

Woher kommt der Mensch (2) Der Europäer ist auch genetisch ein Potpourri

Dank moderner Genanalysen wissen wir heute, woher die Europäer eigentlich kommen. Sie waren alle Einwanderer. Unsere Völker sind das Ergebnis mehrerer Migrationen und ständiger Anpassung.

25.12.2016 - FAZ



© Reuters Eine Menschheit, entstanden „Out of Africa“: In jedem von uns stecken die „afrikanischen“ Erbanlagen, auch wenn die Haut vieler Europäer nicht mehr schwarz ist.

Die genetische Forschung hat im vergangenen Jahrzehnt eine wahre Revolution erlebt. Mit der Entwicklung hochmoderner DNA-Sequenzieretechnologien ist es in nur wenigen Jahren möglich geworden, die Leistungsfähigkeit und Effizienz genomischer Untersuchungen um einen Faktor zehn Millionen zu vervielfachen. Heutzutage verfügen wir über Technologien, mit denen wir für wenige hundert Euro und innerhalb weniger Stunden ein ganzes menschliches Genom mit seinen Milliarden Basenpaaren entschlüsseln können. Wir leben aktuell in einem „Sequenzierzeitalter“, in dem bereits Zehntausende Genome von Menschen aus der ganzen Welt entschlüsselt worden sind - und täglich kommen neue hinzu.

Mehr zum Thema

- [Woher kommt der Mensch? \(1\)](#)
- [War das schon Baukunst, was der Neandertaler aus den Tropfsteinen machte?](#)

Der Reiz und die Hoffnung dieser massiven genetischen Forschung besteht darin, Antworten auf die großen Fragen aktueller sowie vergangener Zeiten zu finden: Wie hat sich der Mensch entwickelt, und woher kommt er? Welche Rolle spielen Gene für die Entwicklung und Ausbreitung von Krankheiten? Welche genetisch bedingten Gemeinsamkeiten und Unterschiede gibt es zwischen menschlichen Populationen? So hat die Genetik, entgegen ihrer fatalen Assoziation mit rassistischen und kolonialistischen Regimes im neunzehnten und

zwanzigsten Jahrhundert, die Erkenntnis geliefert, dass ein Großteil der genetischen Vielfalt nicht zwischen unterschiedlichen menschlichen Populationen besteht, sondern innerhalb einer einzelnen Population existiert: Mehr als 80 Prozent aller genetischen Unterschiede in der DNA-Sequenz von Menschen, die als „Single Nucleotide Polymorphismen“ (SNPs) bezeichnet werden, treten innerhalb derselben menschlichen Population auf, wie den Europäern oder den Asiaten. Mit anderen Worten: Um einen Großteil der genetischen Vielfalt der Menschen außerhalb Afrikas zu erfassen, reicht es völlig aus, ein paar hundert Thüringer oder Rheinländer genetisch zu vergleichen.

Eine weitere wichtige Erkenntnis populationsgenetischer Forschung ist, dass Afrikaner eine höhere genetische Vielfalt aufweisen als die Populationen außerhalb Afrikas. Das interpretiert man als Beweis für den Ursprung des modernen Menschen in Afrika. Auch bei der Rekonstruktion von Stammbäumen mit Hilfe der Erbsubstanz zeigt sich, dass die Menschen außerhalb Afrikas darin nur ein kleiner Zweig der afrikanischen Diversität sind, oder anders gesagt: Genetisch gesehen sind alle Menschen dieser Erde Afrikaner!

Molekulare Zeitreisen

Genetische Analysen erlauben es auch, die evolutionäre Abspaltung einzelner menschlicher Populationen zeitlich einzuordnen. Dazu kalibriert man die sogenannte „molekulare Uhr“. Man geht heute davon aus, dass jeder Mensch etwa 50 Basenveränderungen (Mutationen) in sich trägt, die in der Keimbahn der Eltern neu entstanden sind und damit nicht Teil des elterlichen Genoms waren. Daraus ergibt sich eine Mutationsrate des Menschen von etwa 50 Veränderungen pro Generation pro Genom. Wenn man annimmt, dass pro Generation etwa 25 Jahre vergehen, lässt sich anhand der genetischen Unterschiede zwischen zwei Populationen berechnen, wann sich diese voneinander getrennt haben müssen. Vergleicht man beispielsweise die Unterschiede zwischen Afrikanern und Nichtafrikanern, kommt man auf eine Abspaltung vor rund 2000 bis 2500 Generationen, also vor 50 000 bis 60 000 Jahren. Diese Berechnung passt auch gut zu den existierenden archäologischen und paläoanthropologischen Befunden, die darauf hinweisen, dass vor circa 42 000 Jahren die ersten modernen Menschen nach Europa einwanderten und den dort ansässigen Neandertaler verdrängten.



