HS 220	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Mandibula re. M2 L 18,76, Ba 11,69, Bp 11,49, Hp 10,69, Hp 11,37, M3 noch nicht durch	Fundnr. 10101, Befund 10010, Fläche x:A, y:2, Abtrag 3, Schnitt 10, 04.09.08	
HS 221	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	M3 sup- Fragment L-, Ba 17,25, Bm 15,92, Bp-, Ha 12,90, Hm 12,90, Hp-	Fundnr. 10400	
HS 222	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	M3 inf. Fragment	2008, Fundnr. 10077	
HS 223	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Incisicus inf. Sus	2008, Fundnr. 10260, Befundnr. 10046, Schnitt 10, Abtrag 8, Fläche xA y3, 24.09.08	
HS 224	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Metapodium	2008, Fundnr. 10004, Befundnr. 10002, Abtrag 2, Schnitt 10, Fläche xA, y1, 04.09.08	
HS 225	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Incisicus inf. Sus	2008, Fundnr. 10138	
HS 226	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Incisicus inf. Sus, L 11,54	2008, Fundnr. 10385	
HS 227	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Scapulafragment Sus sehr klein	Fundnr. 10999	
HS 228	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Incisicus sup. Sus L 6,62	Fundnr. 10266, Befundnr. 10047, Fläche xB, y3, Schnitt 10 Abtrag 9, 24.09.08	
HS 229	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Mandibula, M3 Fragment	2008, Fundnr 10230, Befundnr. 10019, Fläche xB, y1, Schnitt 10, Abtrag 4, 8.9.08	
HS 230	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Vertebra, thoracal sus	2008, Fundnr. 10023, Befund 10002, Schnitt 10 Abtrag 2, Fläche xA, y1, 3.09.08	
HS 231	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Radius Sus	2008, Fundnr. 10187, Befundnr. 10064, Schnitt 10, Abtrag 9, Fläche xB, y2, 24.09.08	
HS 232	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500	Femurfragment, Sus	2008, Fundnr. 10351	

		BC			
HS 233	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Femurfragment, Sus	2008, Fundnr. 10148, Befundnr. 10025, Fläche xB, y2, Schnitt 10, Abtrag 6, 15.09.08	
HS 234	Zagrebnice, Bosnien	5200-4500 BC	Scapulafragment, Sus	2008, Fundnr. 10011, Befundnr. 10008, Schnitt 10, Abtrag 3, Fläche xA, y2, 04.09.08	
HS 235	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Vertebra, thoracal sus	Fundnr. 10024, Befundnr. 10002, Fläche xA, y1, Schnitt 10, Abtrag 2, 03.09.08	
HS 236	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 BC	Tibiafragment Sus	2008, Fundnr. 10077, Befundnr. 10005, Schnitt 10, Abtrag 2, 03.09.08	
HS 237	China	5000 BC	dP4-Fragment	To7206	
HS 238	China	5000 BC	M1 L 20,97, B 13,74, H 10,69	To91932	
HS 239	China	5000 BC	M1 L 18,11, B 11,35, H 3,97	To71914 01191	
HS 240	China	5000 BC	DP4 L 20,50, B 9,21, H 5,61	To621=194	
HS 241	China	5000 BC	dP4 L 18,38, B 8,17, H 6,17	To620:4	
HS 242	China	5000 BC	M1 L 18,47, B 12,08, H 10,84	To621:46	
HS 243	China	5000 BC	DP4 L 21,54, B 9,94, H 7,51	To7191490 1168	
HS 244	China	5000 BC	P4-Fragment L-, B 9,76, H 6,16	To620 02279	
HS 245	China	5000 BC	P4 L 16,17, B 11,17, H 15,46	86To820:32	
HS 246	China	5000 BC	M3 Fragment	To820:40	
HS 247	China	5000 BC	M1 L 19,47, B 12,69, H 11,09	To621:1	
HS 248	China	5000 BC	M3 L 39,41, Ba 22,22, Bm 18,15, Bp 12,67, Ha 16,31, Hm 15,34, Hp 12,96	To720:5	
HS 249	China	5000 BC	M3-Fragment L 38,90, Ba-, Bm-, Bp 13,70, Ha 6,56, Hm 4,08, Hp 3,15 (starke Abrasion)	86To8209111	starke Abrasion
HS 250	China	5000 BC	M3-Fragment	To720:31	
HS 251	China	5000 BC	M3 L 41,83, Ba 15,99, Bm 15,68, Bp 13,63, Ha 5,36, Hm 6,88, Hp 8,24	To820:10	
HS 252	China	5000 BC	M3 L 41,28, Ba 17,36, Bm 15,09, Bp 14,38, Ha 14,75, Hm 12,96, Hp 13,04	To820:41	
HS 253	China	5000 BC	M3-Fragment, L-, Ba-, Bm-, Bp 15,34, Ha-, Hm 9,42, Hp 8,47	To802-42	
HS 254	China	5000 BC	M3 L 37,87, Ba 22,26, Bm 20,32, Bp 14,62, Ha 16,61, Hm 18,45, Hp 14,61	86To820:30	
HS 255	Flemsdorf (Angermünde)	LBK 5500-4500 BC	Uk re. P3 L 12,94, B 6,31, H 10,28, P4 L 13,91, B 7,67, H 10,16, M1 L 14,55, B 11,17, H 5,41, M2 L 12,50, Ba 13,21, Bp 13,21, Ha 10,20, Hp 10,20, M3-Fragment Ba 13,86, H	1961:2 Brandenburg	

			11,91		
HS 256	Flemsdorf (Angermünde)	LBK 5500- 4500 BC	Ok re. M2 L 20,85, B 15,49, H 10,83 (noch nicht ganz raus) M1 L 17,00, B 13,63, H 8,47	Brandenburg	
HS 257	Berlin, SE	4000-2800 BC	Uk li. P3 L 15,10, B 7,58, H 12,33, P4 L 16,81, B 9,69, H 11,16 (beprobt), M1 L 17,94, B 12,6, H 5,27, M2 L 25,33, ba 15,65, Bp 16,40, Ha 8,98, Hp 8,96, M3-Fragment L-, Ba 18,05, Bm 16,75, Bp-, Ha 10,26, Hm-, Hp-	Quadrat 406b KS 19820,0, Beschr. 406	
HS 258	Berlin, SE	4000-2800 BC	Uk li. M1 L 17,70, B 12,15, H 9,98 (beprobt), M2 L 25,99, Ba 16,78, Bp 17,28, Ha 14,18, Hp 12,38, M3 noch nicht raus	Quadrat 162 KS 19820,0, Beschr. 162	
HS 259	Berlin, SE	4000-2800 BC	Uk li. P3 L 14,53, B 8,51, H 13,24, P4 L 16,65, B 11,18, H 11,97 (beprobt), M1 L 17,66, B 13,35, H 9,05, M2 L 24,96, Ba 16,86, Bp 18,09, Ha 11,90, Hp 10,03	Quadrat 391 KS 19820, Beschr. 391	
HS 260	Berlin, SE	4000-2800 BC	Ok re. M1 L 19,84, B 15,46, H 7,66 (beprobt), M2 L 26,07, Ba 19,54, Bp 20,14, Ha 10,33, Hp 12,18, M3 L 35,43, ba 22,60, Bm 18,96, Bp 14,56, Ha 18,12, Hm 14,89, Hp-	KS 19820, Beschr. 1939	
HS 261	Süssau	TRB 4000- 3000 BC	M3 L 33,83, Ba 17,97, Bm 16,69, Bp 12,14, Ha 13,48, Hm 13,48, Hp 10,99	1967.29.09, Schnitt 7, Fundnr. 9	
HS 262	Niederdorffelden	LBK 5500- 5000 BC	Mandibula, M1 L 15,91, B 10,20, H 6,4		717
HS 263	Niederdorffelden	LBK 5500- 5000 BC	Ok li. P4 L 10,92, B 11,25, H 8,76, M1 L 14,42, B 12,35, H 5,08 (beprobt), M2 L 18,73, ba 15,34, Bp 14,90, Ha 8,44, Hp 8,44, M3 nicht raus		314
HS 264	Niederdorffelden	LBK 5500- 5000 BC	P4 L 12,86, B 12,51, H 10,49, M1 L 16,16, B 13,02, H 7,57 (beprobt), M2 L 19,91, Ba 16,93, Bp 15,06, Ha 8,81, Hp 10,53		706
HS 265	Süssau	TRB 4000- 3000 BC	Ok li. M1 L 15,63, B 13,98, H 5,17 (beprobt), M2 L 22,22, Ba 17,17, Bp 16,39, Ha 9,37, Hp 8,95, M3 L 32,41, Ba 19,26, Bm 15,57, Bp 13,26, Ha 13,37, Hm 12,93, Hp 10,78	1966, Fundnr. 1169, Schnitt 3, Lage 94, Höhe 150NN, 07.06.1966, Beschr. 66oldfdnr1169	
HS 266	Süssau	TRB 4000- 3000 BC	Uk re. P4-Fragment, M1 L 17,92, B 11,94, H 8,15, M2 L 20,65, Ba 14,57, Bp 15,01, Ha 12,57, Hp 11,43	1966, Fundnr. 621, Schnitt 3, Lage Quadrat 54, Höhe -129NN, 18.08.1966, Beschr. Süssau66old54Fdnr.621	
HS 267	Esbeck/Schöningen 1	LBK 5500- 5000 BC	Milchgebiss Uk re. M1 L 18,81, B 13,04, H 8,80 (beprobt), M3 L 22,26, Ba 14,65, Bp 15,29, Ha 14,09, Hp 12,76	Fläche II, Quadrat 9, Befund 166s, Beschr. Esb 1 II/9/166c/19	
HS 268	Niederdorffelden	LBK 5500- 5000 BC	Ok re. Molarfragment		246
HS 269	Niederdorffelden	LBK 5500- 5000 BC	Uk li. P3 L 14,16, B 8,95, H 12,45 (beprobt), P4 L 17,05, B 10,94, H 5,84, M1 L 20,91, B 13,73, h 11,56		341
HS 270	Grabie, Polen	LBK 5500- 4500 BC	M3++ L 24,92, Ba 15,87, Bm 14,36, Bp 11,70, Ha 4,93, Hm 5,97, Hp 5,06	stan. 4 inw/nr 1892, beschr. Gr 4/1892	

HS 271	Bruszczewo, Polen	BZ 2100-1500 BC	P2 L 14,18, B 5,75, H 9,69	stan 5, nr.inw. 4220/254/04 wyk 4009 warstwa 4008	
HS 272	Bruszczewo, Polen	BZ 2100-1500 BC	M1+- L 19,05, B 10,83, H 6,82	stan 5, nr.inw. 11213, Schnitt 52, Fläche 11, Befund 11001, Abtrag 11006	
HS 273	Bruszczewo, Polen	BZ 2100-1500 BC	M2+ L 21,20, Ba 16,25, Bp 15,91, Ha 8,79, Hp 10,01	stan 5, ar/cw V/96 Objekt XX warstwa IV	
HS 274	Miekowice, Polen	Lengyel Culture 5000-4000 BC	J1 L 11,66	stan 7, nr.inw. M7/9339, beschr. M79339	
HS 275	Bruszczewo, Polen	BZ 2100-1500 BC	J2 L 8,5 weiblich	stan 5, Fund 4436 Fläche 4, Befund 4022, Abtrag 4018	
HS 276	Milkostowo, Polen	Lengyel Culture 5000-4000 BC	M1+ L 18,47, B 13,41, H 8,42	stan 23/24, nr.inw.604 wyk 21, Objekt 52	
HS 277	Grabie, Polen	LBK 5500-4500 BC	Scapulafragment	stan 4, nr.inw.1905	
HS 278	Grabie, Polen	LBK 5500-4500 BC	Mandibula männlich	stan 4, nr.inw.1892, Beschr. Nr.4/1892	
HS 279	Miekowice, Polen	Lengyel Culture 5000-4000 BC	Metatarsus IV - Fragment	stan 7, nr.inw. M7/9354, Beschr. M7 9354	
HS 280	Bruszczewo, Polen	BZ 2100-1500 BC	Csuperrior-Fragment männlich	stan 5, Fund 1067, Schnitt 52, Fläche 11, bef. 11002, Abtrag 11005	
HS 281	Tissa, Sri Lanka	300 AD	Milchgebiss, P4 L 18,54, B 8,67, H 4,39, M1 L 16,15, B 10,10, H 8,36 (beprobt)	3G (29) 64/72 [2206]	
HS 282	Tissa, Sri Lanka	300 AD	M1 L 15,54, B 10,14, H 4,88 (beprobt), P4-Fragment	3R (19) 43/81 [139]	
HS 283	Tissa, Sri Lanka	300 AD	P1 L 11,08, B 5,37, H 6,56, P2 L 13,25, B 6,95, H 10,42, P3 L 14,00, B 9,19, H 11,47	3G (39) 61/75 [352]	
HS 284	Tissa, Sri Lanka	300 AD	M3 L 47,66, Ba 19,18, Bm 18,01, Bp 12,67, Ha 10,27, Hm 7,48, Hp 4,11	3C (25) 53/71	
HS 285	Tissa, Sri Lanka	300 AD	Ok re. M3 L 42,44, Ba 21,63, Bm 21,27, bp 15,03, Ha 12,86, Hm 14,63, Hp 12,35	3M (18) 29/78	
HS 286	Tissa, Sri Lanka	300 AD	M2 L 22,49, Ba 16,25, Bp 16,97, Ha 6,85, Hp 6,85 (beprobt), M3 L 45,93, Ba 19,34, Bm 17,09, Bp 15,54, Ha 8,63, Hm 9,69, Hp 6,28 männlich	3B (26) 57/88	
HS 287	Niederdorffelden	LBK 5500-	M1 L 15,40, B 10,26, H 7,12 (beprobt), M2 L 20,40, Ba		215

		5000 BC	12,49, Bp 13,60, Ha 10,65, Hp 10,03, M3 noch nicht raus		
HS 288	Berlin, SE	4000-2800 BC	Mandibula komplett, M2 beprobt L 21,12, Ba 12,24, Bp 13,54, Ha 8,16, Hp 6,61	Quadrat 200a KS 19820,s	
HS 289	Berlin, SE	4000-2800 BC	Uk re. M2 L 21,72, Ba 13,39, Bp 14,20, Ha 9,78, Hp 9,71, M3 noch nicht raus	Quadrat 46c KS 19820, s	
HS 290	Berlin, SE	4000-2800 BC	juvenil Mandibula re. P4 L 18,91, B 8,24, H 4,43	Grabg 1939 KS 19800, s	
HS 291	Berlin, SE	4000-2800 BC	P3 L 14,06, B 8,57, H 11,06	Quadrat 932d, KS 19820,s	
HS 292	Berlin, SE	4000-2800 BC	Mandibula komplett, P4 beprobt, M3 noch nicht raus	Grabg 1939 KS 19800, s	
HS 293	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P2 L 18,30, B 10,98, H 7,31	TK 7224, 23.34.58 8/M FG Y	
HS 294	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P4 L 21,66, B 8,97, H 6,57	TK 6958, 22.4.131 8113 kk	
HS 295	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	M1 L 17,12, B 14,40, H 8,08	TK 6258, 22.4.65 8/5 kk	
HS 296	Kurdu, Türkei	6000-4000 BC	P3 L 9,74, B 4,85, H 5,53, P4 L 18,80, B 8,80, H 3,27, M1 L 16,84, B 11,10, H 7,17 (beprobt)	TK 8057, 25.28.110 8/24 SKC y	
HS 297	Dresden	LBK 5500-4500 BC	Molar L 19,8, B 14,84, H 9,87	DD-04, Fundnr. 103, Bef.nr. 167, Inventarnr. 90021844, Fundobjekt 1/11.2/6/6	
HS 298	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Molar L 21,01, B-, H 8,95	DD-03, Cotta, Fundnr. 116, Bef.nr. 22B Inventarnr. 90021831, Fundobjekt 1/11.2/316, Kranplatz I	
HS 299	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Ok li. Fragment P4 L 12,04, B 11,24, H 5,44, P3 L 13,03, B 8,38, H 5,92 (beprobt)	DD-04, Fundnr. 95, Befundnr. 154, Inventarnr. 90021844, Fundobjekt 1/11.2/8/6	
HS 300	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC		DD-027, Fundnr. 493, Befundnr. 874, Am Kaitzbach, AHK-935, Inventarnr. 90037752, Fundobjekt 1/16.2/7/6	
HS 301	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC LBK 5500-4500 BC	Uk li. P4 L-, B-, H 11,46, M1 L 15,98, B 10,55, H 5,34, M2 L-, B 13,10, H 10,57 (beprobt)	DD-04, Fundnummer 160, Befundnr. 284 34, Inventarnr. 90028143, Fundobjekt 1/11.2/8/6	
HS 302	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Ok li. Molar L 18,07, B 13,34, H 8,9	DD-04, Fundnr. 154, Befundnr. 249, Inventarnr. 90028143, Fundobjekt 1/11.2/8/6	
HS 303	Dresden, Cotta	LBK 5500-	Molar L 22,60, B 14,20, H 10,26	DD-03-04, Befundnr. 23, Inventarnr.	

		4500 BC		90021837, Fundobjekt 1/11.2/5/6	
HS 304	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	M2 L 22,74, B 14,29, H 8,70 (beprobt), M1 L 20,76, B 15,65, H 9,08	DD-04, Befundnr. 306, Inventarnr. 90028143, Fundobjekt 1/11 2/8/6	
HS 305	Bou	LBK 5500-4500 BC	Uk li. M3 L 26,83, Ba 14,43, Bm 13,81, Bp 10,96, Ha-, Hm-, Hp 11,00, M2 L 18,11, Ba 13,03, Bp 13,80, Ha 5,17, hp 5,17, M1 L 13,17, B 11,05, H-, P4 L 13,19, B 9,07, H 8,38 (beprobt), P3 L-, B 6,56, H 7,42, Alveole 11,00	BOU-03, Fundnr. 116, unter Pl.4, Befundnr. 177 Kasten C Inventarnr. 90052655, Fundobjekt 9/13 2/8/1	M1 starke Abrasion
HS 306	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	Ok re M1 L 13,84, B 11,48, H 6,83, P4 L 12,80, B 7,97, H 5,99 (juvenil)	DD-026, Fundnr. 974, Befundnr. 482, Inventarnr. 90022177, Fundobjekt 1/16 2/4/3	
HS 307	Dresden	LBK 5500-4500 BC	Uk re. und li. M2 L 23,81, B 15,49, H 10,67, M1 L 17,32, B 11,04, H 8,36 (M1 re. Beprobt)	DD-42, Fundnr. 364, Schnitt Geo 1, Befundnr. 130, Inventarnr. 90034295, Fundobjekt 1/17.1/1/3	
HS 308	Bou	LBK 5500-4500 BC	Uk re. P3 L 12,13, B 6,69, H 8,51 (beprobt), P4 L 13,02, B 8,93, h 8,28, M1 L 13,44, B 11,65, H- (starke Abrasion), M2 L 19,18, Ba 12,72, Bp 13,19, ha 4,80, hp 4,80, M3 L 27,71, Ba 14,14, Bm 13,99, Bp 11,07, ha 8,14, Hm-, Hp-	BOU-03, Fundnr. 112, Befundnr. 177, Kasten B, Inventarnr. 90052655, Fundobjekt 9/13.2/8/1	gehört zu HS 305!!, M1 starke Abrasion
HS 309	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	M2 L 20,24, B 14,79, H 9,25, M1 L 16,47, B 10,27, H 7,57 (beprobt)	DD-027, Fundnr. 600, Schnitt VIII, Altkiste 94, Am Kaitzbach, Befundnr. 874, Inventarnr. 90037753, Fundobjekt 1/17-2/6/6	
HS 310	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	Uk re. M2-Fragment (beprobt), M3 nicht raus	DD-06, Boderitzer Str. Altk. 32, Quadr.1, Inventarnr. 90022178, Fundob. 1/16 2/4/3	
HS 311	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	M2 L 19,03, B 11,40, H 6,07 (beprobt), M3 L 30,61, Ba 13,41, Bm 13,62, Bp 9,86, Ha 12,57, Hm 12,57, Hp 9,41	DD-027, Datum 1995/96, Befundnr. 1430, Quadr.2, Fundnr. 846	
HS 312	Bou	LBK 5500-4500 BC	M3-Fragment L 22,27, B 13,75, H 7,44	BOU-03, Fundnr. 23, Befundnr. 546, Inventarnr. 90053923, Fundobjekt 9/133 2/1/2	
HS 313	Bou	LBK 5500-4500 BC	M3 L 32,05, Ba 14,80, Bm 14,69, Bp 12,02, Ha 11,42 (Hypo 2,88), Hm 12,83 (Hypo 2,88), Hp 11,64	BOU-03, Fundnr. 592, Lokalisierung OF aus 391, 303, 392, Inventarnr. 90053923, Fundobjekt 9/13 2/1/2	
HS 314	Bou	LBK 5500-4500 BC	Ok re. M2 L 16,63, B 13,37, H 8,40, M1 L 13,50, B 11,00, H 5,83, P4 L 11,94, B 8,51, H 5,04 (beprobt), P3 L 9,24, B 6,14, H 4,96, juvenil	BOU-03, Fundnr. 2, Befundnr. 385, Inventarnr. 90053923, Fundobjekt 9/13.2/1/3	
HS 315	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	Uk re. M1 L 14,24, B 10,11, H 3,08 (beprobt), M2 L 19,21, Ba 12,69, Bp 12,89, Ha 7,54, Hp 6,05, M3 L 28,60, Ba 13,88, Bm 14,37, Bp 10,73, ha 12,26, Hm 11,97, Hp 10,26	DD-027, Fundnr. 595, Altkiste 94, Befundnr. 874, Am Kaitzbach, Inventarnr. 90037753, Fundobjekt 1/16 276/6	
HS 316	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Uk re. M3 L 29,50, Ba 13,82, Bm 12,88, Bp 9,58, ha 12,93, Hm 10,93, Hp 8,78	CDD-05 (19) Pl.6-7 NW-Quadr., Fundnr. 1013, Kiste 5, Inventarnr. 90046226, 8/2	

