



aDNA zur Rekonstruktion der Mobilität

1 Grundlagen

- mtDNA und das Y-Chromosom sind unvermischt. Man benötigt große, also in der Praxis rezente, Stichproben, um kleine Bevölkerungsanteile erfassen zu können.
- Kern-DNA enthält potentiell Anteile aller Vorfahren, allerdings ist nur ein Teil der Bruchstücke diagnostisch auswertbar.
- Nur aDNA erlaubt den Zugriff auf ausgestorbene oder untergegangene Spezies, Völker oder Familien.
- aDNA-Daten sind nicht von späteren Ereignissen überprägt und erlauben z. B., den Grad der Verwandtschaft und die Größe der Heiratsnetzwerke der letzten Vorgängergenerationen abzuschätzen.

2 Besiedlung Amerikas

Dem allgemeinen Konsens zufolge erreichten die ersten Amerikaner den Bereich südlich von Alaska nach der Öffnung des eisfreien Kanals um 13 ka calBP und die Cloviskultur repräsentiert diese älteste Besiedlung. Immer wieder werden jedoch angeblich ältere Pre-Clovis-Fundstellen diskutiert, so auch auf 14.2 ka calBP datierte Koproolithen in den Paisleyhöhlen, aus denen sich menschliche mtDNA extrahieren ließ [Gi08]. Einer späteren Untersuchung zufolge stammen die Koproolithen jedoch von reinen Herbivoren und bei der DNA muß es sich um eine Verunreinigung handeln [Si14].

Die ältesten amerikanischen Bestattungen weisen im Genom und Knochenbau immer wieder europäische Merkmale auf, die einer alleinigen Besiedlung aus Nordostasien zu widersprechen scheinen. Das Genom eines 24 ka alten sibirischen Individuums aus Mal'ta an der Südspitze des Baikalsees weist mitochondriale und Y-Haplogruppen auf, die heute so weit östlich nicht mehr vorkommen [Ra14]. Dieses Ergebnis gräbt alternativen Hypothesen einer Besiedlung über den Atlantik die Grundlage ab.

3 Europäisches Neolithikum

Ältere Verteilungskarten rezenter Genkomponenten stützen die Hypothese einer allmählichen Einwanderung mit zunehmender Vermischung entlang der Route [Ca96, Ch02]. Migrationen werden zudem vor allem von Männern getragen und nehmen autochthone Frauen durch Einheirat auf [La11a, La11b]. Im Widerspruch dazu fehlen mesolithische Haplogruppen in mtDNA aus bandkeramischen Gräberfeldern vollständig. Die ersten Ackerbauern waren demnach reine Zuwanderer und haben die Urbevölkerung vollständig

verdrängt. Das heutige Verteilungsmuster beruht demnach auf späterer Rückwanderung [Br09, Br13, Ha10].

4 Schweine und Rinder

Während Ziegen, Schafe und Rinder genetisch aus dem Nahen Osten stammen und keine Anteile europäischer Wildformen aufweisen, stammt das Hausschwein direkt von den jeweils regionalen Wildformen ab. Die Vermutung war, die Einwanderer hätten Rinder und Ovicapriden mitgebracht, das Schwein aber vor Ort neu domestiziert. Alte mitochondriale DNA beweist jedoch das Gegenteil. Die ersten Hausschweine stammten sehr wohl aus der Levante und wurden im Genpool erst später von lokalen Einkreuzungen vollständig verdrängt. Für Ostasien gilt dies nicht, hier liegt tatsächlich eine in den ältesten Stufen autochthone Domestikation vor [La05, La07, La10].

Die aktuellen Hausrinder in Ostasien und Afrika enthalten erhebliche Anteile des südasiatischen Zebu (Buckelrind). Es handelt sich dabei aber um eine spätere Einkreuzung. Die ersten Hausrinder im nördlichen China enthielten zwischen 3–2 ka calBC ausschließlich levantinische mitochondriale Haplogruppen vom *Bos taurus* [Ca14].

5 Wegfall der Lactoseintoleranz

Nach den Ergebnissen der genetischen Datierung entstand die eurpäische Variante der Lactasepersistenz vermutlich vor 6.6–4.8 ka zwischen Ural und Wolga und erreichte Europa sehr viel später als die Milchwirtschaft erst im Jung- oder Spätneolithikum [Ka04]. Tatsächlich ließ sich dieses Merkmal an acht frühneolithischen Bestattungen aus dem 6. Jt. BC in keinem einzigen Fall nachweisen [Bu07].