© dpa  Populationen in der Sackgasse: Auch der Neandertaler gehört zur europäischen Urgeschichte.

Ähnliche Berechnungen lassen sich auch für Populationsaufspaltungen zwischen Asiaten und den Ureinwohnern Australiens oder Amerikas ausführen. Häufig werden für solche Kalkulationen Verschiebungen in der Frequenz häufig vorkommender Mutationen verwendet (zum Beispiel SNPs). Die Häufigkeit dieser SNPs in menschlichen Populationen verändert sich im Laufe der Zeit. Solche Veränderungen können „gerichtet“ sein, etwa wenn eine bestimmte genetische Variante zu einem biologischen Vorteil führt, wie die Fähigkeit, als Erwachsener [Milch](#) zu verdauen und so in einem neuen Lebensraum mehr Nahrung zu erschließen. Eine solche „gerichtete Verschiebung“, die eine bestimmte vorteilhafte Genvariante bevorzugt, bezeichnet man auch als positive Selektion. Auch eine „negative Selektion“ kann auftreten, wenn eine bestimmte genetische Veränderung zur Verringerung der Fitness des Individuums führt - etwa, wenn ein Gen beschädigt wird, welches zum Beispiel für die Nahrungsaufnahme wichtig war. Eine solche Veränderung würde im Laufe der Zeit negativ selektiert, das heißt, Individuen mit diesem Gendefekt haben weniger oder keine Nachkommen, und verschwinden wahrscheinlich nach wenigen Generationen wieder.

Die meisten Mutationen sind “neutral“

Der Großteil der genetischen Unterschiede zwischen menschlichen Populationen führt allerdings nicht zu einer Selektion, sondern verhält sich neutral und ist damit „ungerichtet“. Je länger Populationen voneinander getrennt leben beziehungsweise keine Gene miteinander austauschen, desto mehr Unterschiede in der Frequenz dieser SNPs sammeln sich an. Dieser Prozess wird als genetische Drift bezeichnet. Populationen, die sich in geographischer Nähe befinden, kürzlich voneinander getrennt haben oder regelmäßig miteinander Gene austauschen, weisen deshalb weniger Frequenzunterschiede auf als geographisch voneinander isolierte Populationen. So entsteht ein enger Zusammenhang zwischen menschlicher Genetik und geographischer Herkunft.

Genetisch gibt es keine Ländergrenzen

Eine Studie von John Novembre und Kollegen aus dem Jahr 2008 hat den Zusammenhang zwischen Genen und geographischer Herkunft besonders eindrucksvoll herausgestellt. Der Forschergruppe war es gelungen, nur anhand der genetischen Unterschiede zwischen heutigen Einwohnern, deren Großeltern nicht weiter als 200 Kilometer entfernt vom Wohnort ihrer Enkel lebten, die Europakarte zu reproduzieren. Damit wurde deutlich, dass sich anhand der genetischen Daten eines Menschen die geographische Herkunft seiner Vorfahren ablesen lässt. Auffallend an dieser Studie war auch, dass sie für Europa einen genetischen Gradienten aufzeigt, also eine kontinuierliche genetische Veränderung, die sich keinesfalls mit den existierenden National- oder Sprachgrenzen deckt: Genetisch betrachtet sind Ländergrenzen unhaltbar. Hingegen macht sich geographische Isolation, wie die Insellage Sardinien, genetisch deutlich bemerkbar: Die Sarden stellen eine vom italienischen Festland abgegrenzte Population dar.

Die Sesshaftwerdung des Menschen

Der für das Festland charakteristische Gradient macht deutlich, dass benachbarte europäische Populationen im Laufe ihrer Geschichte immer Gene ausgetauscht haben, wenn keine größeren geographischen Barrieren sie trennten. Leider lässt die Untersuchung genetisch im Austausch stehender, eng verwandter heutiger Populationen nur begrenzt Rückschlüsse auf deren Vorgeschichte zu. Um größere genetische Veränderungen von Populationen im Laufe der Zeit zu verstehen, wird deshalb zunehmend auf genomweite Daten aus der Vergangenheit zurückgegriffen.