				2/2/3	
HS 317	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Uk re. M1 L 14,50, B 9,49, H 5,89 (beprobt), M2 L 19,28, B 12,20, H 8,60, M3 noch nicht raus	DD-03, Fundnr. 26, Befundnr. 77, Inventarnr. 90021837, Fundobjekt 1/11 2/5/6	
HS 318	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Uk re. P3 L 13,65, B 6,7, H 10,99, P4 L 14,94, B 8,55, H 11,81, M1 L 16,41, B 10,87, H 4,81 (beprobt), M2 L 22,05, Ba 14,11, Bp 14,11, Ha 10,91, Hp 10,88	DD-04, Fundnr. 82, Befund 136, Inventarnr. 90021844, 1/11.2/8/6	
HS 319	Zauschwitz	LBK 5500-3500 BC	Ok re. P3 L 13,68, B 10,96, H 9,1, P4 L 10,74, B 14,43, h 9,28, M1 L 18,38, B 14,51, H 6,54, M2-Fragment (beprobt)	PEG-10/2250/8	
HS 320	Zauschwitz	LBK 5500-3500 BC	Uk re. P3 L 13,91, B 7,11, H 10,39 (beprobt), P4 L 14,66, B 9,39, H 10,39, M3 L 37,88, Ba 17,46, bm 16,71, bp13,61, Ha 8,43, Hm 10,20, Hp 11,34	PEG-10/824/2	Pathologie Kiefer
HS 321	Zauschwitz	LBK 5500-3500 BC	Uk re und li. P4 L 15,04, b 8,64, H 12,40 (beprobt), M1 L 15,98, B 11,04, H 4,45, M2 l 20,49, B 13,85, H 11,33	PEG-10/824/2	
HS 322	Zauschwitz	LBK 5500-3500 BC	Uk re. P4 L 14,22, B 8,90, H 11,99 (beprobt), M1 L 18,24, B 11,59, H 7,00, M2 L 42,23, B 14,01, H 11,57, M3 noch nicht raus	PEG-10/776/19	
HS 323	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M2 L 20,70, b 12,66, H 8,03, M1 L 14,97, B 10,16, H 6,55 (beprobt)	Fundzettelnr. 3822, Fl.255980 Bef. 20, X 225, y 980	
HS 324	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	Uk P4 L 13,17, B 7,87, H 10,85 (beprobt), M1 L 15,15, B 10,27, H 6,48	Fundzettelnr. 5206, Fläche 180980, Befund 20, x 180, y 980	
HS 325	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M1 L 15,62, B 10,36, H 6,70, M2 L 20,80, B 13,00, H 12,12	Fundzettelnr. 6042, Fl. 165950, Bef. 24, x 164, y 950	
HS 326	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M1 L 18,68, B 11,34, H 7,72, M2 L 22,62, B 13,67, H 12,29	Fundzettelnr. 3771, Fl. 225970, Bef. 1, x 225, y 970	
HS 327	Vaihingen	jüngere LBK 5200-5000 BC	M1-Fragment (beprobt), M2 L 15,83, B 10,43, h 6,96	Fundzettelnr. 4326, Fl 195970 Bef 10, x 195, y 970	
HS 328	Vaihingen	jüngere LBK 5200-5000 BC	Uk li. Und re. P3 L 12,81, B 6,50, H 11,02 (beprobt), P4 l 14,16, B 8,05, H 10,88	Fundzettelnr. 5147, Fl 180990 Bef 15, x 180, y 990	
HS 329	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Uk re. P4 L 13,70, B 8,33, H 11,48 (beprobt), M1 L 15,90, B 10,31, h 5,37, M2 L 21,97, B 13,30, H 10,67, M3 noch nicht raus	Fundzettelnr. 4085, FL 300950 Bef 20, x 300, y 950	
HS 330	Vaihingen	ältere LBK	Uk li. M1 L 14,29, B 10,03, H 4,01 (beprobt), M2 L 19,72,	Fundzettelnr. 3927, FL 195950 Bef. 16, x	

		5400-5200 BC	B 12,73, H 6,48, M3 L 28,80, ba 13,91, Bm 14,37, Bp 10,49, ha 11,16, Hm 11,16, Hp 9,59	195, y 950	
HS 331	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Uk re. M1-Fragment (beprobt), P4 L 13,91, B 8,86, H 10,79, p3 L 12,87, B 6,95, h 10,23, p2 L 11,76, B 5,13, h 7,80	Fundzettelnr. 3925, FL 195940, Bef. 2, x 195, y 940	
HS 332	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M2 L 21,39, b 13,55, H 9,95 (beprobt), m3 L 29,46, Ba 14,85, Bm 14,89, Bp 10,25, ha 14,70, Hm 11,47, Hp 5,39	Fundzettelnr. 5260, FL 180940 Bef. 2, X 180, y 940	
HS 333	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	Uk re. P3 L 11,94, B 6,21, H 10,16, P4 L 13,15, b 7,96, H 10,92, M1 L 14,01, B 10,03, H 5,38, m2 l 20,28, b 12,89, H 8,97, M3 L 30,25, Ba 14,95, Bm 14,53, Bp 10,04, ha 13,37, Hm 11,61, Hp 8,90	Fundzettelnr. 6085 FL 165940 Bef 2, x 165 y 940	
HS 334	Vaihingen	LBK/Moder n	Ok re. M1 L 13,46, B 10,88, H 6,96, M2 L 17,25, B 14,00, H 9,04, männlich	Fundzettelnr. 4332, FL 255950	
HS 335	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	M3 L 44,36, Ba 20,55, Bm 18,86, Bp 11,57, Ha 4,81, Hm 4,40, Hp 2,80	Fundzettelnr. 5178, FL 180940/950	
HS 336	Vaihingen	LBK 5600-5200 BC	M2 L 24,99, B 16,77, H 9,72 (beprobt), M3 L 38,85, ba 18,08, Bm 17,08, Bp 14,53, Ha 11,57, Hm 13,19, Hp 13,70	Fundzettelnr. 6097, FL 105000 Bef 6	
HS 337	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Uk re. P3 L 13,70, B 8,36, H 11,31 (beprobt), M1 L 16,31, B 10,03, H 7,44, M2 L 20,74, B 12,94, H 11,44, M3 noch nicht raus	Fundzettelnr. 2983, FL 300970 Bef. 19	
HS 338	Vaihingen	LBK 5600-5200 BC	Uk re. M1 L 15,59, B 11,55, H 7,45, M2 L 22,43, B 15,29, H 10,62, M3 L 37,94, Ba 17,58, Bm 15,91, Bp 14,11, Ha 14,71, Hm 13,30, Hp 13,28	Fundzettelnr. 5365, FL 180960 Bef 19	
HS 339	Vaihingen	LBK 5600-5200 BC	M3 L 46,94, Ba 18,21, Bm 18,16, Bp 14,36, Ha 13,67, Hm 13,31, Hp 11,54	Fundzettelnr. 5886, FL 135960 Bef 32	
HS 340	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	P3 L 16,33, B 9,94, H 5,57	Fundzettelnr. 4861, FL 210980 Bef 31	
HS 341	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Pd3 L 11,81, B 5,95, H 10,01, Pd4 L 13,07, B 7,75, H 10,02, juvenil	Fundzettelnr. 3876, Bef.1	
HS 342	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	M3 nicht ganz heraus	Fundzettelnr. 5162, FL 180980 Bef 2	
HS 343	Vaihingen	LBK 5600-5200 BC	M1 L 18,46, B 12,25, H 5,92, M2 L 24,99, B 16,00, H 10,99	Fundzettelnr. 4566, FL 210950 Bef 6	
HS 344	Vaihingen	älteste LBK	Px L 17,12, B 10,74, H 7,69	Fundzettelnr. 4617, FL 210960 Bef 3	

		5600-5400 BC			
HS 345	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Bruchstück	Fundzettelnr. 3251, FL 330980 Bef 2	
HS 346	Vaihingen	jüngere LBK 5200-5000 BC	Bruchstück	Fundzettelnr. 3881, FL 270970 Bef 1	
HS 347	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M2 L 20,80, B 13,20, H 18,69, M3 L 32,55, Ba 14,07, Bm 13,78, Bp 11,49, Ha 12,12, Hm 11,34, Hp 9,69	Fundzettelnr. 4704, FL 210970 Bef 4	
HS 348	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	M2 L 21,44, B 12,97, H 11,50, M3-Fragment (beprobt)	Fundzettelnr. 3817, FL 225970 Bef 10	

Tab. 46, Liste der Proben, die archäozoologisch als Wildschwein bestimmt wurden

ID	Fundplatz	Datierung	Beschreibung	Fundort	Besonderheiten
WS 1	Wangels LA 505, OH	cal BC 2572 - 2512	L 21,54, H 23,45, B 20,30, H Zahnschmelz 8,18	Schnitt 5, Schicht 2, 113-113,5, 128,5-129, 1,66 üNN	
WS 2	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	2 x Talus, L 56,63, H 32,22, B 29,26, H 25,27, B 35,34, L 55,45, H 33,04, B 28,47, H 25,57, B 30,37		
WS 3	Neustadt LA156	4500-4000 BC		N 94-95, E 90-91,(69)	
WS 4	Neustadt LA156	4500-4000 BC		N 100-101, E 113-114, (16)	
WS 5	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Mandibula, li, M3 L 45,53, B 21,47, H Zahnschmelz 11,34	N 101-102, E 116-117, (12), Mudde -3,64-3,74, 28.08.	
WS 6	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Mandibula, li, Altersstufe 7, M3 L 52,33, B 16,66, H Zahnschmelz 16,64	N 94,5, E 95,5, (56), Mudde, -3,63-3,73 mNN	
WS 7	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Mandibula, li, M3 L 50,68, B 20,8, H Zahnschmelz 11,73, M2 beprobt L 24,78, B 17,84, H Zahnschmelz 9,70		
WS 8	Siggeneben Süd	4000-3250 BC	Tallus, L 53,17, B 30,07, H 27,65	SIG 76, 1290.11.	leicht beschädigt, gehärtet?
WS 9	Hüde 1	5300-4200 BC	UK M2 bricht durch beprobt M2 re. L 24,80, B 16,29, H Zahnschmelz (Durchbruch) 10,60	Beschriftung: 30744	
WS 10	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	1 UK-Fragment M2 beprobt L 26,18, B 17,75, H weiß 12,00, H 28,25	SI / W 28	

WS 11	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	UK M3 li. L 42,70, B 17,80, H weiß 11,20, H 19,64	N 5,24, W 5,17, x -0,22 60 Datum 21/7 77	Movolith Sep. 1977
WS 12	Bistoft/FL LA11	TRB 4000-3000 BC	Uk M3 L 39,71, B 14,31, H weiß 9,91, H 17,80	N 11,21, W 4,14, x -53 13/9/1976 (49)	Movolith
WS 13	Dannau LA191	TRB 4000-3000 BC	Mandibula, UK re. Dan 1996/103 und UK li. Dan 1996/99 passen aneinander UK re. M1 (beprobt) L 22,04, B 12,84, H weiß 12,84, H -		
WS 14	Fuchsberg-Südensee	3500-3300 BC	Talus L 55,41, B 30,77 D 33,41	Beschr. F.Sü. WSW	gehärtet? schwarz
WS 15	Godavaya, Sri Lanka	1200 BC	M3	A3, Layer 5, 12,5 N, 97,5 E, 12.09.2008	
WS 16	Godavaya, Sri Lanka	1200 BC	M3	A3, Layer 5, 12,5 N, 98 E, 12.09.2008	
WS 17	Saiser / Lietzow-Buddelin	4500-4000 BC	Wsw, Phalanx 1, GL 42,35, BP 20,93, SD 15,82, Bd 15,53, Glpe 39,65	92/219, 2002/2098-679, Erteboelle	
WS 18	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	WSW, Ok, M1, L 13,60, H 3,89 (beprobt), M2, L 16,31, Wa 12,14, Wp 13,40, H 4,53, Inc. L 20,42	Schnitt 5, Schicht 2, S 113,5-114, E 128,5-129, Tiefe 1,65, 11.07.1996	
WS 19	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	M2, L 25,83, Ma 16,69, Ha 12,17, Mp 17,09, H 10,83, M3, L -, Mm 17,20, Hm 14,55, Mp 15,40, Hp 13,33 (beprobt)	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 817, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3/4 (steg) Objekt Nummer Sammelfund, Datum 16.12.1997	
WS 20	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	WSW, Uk, M3, li., L 41,81, Ma 18,19, H 15,03, Hypo 3,43, Mm 16,74, H 13,33, Hypo 2,96, Mp 12,30, H 12,65	Schnitt 10, Schicht S/Kies, S 65-65,5, E 88-88,5, Tiefe 2,98 dat 13.07.1998 KB	
WS 21	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	WSW, Os, Maxillare, li., M3, L 39,73, Ma 21,79, Ha 7,13, Mm 17,21, Hm 5,08, Mp 14,30, Hp 5,76, M2, L 27,50, Ma 20,47, Ha 5,02, Hypo 2,05, Mp 18,08, Hp 5,02, Hypo 2,05 (beprobt)	98/491	
WS 22	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	WSW, Ok, re., M2, L 22,17, Ma 17,11, Ha 9,13, Hypo 2,89, Mp 16,26, Hp 9,13, Hypo 3,36 (beprobt), M3, L 32,55, Ma 18,30, H 13,35, Hypo 1,99, Mm 15,55, H 13,04, Mp 11,74, H 10,18	Schnitt 3, Profil Abtrag 8, Schicht Mu/Schn., S 121-121,5, E 129-129,5, Tiefe 1,32, Dat 19.06.1996	
WS 23	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Mandibula, li., P2, L15,00, M 7,90, H 9,80 (beprobt), P3, L 15,42, M 10,36, H 8,86, M1 L 17,36, Ma 12,12, Mp 13,42, H 0 (abgekaut), M2 L 22,33, Ma 15,09, Mp 15,71, H 4,1, M3, L 40,77, Ma 17,57, Ha 7,8, Mm 17,39, Hm 4,3, Mp 14,72, Hp 3,5	Wa 505, 97/277	
WS 24	Grube-Rosenhof LA 58, OH	cal BC 4720 - 4582	Wsw, Uk, Mandibula, männlich, P2, L 12,65, B 5,73, H Zahnschmelz 10,03, H 30,40 (beprobt), P2, L 14,55, B 7,95, H 11,82 (beprobt), P3, L 15,20, B 10,07, H 11,14, M1, L 17,48, Ba 12,19, Ha 8,83, Hypoa 5,03, Bp 13,57, Hp 5,76,	S 99,20, E 109,20, Tiefe - 3,90	unter verziertem Lochstab

			Hypop 3,78, M2, L 22,33, Ba 16,25, Ha 11,34, hypoa 4,60, Bp 17,10, Hp 9,52, hypop 4,15		
WS 25	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	Wsw, Cicivi, L 5,2, H Zahnschmelz 10,68, H 25,01, B 4,24	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, 6-111	
WS 26	Satrup 2	4500-2800 BC	Wsw, Inc., männlich, L 11,10, B 7,91, H Zahnschmelz 35,4	Satrup 2, Quad. 14c	
WS 27	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	wsw, M2, L 25,04, Bp, 21,66, Ba 19,30, H Zahnschmelz 7,06, H 22,48	FD-Nr. 2003, S 121-121,5, E 175-175,5, Tiefe -3,97, Schicht Sand	
WS 28	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	wsw, Ok, re., M3-Fragment, Bp 15,62, Bm 20,80, Hm 17,51	FD-Nr. 2003, S 121-121,5, E 180-180,5, Tiefe -4,33, Schicht Sand, 04.09.03	
WS 29	Bondebrück	4000-2800 BC	wsw Ok, li., M2, L 21,33, Bp 16,28, Ba 16,66, H 11,00, kaum Abrasion jung	Sgr.1 m3/c, Mai 53	
WS 30	Wolkenwehe LA 154	3500-3100 BC	wsw, Inc., männlich, L 12,70, B 9,78, H Zahnschmelz 20,83, H 74,02	Bad Oldesloe, Wolkenwehe LA 154, 6-152	
WS 31	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, M3, L 43,02, Bp 14,50, Bm 18,16, Ba 22,38	FD-Nr. 2003, S 120,5-121, E 173-173,5, Tiefe 3,85, Schicht Sand, 15.05.03	
WS 32	Göttingen Grone FMZ	5500-5000 BC	Wsw, re., Tibia-Fragment, Bd 45,55, Dd 37,47	Stadtarchäologie Göttingen, Fundtüten-Nr. 670, Fundort Götting Grone FMZ, Fundstellencode 6521/2, Fläche 3, Objektnummer 1191, 1188 HB11CB, Datum 16.09.1997	
WS 33	Bebensee	TRB 4000-3000 BC			
WS 34	Bebensee	TRB 4000-3000 BC			
WS 35	Bebensee	TRB 4000-3000 BC			
WS 36	Bebensee	TRB 4000-3000 BC			
WS 37	Bebensee	TRB 4000-3000 BC			
WS 38	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC			
WS 39	Ellerbek Fundstelle D		Humerusfragment, Dp 77,36, Bp 55,40	KS 11245	
WS 40	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	M2-Fragment, L 21,05, Ha 9,85, Bp 16,90, Hp 11,00	Schnitt 5, S 116,5-117, E 128-128,5, Schicht 2, Tiefe -1,46, 1996	
WS 41	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	M1, L 16,95, Ba 12,46, Ha 7,28, Bp 12,92, Hp 8,35	S 98-98,5, E 111,5-112, Tiefe 3,86, Schicht Mudde, 09.07.2002	
WS 42	Grube-Rosenfelde LA	5000-4500	Wsw, weiblich, Mandibula, ganz, P1, L 8,80, B 3,98, P2, L	FD-Nr. 2003, S 118-118,5, E 176-176,5,	

	83,OH	BC	13,91, B 7,20, H 8,56, P3, L 15,12, B 10,01, H 8,56 (beprobt), M1, L 16,73, Ba 10,92, Ha 3,15, Bp 12,36, Hp 3,05, M2, L 22,97, ba 16,03, Ha 6,19, Bp 16,98, Hp 3,99, M3, L 45,25, Ba 18,63, Ha 4,00, Bm 19,01, Hm 2,88, Bp 16,19, Hp 6,00, Alveole: 20,61, 16b:51,57, 7a: 124,64, 8: 84,61, 9: 40,54, 11: 32,70, 1: 308,56	Tiefe 4,22, Schicht Sand, 11.06.03	
WS 43	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, männlich, Mandibula, ganz, P2, L15,47, B 8,00, H 7,65 (beprobt), P3, L 15,40, B 9,79, H 7,65, M1, L 17,26, Ba 12,89, Bp 13,66, M2, L 23,85, ba 17,18, Ha4,17, Bp 16,80, Hp 4,79, M3, L 40,29, Ba 18,76, Ha 5,67, Bm 16,66, Hm 5,69, Bp?, Hp?, Alveole: 30,37, 16b: 61,52, 7a: 125,11, 8: 81,51, 9a: 45,20, 11: 50,47, 1: 196,58 starke Abrasion	FD-Nr. 2003, S 120,65, E 183,80, Tiefe 4,53, Schicht Sand/moll, 18.09.03	Pollenprobe, identisch mit WS 48
WS 44	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	Wsw, Uk, li., M1, L 15,59, Ba 12,03, Ha 6,68, Bp 12,05, Hp 6,66	S 93,5-94, E 110-110,5, Tiefe 3,97, Schicht Mudde, 29.06.2002	
WS 45	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Uk, P1 bis P3 + Inc., P1, L 14,00, B 5,47, H 8,86, P2, L 14,00, B 7,69, H 5,67 (beprobt), P3, L 14,7, B 10,26, H 6,17	Beschriftung: Wa 505 97/276	
WS 46	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Metapodium	Schnitt 8, S 94,5-95, E 142,5-143, Schicht Sa/Ki, Tiefe -3,20, Beschriftung: Wa 505 97/18	
WS 47	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Cranium, re., M2, L 22,20, Ba 20,21, Ha 5,59, Bp 19,44, Hp 5,60 (beprobt), M3, L 38,28, Ba 23,70, Ha 4,74, Bm 18,29, Hm 2,89, Bp 15,13, hp 6,38		
WS 48	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, Cranium, Maxillare, li., männlich, P1, L 12,6, H 5,52, P2, L 16,3, H 5,85, P3, L 15,55, B 15,8, H 6,03, M1, L 18,92, Ba 16,41, Ha 6,49, Bp 16,18, Hp 5,81, M2, L 23,99, Ha 6,38, Hp 7,40, M3, L 44,58, Ha 9,55, hypoa 2,09, Ba 19,13, Hm 12,00, hypom 2,09, Bp 17,67, Hp 9,07	FD-Nr. 2003, S 116,5-117, E 174,5-175,5, Tiefe 4,24, Schicht heller Sand, 25.06.03	identisch mit WS 43
WS 49	Hopfenbach Aalfang West	Wahrscheinlich um 1500 AD	Wsw, Uk, li., P2, L 12,86, B 6,94, H 7,33 (beprobt), P3, L 12,97, B 9,25, H 7,22, M1, L 13,76, Ba 10,73, Ha 2,33, Bp 11,71, Hp 1,88, M2 L 17,49, Ba 13,34, Ha 6,04, Bp 14,42, Hp 5,06, M3, L 35,72, Ba 15,89, Ha 9,78, Hypoa 2,17, Bm 16,10, Hm 8,20, Hypom 2,17, Bp 12,86, hp 5,88, van den Driesch 21 (Alveole) 14, 16b: 41,24, 7a: 106,61, 11: 42,54, 9a: 36,35, 8: 70,11, 12: 64,92	Hopfenbach Aalfang West (Ahrensburg)	
WS 50	Hopfenbach Aalfang Ost	cal AD 1485 - 1637	Wsw, Cranium, M3 bricht durch, P2, L 11,81, B8,27, H 7,72, P3, L 11,64, B 11,13, H7,50, M1, L 13,03, Ba 12,32, Ha 2,38, Bp 11,73, hp 3,47 (beprobt), M2, L 18,56, Ba 13,36, Ha 6,60, Hypoa 2,21, Bp13,24, Hp 6,60, Hypop 2,21 (selbe Höhe wie Spitze von M3), van den Driesch 28: 48,08, 27a: 79,59, 6: 45,49, 16: 30,05, 45: 68,04, 38: 46,91, 33:	Hopfenbach Aalfang Ost (Ahrensburg)	

			91,95, 35: 61,10	
WS 51	Seedorf-Berlin	4000-2800 BC	Inc. Wsw	Furtberg 1963, Such gr. F, Fl. D, quad 1, Oberkante Kiel, bestimmt v. Ewersen 09.07.09, vielleicht Heidmoor Fl. B quad 1
WS 52	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, Humerus li. (Schnittspuren), BL: 40,83, Bd 57,57	FD-Nr. 2003, S 123-123,5, E 182,5-183, Tiefe 4,43, Schicht Sand, 11.09.03
WS 53	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, Humerus, li., Bo 57,49, Do: 83,10	FD-Nr. 2003, S 118-118,5, E 177,5-178, Tiefe 4,28, Schicht Sand, 17.05.03
WS 54	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	Wsw, Humerus, li., (Schnittspuren), BL: 43,24, Bd: 50,10	S 107-107,5, E 165-165,5, FS1 oder F51 im Profil, Schicht Sand/Mudde, 23.08.2001, Bleistiftbeschriftung 265
WS 55	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	Wsw, Cranium, re., Os temporale	S 95-95,5, E 112-112,5, Tiefe - 4,10, Schicht Mudde, 23.08.2001, Bleistiftbeschriftung 354
WS 56	Grube-Rosenhof LA 58, OH	4500-4250 BC	Wsw, Humerus, li.	S 95,5-96, E 113,5-114, Tiefe - 4,16, Schicht Mudde, 28.08.2001, Bleistiftbeschriftung 356
WS 57	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	5000-4500 BC	Wsw, Tibia, li., Bd: 41,59, Dd: 35,73	FD-Nr. 2003, S 118,5-119, E 169,5-170, Tiefe 3,80, Schicht Sand, 31.07.03
WS 58	Grube-Rosenhof LA 58, OH	5000-4500 BC	Wsw, Tibia, li., Bd: 35,54, Dd: 30,45	S 97-97,5, E 113,5-114, Tiefe - 4,11, Schicht Mudde/Sand, 30.08.2001, Bleistiftbeschriftung 333
WS 59	Bergentwedt	4000-2800 BC	Wsw, Scapula, li. Mit Loch, GLP: 44,55, SLC: 30,54, DHA: 225,72, LG: 29,5, BG: 38,26, LochDM 31,91, Lochvorarbeit 25,16 * 31,34	Bergentwedt 1956, Fl. A quad 54d-56d KS 19819
WS 60	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Scapula, re., Schnittspuren, SLC: 31,95, GLP: 45,07, LG: 40,67, BG: 32,87	Schnitt 5, S 112,5-113, E 189,5-190, Schicht Sa, Tiefe -1,72, MN 5
WS 61	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Femur, re. Bd 60,73	Schnitt 11, Sand/Mudde, Baggergut, MN 5
WS 62	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Calcaneus, re. GB 27,12	Schnitt 11, S 78,5-79, E 80-80,5, Schicht Sa/Mollgrus, Tiefe -2,01, MN 5
WS 63	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Tibia, li., Bd 31,5, Bdp 36,34, Dd 32,18	Schnitt 11, S 93-93,5, E 83,5-84, Schicht Sa, Tiefe -1,65, MN 5
WS 64	Wangels LA 505, OH	4500-2800 BC	Wsw, Ulna, li., DPA 47,84, SDC 38,09, SD 12,38, BC 27,65	Schnitt 11, S 86,5-87, E 79-79,5, Schicht Sa/Moll, Tiefe -2,13, 14.09.1999, MN 5
WS 65	Es-sifiya		M3-Fragment, Bm 17,34, Hm 12,80, Bp 13,20, Hp 13,08, Inc., L 10,98 (beprobt)	Area C, Square 4, wws6
WS 66	Es-sifiya		M?-Bruchstück, P3 jung (beprobt)	C.5.3