6 Femur aus der Sima de los Huesos

Die 300–600 ka alten Knochen aus der Höhle in Nordostspanien wurden morphologisch an den Übergang zwischen *Homo heidelbergensis* und *neanderthalensis* eingeordnet. Trotz der erheblichen Degradation gelang es jetzt, aus einem Femur die mtDNA-Sequenz auszulesen. Überraschenderweise weicht diese deutlich von denen aller bisher bestimmten Neanderthaler ab und ähnelt am stärksten der neu entdeckten Spezies aus der Denisovahöhle im äußersten Osten der Neanderthalerverbreitung. Die Gebiete der beiden Arten scheinen sich vollständig überlappt zu haben [Me14].

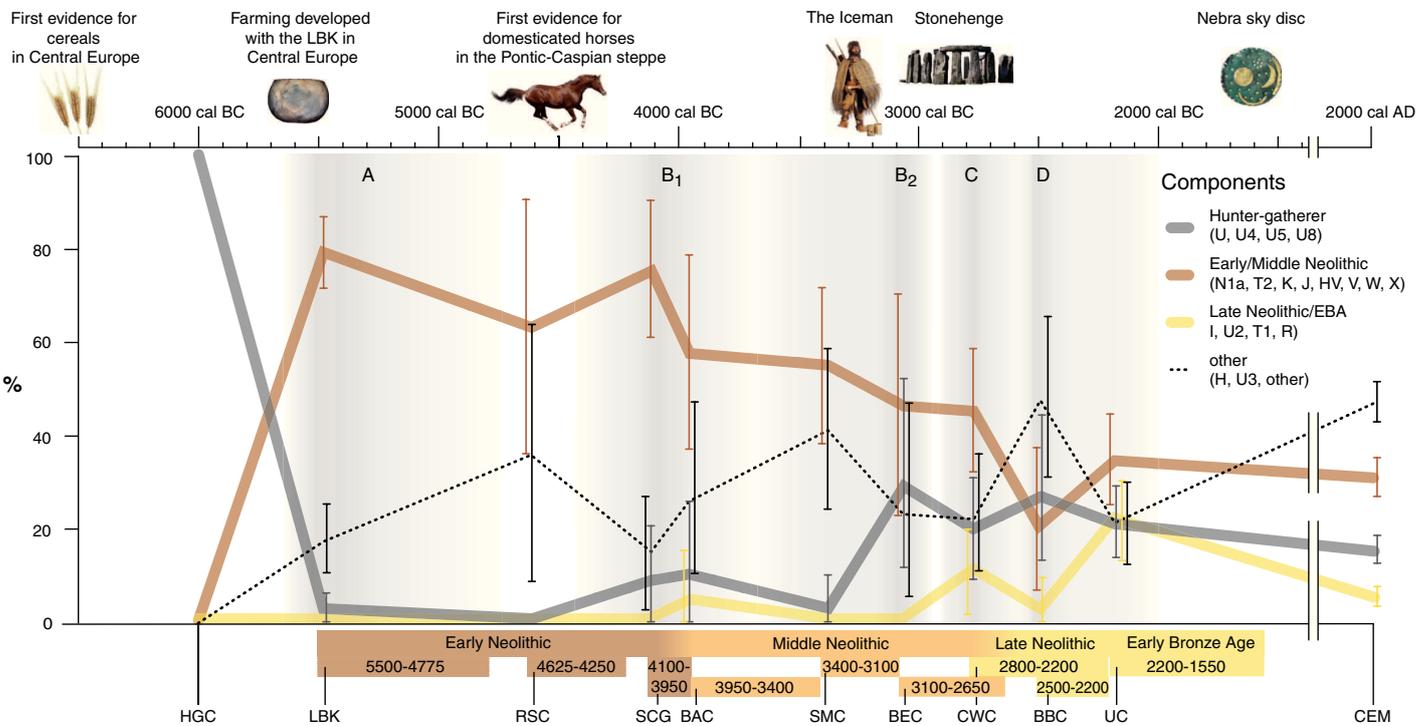


Abbildung 1: Die zeitliche Abfolge der mitochondrialen Haplogruppen in der mitteldeutschen Siedlungskammer im Elbe-Saale-Gebiet [Br13].