© dpa  Mammut-Skelett.

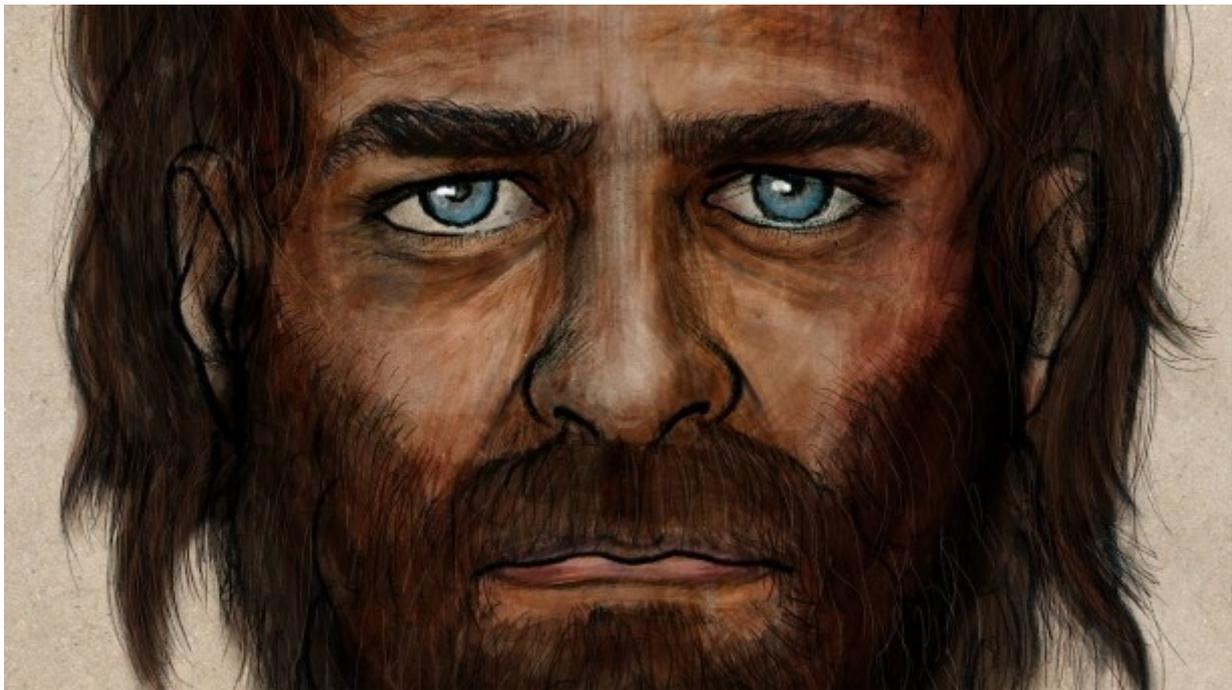
Die Revolution in der Sequenzieretechnologie hat sich auch auf die Genanalyse von Erbsubstanz aus seit langem toten Organismen ausgewirkt. Bereits im Jahr 2008 gelang es erstmals, das Genom eines ausgestorbenen Mammut zu entschlüsseln. Vor zwei Jahren wurden die Genome eines 4000 Jahre alten Paläo-Eskimos sowie des ausgestorbenen Neandertalers entschlüsselt. Die Analyse bis zu 500.000 Jahre alter Erbmoleküle aus menschlichen Knochen erlaubt es, die genetische Zusammensetzung heutiger und vergangener Populationen miteinander zu vergleichen und vergangene, inzwischen

ausgestorbene Populationen aufzuspüren. Der Vergleich heutiger mit alter DNA zeigt größere Verschiebungen in der genetischen Struktur menschlicher Populationen zwischen einzelnen Zeitperioden auf und liefert wertvolle Hinweise auf Populationsumbrüche und Veränderungen in der Mobilität sowie auf die Ausbreitung einzelner Gruppen in der Vorgeschichte. Analysen alter Erbsubstanz erlauben es, Hypothesen aus der Archäologie und Geschichtsforschung zu testen und zu beleuchten, inwiefern kultureller Wandel mit veränderter Mobilität, Einwanderung und den daraus resultierenden Genflüssen korreliert.