WS 67	Herxheim	LBK 5000-4500	Mandibula, li.	Proben-Nachweis-Nr. 287, E97/102, 289-108-4
WS 68	Poel	5500-4000 BC	Wsw, Phalange 1	N208/E51/Abtrag 4, 1999/661-1964
WS 69	Poel	5500-4000 BC	Sus, Talus, re.	1999/661-1966, N205/E51/Abtrag 4
WS 70	Poel	5500-4000 BC	Wsw, Ok, re., M1, L 14,93, Ba 12,36, Ha 5,90, Bp 11,87, Hp 5,90, P3, L 14,19, B 9,27, H 5,53	1999/661-1866, N206/E56/Abtrag 9
WS 71	Neukirchen Bostholm	3000-2900 BC	Ws, M?, L 17,60, Ba 14,34, Ha 5,42, Bp 14,52, Hp 4,69	
WS 72	D. Moštre, Bosnien	5200-4500 Bc	Scapulafragment	Fundnr. 41256, Befundnr. 41006, Fläche xB, y4, Schnitt 41, Abtrag 2, 17.09.08
WS 73	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Mandibula re. M3 L 44,01, Ba 17,61, Bm 17,60, Bp 14,80, Ha 14,31, Hm 14,30, Hp 14,31	
WS 74	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Ok re. P3 L 13,24, B 14,54, H 12,04, M1 L 19,52, B 15,06, H 7,95 (beprobt), M2 L25,94, Ba 19,91, Bp 19,21, Ha 12,26, Hp 12,2	L4
WS 75	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Ok li. M2-Fragment, M3 L 40,77, Ba 23,60, Bm 18,90, Bp 12,73, Ha 15,09, Hm 13,65, Hp 11,14	L2/hs
WS 76	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Uk re. P4 L 19,4, B 9,22, H 5,18 (beprobt), M1 L 18,06, B 12,10, H 9,94	
WS 77	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Ok re. M1 L 19,52, B 15,81, H 6,98, M2 L 25,48, Ba 20,60, Bp 19,60, Ha 10,84, Hp 10,84	
WS 78	Ralswiek-Augustenhof	5500-4000 BC	Uk re. M3 L 45,25, Ba-, Bm 18,83, Bp 14,04, Ha 4,10, Hm 4,10, Hp 7,87	
WS 79	Satrup 2	4500-2800 BC	Uk re. M3 L 47,8, Ba 17,67, Bm 19,15, Bp 16,36, Ha 14,54, Hm 11,95 (Hypo 2,2), Hp 11,14 (Hypo 5,35)	Quadrat 18c mai 53
WS 80	Satrup 2	4500-2800 BC	Uk re. M3 L 44,4, Ba 17,78, Bm 17,66, Bp 15,22, Ha 12,07 (Hypo 4,67), Hm 10,91 (Hypo 4,67), Hp 10,99	Quadrat 14c
WS 81	Berlin, SE	4000-2800 BC	Uk li. M3 L 36,69, Ba 18,44, Bm 16,99, Bp 14,44, Ha 15,51, Hm 15,51, Hp 15,51	Beschr. Berlin, Se Grbg 39 KS 19800r
WS 82	Berlin, SE	4000-2800 BC	Ok li. P4 L 16,17, B 10,34, H 9,28 (beprobt), M1 L 16,86, B 13,61, H 4,99 (Hypo 1,75), M2 L 22,67, Ba 17,38, Bp 18,20, Ha 7,61, Hp 6,44	
WS 83	Berlin, SE	4000-2800 BC	Ok li. P3 L 14,37, B 12,12, H 10,80, P4 L 13,53, B 13,47, H 8,24, M1 L 16,47, B 14,67, H 8,14 (beprobt), M2 L 25,44, Ba 19,65, Bp 19,52, Ha 8,14, Hp 8,12, M3 L 39,48, Ba 22,11, Bm 18,24, Bp 14,49, Ha 11,60, Hm 12,25, Hp 12,09	
WS 84	Berlin, SE	4000-2800	Ok li. P3 L 14,9, B 10,46, H 8,69, P4 L 12,27, B 14,14, H	

		BC	9,11, M1 L 15,97, B 15,30, H 4,28 (beprobt), M2 L 22,84, Ba 18,97, Bp 18,87, Ha 5,91 (Hypo 2,11), Hp 6,38 (Hypo 2,71), M3 L 35,78, Ba 19,77, Bm 16,72, Bp 11,85, Ha 8,08 (Hypo 1,47), Hm 10,47 (Hypo 2,35), Hp 11,11		
WS 85	Berlin, SE	4000-2800 BC	Ok li. P1 L 9,68, B 4,37, H 5,23, P2 L 14,66, B 8,30, H 6,79, P3 L 15,85, B 10,87, H 9,90, P4 L 15,22, B 14,64, H 8,41, M1 L 19,93, B 15,21, H 6,71 (beprobt), M2 L 25,67, Ba 19,83, Bp 19,66, Ha 7,70, Hp 9,65, M3 Ha 9,32 (hypo 2,27), Hm 6,63		
WS 86	Satrup 2	4500-2800 BC	Molar-Fragment	Satrup 2, Quad. 14c	
WS 87	Satrup 2	4500-2800 BC	Uk re. P4 L 16,41, B 11,24, H 11,81	Satrup 2, Quad. 18c, Mai 53	
WS 88	Godavaya, Sri Lanka	1200 BC	M3-Fragment	Trench A, Layer 1, 8N/94E, 15.02.10	
WS 89	Godavaya, Sri Lanka	1200 BC	Inc.	Trench A, Layer 2, 9N/102E, 19.02.10	
WS 90	Dresden, Mockritz	LBK 5500-4500 BC	UK re. M1 L 18,33, B 12,89, H 9,14 (beprobt), M2 L 25,85, Ba 15,71, Bp 16,71, Ha 12,35, hp 10,54, M3 L 47,15, Ba 18,28, Bm 18,23, Bp 15,61, Ha 12,35, Hm 15,89, Hp 15,66	DD-027, Fundnr. 804, Befundnr. 1410, Am Kaikbach Altk 95, Ost-Quadrant untere Verfüllung, Inventarnr. 90037754, Fundobjekt 1/16 2/7/6	
WS 91	Dresden, Cotta	LBK 5500-4500 BC	Ok re. P4 L 13,44, B 13,87, H 10,21, M1 L 19,39, B 15,00, H 6,31, M2 L 23,60, Ba 17,85, Bm 17,34, Ha 11,03, Hm 11,03	DD-03, Fundnr. 126, Befundnr. LF Kranplatz I, Inventarnr. 90021831, Fundobjekt 1/11 2/3/6	
WS 92	Dresden	LBK 5500-4500 BC	Uk re. M1 L 17,37, b 13,46, H 4,88 (beprobt), M2 L 23,25, Ba 16,09, Bp 16,46, Ha 6,76, Hp 6,82	DD-42, Fundnr. 348, Befundnr. 85, Schnitt Qu.E, Planum 3. Aushub, Inventarnr. 90034295, Fundobjekt 1/17 1/1/3	
WS 93	Dresden	LBK 5500-4500 BC	Ok li. M1 L 17,69, B 16,40, H 6,52 (beprobt), M2 L 23,97, Ba 19,82, Bp 19,30, Ha 5, Hp 5, M3 L 36,39, Ba 21,90, Bm 18,37, Bp 14,43, Ha 8,19 (Hypo 2,57), Hm 9,88 (Hypo 2,57), Hp 10,25		
WS 94	Zauschwitz	5500-3500 BC	Uk li. M2 L 23,87, B 16,98, H 13,30 (beprobt), M3 L 38,90, ba 18,39, Bm 17,52, Bp 14,74, Ha 16,38, Hm 13,98, hp 11,38	PEG-10/1490/27	
WS 95	Vaihingen	älteste LBK 5600-5400 BC	M1 L 15,19, B 13,70 H- (beprobt), M2 L 22,84, B 17,38, H-, M3 L 45,11, Ba 20,00, Bm 20,25, Bp 16,09, starke Abrasion	Fundzettelnr. 4704, Fl 210970 Bef. 4, x 210, y 970	starke Abrasion
WS 96	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	M1 L 78,82, b 13,54, H 7,93 (beprobt), M2 L 25,93, b 16,71, h 11,52, m3 L 44,70, Ba 18,07, Bm 17,58, Bp 15,34, Ha 16,89, hm 15,59, Hp 14,26	Fundzettelnr. 4559, Fl 210950 bef 28	
WS 97	Vaihingen	LBK 5600-	M2 L 23,08, B 16,49, H 10,73, M3 L 40,86, ba 17,63, Bm	Fundzettelnr. 3930, bef. 6, FL 195950,	

		5000 BC	17,06, Bp 15,73, Ha 15,76, Hm 13,39 (Hypo 1,87), Hp 13,47	planum 1-2	
WS 98	Vaihingen	LBK 5600-5000 BC	Uk re. M2 L 23,40, B 16,87, H 7,68 (Hypo 3,42), M3 L 45,46, Ba 19,01, Bm 19,54, Bp 14,33, Ha 13,31, Hm 11,79 (Hypo 4,23), Hp 7,78	Fundzettelnr. 5985, FL 135990 Bef. 7	
WS 99	Vaihingen	LBK 5600-5000 BC	Uk re. M2 L 18,99, B 13,08, H 11,74, P4 L 14,62, B 8,44, H 11,74, P3 L 12,84, B 6,79, H 11,74 (beprobt)	Fundzettelnr. 3334, Bef. 1	
WS 100	Vaihingen	ältere LBK 5400-5200 BC	Uk re. M2 L 23,48, b 16,13, h 11,37, M3 L 37,85, Ba 17,66, bm 17,66, Bp 14,66, Ha 14,58 (Hypo 3,16), Hm 13,14 (Hypo 2,77), Hp 13,92	Fundzettelnr. 3202, Bef. 7	
WS 101	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Ok li. Pd2 L 11,00, B 5,80, H 6,01, Pd3 L 14,11, B 7,95, H 5,72 (beprobt), PA4 L 14,99, B 10,56, H 6,0, M1 L 18,23, B 14,02, H 9,15	FD-Nr-2003, N 98-99, E 114-115, Schicht Mudde, tiefe 3,72-3,82, bem (30)	
WS 102	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Ok li. M2 L 28,26, B 25,82, H 18,93 (Pathologie), m3 L 47,40, ba 27,41, Bm 22,82, Bp 18,73, ha 15,81, Hm 14,29, Hp 12,94	Fd-Nr-2005, N 104,5, E 118,5, Schicht Mudde, tiefe 3,60-3,70, bem (71)	Pathologie M2
WS 103	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Uk li. P2 L 20,25, B 13,29, H 13,30 (beprobt), P3 L 20,76, B 15,26, H 11,47, P4 L 21,29, B 18,16, H 7,66 (Pathologie), Alveole 25,99, männlich	Fd-Nr. 2004, N 98-99, E 110-111, Schicht Mudde, Tiefe 3,62-3,73, bem (68)	Pathologie P4
WS 104	Neustadt LA156	4500-4000 BC	Uk li. Und re. P1 L 13,04, B 5,35, H 8,58, P2 L 14,74, b 7,90, H 10,61 (beprobt), P3 L 15,11, B 10,90, H 9,53, M1 L 17,64, B 13,94, H 3,10, M2 L 24,71, Ba 16,06, Bp 16,90, Ha 7,50, Hp 7,51, männlich	Fd-Nr. 2002, n 100-101, E 118-119, Schicht Mudde, Tiefe 4,22-4,32	

Tab. 47, Farballelserien beim Schwein (LEGAULT 1998)

Locus	Allel	Phänotyp
A-Locus	Aw	Agouti, Bauch hell
	(Ab)	Agouti, Dachsgesicht
	a	nicht agouti
	(as)	grau
B-Locus	(Bk)	rot, braun gefleckt
C-Locus	C	Vollständige Pigmentierung
	(ce)	Extreme Verdünnung (schmutzig weiß)
	(cch)	Aufhellung
D-Locus	D	Vollständige Pigmentierung
	(ds)	grau
	(dp)	Verdünnung
E-Locus	(Ed)	Dominant schwarz
	E	schwarz
	Ep	schwarz gefleckt und schwarz mit weißen Extremitäten
	E+	wildfarben
	E	rot
	(eh)	Gesicht weiß
	(P)	Scheckung
He-Locus	He	Gesicht weiß
	he	Vollständige Pigmentierung
I-Locus	I	weiß
	Id	Mischung weißer und pigmentierter Haare
	Ip	Scheckung
	Ibe	Gürtel
	I	Vollständige Pigmentierung
	Im	schmutzigweiß
(Be-Locus)	BeW	Gürtel
	Be	einfarbig
	Beb	Halbfärbung und evtl. Gesicht weiß
R-Locus	R	Augen und Haar pigmentiert
	r	rote Augen, Haarfarbe aufgehellt
(Sp-Locus)	Sp	keine Flecke
	sp	Flecke bei heterozygotem I-Locus

Tab. 48, Wahrscheinliche Genotypen domestizierter Rassen bzw. bestimmter Farbschläge des Hausschweins (LEGAULT 1998)

Rasse	Phänotyp	Genotyp
Landrasse, Edelschwein, Yorkshire	weiß	aa II EpEp hehe bebe
Gascon, Jiaxing, Large Black	schwarz	aa ii EE hehe bebe
Meishan, Jinhua	schwarz gescheckt, Kopf schwarz	aa ii EE hehe bebe
Limousin, Sattelback	schwarz gescheckt, Kopf schwarz	aa ii EE hehe Bewbe
Asiatische Rassen	schwarz gescheckt, Kopf weiß	aa ii EE HeHe bebe
Piétrain, Berkshire, Poland China	schwarz gescheckt	aa ii EpEp HeHe bebe
Duroc, Tamworth	rot	aa ii ee hehe bebe
Hampshire, Hannover-Braunschweig	schwarz, weißer Gürtel	aa ii EdEd hehe BewBew
	schwarz gefleckt	aa ii Epe -- --
	grau	aa Idi EE -- --
	schmutzigweiß	aa Idi EpEp -- --

Tab. 49, Zusammenfassung der Amplifikationserfolge bzw. die Haplotypen der mesolithischen/neolithischen Proben

ID	Fundplatz	ANC 15520-15593 (nach Larson et al. 2007)	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
HS 1	Siggeneben Süd	ANC-C	B	C	C	B
HS 2	Neukirchen Bostholm	ANC-C	-	-	-	-
HS 3	Dannau LA 191	ANC-A	B	A	-	B
HS 4	Siggeneben Süd	-	-	-	-	-
HS 5	Dannau LA 191	ANC-C	-	-	-	-
HS 6	Bistoft/FL LA11	-	-	-	-	-
HS 7	Dannau LA 191	ANC-A	-	-	-	-
HS 8	Dannau LA 191	-	-	-	-	-
HS 9	Fuchsberg-Südensee	ANC-C	B	-	C	A
HS 10	Siggeneben Süd	ANC-A	B	G	C	B
HS 11	Siggeneben Süd	ANC-A	H	G	C	K
HS 12	Bistoft/FL LA11	ANC-C	-	-	-	-
HS 13	Hüde 1	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	-	-	B	C
HS 14	Siggeneben Süd	ANC-C	B	B	C	B
HS 15	Dannau LA 191	-	-	-	A	-
HS 16	Bistoft/FL LA11	ANC-A	-	-	-	-
HS 18	Fuchsberg-Südensee	-	-	-	-	-
HS 19	Fuchsberg-Südensee	ANC-A	-	-	-	-
HS 20	Fuchsberg-Südensee	-	-	-	-	-
HS 21	Hüde 1	ANC-A	B	-	-	-
HS 22	Hüde 1	ANC-C	-	-	-	-
HS 23	Hüde 1	-	-	-	-	-
HS 24	Bistoft/FL LA11	ANC-C	B	-	B	-
HS 25	Bistoft/FL LA11	ANC-C	-	-	-	-
HS 26	Dannau LA 191	ANC-A	-	-	-	-
HS 27	Dannau LA 191	-	-	-	-	-
HS 28	Dannau LA 191	-	-	-	-	-
HS 30	Bistoft/FL LA11	-	-	-	-	-
HS 31	Wangels LA 505, OH	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	C	M	B	C
HS 32	Wangels LA 505, OH	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	H	-	C	O
HS 33	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 34	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 35	Wangels LA 505, OH	ANC-A (verifiziert in Durham)	B	-	C	B
HS 36	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 37	Saiser / Lietzow-Buddelin	ANC-A	-	G	C	B
HS 38	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	-
HS 39	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 40	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 41	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 42	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-

HS 43	Erdwerk Tempelhof 2/Fuchsberg	ANC-A	B	G	C	-
HS 44	Göttingen Grone Westumgehung	ANC-A	B	G	C	B
HS 45	Göttingen Grone Westumgehung	-	-	-	-	-
HS 46	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 47	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 48	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 49	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 50	Okolište, Bosnien	-	I	Q	B	C
HS 51	Okolište, Bosnien	ANC-C	-	-	-	-
HS 52	Okolište, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 53	Okolište, Bosnien	-	-	-	C	-
HS 54	Okolište, Bosnien	ANC-Y2-6A (in Durham verifiziert)	B	-	-	C
HS 55	Okolište, Bosnien	ANC-A	B	-	-	-
HS 56	Okolište, Bosnien	-	-	-	-	P
HS 57	Okolište, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 58	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C (in Durham verifiziert)	B	G	C	B
HS 59	Seedorf LA 245, SE	ANC-C	-	S	-	B
HS 60	Schlamersdorf LA 15	-	-	-	-	-
HS 61	Schlamersdorf LA 15	ANC-C	-	G	-	-
HS 62	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 63	Wolkenwehe LA 154	-	-	B	-	-
HS 64	Seedorf LA 245, SE	-	-	-	-	-
HS 65	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 66	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 67	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 68	Göttingen Grone FMZ	-	-	G	-	-
HS 69	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 70	Göttingen Grone FMZ	-	B	-	-	-
HS 71	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 72	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 73	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 74	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 75	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 76	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 77	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 78	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 79	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 80	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 81	Wolkenwehe LA 154	ANC-A	B	G	C	B
HS 82	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
HS 83	Wolkenwehe LA 154	ANC-Y1-6A	J	J	C	-
HS 84	Göttingen Grone FMZ	ANC-C	-	-	H	-
HS 85	Göttingen Grone FMZ	ANC-A	-	-	-	-
HS 86	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
HS 87	Göttingen Grone FMZ	ANC-A	M	-	C	B
HS 88	Göttingen Grone Westumgehung	ANC-A	-	-	C	-
HS 89	Göttingen Grone	-	-	-	-	-

	Westumgehung					
HS 90	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 91	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 92	Bebensee LA 76	ANC-A	-	-	-	-
HS 93	Bebensee LA 76	ANC-C	-	-	-	-
HS 94	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 95	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 96	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 97	Bebensee LA 76	ANC-C	B	-	C	-
HS 98	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 99	Ellerbek Fundstelle D	-	-	-	-	-
HS 100	Ellerbek	-	B	G	C	B
HS 101	Ellerbek Fundstelle A	ANC-Y1-6A	-	O	B	C
HS 116	Canta 1, Türkei	-	-	-	-	-
HS 117	Canta 1, Türkei	-	-	-	-	-
HS 118	Canta 1, Türkei	-	-	-	-	-
HS 119	Canta 1, Türkei	-	-	-	-	-
HS 120	Canta 1, Türkei	-	-	-	-	-
HS 130	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 131	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 132	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 133	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-C	B	G	D	B
HS 134	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-A	B	G	-	B
HS 135	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 136	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 137	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 138	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	-	-	-	-	-
HS 139	Gatas Turre (Almeria, Spanien)	ANC-C	B	D	C	B
HS 140	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 141	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	G	-	G
HS 142	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 143	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 144	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 145	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	G	C	B
HS 146	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 147	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 148	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 149	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 150	Siggeneben Süd	-	-	-	-	-
HS 151	Siggeneben Süd	-	-	-	-	-
HS 152	Grube-Siggeneben LA 25, OH	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	C	L	B	C
HS 153	Neukirchen Bostholm	-	-	-	-	-
HS 154	Neukirchen Bostholm	-	-	-	-	-
HS 155	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	C	-

HS 156	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 157	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	B
HS 158	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	K	B	C
HS 159	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 160	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	A
HS 161	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 162	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 163	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	G	-	-
HS 164	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 165	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
HS 166	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 167	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 168	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 169	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 170	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 171	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 172	Wadi, Shhèib	-	-	-	-	-
HS 173	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 174	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 175	Bebensee LA 76	-	-	-	-	-
HS 176	Herxheim	ANC-Y2-5A	-	M	C	-
HS 177	Herxheim	-	-	-	-	-
HS 178	Herxheim	ANC-Y1-6A	C	M	B	C
HS 179	Herxheim	-	-	-	-	-
HS 181	Swifterbant S4, Niederlande	ANC-A	-	G	-	-
HS 182	Swifterbant S4, Niederlande	-	-	-	-	-
HS 183	Swifterbant S4, Niederlande	ANC-A	-	-	-	-
HS 184	Nakonowo, Polen	ANC-A	B	G	C	B
HS 185	Nakonowo, Polen	ANC-A (in Durham verifiziert)	B	G	C	B
HS 186	Nakonowo, Polen	-	-	-	-	-
HS 187	Nakonowo, Polen	ANC-A	B	G	C	D
HS 188	Racot, Polen	ANC-Y1-6A	B	-	C	D
HS 189	Racot, Polen	-	-	-	-	-
HS 190	Racot, Polen	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	C	M	B	-
HS 191	Racot, Polen	ANC-Y2-5A	C	M	B	-
HS 192	Kowal 14, Polen	-	-	-	-	-
HS 193	Kowal 14, Polen	ANC-A	B	G	C	B
HS 194	CHD 80 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	-	-	C	B
HS 195	CHD 79 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	-	-	-
HS 196	CHD 81 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 197	CHD 75 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 198	CHD 78 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	-	-	-	-
HS 199	CHD 77 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	B