Literatur

- Ba13** Michael Balter, *Farming's Tangled European Roots*. *science* **342** (2013), 181–182.
- Br09** B. Bramanti et al., *Genetic Discontinuity Between Local Hunter-Gatherers and Central Europe's First Farmers*. *science* **326** (2009), 137–140.
- Br13** Guido Brandt et al., *Ancient DNA Reveals Key Stages in the Formation of Central European Mitochondrial Genetic Diversity*. *science* **342** (2013), 257–261.
- Bu07** J. Burger, M. Kirchner, B. Bramanti, W. Haak & M. G. Thomas, *Absence of the lactase-persistence-associated allele in early Neolithic Europeans*. *PNAS* **104** (2007), 3736–3741.
- Ca14** Dawei Cai, Yang Sun, Zhuowei Tang, Songmei Hu, Wenying Li, Xingbo Zhao, Hai Xiang & Hui Zhou, *The origins of Chinese domestic cattle as revealed by ancient DNA analysis*. *Journal of Archaeological Science* **41** (2014), 423–434.
- Ca96** L. Luca Cavalli-Sforza, *The spread of agriculture and nomadic pastoralism: insights from genetics, linguistics and archaeology*. In: David R. Harris (Hrsg.), *The Origins and Spread of Agriculture and Pastoralism in Eurasia*. (Washington 1996), 51–69.
- Ch02** Lounès Chikhi, Richard A. Nichols, Guido Barbujani & Mark A. Beaumont, *Y genetic data support the Neolithic demic diffusion model*. *PNAS* **99** (2002), 11008–11013.
- Gi08** M. Thomas P. Gilbert et al., *DNA from Pre-Clovis Human Coprolites in Oregon, North America*. *science* **320** (2008), 786–789.
- Ha10** Wolfgang Haak et al., *Ancient DNA from European Early Neolithic Farmers Reveals Their Near Eastern Affinities*. *PLoS Biology* **8** (2010), xi, e1000536.
- Je12** Dennis L. Jenkins et al., *Clovis Age Western Stemmed Projectile Points and Human Coprolites at the Paisley Caves*. *science* **337** (2012), 223–228.
- Ka04** Jocelyn Kaiser, *Ural Farmers Got Milk Gene First?* *science* **306** (2004), 1284–1285.
- Ki11** Karola Kirsanow & Joachim Burger, *Ancient human DNA*. *Annals of Anatomy* **194** (2011), 121–132. DOI:10.1016/j.aanat.2011.11.002.
- La05** Greger Larson et al., *Worldwide Phylogeography of Wild Boar Reveals Multiple Centers of Pig Domestication*. *science* **307** (2005), 1618–1621.
- La07** Greger Larson et al., *Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe*. *PNAS* **104** (2007), 15276–15281.
- La10** Greger Larson et al., *Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA*. *PNAS* **107** (2010), 7686–7691.
- La11a** Marie Lacan et al., *Ancient DNA reveals male diffusion through the Neolithic Mediterranean route*. *PNAS* **108** (2011), 9788–9791.
- La11b** Marie Lacan et al., *Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination*. *PNAS* **108** (2011), 18255–18259.
- Me14** Matthias Meyer et al., *A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos*. *nature* **505** (2014), 403–406.
- Pi12** Ron Pinhasi, Mark G. Thomas, Michael Hofreiter, Mathias Currat & Joachim Burger, *The genetic history of Europeans*. *Trends in Genetics* **28** (2012), 496–505.
- Ra11** Morten Rasmussen et al., *An Aboriginal Australian Genome Reveals Separate Human Dispersals into Asia*. *science* **334** (2011), 94–98.
- Ra14** Maanasa Raghavan et al., *Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans*. *nature* **505** (2014), 87–91.
- Si14** A. Sistiaga, F. Berna, R. Laursen & P. Goldberg, *Steroid biomarker analysis of a 14,000 years old putative human coprolite from Paisley Cave, Oregon*. *Journal of Archaeological Science* **41** (2014), 813–817.
- Sm09** Silvia E. Smith, M. Geoffrey Hayes, Graciela S. Cabana, Chad Huff, Joan Brenner Coltrain & Dennis H. O'Rourke, *Inferring Population Continuity Versus Replacement with aDNA, A Cautionary Tale from the Aleutian Islands*. *Human Biology* **81** (2009), 407–426.



Die Präsentation und Literatur liegen auf:
axel.berger-odenthal.de/work/Referat/