Als eine der wohl wichtigsten Fragen zur Frühgeschichte Europas galt lange, ob der Übergang von Jägern und Sammlern zu Ackerbauern vor rund 7500 Jahren auch mit einem Bevölkerungswechsel einherging. Handelte es sich bei diesem für die Entwicklung des modernen Menschen fundamentalen Epochenwechsel um das Resultat einer langsamen kulturellen Entwicklung, oder war eine Einwanderung von Menschen nach Europa dafür verantwortlich? Es standen sich zwei Hypothesen gegenüber: Nach der ersten war die sogenannte Neolithische Revolution eine reine Verbreitung von Kultur und Wissen, die von Region zu Region weitergegeben wurde, ohne dass die Menschen selbst wanderten. Nach der anderen Hypothese ist der Beginn des Ackerbaus in Europa auf eine Einwanderung von Menschen aus dem Nahen Osten zurückzuführen, die aus der Region des sogenannten fruchtbaren Halbmonds stammen, wo die ältesten Spuren von Ackerbau gefunden wurden.

Ackerbau begann mit Einwanderung

Um diese Hypothesen mit Hilfe der Genetik zu testen, wurden in einer Reihe von Studien kurze Abschnitte der - nur über die weibliche Linie vererbten - mitochondrialen DNA von Skeletten früher Ackerbauern und später Jäger und Sammler untersucht. Die Ergebnisse dieser Gegenüberstellung waren eindeutig: Die genetische Zusammensetzung der Jäger und Sammler unterschied sich deutlich von der der frühen Ackerbauern. Folglich begannen die Neolithische Revolution und die Sesshaftwerdung des Menschen mit einer Einwanderung.



© Illustration CSIC  Aus La Brana: Rekonstruktion eines vor 7000 Jahre in Spanien lebenden Mannes.

Aufgrund der Arbeit mit mitochondrialer DNA statt der des Zellkerns blieben diese Pionierarbeiten zunächst auf die maternale Linie beschränkt. Damit erlaubten sie noch keine detaillierten Erkenntnisse über die Herkunft und genaue genetische Zusammensetzung der prähistorischen Populationen beziehungsweise über deren biologischen Beitrag zu den heutigen Europäern. In einer wegweisenden Studie gelang es vor zwei Jahren erstmals, die vollständigen Genome eines Dutzends von Jägern und Sammlern, die vor 8000 Jahren gelebt hatten, und eines frühen Ackerbauern Europas, der vor 7200 bis 5400 Jahren lebte, zu entschlüsseln und zu vergleichen. Dabei stellte sich einerseits heraus, dass sich auch die Zellkern-DNA, also das Genom, beider Gruppen stark voneinander unterschied. Andererseits wurde sichtbar, dass die frühen Ackerbauern genetisch eine höhere Ähnlichkeit mit heutigen Einwohnern des Nahen Ostens aufweisen als mit europäischen Jägern und Sammlern. Somit konnte die Einwanderungstheorie der frühen Ackerbauern aus dem Fruchtbaren Halbmond auch bestätigt werden.

Einwanderer aus Eurasien

Die Studie erbrachte weitere bahnbrechende Erkenntnisse über die Herkunft und Entwicklungsgeschichte der Europäer: So tragen heutige Europäer nicht nur die genetischen Spuren der Ureuropäer in sich und sind somit eine genetische Mischung aus frühen Ackerbauern, Jägern und Sammlern, sondern sie sind offenbar auch durch eine dritte Population geprägt worden, die aus Nordeurasien zu stammen scheint. Letztere ist zwar in allen heutigen Europäern zu finden, allerdings weder in den Jägern und Sammlern noch in den frühen Ackerbauern und damit ein eindeutiger Hinweis auf eine weitere spätere Einwanderung.

Drei weitere im Jahr 2015 publizierte Studien untersuchten die Genome von insgesamt 230 prähistorischen Individuen aus Westeurasien. Diese lebten vor 8000 bis 3000 Jahren und belegen mit ihrem Erbgut den großen genetischen Unterschied zwischen den frühen Ackerbauern und den späten Jägern und Sammlern Europas. So konnte gezeigt werden, dass die ersten Ackerbauern Europas eine verblüffend hohe genetische Ähnlichkeit mit den frühen Ackerbauern Anatoliens sowie den heutigen Einwohnern Sardinien aufweisen. Hieraus folgt, dass Sardinien nach der Besiedlung durch frühe Ackerbauern vor 7000 Jahren kaum noch zusätzliche genetische Komponenten von außerhalb der Insel hinzubekam. Entwicklungsgeschichtlich zeigte die Genomanalysen der 230 Skelette, dass der Anteil an Jäger- und Sammler-DNA in den frühen Ackerbauern Zentraleuropas nach deren Einwanderung wieder anstieg. Daraus wurde gefolgert, dass die frühen Ackerbauern nach ihrer Einwanderung in Europa die dort ansässigen Jäger und Sammler nicht verdrängten, sondern beide Populationen für mehrere tausend Jahre parallel existierten und sich erst dann genetisch vermischten.