HS 200	CHD 82 Champ Durand, Frankreich	-	B	-	C	-
HS 201	CHD 83 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	G	C	-
HS 202	CHD 78 Champ Durand, Frankreich	ANC-A	B	-	C	-
HS 203	CHD 82 Champ Durand, Frankreich	-	G	-	-	-
HS 204	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 205	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 206	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 207	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 208	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 209	Kurdu, Türkei	ANC-A	-	-	-	-
HS 210	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 211	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	B
HS 212	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 213	Kurdu, Türkei	ANC-C	B	-	-	-
HS 214	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 215	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 216	Kurdu, Türkei	-	-	G	C	M
HS 217	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 218	Kurdu, Türkei	ANC-C	N	-	-	-
HS 219	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	A
HS 220	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 221	D. Moštre, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 222	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 223	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 224	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 225	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 226	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	C	-
HS 227	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 228	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 229	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	B	-	C	A
HS 230	D. Moštre, Bosnien	-	-	A	C	-
HS 231	D. Moštre, Bosnien	ANC-A	-	-	-	-
HS 232	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 233	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 234	Zagrebnice, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 235	D. Moštre, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 236	D. Moštre, Bosnien	-	-	-	-	-
HS 255	Flemsdorf (Angermünde)	ANC-Y1-6A	B	-	-	E
HS 256	Flemsdorf (Angermünde)	ANC-Y1-6A	B	K	B	C
HS 257	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 258	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 259	Berlin, SE	ANC-C	B	G	C	B
HS 260	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 261	Süsau	-	-	-	-	-
HS 262	Niederdorffelden	ANC-Y1-6A	F	M	B	C
HS 263	Niederdorffelden	-	-	-	-	-
HS 264	Niederdorffelden	-	-	-	-	-
HS 265	Süssau	-	-	-	-	-
HS 266	Süssau	-	H	-	-	-
HS 267	Esbeck/Schöningen 1	ANC-A	B	G	C	J

HS 268	Niederdorffelden	-	-	-	-	-
HS 269	Niederdorffelden	ANC-A	B	-	-	-
HS 270	Grabie, Polen	ANC-A	H	-	-	B
HS 271	Bruszczewo, Polen	-	B	-	E	B
HS 272	Bruszczewo, Polen	-	-	-	-	-
HS 273	Bruszczewo, Polen	-	-	-	-	-
HS 274	Miekowice, Polen	-	C	G	F	A
HS 275	Bruszczewo, Polen	-	-	-	-	-
HS 276	Milkostowo, Polen	ANC-Y2-5A	C	K	B	C
HS 277	Grabie, Polen	-	-	-	-	-
HS 278	Grabie, Polen	-	-	-	-	-
HS 279	Miekowice, Polen	ANC-C	C	B	C	B
HS 280	Bruszczewo, Polen	-	-	-	-	-
HS 287	Niederdorffelden	-	-	-	-	-
HS 288	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 289	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 290	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 291	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 292	Berlin, SE	-	-	-	-	-
HS 293	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 294	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 295	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 296	Kurdu, Türkei	-	-	-	-	-
HS 297	Dresden	-	C	-	-	-
HS 298	Dresden, Cotta	ANC-C	L	G	C	B
HS 299	Dresden, Cotta	ANC-C	B	-	-	-
HS 300	Dresden, Mockritz	ANC-A	O	-	-	-
HS 301	Dresden, Cotta	-	B	-	C	-
HS 302	Dresden, Cotta	ANC-A	-	-	-	-
HS 303	Dresden, Cotta	-	-	-	-	-
HS 304	Dresden, Cotta	-	B	-	-	-
HS 305	Bou	ANC-A	B	F	C	B
HS 306	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
HS 307	Dresden	ANC-A	-	-	-	-
HS 308	Bou	ANC-A	B	G	C	B
HS 309	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
HS 310	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
HS 311	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
HS 312	Bou	-	-	-	-	-
HS 313	Bou	ANC-A	B	E	C	B
HS 314	Bou	ANC-A	B	G	C	B
HS 315	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
HS 316	Dresden, Cotta	-	-	-	-	-
HS 317	Dresden, Cotta	-	B	-	B	Q
HS 318	Dresden, Cotta	-	-	-	A	-
HS 319	Zauschwitz	ANC-C	B	G	B	B
HS 320	Zauschwitz	ANC-Y1-6A	C	N	B	C
HS 321	Zauschwitz	-	C	K	B	C
HS 322	Zauschwitz	ANC-Y1-6A	C	L	B	C
HS 323	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 324	Vaihingen	ANC-A	B	-	C	I
HS 325	Vaihingen	-	B	-	-	B
HS 326	Vaihingen	-	-	-	-	-

HS 327	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 328	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 329	Vaihingen	-	-	P	-	C
HS 330	Vaihingen	ANC-C	-	-	C	-
HS 331	Vaihingen	-	B	-	C	C
HS 332	Vaihingen	-	B	R	-	-
HS 333	Vaihingen	ANC-C	-	-	B	-
HS 334	Vaihingen	ANC-C	B	C	C	B
HS 335	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 336	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 337	Vaihingen	ANC-Y1-6A	-	-	-	-
HS 338	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 339	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 340	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 341	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 342	Vaihingen	-	-	-	G	-
HS 343	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 344	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 345	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 346	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 347	Vaihingen	-	-	-	-	-
HS 348	Vaihingen	-	-	-	-	-

Tab. 50, Zusammenfassung der Amplifikationserfolge bzw. die Haplotypen der mesolithischen/neolithischen Proben

ID	Fundplatz	ANC 15520-15593 (nach Larson et al. 2007)	Cytb_1	Cytb_2	Cytb_3	Cytb_4
WS 1	Wangels LA 505, OH	-	B	-	-	A
WS 2	Fuchsberg-Südensee	-	-	-	-	-
WS 3	Neustadt LA156	ANC-C	B	B	B	B
WS 4	Neustadt LA156	ANC-C	B	G	C	B
WS 5	Neustadt LA156	ANC-C	B	B	C	B
WS 6	Neustadt LA156	ANC-C		G	C	B
WS 7	Neustadt LA156	ANC-C	B	G	C	B
WS 8	Siggeneben Süd	-	-	-	-	-
WS 9	Hüde 1	-	-	-	-	-
WS 10	Bistoft/FL LA11	-	-	-	-	-
WS 11	Bistoft/FL LA11	-	-	-	-	-
WS 12	Bistoft/FL LA11	-	-	-	-	-
WS 13	Dannau LA191	-	-	-	-	-
WS 14	Fuchsberg-Südensee	-	-	-	-	-
WS 17	Saiser / Lietzow-Buddelin	ANC-C	B	G	C	B
WS 18	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 19	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	A
WS 20	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 21	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 22	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 23	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 24	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-Y1-6A (in Durham verifiziert)	C	M	B	N

WS 25	Wolkenwehe LA 154	-	-	-	-	-
WS 26	Satrup 2	ANC-C	-	-	-	-
WS 27	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-A	B	-	A	-
WS 28	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C	C	-	-	-
WS 29	Bondebrück	ANC-A	B	-	-	-
WS 30	Wolkenwehe LA 154	-	B	-	-	-
WS 31	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C	B	-	-	-
WS 32	Göttingen Grone FMZ	-	-	-	-	-
WS 33	Bebensee	-	-	-	-	-
WS 34	Bebensee	-	-	-	-	-
WS 35	Bebensee	-	-	-	-	-
WS 36	Bebensee	-	-	-	-	-
WS 37	Bebensee	-	-	-	-	-
WS 38	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	K	G	B	-
WS 39	Ellerbek Fundstelle D	-	-	-	C	B
WS 40	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 41	Grube-Rosenhof LA 58, OH	-	B	B	C	B
WS 42	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	-	-	-	-	-
WS 43	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C (in Durham verifiziert)	B	G	C	B
WS 44	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-Y1-6A	C	M	B	C
WS 45	Wangels LA 505, OH	-	-	-	-	-
WS 46	Wangels LA 505, OH	ANC-C (in Durham verifiziert)	E	-	-	-
WS 47	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	-
WS 48	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	-	-	-	-	-
WS 51	Seedorf-Berlin	-	-	-	-	-
WS 52	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C	-	G	C	-
WS 53	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C	B	-	-	F
WS 54	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	B
WS 55	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	B
WS 56	Grube-Rosenhof LA 58, OH	ANC-C	B	G	C	F
WS 57	Grube-Rosenfelde LA 83,OH	ANC-C	B	-	C	B
WS 58	Grube-Rosenhof LA 58, OH	-	-	-	-	-
WS 59	Bergentwedt	-	-	-	-	-
WS 60	Wangels LA 505, OH	ANC-A	B	-	C	-
WS 61	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	B	C	B
WS 62	Wangels LA 505, OH	ANC-A	-	-	-	B
WS 63	Wangels LA 505, OH	ANC-C	B	H	I	-
WS 64	Wangels LA 505, OH	-	B	-	-	-

WS 65	Es-sifiya	-	-	-	-	-
WS 66	Es-sifiya	-	-	-	-	-
WS 67	Herxheim	-	-	-	-	-
WS 68	Poel	ANC-C	B	B	C	B
WS 69	Poel	ANC-Y1-6A	C	M	B	C
WS 70	Poel	ANC-C	B	B	C	B
WS 71	Neukirchen Bostholm	-	C	-	-	-
WS 72	D. Moštre, Bosnien	-	B	-	-	-
WS 73	Ralswiek-Augustenhof	-	B	-	-	-
WS 74	Ralswiek-Augustenhof	-	-	-	-	-
WS 75	Ralswiek-Augustenhof	-	-	-	-	-
WS 76	Ralswiek-Augustenhof	-	-	-	-	-
WS 77	Ralswiek-Augustenhof	-	-	-	-	-
WS 78	Ralswiek-Augustenhof	-	-	-	-	-
WS 79	Satrup 2	-	-	-	-	-
WS 80	Satrup 2	-	-	-	-	-
WS 81	Berlin, SE	-	-	-	-	-
WS 82	Berlin, SE	-	-	-	-	-
WS 83	Berlin, SE	-	-	-	-	-
WS 84	Berlin, SE	-	D	-	-	-
WS 85	Berlin, SE	-	B	A	-	-
WS 86	Satrup 2	-	-	-	-	-
WS 87	Satrup 2	-	-	-	-	-
WS 90	Dresden, Mockritz	-	-	-	-	-
WS 91	Dresden, Cotta	ANC-C	B	-	-	-
WS 92	Dresden	-	-	-	-	-
WS 93	Dresden	-	-	-	-	-
WS 94	Zauschwitz	ANC-C	B	G	C	B
WS 95	Vaihingen	ANC-A	-	-	-	H
WS 96	Vaihingen	-	-	-	J	-
WS 97	Vaihingen	ANC-C	B	-	C	B
WS 98	Vaihingen	-	-	-	-	-
WS 99	Vaihingen	-	-	-	-	C
WS 100	Vaihingen	ANC-A	-	-	C	-
WS 101	Neustadt LA156	-	-	G	-	-
WS 102	Neustadt LA156	-	B	-	-	L
WS 103	Neustadt LA156	ANC-A	B	-	-	-
WS 104	Neustadt LA156	ANC-C	-	I	-	-

(Die Verifizierung einiger Proben erfolgte im Labor von Greger Larson in Durham, England unter folgenden Abwandlungen der obigen Methoden: aDNA extractions were performed in a dedicated aDNA lab where no work on modern DNA or polymerase chain reaction (PCR) amplicons is carried out. All equipment and work surfaces were cleaned before and after each use with a dilute solution of bleach (10 %). Samples of bone were pulverized in a Micro-dismembrator and digested in 0.425M EDTA, 0.05 % SDS, 0.05M Tris-HCl and 0.333mg/ml proteinase K. Samples were incubated overnight on a rotator at 45C and 2ml of solution was then concentrated in Millipore Amicon Ultra-4 30KDa MWCO to 125ul. The concentrated digest was then used in a modified form of the QIAquick PCR Purification Kit method. All steps were identical except that the final elution was performed twice to produce 100ul final volume of purified DNA. Negative extraction controls were performed alongside the bone samples. All extracts were stored at -20C.)

Tab. 51, Ergebnisse der Untersuchungen des MC1R-Gens

Codon	4	17	21	22	95	102	117	121	122	124a	124b	164	166	243	301
Wildtyp und Mutante (SNP)	T/C	G/A	G/A	CC	G/A	T/C	G/A	T/C	G/A	C/T	G/A	C/T	C/T	G/A	C/T
Mutation und die dadurch hervorgerufenen MC1R-Genotypen	C 103	A 104/ 105/ 201/ 202/ 203	A 502	CC 501/ 502/ 503	A 201/ 202/ 203	C 201/ 202/ 203	A 105	C 102/ 103/ 104/ 105/ 201/ 202/ 203	A 202	T 104/ 203	A 301/ 501/ 502/ 503	T 401/ 503	T 503	A 401	T 104/ 105
Wildtyp und Mutante für die in dieser Arbeit verwendeten Analysen	T/C	C/T	G/A	CC		T/C	G/A	T/C	G/A	G/A	C/T	C/T	G/A	G/A	C/T
Bent 1	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G/A	G	C
Bent 2	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G/A	G	C
Bent 3	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G/A	G	C
Bent 4	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G/A	G	C
Linderoed 1	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
Linderoed 2	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
Schwein 2	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
88846	T		G				G	T		G	T	C	G/A	G	C
39435		C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
39448	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
roteWoll 1	T	CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
roteWoll 2	T	CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Wollschwein		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Meishan		?	G	CC		?	G	C	G	G	C	C	G	G	C
Turpolya	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
AnglerSattel	T	CC	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
rotbunteBent		C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	A	G	C
BunteBent		C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G/A	G	C
Glöckchen		C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
Afr. 1	T	C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C

Afr. 2															
Afr. 3		C	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
BIE 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
EM 5		CC	G	C		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
OL 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
PIE 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Ukr1 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Car 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Pt 5		C	G	C		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
SLO1 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Polen 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
SLO2 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
La 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Ur 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
Lp 4		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Lp 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
TM 4		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
TM 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
CT 1		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
CT 2		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
CT 3		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
CT 4		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
CT 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
KO 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
KO 6		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Se 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
Se 6		CC	G	C		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
AL 100		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
AL 101		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
AL 102		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C

AL 103		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
AL 104		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
KO 10		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
KO 11		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
KO 12		CC	G	CC		T	G	T	G	G	T	C	G	G	C
KO 13		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
EM 10		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
EM 11		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
EM 12		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
EM 13		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C/T	C	G	G	C
HZ 5		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
HZ 6		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
HZ 7		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
HZ 8		CC	G	C		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
HZ 9		CC	G	CC		T	G	T	G	G	C	C	G	G	C
SriLa 1		C	A	C		T	G		G	G		C	G	G	C
SriLa 2		C		C		T			G			C		G	

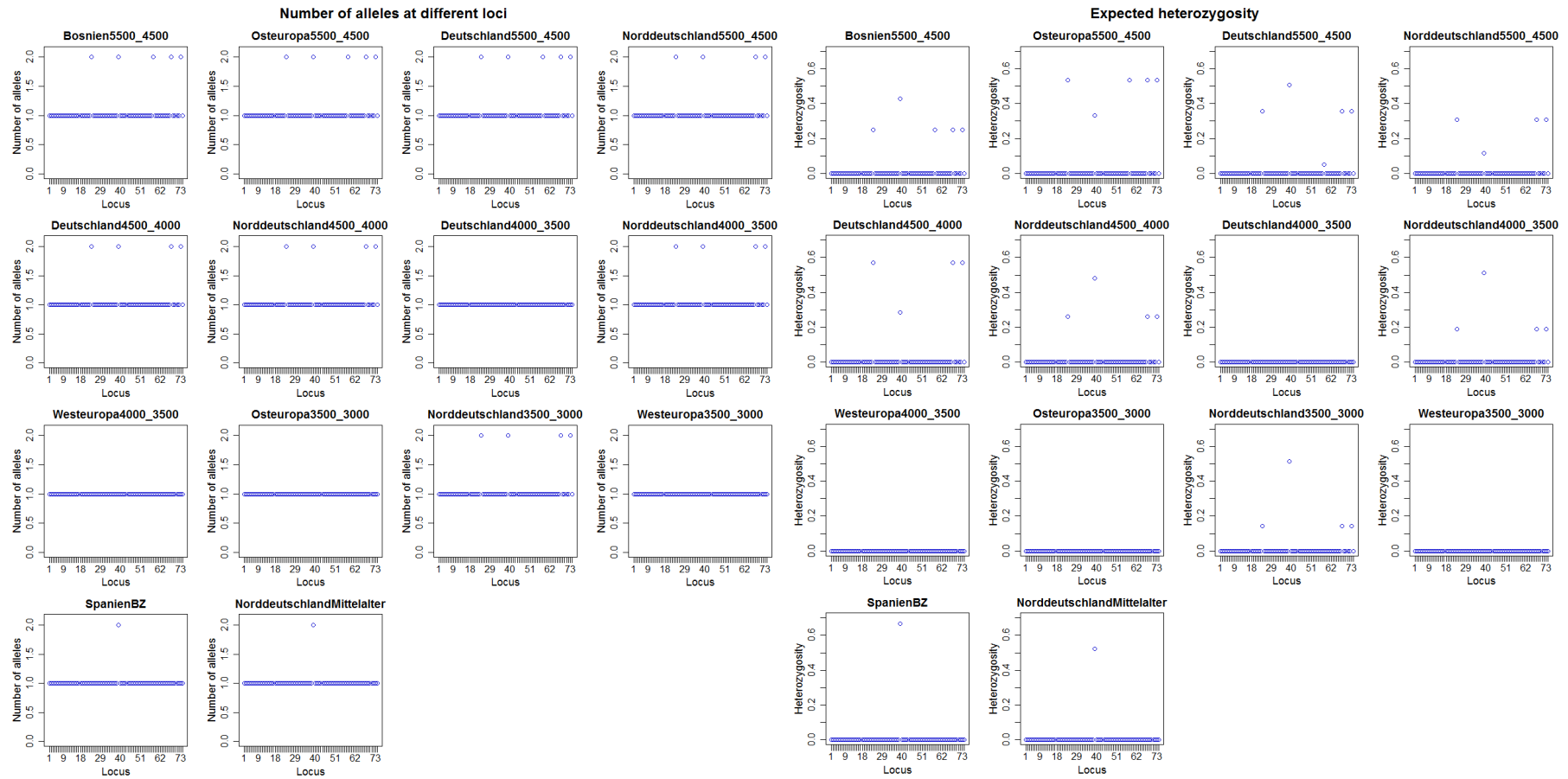


Abb. 83 - 84, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des D-Loop Fragments

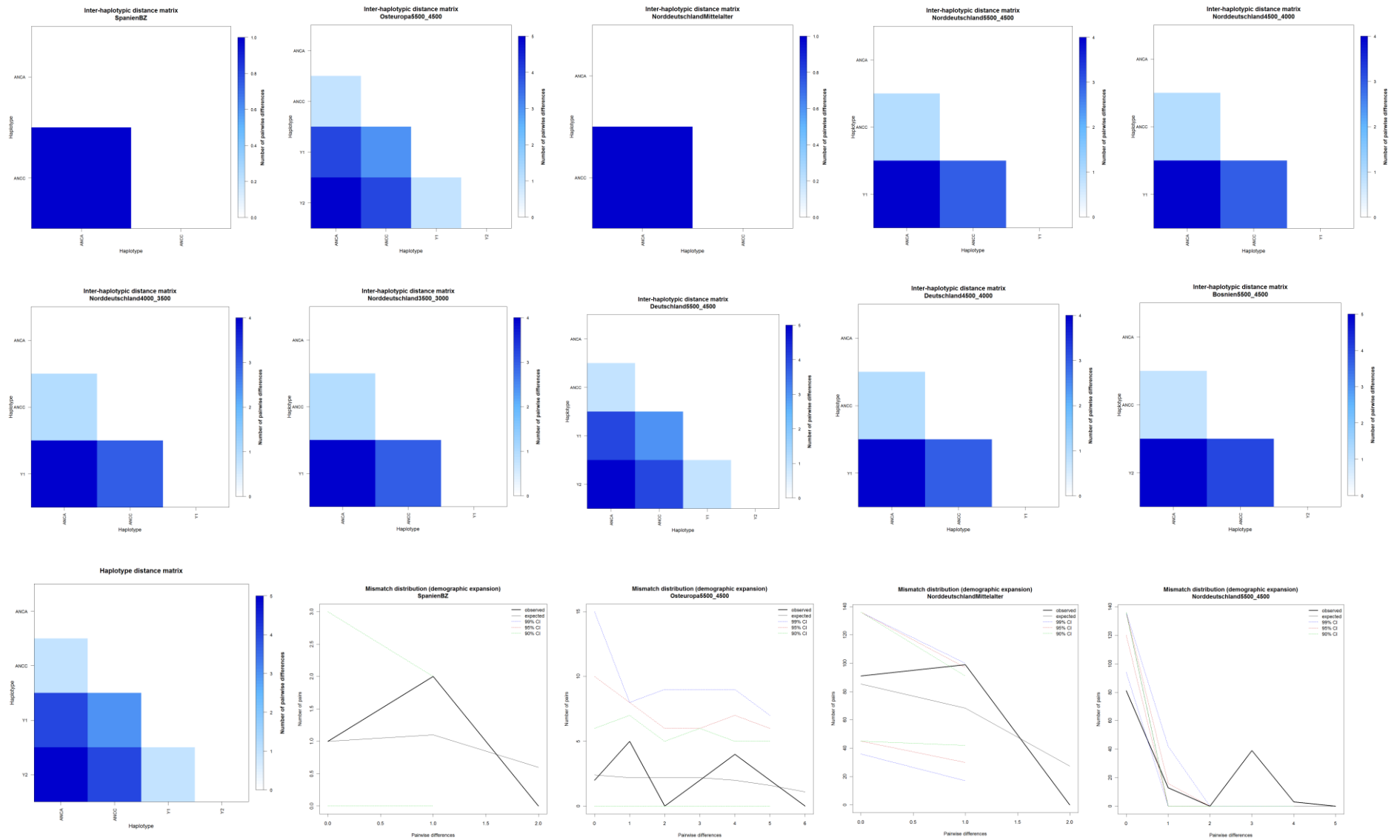


Abb. 87 – 101, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des D-Loop Fragments

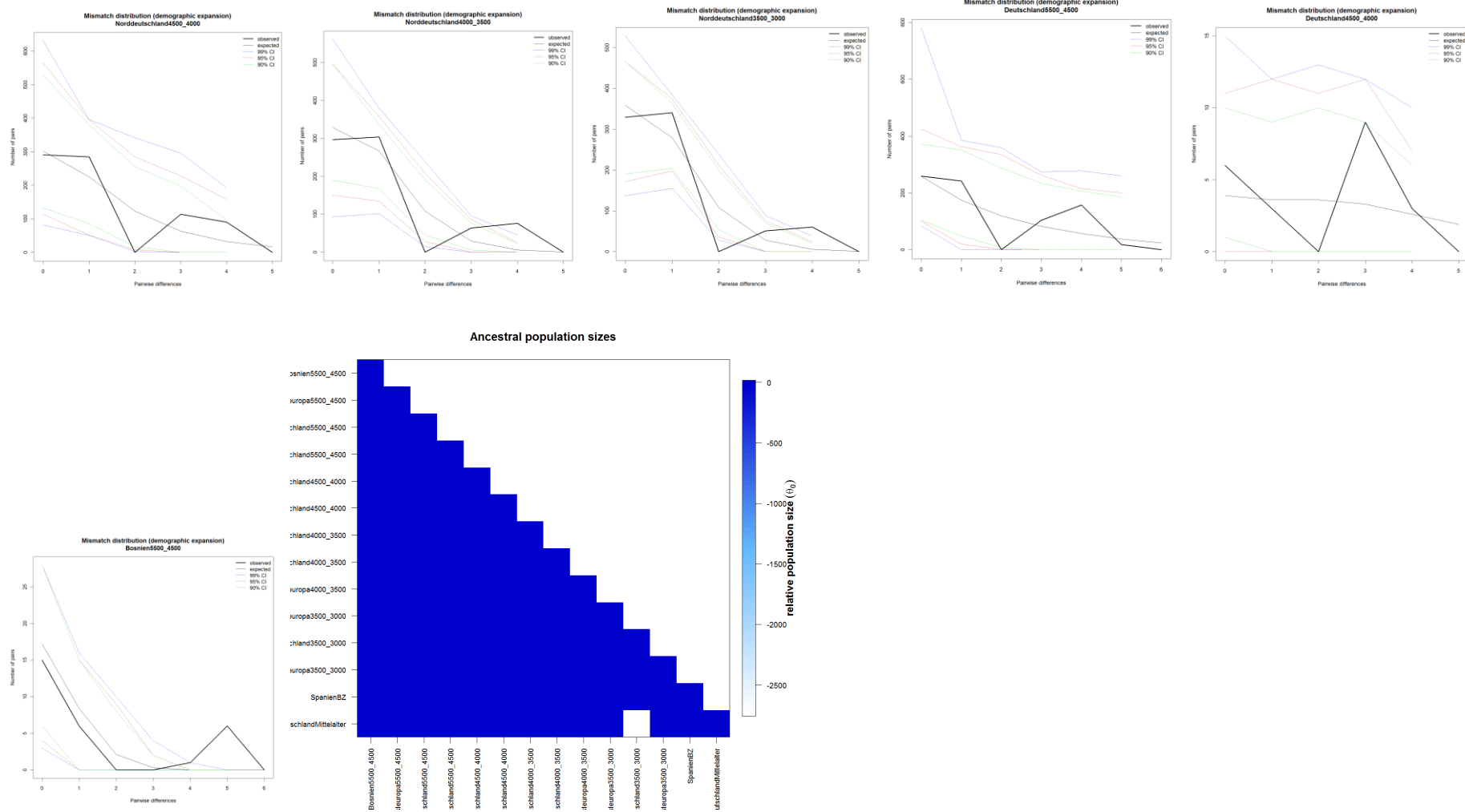


Abb. 102 - 108, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des D-Loop Fragments