© Picture-Alliance  Die eurasische Steppe: Prähistorisch die Herkunft vieler Europäer.

Eine der drei Studien einer Forschergruppe um Wolfgang Haak vom Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte in Jena zeigte außerdem erstmals, dass es neben der Einwanderung der frühen Ackerbauern noch zu einer weiteren massiven genetischen Einwanderung nach Europa kam. Diese erfolgte in der Kupferzeit am Übergang zwischen Mittel- und Endneolithikum vor etwa 4800 Jahren in Zentraleuropa und etwas früher und später in anderen Teilen Westasiens.

Auch Steppennomaden breiteten sich aus

Die ersten Spuren dieser massiven Einwanderung und der daraus resultierenden genetischen Verschiebung fanden sich in Skeletten, die mit der vor rund 4800 Jahren beginnenden Schnurkeramik-Kultur in Zentraleuropa in Verbindung stehen. Die Skelette mit schnurkeramischen Beigaben zeigten überraschenderweise eine hohe genetische Ähnlichkeit zu 5000 Jahre alten Individuen aus der pontischen Steppe nördlich des Schwarzen und Kaspischen Meeres. Die dortigen Individuen standen mit der materiellen Kultur der Jamnaja in Verbindung, einer Population von Pastoralisten, die einen nomadischen Lebensstil in der Steppe pflegten. Ihre Kultur zeichnet sich auch durch eine vermehrte Nutzung von Pferd, Rad und Wagen aus, was wahrscheinlich eine erhöhte Mobilität zur Folge hatte. Die Gene dieser Menschen breiteten sich offenbar im frühen fünften Jahrtausend vor unserer Zeitrechnung in wenigen hundert Jahren über die Steppe nach Osten bis ins Altai Gebirge und nach Westen bis in die Schweiz aus. Für die Mittel-Elbe-Saale-Region, aus der ein Großteil der untersuchten Skelette stammt, ließ sich berechnen, dass mehr als 75 Prozent der ortsansässigen Ackerbauern-Gene durch die mit den Menschen der Schnurkeramik-Kultur assoziierten Gene aus der Pontischen Steppe verdrängt wurden. Heute sind die Gene aus der Steppe bei allen Europäern zu finden, wobei der Anteil der Steppen-DNA im Nordosten Europas am höchsten ist und in Richtung Südwesten graduell abnimmt: Die größte genetische Steppen-Komponente findet sich heute bei den Einwohnern Estlands, die niedrigste bei den Sarden.

Die erste große Einwanderung nach Europa vor circa 7500 Jahren lässt sich gut durch den veränderten Lebensstil erklären: Ackerbau und Viehzucht ermöglichten eine stabilere Versorgung mit Lebensmitteln und führten so zu einer Bevölkerungszunahme, die eine territoriale Ausbreitung der Ackerbauern nach sich zog. Die zweite große Verschiebung in der genetischen Zusammensetzung der Europäer vor etwa 4800 Jahren infolge der massiven Einwanderung aus der pontischen Steppe lässt sich nur schlecht mit der unterschiedlichen Lebensweise erklären, da es sich - zumindest in Zentraleuropa - sowohl bei den Einwanderern aus der Steppe als auch bei den bereits Ansässigen um Ackerbauern und Viehzüchter handelte. Mögliche Erklärungen dafür wären eine höhere Lebensmittelproduktion bei den Einwanderern aus der Steppe durch die Erschließung von nicht für den Ackerbau geeigneten Weideflächen, auch kriegerische Auseinandersetzungen (worauf archäologische Funde hindeuten) oder aber ein Zusammenbruch der ansässigen Ackerbauern-Population durch das Auftreten von Krankheiten.