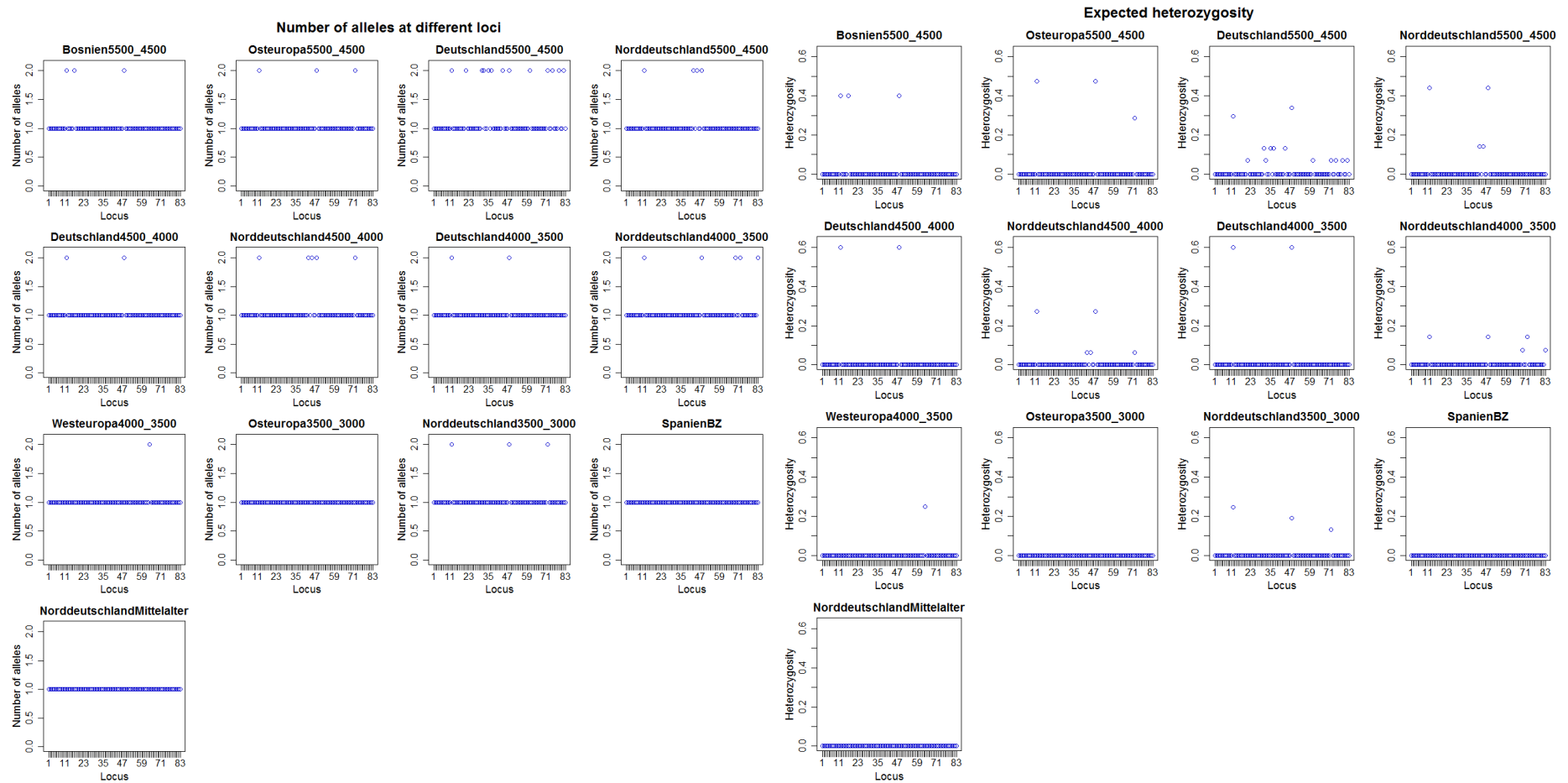


Abb. 109 - 110, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_1 Fragments

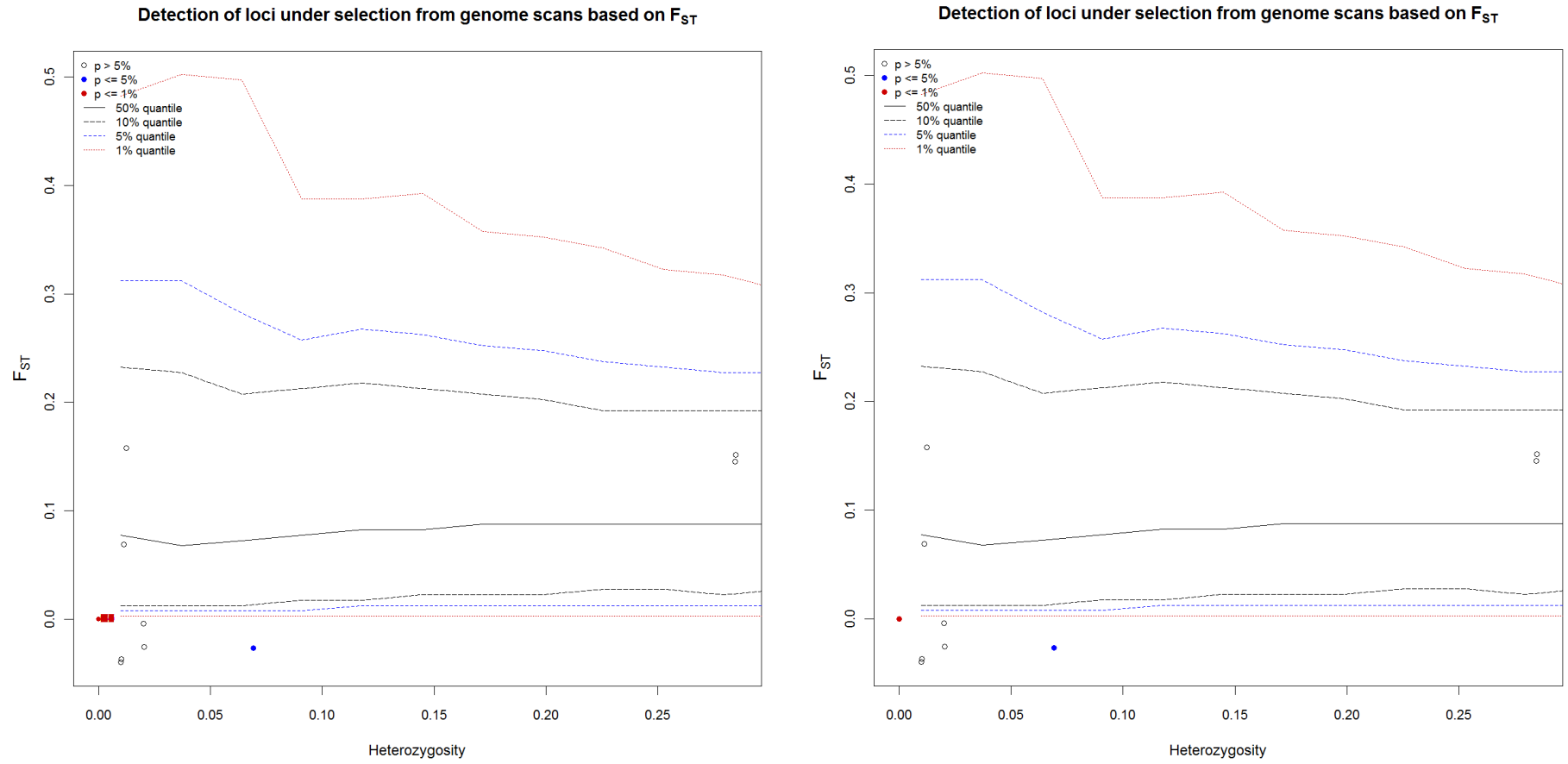


Abb. 111 - 112, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_1 Fragments

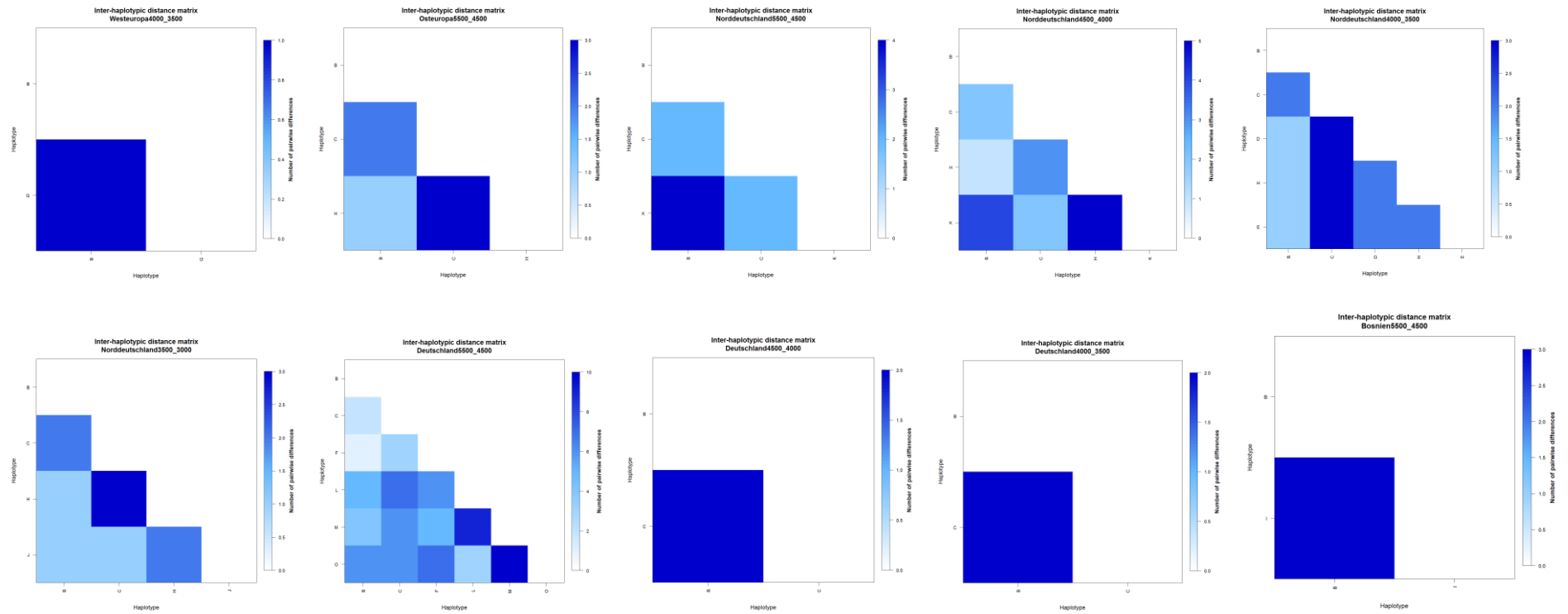


Abb. 113 - 122, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_1 Fragments

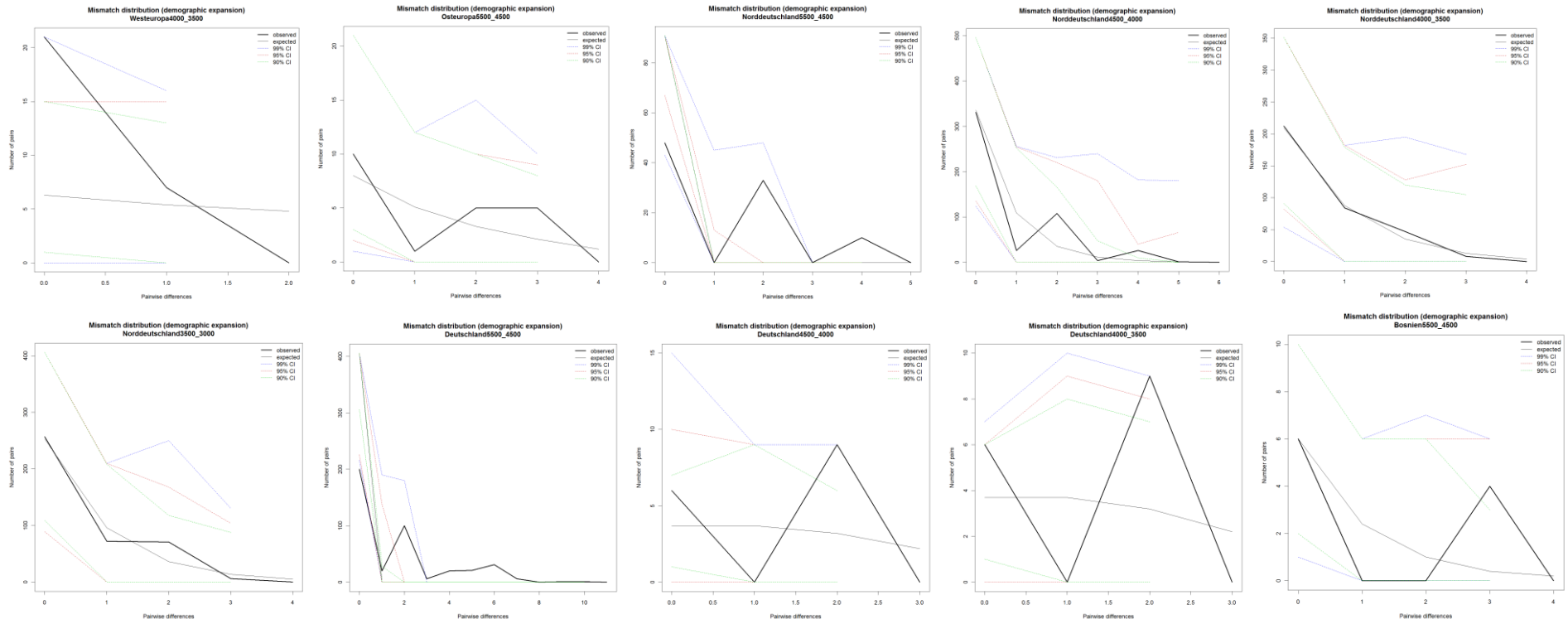


Abb. 123 - 132, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_1 Fragments

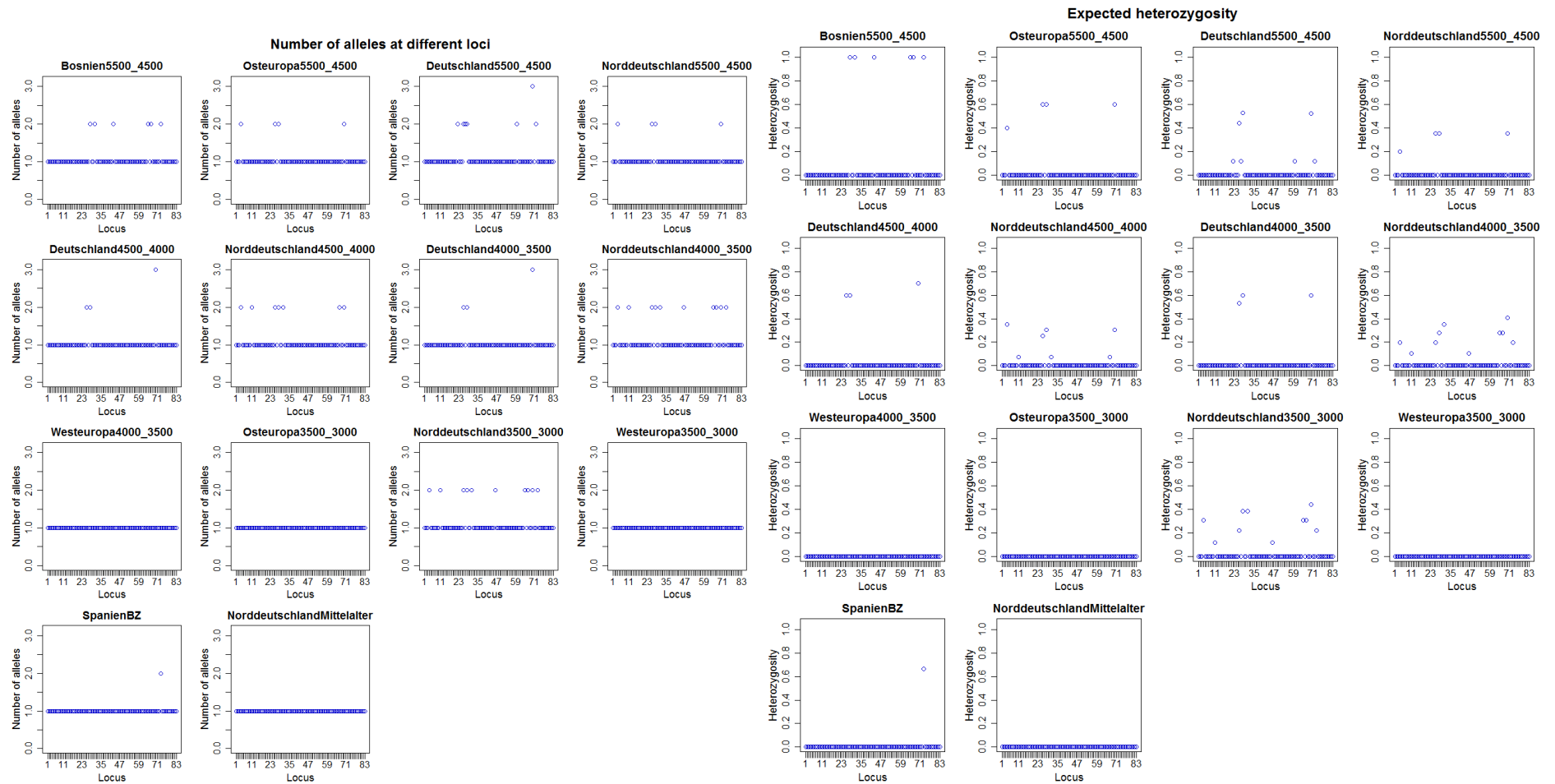


Abb. 133 - 134, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_2 Fragments

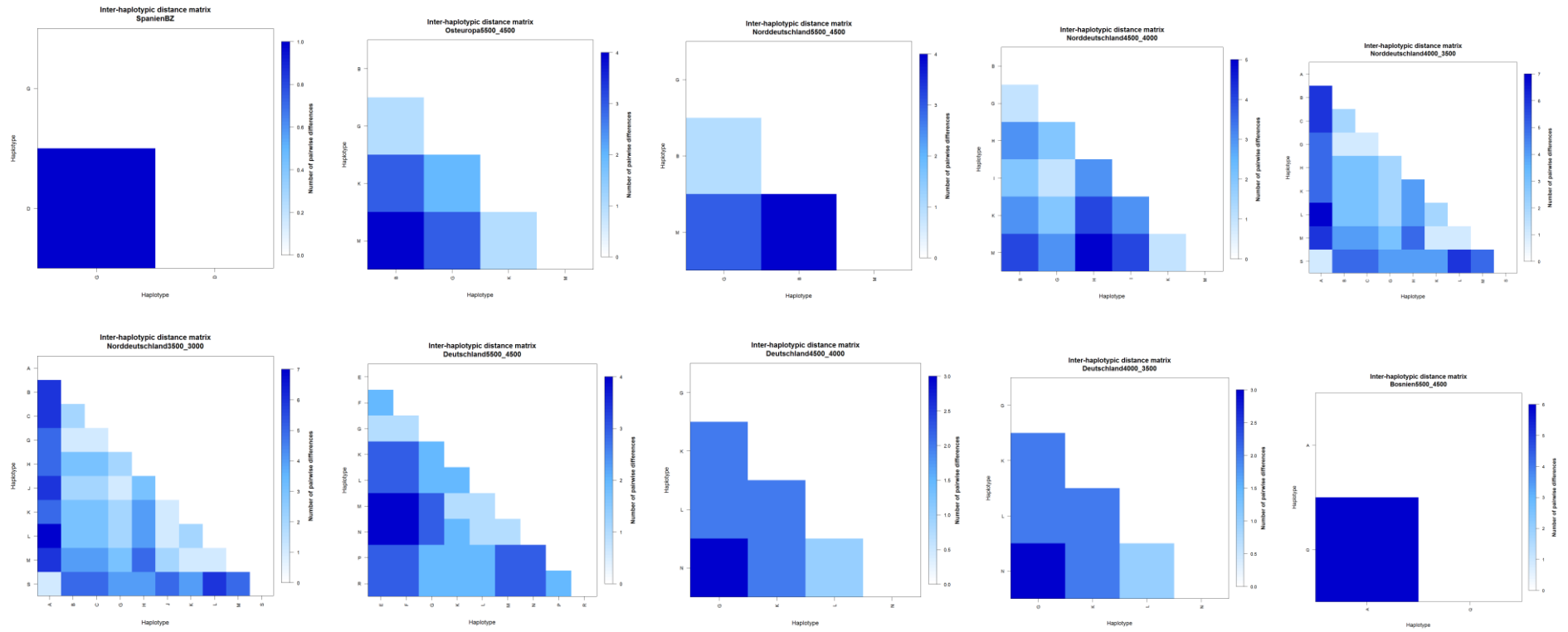


Abb. 135 - 144, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_2 Fragments

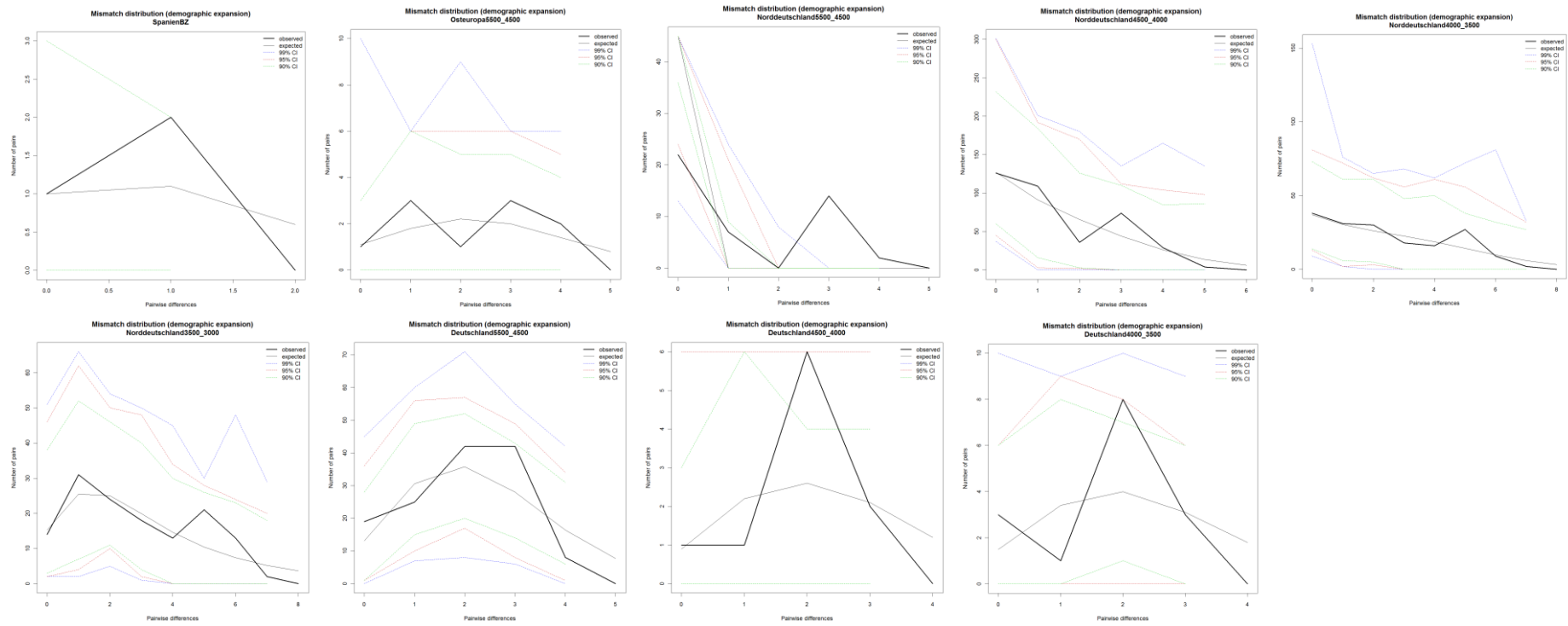


Abb. 145 - 153, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_2 Fragments

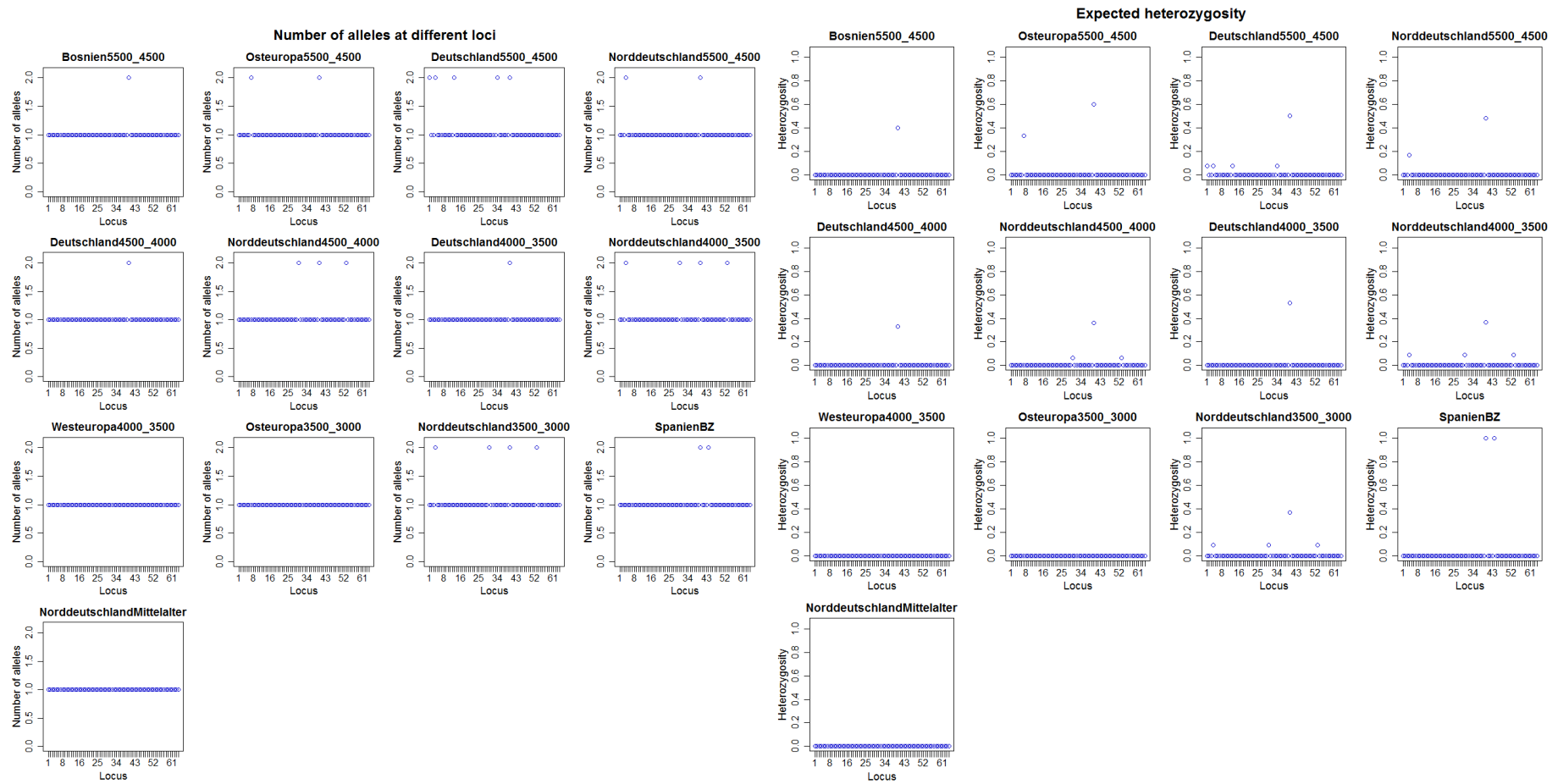


Abb. 154 - 155, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_3 Fragments

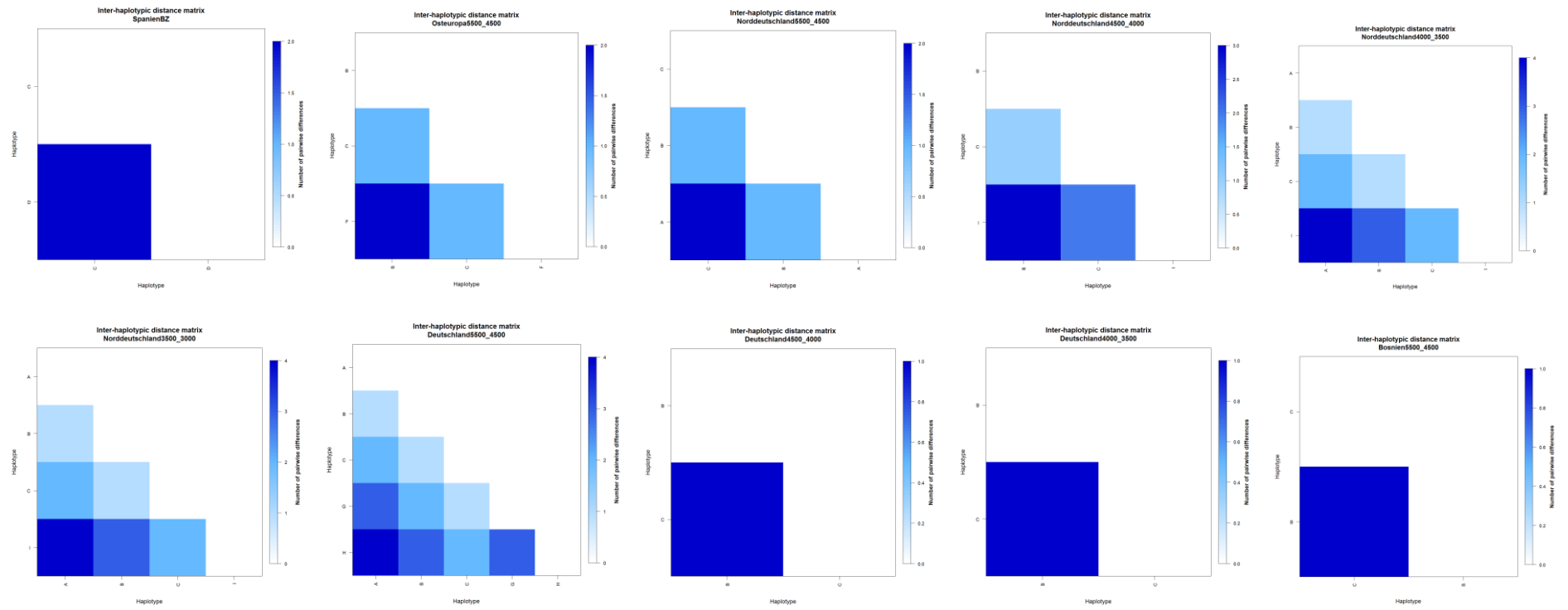


Abb. 156 - 165, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_3 Fragments

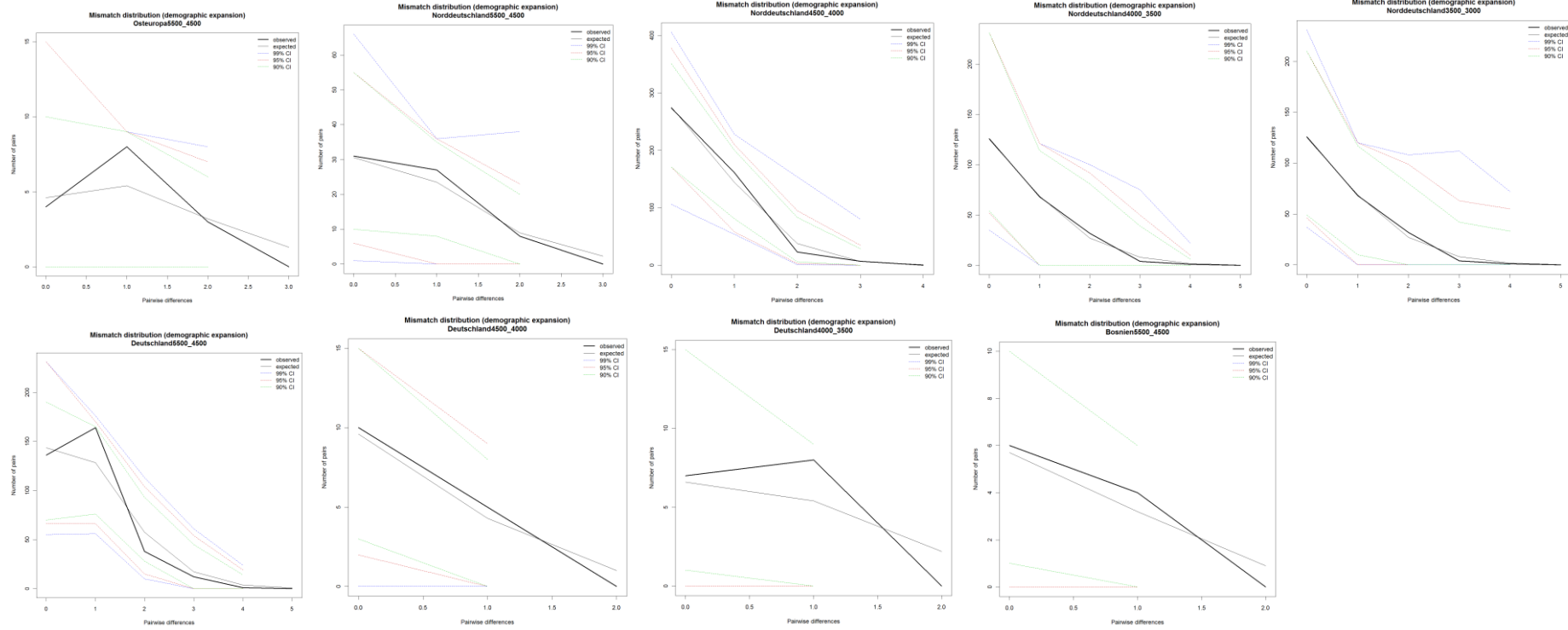


Abb. 166 - 174, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_3 Fragments

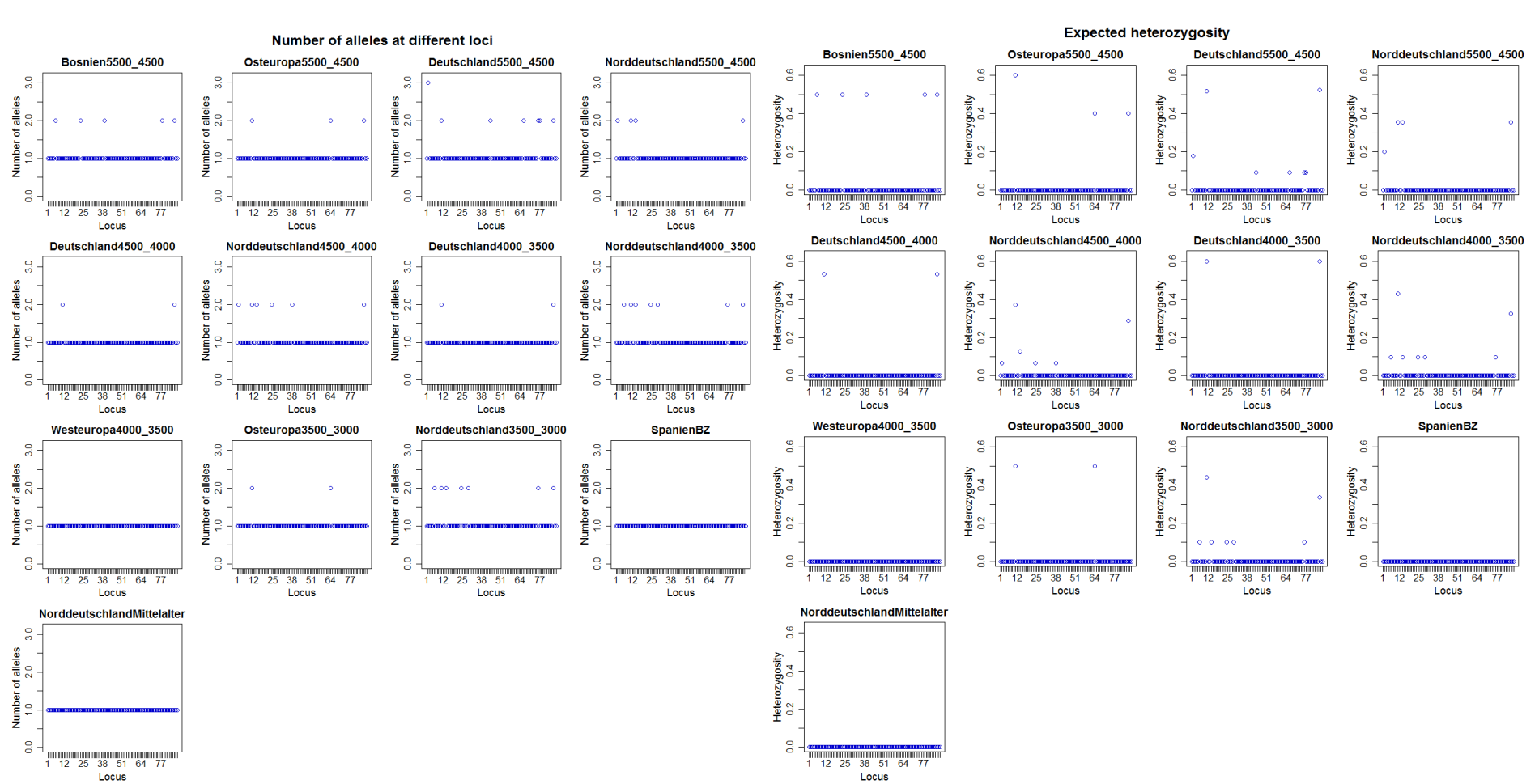


Abb. 175 - 176, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_4 Fragments

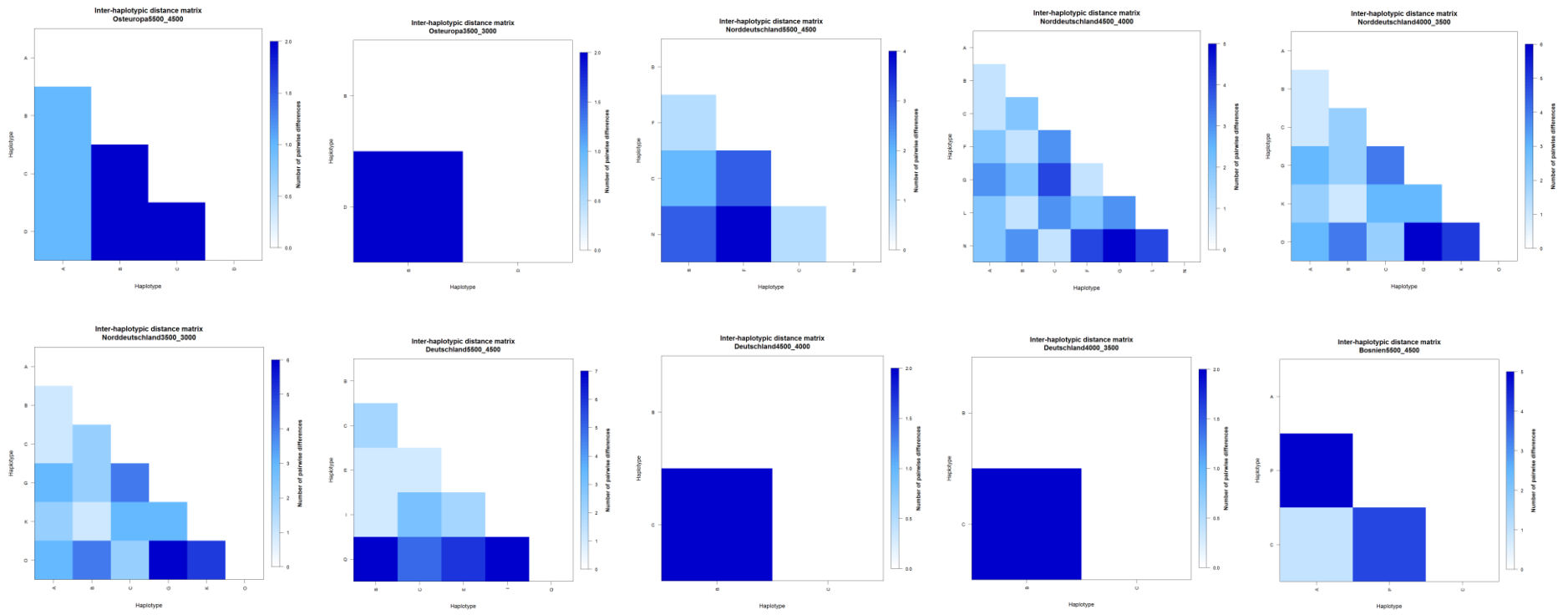


Abb. 177 - 186, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_4 Fragments

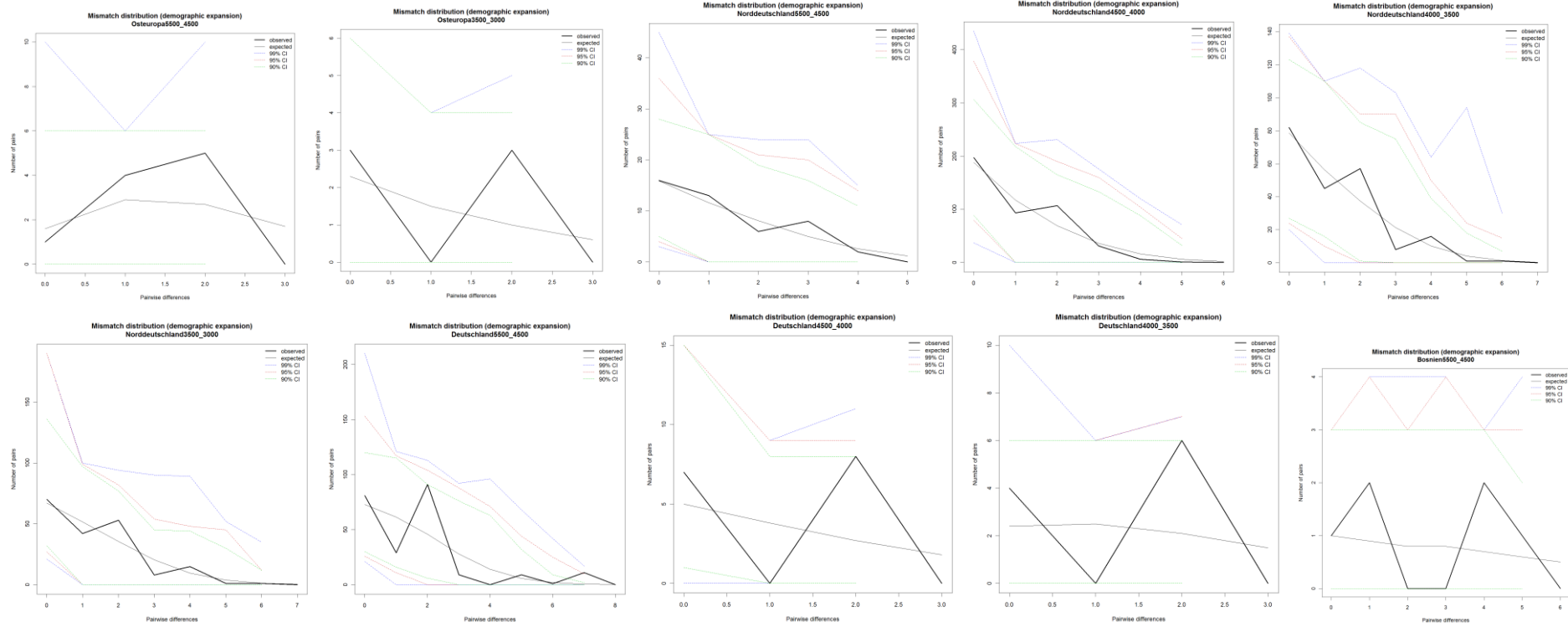


Abb. 187 - 196, Statistische Auswertungen für die genetischen Daten des Cytb_4 Fragments

Es folgen die Ergebnisse und die Interpretation der Isotopenanalysen, sie wurden von Frau Prof. Grupe an der Ludwig-Maximilian-Universität München erstellt.

Tab. 52, Zusammenfassung der N-, O- und C-Isotopenanalysen,

	Proben ID	Fundort	Skelettelement	Archäozoologie	Genetik	Einwaage Kollagen	%C	%N	C/N molar	$\delta^{13}\text{C}_{\text{Koll}}$	$\delta^{15}\text{N}$	Einwaage Apatit	$\delta^{13}\text{C}_{\text{Karb}}$	$\delta^{18}\text{O}_{\text{Karb}}$	$\Delta\delta^{13}\text{C}_{\text{Ka-Ko}}$
1	WS 24	Rosenhof	Prämolar	Wildschwein	Near East	0,8	42,4	15,5	3,2	-21,8	5,1	47,1	-12,4	-8,9	9,4
2	WS 38	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,59	20,5	9,1	2,6	-20,7	8,5	57	-12,9	-7,9	
3	WS 54	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,8	32,1	11,6	3,2	-21,8	5,7	56,9	-10,7	-6,6	11,1
4	WS 56	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,75	31,2	11,9	3	-21,2	6,1	45,7	-11,1	-6,9	10,1
5	HS 31	Wangels	Scapula	Hausschwein	Near East	0,6	8,7	4,6	2,2	-20,7	7,7	53	-14,6	-8,2	
6	HS 32	Wangels	Scapula	Hausschwein	Near East	0,74	40,6	14,7	3,2	-21,6	6,1	45,6	-14,5	-9,8	6,2
7	HS 145	Wangels	Mandibula	Hausschwein	ANC-A	0,5	41,4	15,1	3,2	-21,6	5,2	63	-13,7	-10,2	7,9
8	HS 155	Wangels	Scapula	Hausschwein	ANC-A	0,56	20,8	7,8	3,1	-22,1	5,8	59,6	-13	-8,6	
9	HS 157	Wangels	Scapula	Hausschwein	ANC-A	0,59	44,2	16	3,2	-21	4,6	49,5	-12,9	-9,7	8,1
10	WS 1	Wangels	Mandibula	Wildschwein	ANC-A	0,58	43	15,8	3,2	-22	6	55,1	-13,7	-9,8	8,3
11	WS 46	Wangels	Inc.	Wildschwein	ANC-C	0,77	43	15,6	3,2	-21,5	6,2	57,3	-13,3	-8,7	8,2
12	WS 61	Wangels	Femur	Wildschwein	ANC-C	0,69	41,7	15,3	3,2	-21,6	5,9	56,7	-14,3	-10,6	7,3
13	WS 63	Wangels	Tibia	Wildschwein	ANC-A	0,58	62,2	22,8	3,2	-21,6	5,4	55,4	-14,2	-10,7	
14	WS 64	Wangels	Ulna	Wildschwein	ANC-C	0,57	44,9	16,1	3,2	-22	5,4	45	-14,3	-9,2	7,7

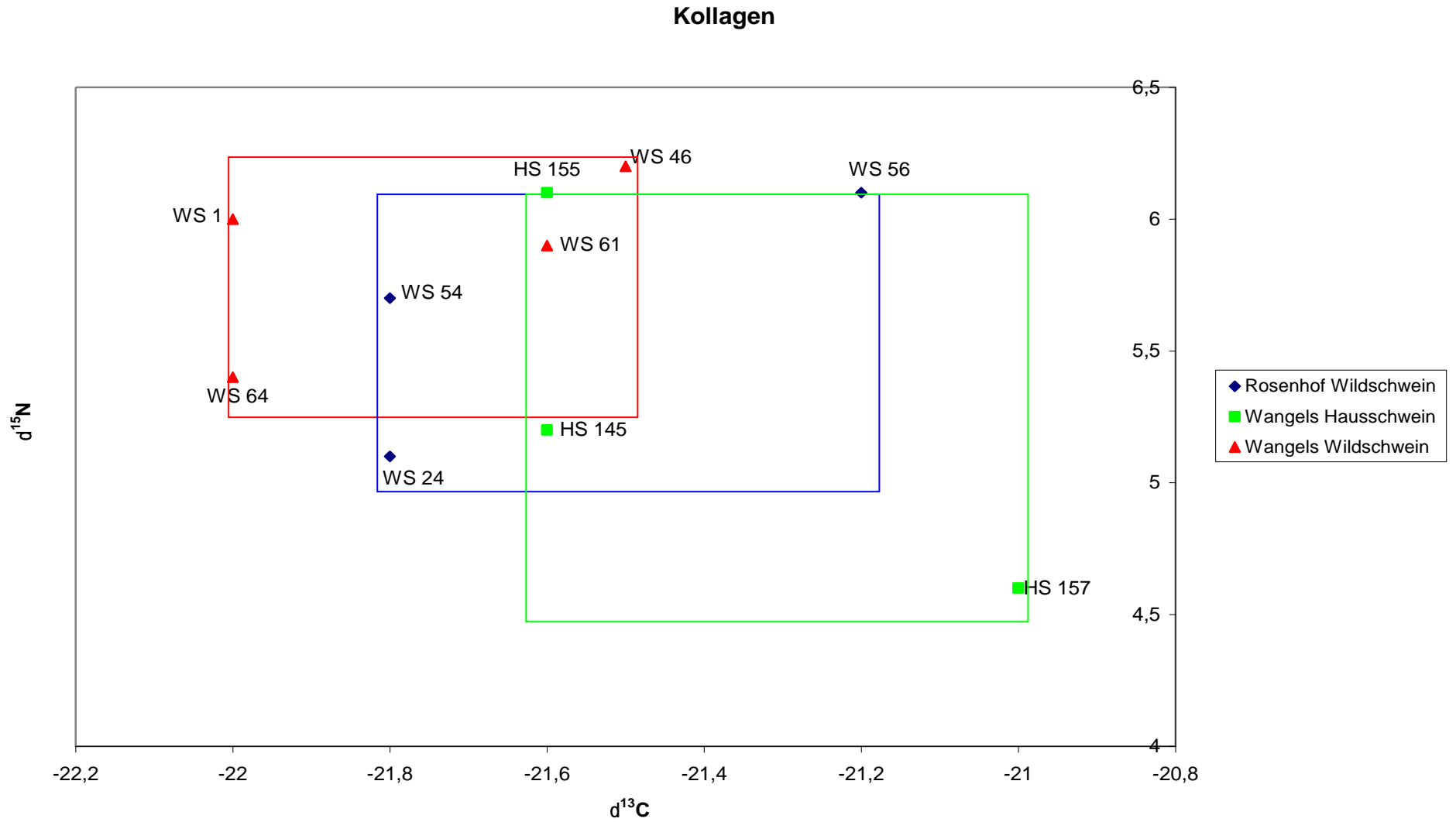


Abb. 197, Verhältnis der N- zu C-Isotopen im Kollagen

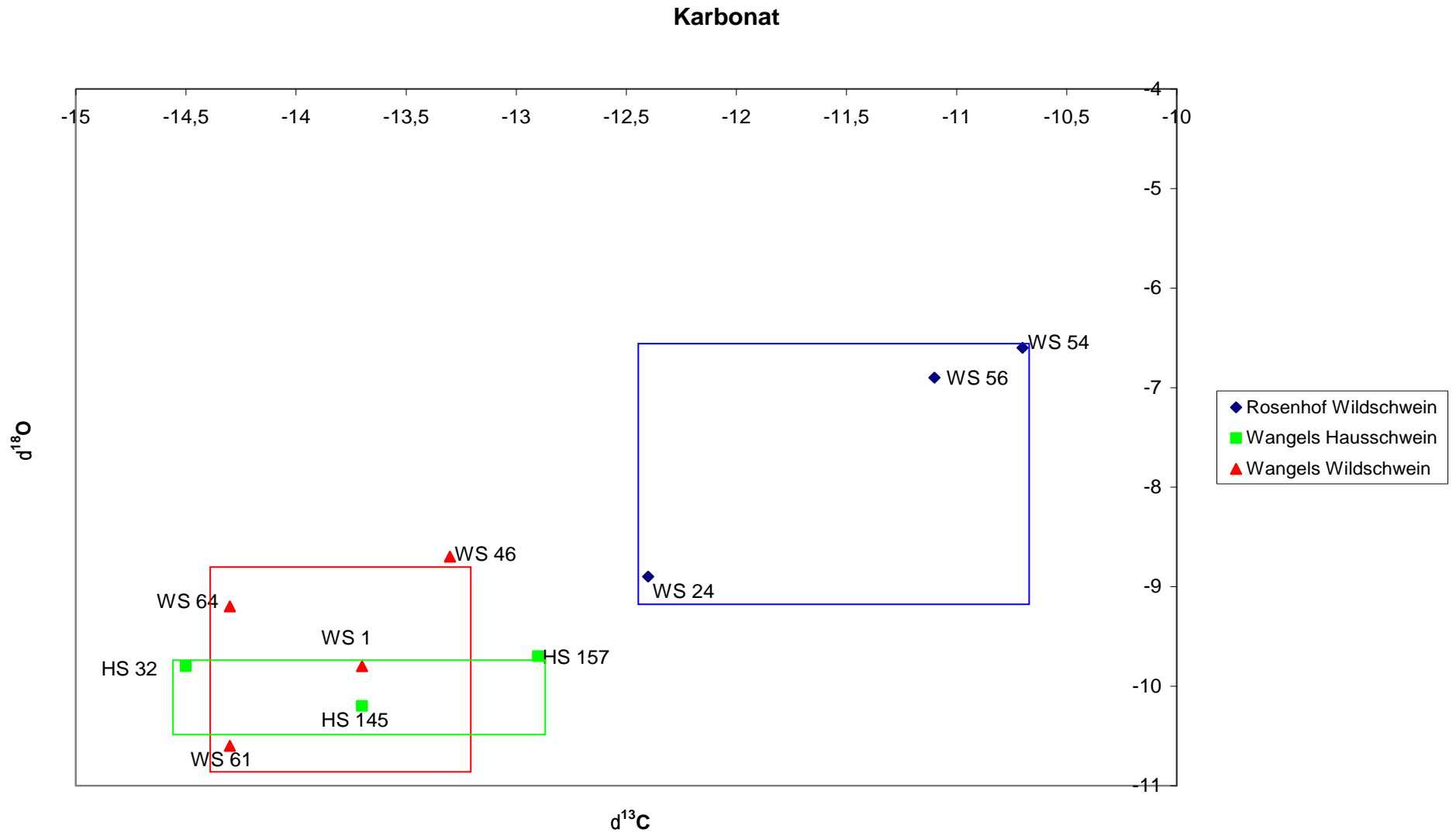


Abb. 198, Verhältnis der O- zu C-Isotopen im Karbonat

Auswertung Kollagen und Karbonat:

Bei den Proben WS 38 und HS 31 lag das molare C/N-Verhältnis der Kollagenextrakte unterhalb des akzeptierten Bereiches (2,9-4,0), auch die prozentualen Anteile von Kohlenstoff und Stickstoff (bei gutem Erhaltungsgrad ca 43 % bzw. ca 16 %) sind nicht erreicht. Es kann daher nicht mehr von einem Konservierungsgrad ausgegangen werden, welcher zu validen Isotopendaten führt. Wegen der stark abweichenden prozentualen Kohlenstoff- und Stickstoffgehalte sind auch die Isotopien der Proben HS 155 und WS 63 fraglich. Da bei ungenügendem Kollagenerhalt auch die Verhältnisse stabiler Kohlenstoff- und Sauerstoffisotope in der strukturellen Karbonatfraktion mit großer Wahrscheinlichkeit diagenetisch verändert sind, wurden diese vier Proben von der Auswertung ausgeschlossen.

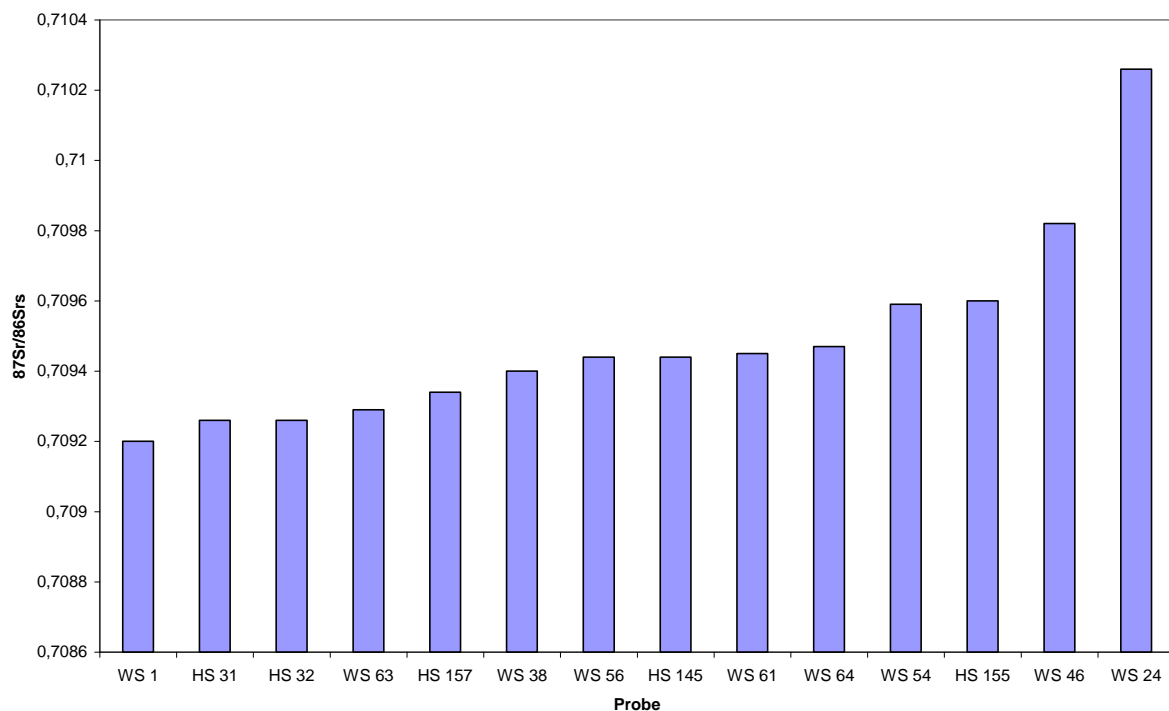
Kollagen: In Bezug auf $\delta^{13}\text{C}$ haben sich alle Tiere in einem C_3 -Pflanzenbiom ernährt, wobei die $\delta^{13}\text{C}$ -Werte der Wildschweine geringfügig in den negativeren Bereich verschoben sind, was auf eine (leicht) dichtere Bewaldung hindeutet. Die $\delta^{15}\text{N}$ -Werte liegen bei allen Tieren zwischen 4 und 7 ‰ und sind damit typisch für eine überwiegend herbivore Ernährung.

Bezüglich der $\delta^{18}\text{O}$ -Werte setzen sich die Wildschweine aus Rosenhof durch positivere Werte von den Haus- und Wildschweinen aus Wangels ab. Für die Region Wangels gelten heute $\delta^{18}\text{O}$ -Werte von -9,1 ‰ im Jahresdurchschnitt mit einer jahreszeitlichen Variabilität von etwa -12 bis -7 ‰, welche sich aufgrund der geografischen Lage im Prinzip nicht von denen Rosenhofs unterscheiden (Online Isotopes in Precipitation, www.waterisotopes.org). Die um bis zu 2 ‰ positiven $\delta^{18}\text{O}$ -Werte (Rosenhof) müssen sich durch eine andere Trinkwasserquelle erklären lassen. In Frage kommt nicht notwendigerweise ein Import, sondern auch einfach eher stehendes Wasser, welches aufgrund der bevorzugten Evaporation von H_2^{16}O positivere $\delta^{18}\text{O}$ -Werte aufweist als ein Fließgewässer.

Die Wildschweine aus Rosenhof setzen sich allerdings auch in Bezug auf die Differenz der $\delta^{13}\text{C}$ -Werte im Karbonat und Kollagen ($\Delta\delta^{13}\text{C}_{\text{Ka-Ko}}$) von den Haus- und Wildschweinen aus Wangels ab. Die entsprechenden Werte sind mit einer Spanne von 9,4 bis 11,1 signifikant höher als jene der Wildschweine aus Wangels (7,3 bis 8,3) und auch der Hausschweine aus Wangels (6,2 bis 8,1). Entscheidend ist der Fettgehalt der Nahrung, da die Verstoffwechslung der Hauptnahrungskomponenten Protein, Fett und Kohlenhydrate mit verschiedenen Fraktionierungsfaktoren stattfindet. Insbesondere die Fraktionierungsfaktoren für Fette sind negativ. Entsprechend sind die $\Delta\delta^{13}\text{C}_{\text{Ka-Ko}}$ -Werte bei Carnivoren niedriger als bei Herbivoren, da Tiere in der Regel mehr Fette enthalten als Pflanzen. Die Nahrung der Haus- und Wildschweine aus Wangels muss somit einen höheren Fettgehalt gehabt haben als jene aus Rosenhof.

Tab. 53, Zusammenfassung der Strontiumisotopenanalyse

	Proben ID	Fundort	Skelettelement	Archäozoologie	Genetik	$^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$	2 SE
1	WS 24	Rosenhof	Prämolar	Wildschwein	Near East	0,71026	0,000022
2	WS 38	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,7094	0,000041
3	WS 54	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,70959	0,000046
4	WS 56	Rosenhof	Humerus	Wildschwein	ANC-C	0,70944	0,000045
5	HS 31	Wangels	Scapula	Hausschwein	Near East	0,70926	0,000024
6	HS 32	Wangels	Scapula	Hausschwein	Near East	0,70926	0,000032
7	HS 145	Wangels	Mandibula	Hausschwein	ANC-A	0,70944	0,000054
8	HS 155	Wangels	Scapula	Hausschwein	ANC-A	0,7096	0,000078
9	HS 157	Wangels	Scapula	Hausschwein	ANC-A	0,70934	0,000032
10	WS 1	Wangels	Mandibula	Wildschwein	ANC-A	0,7092	0,000035
11	WS 46	Wangels	Inc.	Wildschwein	Near East	0,70982	0,00035
12	WS 61	Wangels	Femur	Wildschwein	ANC-C	0,70945	0,000069
13	WS 63	Wangels	Tibia	Wildschwein	ANC-A	0,70929	0,000035
14	WS 64	Wangels	Ulna	Wildschwein	ANC-C	0,70947	0,000053



Die $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ -Isotopenverhältnisse variieren von 0,7092 (WS 1) bis 0,70982 (WS 46). Meerwasser hat ein $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ Verhältnis von 0,7092, daher dürfte WS 1 aus großer Nähe zur Küste stammen („sea-spray-effect“). Die Fundorte der Tiere liegen in einer Region, welche durch Geschiebemergel der Weichsel-Eiszeit geprägt sind und eine entsprechend kleinräumige Zonierung aufweisen. Je nach Anteilen von karbonathaltigen Böden oder Geschiebemergel sind Strontium-Isotopen zwischen 0,709 und 0,71 für die Norddeutsche Tiefebene typisch. Auffällig ist die identische Isotopie der Proben HS 31 und HS 32. Das

Wildschwein WS 38 fügt sich in die Variabilität der übrigen Proben, WS 24 ist das einzige Tier, das mit einer Isotopie von 0,71026 in einer Region gelebt haben muß, dessen Böden durch kristalline Komponenten geprägt worden sind. Diese kommen jedoch in eiszeitlich überprägten Regionen kleinräumig vor, so dass WS 24 anderenorts gefangen/erlegt wurde als die anderen Tiere, jedoch nicht notwendigerweise in großer Distanz.

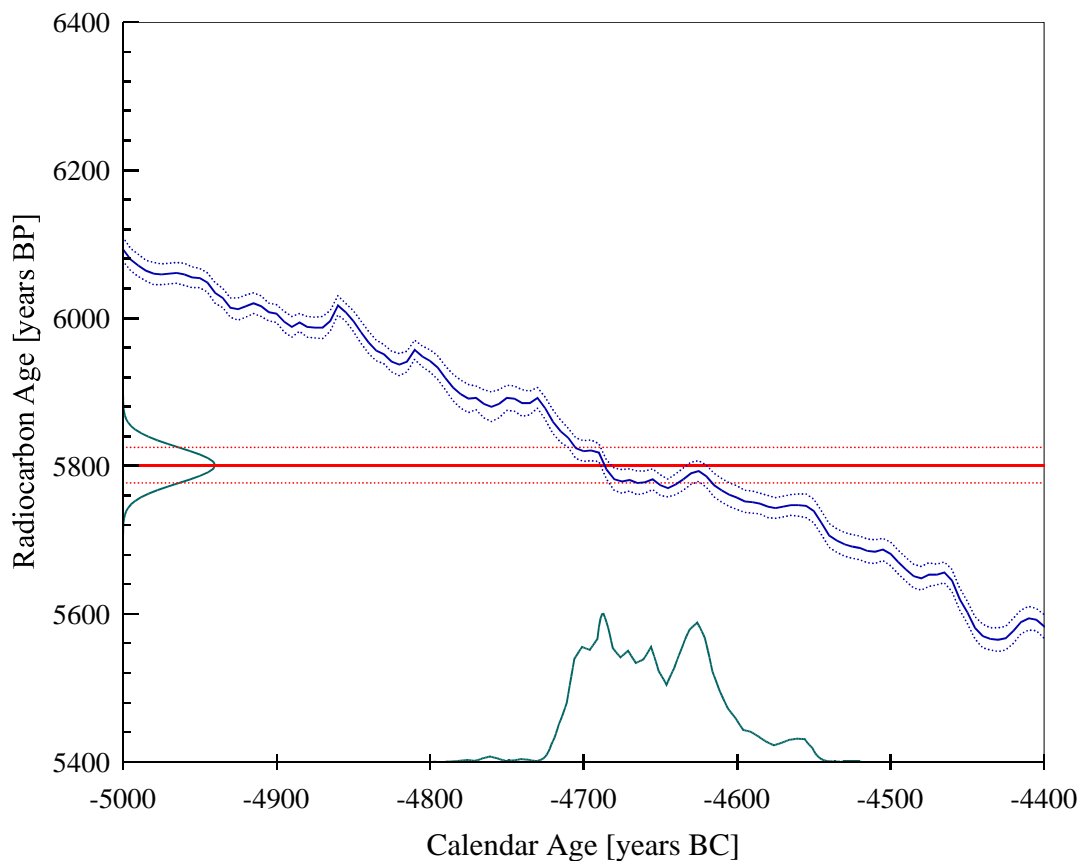
Es folgen die Ergebnisse und die Interpretation der Radiokohlenstoffanalysen, welche am Leibniz-Labor für Altersbestimmung und Isotopenforschung der Universität Kiel erstellt wurden, besonderer Dank gilt Prof. Grootes und Dr. Nadeau.