Die Ausbreitung der Pest

Die letzte Erklärung bekam im Jahr 2015 Aufwind, als es Genetikern und Archäologen um Simon Rasmussen von der Universität Kopenhagen gelang, aus Skeletten der frühen Bronzezeit erstmals Pesterreger-Genome zu rekonstruieren. Die ältesten untersuchten Pesterreger stammen aus rund 5200 Jahre alten Skeletten aus der zentralasiatischen Steppe. Dort könnte die Krankheit ihren Ursprung genommen und sich mit den Steppenbewohnern nach Westen ausgebreitet haben. Darauf deutet hin, dass die Forscher um Rasmussen auch in 4500 Jahre alten Skeletten Zentraleuropas und des Baltikums fündig wurden. Möglicherweise kam es vor 5000 Jahren zu einer ersten großen Pestepidemie, die sich aus der Steppe nach Westen ausbreitete und die frühen Ackerbauern Europas stärker beeinträchtigte als die Nomaden der pontischen Steppe. Letztere lebten wohl schon von jeher mit dem Pesterreger und hatten daher möglicherweise eine höhere Immunität. Ein seuchenbedingter Zusammenbruch der Ackerbauern-Population Europas könnte wiederum ein Bevölkerungsvakuum verursacht haben, in das die Steppennomaden vordringen konnten.



© dpa  Vom jagenden und sammelnden Höhlenbewohner zum Bauern und Viehzüchter.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Analyse der Genome alter Skelette aus der Vorgeschichte Europas erstaunlich viele biologische Veränderungen erkennen lässt. Innerhalb nur weniger tausend Jahre kam es zu zwei massiven Einwanderungen nach Europa, die die genetische Zusammensetzung der ansässigen Jäger und Sammler deutlich erweiterte. Mit den Einwanderern aus dem Nahen Osten vor 8000 Jahren kamen auch die Landwirtschaft und Viehzucht nach Europa und damit die Grundlage moderner Gesellschaften. Gleichzeitig begannen sich Gene in Europa auszubreiten, die eventuell eine wichtige biologische Anpassung an das Leben als Ackerbauer in Europa waren - wie helle Haut. Die Steppenbewohner Osteuropas brachten vor rund 5000 Jahren in der zweiten massiven Einwanderung neben neuen Techniken und Kulturen auch Gene nach Europa, die es unter anderem auch Erwachsenen erlauben, größere Mengen an Milch zu verdauen. Allerdings lassen die genetischen Untersuchungen auch vermuten, dass die zunehmende Bevölkerungsdichte sowie Mobilität der Europäer die Ausbreitung von Krankheiten ermöglichten - mit eventuell katastrophalen Folgen. Mit den Einwanderern kamen wahrscheinlich auch Sprachen nach Europa, vieles deutet darauf hin, dass auch die von den meisten heutigen Europäern gesprochenen indoeuropäischen Sprachen sich ursprünglich mit den Steppennomaden ausbreiteten.

Genetische Untersuchungen bestätigen eindrucksvoll, dass Migration und Mobilität schon immer ein Teil der Menschheitsgeschichte waren: Alle heutigen Europäer sind ein Potpourri von Genen aus unterschiedlichen Teilen Eurasiens, das sich im Verlauf der vergangenen Jahrtausende vermischt und keine klare genetische Abgrenzung zwischen den heutigen Einwohnern Europas erkennen lässt. Aus genetischer Sicht lassen sich keine Nationen als eigenständige Population erkennen. Eine weitere Erkenntnis besteht darin, dass innerhalb der Geschichte Europas mit großen Einwanderungen auch immer Innovationen nach Europa gelangten, ohne die wir wohl heute noch als dunkelhäutige Jäger und Sammler durch Europas Wälder streifen würden.

Johannes Krause ist Direktor am Max-Planck- Institut für Menschheitsgeschichte in Jena und leitet dort die Abteilung Archäogenetik.

Die Serie: Woher kommt der Mensch?

Die Erkundung der gemeinsamen Wurzeln aller Menschen ist, gerade in Zeiten sich ausbreitender populistisch-rassistischer Tendenzen, eine der vielleicht wichtigsten wissenschaftlichen Unternehmungen. Die Serie „Woher kommt der Mensch?“ basiert auf einer Vortragsreihe am Frankfurter Senckenberg Naturmuseum und der Goethe-Universität Frankfurt am Main, die diese Zeitung redaktionell unterstützt, und die unseren Blick auf den Homo sapiens schärfen soll. Dabei geht es nicht nur um die menschliche Evolution als Ganzes, sondern auch um die Entwicklung unseres Denkens und unserer Intelligenz, unserer Emotionen und des Bewusstseins für Kunst und Ästhetik. Die Themenbreite macht deutlich: Es geht in den sechs Vorträgen von international hochangesehenen Referenten um Betrachtungen über die Fachdisziplingrenzen hinaus.