Tab. 54, Ergebnisse der Radiokohlenstoffuntersuchungen der Probe, KIA41338 (WS 24)

Knochen (Zahn aus Unterkiefer), Grube-Rosenhof, LA 58 OH, Schleswig-Holstein

Fraction	Corrected pMC†	Conventional Age	$\delta^{13}\text{C}(\text{‰})\ddagger$
Zähne - Dentin, Kollagen, 4.1 mg C	48.57 ± 0.15	5800 ± 25 BP	-22.15 ± 0.16

Radiocarbon Age: BP 5801 ± 24
 One Sigma Range: cal BC 4707 - 4652 (Probability 47.1 %)
 (Probability 68,3 %) 4640 - 4617 (Probability 21.2 %)
 Two Sigma Range: cal BC 4720 - 4582 (Probability 93.5 %)
 (Probability 95,4 %) 4567 - 4555 (Probability 1.9 %)

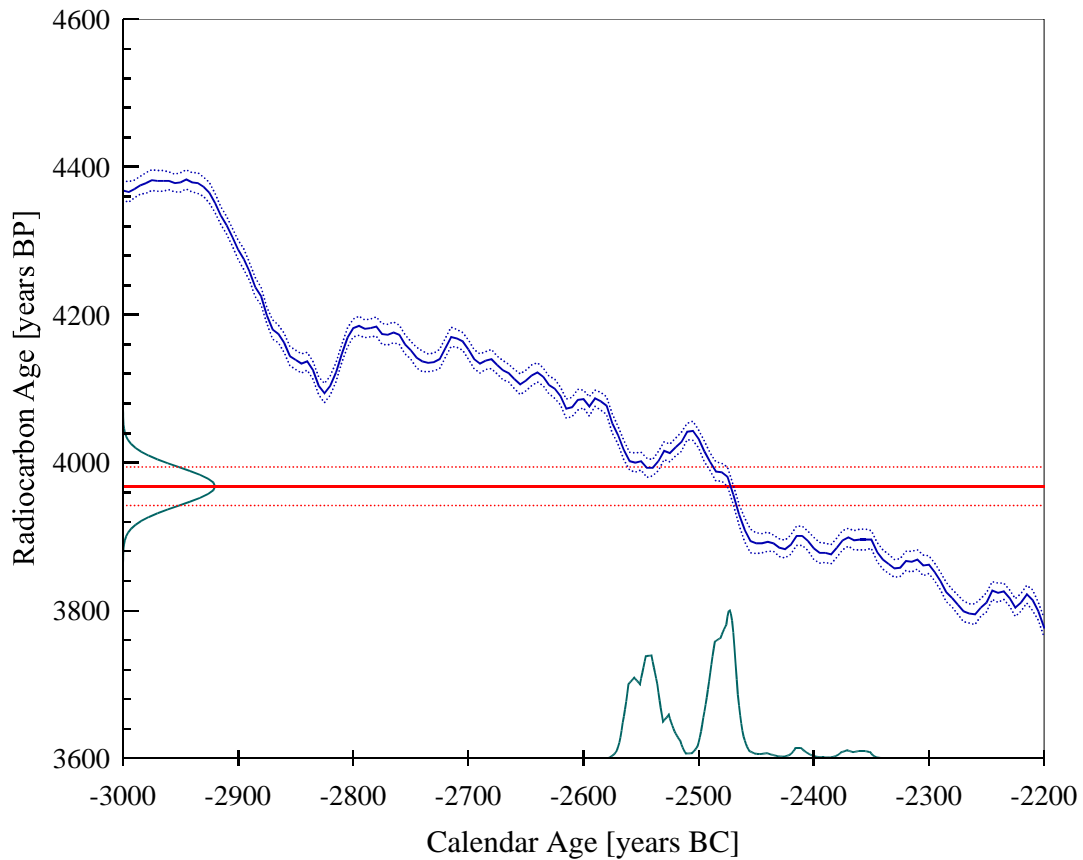


Tab. 55, Ergebnisse der Radiokohlenstoffuntersuchungen der Probe, KIA41340 (WS 1)

Knochen (Unterkiefer), Wangels LA 505, OH, Schleswig-Holstein

Fraction	Corrected pMC†	Conventional Age	$\delta^{13}\text{C}(\text{‰})\ddagger$
Zahn - Dentin, Kollagen, 3.5 mg C	61.02 ± 0.20	3970 ± 25 BP	-26.61 ± 0.27

Radiocarbon Age:	BP	3968 ± 26
One Sigma Range:	cal BC	2561 - 2536 (Probability 29.4 %)
(Probability 68,3 %)		2492 - 2467 (Probability 38.9 %)
Two Sigma Range:	cal BC	2572 - 2512 (Probability 43.9 %)
(Probability 95,4 %)		2505 - 2455 (Probability 48.7 %)
		2418 - 2407 (Probability 1.0 %)
		2375 - 2367 (Probability 1.0 %)
		2364 - 2352 (Probability 1.0 %)

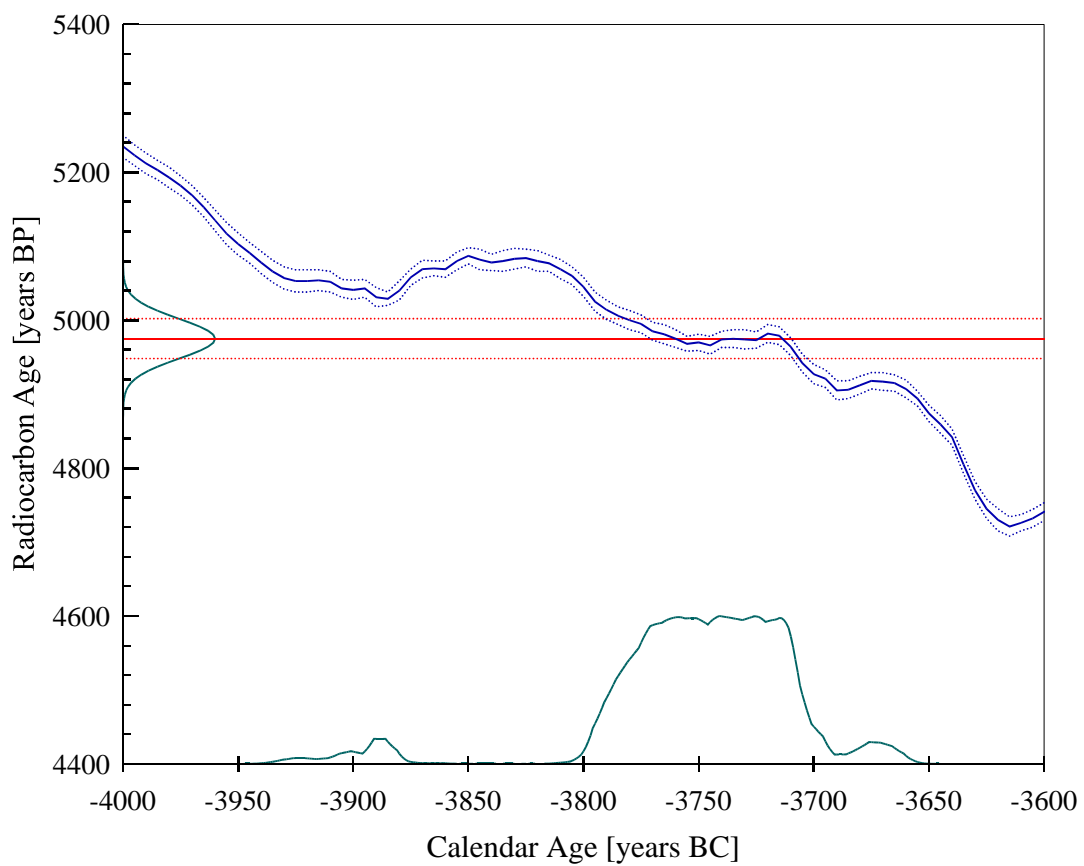


Tab. 56, Ergebnisse der Radiokohlenstoffuntersuchungen der Probe, KIA41341 (HS 31)

Knochen (Scapula, li.), Wangels LA 505, OH, Schleswig-Holstein

Fraction	Corrected pMC†	Conventional Age	$\delta^{13}\text{C}(\text{‰})\ddagger$
Knochen, Kollagen, 1.6 mg C	53.83 ± 0.18	4975 ± 25 BP	-22.90 ± 0.24

Radiocarbon Age: BP 4975 ± 27
 One Sigma Range: cal BC 3773 - 3710 (Probability 68.3 %)
 (Probability 68,3 %)
 Two Sigma Range: cal BC 3894 - 3882 (Probability 1.9 %)
 (Probability 95,4 %) 3800 - 3693 (Probability 90.6 %)
 3681 - 3664 (Probability 2.9 %)

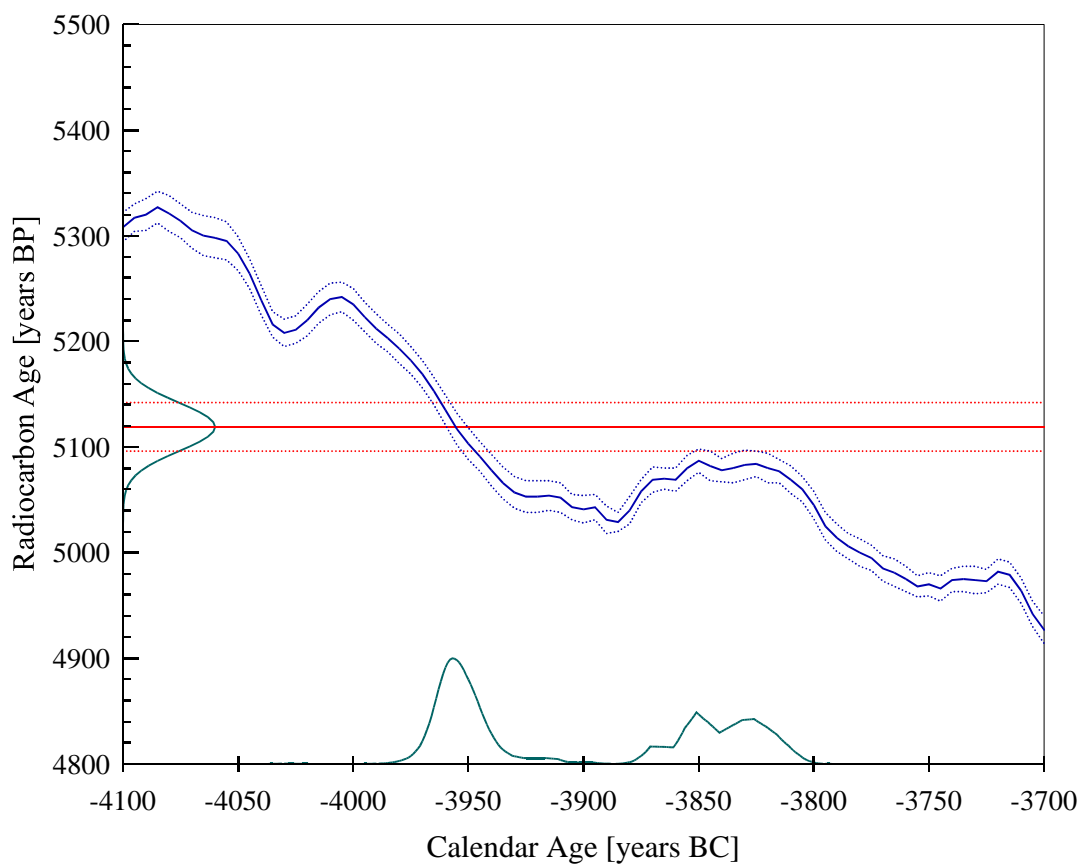


Tab. 57, Ergebnisse der Radiokohlenstoffuntersuchungen der Probe, KIA41342 (HS 32)

Knochen (Scapula, li.), Wangels LA 505, OH, Schleswig-Holstein

Fraction	Corrected pMC†	Conventional Age	$\delta^{13}\text{C}(\text{‰})\ddagger$
Knochen, Kollagen, 4.0 mg C	52.87 ± 0.15	5120 ± 25 BP	-19.14 ± 0.15

Radiocarbon Age: BP 5119 ± 23
 One Sigma Range: cal BC 3968 - 3941 (Probability 43.0 %)
 (Probability 68,3 %) 3856 - 3844 (Probability 10.9 %)
 3837 - 3820 (Probability 14.3 %)
 Two Sigma Range: cal BC 3976 - 3928 (Probability 50.6 %)
 (Probability 95,4 %) 3876 - 3805 (Probability 44.8 %)

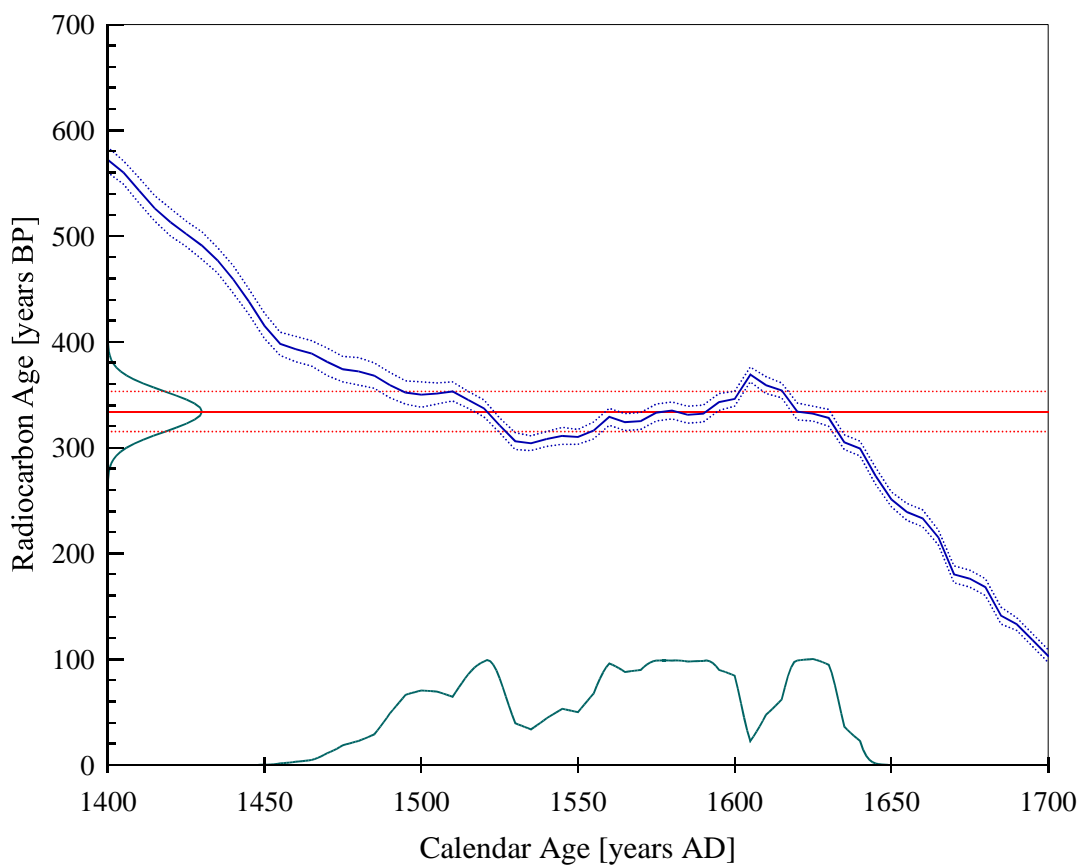


Tab. 58, Ergebnisse der Radiokohlenstoffuntersuchungen der Probe, KIA41339 (WS 50)

Knochen (Schädel - Cranium), Hopfenbach, Aalfang Ost

Fraction	Corrected pMC†	Conventional Age	$\delta^{13}\text{C}(\text{‰})\ddagger$
Knochen, Kollagen, 3.4 mg C	95.93 ± 0.22	335 ± 20 BP	-22.43 ± 0.21

Radiocarbon Age: BP 334 ± 19
 One Sigma Range: cal AD 1498 - 1506 (Probability 4.8 %)
 (Probability 68,3 %) 1511 - 1527 (Probability 12.3 %)
 1555 - 1601 (Probability 37.6 %)
 1616 - 1632 (Probability 13.7 %)
 Two Sigma Range: cal AD 1485 - 1637 (Probability 95.4 %)



11. Danksagung

Mein Dank gilt allen, die mich in den drei Jahren meiner Promotion begleitet und unterstützt haben. Für die Bereitstellung der Mittel, die Vermittlung von Kontakten und die Möglichkeit der freien Entfaltung danke ich Herrn Prof. Dr. Claus von Carnap-Bornheim, Frau PD Dr. habil. Nicole von Wurmb-Schwark und Frau Prof. Dr. Almut Nebel.

Für die finanzielle Unterstützung und die umfassende Betreuung danke ich der Graduiertenschule Human Development in Landscapes. Ein besonderer Dank gilt Rhina Coloungue der guten Seele der Graduiertenschule.

Ich danke Herrn Prof. Dr. Dr. Kaatsch für die große Gastfreundschaft und die Möglichkeit im Institut für Rechtsmedizin Kiel diese Arbeit zu erstellen.

Herrn Prof. Dr. Schreiber danke ich für die Möglichkeit die Einrichtungen des IKMB mit nutzen zu können. Den „Mädels“ von der Sequenzierplattform des UKSH danke ich für die Gastfreundschaft und die Möglichkeit die eine oder andere Probe bei ihnen sequenziert zu haben.

Dr. Kirschning, PD Dr. Dr. Fröhlich und dem Team der Arche Warder danke ich für die Bereitstellung von Gewebeproben, DNA-Isolaten, für inspirierende Gespräche über moderne Wild- und Hausschweine und dem Anlernen im „Haareziehen“ bei lebenden Schweinen.

Den archäologischen Landesämtern aus Schleswig-Holstein, Brandenburg und Sachsen, Schloss Gottorf, dem archäologischen Amt Göttingen danke ich für die Bereitstellung von Probenmaterial. Besonderen Dank bin ich allen denen verpflichtet, die mir geholfen haben Probenmaterial zu akquirieren, Dr. Arndt, Prof. Wang, Prof. Terberger, Marguarita Schäfer, Robert Hofmann, Prof. Müller, Dr. Prummel, Dr. Hanik, Prof. Risch, Remi Berthon, Dr. Özbal, Dr. Reuter, Prof. Smolnik, Prof. Krause, Dr. Glykou, Jochen Reinhard, Dr. Schoon, Dr. Röhrig, Dr. Ulbricht, Prof. Benecke, Prof. Peters, Dr. Ewersen, Dr. Feulner, Prof. Schibler und Dr. Makowiecki.

Prof. Peter Forster und Michael Forster danke ganz herzlich für die Bereitstellung ihrer Software, für wichtige Hinweise bei den statistischen Auswertungen sowie spannende Fachgespräche.

Prof. Makarewicz und Dr. habil. Pasda danke ich für wichtige Hinweise sowie Beratung in Fragen der Archäozoologie.

Prof. Grupe, Dr. Appel und dem Team des Leibniz-Labors in Kiel danke ich für die Möglichkeit neben der Molekulargenetik auch Radiokohlenstoffdatierungen, Isotopenanalysen und Elektronenmikroskopische Untersuchungen in meine Arbeit einfließen zu lassen.

Dr. Ulrich Schmöcke, Dr. Sönke Hartz und Wolfgang Lage danke ich für ihre ständige und schnelle Unterstützung, die Einweisung in die Archäozoologie und die fachlichen Diskussionen über das Probenmaterial.

Dr. Schlumbaum und Dr. Renneberg danke ich für wichtige Hinweise, Fachgespräche und die Einführung in den Kreis der „aDNAler“.

Der Arbeitsgruppe von Prof. Keith Dobney und Dr. Greger Larson danke ich für die große fachliche Unterstützung, für die Verifizierung von Proben und dafür, dass sie an mich geglaubt, gefördert und mich in ihre Gruppe aufgenommen haben als ich noch ganz am Anfang der Arbeit stand.

Der „Doktorandenabstellkammer“, der „Diplomandenküche“ und den TA`s danke ich für eine anhaltende angenehme Atmosphäre, fruchtbare Gespräche, ein offenes Ohr, Nachsicht in stressigen Zeiten und verdammt viel Spaß während und nach der Arbeit. Mit Euch verbinde ich eine wunderbare Zeit.

Dr. Weisshaar, Dr. Schenk, Prof. Grottes und Dr. Schröder danke ich, dass sie als Mentoren und Freunde ein offenes Ohr hatten und mir mit Rat und Tat auch in schwierigen Zeiten zur Seite standen.

Prof. Nebel, Julia Goldhammer und meinen Eltern danke ich für die Hilfe im Kampf gegen den Fehlerteufel. Prof. Nebel danke ich für das Sortieren und Präziesieren der Gedankengänge. Meiner Familie danke ich dafür, dass ich immer einen Platz hatte wo auch mal andere Dinge wichtig waren und die bedingungslose Unterstützung und Rückhalt.

12. Lebenslauf, Erklärung

Name	Ben Fabian Krause-Kyora
Adresse	Bremerstr. 26, 24118 Kiel
Geburtsdatum	12.06.1980
Geburtsort	Hamburg
Staatsangehörigkeit	deutsch
Familienstand	ledig
Schule	
1986 - 1990	Besuch der Grundschule St. Antonius, Hamburg
1990 - 1999	Besuch des Gymnasiums St. Ansgar, Hamburg
Studium	
1997–2000	Ausbildung zum Chemisch-Technischen Assistenten in Hamburg, Abschluss: Chemisch-Technischer Assistent
WS 2000 - WS 2001	Studium der Physik an der Universität Kaiserslautern
Seit WS 2001	Studium der Biochemie an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.
Mai 2005	Vordiplom im Fach Biochemie
WS 2001 - SOSE 2007	Studium der Ur- und Frühgeschichte an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.
Dezember 2007	Abschluss des Studiums der Ur- und Frühgeschichte mit dem Titel Magister Artium; Titel: "Ein Trümmerhaufen: Lithische Aspekte der neolithischen Siedlung Hemmingstedt LA2".
Promotion	
seit April 2008	Doktorand der Graduiertenschule "Human Development in Landscapes" an der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel.

Hiermit erkläre ich, Ben Krause-Kyora, geboren am 12.06.1980 in Hamburg, dass diese Abhandlung nach Inhalt und Form meine eigene Arbeit ist. Beiträge von anderen als meiner Person wurden deutlich als solche hervorgehoben.

Diese Arbeit wurde weder im Ganzen noch in Teilen einer anderen Stelle im Rahmen eines Prüfungsverfahrens zur Begutachtung vorgelegt, veröffentlicht oder zur Veröffentlichung eingereicht.

Die Regeln guter wissenschaftlicher Praxis der Deutschen Forschungsgemeinschaft wurden bei der Entstehung dieser Arbeit eingehalten.

Kiel, den 06.06.2011

Ben Krause-Kyora