



Abb 1: Schädel-Knochen (Felsenbein) werden aus den losen Sammlungen menschlicher Skelett-Reste entnommen und einzeln für den Transport in das Labor verpackt. Foto © Stephan Schiffels.

Erkenntnisse zur frühmittelalterlichen Migrationsgeschichte Nordwesteuropas aus genetischen Analysen

Joscha Gretzinger und Stephan Schiffels
Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie,
Leipzig

Genetische Analysen menschlicher Überreste eröffnen neue Möglichkeiten, die menschliche Vergangenheit durch die Aufschlüsselung von Verwandtschaftsverhältnissen zu untersuchen. In den letzten Jahren sind die Labor- und genetischen Sequenzier-Verfahren soweit perfektioniert worden, dass wir heute routinemäßig nicht nur die rein mütterlicherseits vererbten Mitochondrien entschlüsseln, sondern auch komplette Genome aus der Kern-DNA längst verstorbener Individuen. Sol-

che kompletten Genome erlauben u.a. detaillierte Modellierungen vergangener Bewegungen von Bevölkerungsgruppen.

Ein Beispiel, welches wir in einem groß angelegten Projekt am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig derzeit untersuchen, betrifft das frühmittelalterliche Nordwest-Europa, wo es nach dem Ende des römischen Reiches zu umfassenden Veränderungen kam, wie insbesondere in England belegt durch Sprach- und Kulturwandel und mutmaßlich angetrieben durch Einwanderungen aus Gebieten die in den heutigen Niederlanden, Dänemark und Deutschland liegen. Für das Projekt untersuchen wir derzeit über 400 frühmittelalterliche Individuen aus England und Kontinentaleuropa. Die Proben, die uns das Landesmuseum Natur und Mensch für unser Projekt zur Verfügung gestellt hat (Abb. 1) stammen aus den drei großen niedersächsischen Gräberfeldern Drantum (Ldkr. Cloppenburg), Schortens und Zetel (Ldkr. Friesland), die jeweils über 500 Gräber enthielten, und zwischen 1957 und 1974 ausgegraben wurden.

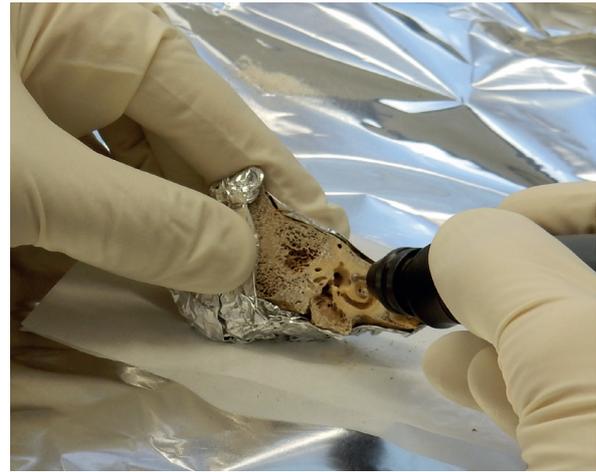


Abb 2: Felsenbeine werden im Reinraum zunächst aufgesägt (links) und dann aus dem inneren ca. 50 mg Knochenpulver entnommen (rechts). Fotos © Cosimo Posth.

Für die genetischen Analysen hat sich in den letzten Jahren vor allem das Felsenbein, ein Teil des Schläfenknochens etabliert, weil es zu den dichtesten Geweben des menschlichen Körpers gehört und sich dort DNA-Fragmente besonders lange intakt halten. Für die Analyse werden diese Felsenbeine zunächst aufgesägt, und dann aus der Mitte heraus eine kleine Menge Knochenpulver (ca. 50mg) entnommen (Abb. 2), welches schließlich in einer Reihe von weiteren molekularbiologischen Verfahren weiter behandelt wird (Abb. 3), so dass am Ende die Genome der verstorbenen Individuen rekonstruiert werden können.

Insgesamt wurden 24 Zähne und Knochen aus den drei Fundorten untersucht. Von 23 dieser Proben waren wir in der Lage, komplette Genome zu generieren. Diese helfen uns, die im frühmittelalterlichen Niedersachsen vorhandenen genetischen Herkunftsprofile zu rekonstruieren. Innerhalb der Archäogenetik ist das eine große Chance, einen Raum und eine Zeitperiode genetisch zu beleuchten, die bis heute kaum untersucht wurden. Vielmehr hat man sich bisher genetisch vor allem auf den Übergang vom Mesolithikum zum Neolithikum konzentriert, und sich mittlerweile mit bahnbrechenden Studien und Tausenden untersuchten Individuen bis etwa

Abb 3: Unser Laborpersonal trägt Ganzkörper-Anzüge, Handschuhe, Mundschutz und Schutzbrillen (links). Im Gegensatz zu normalen Sicherheitslaboren steht hier aber nicht der Schutz von Mitarbeitenden vor den Proben im Vordergrund, sondern umgekehrt der Schutz der Proben vor DNA des Personals. In einer Reihe von molekularbiologischen Schritten wird die im Knochenpulver enthaltene DNA extrahiert und enzymatisch behandelt (rechts), so dass die DNA-Fragmente von Sequenziermaschinen entschlüsselt werden können. Fotos © Christina Warinner (links) und Raphaela Stahl (rechts).



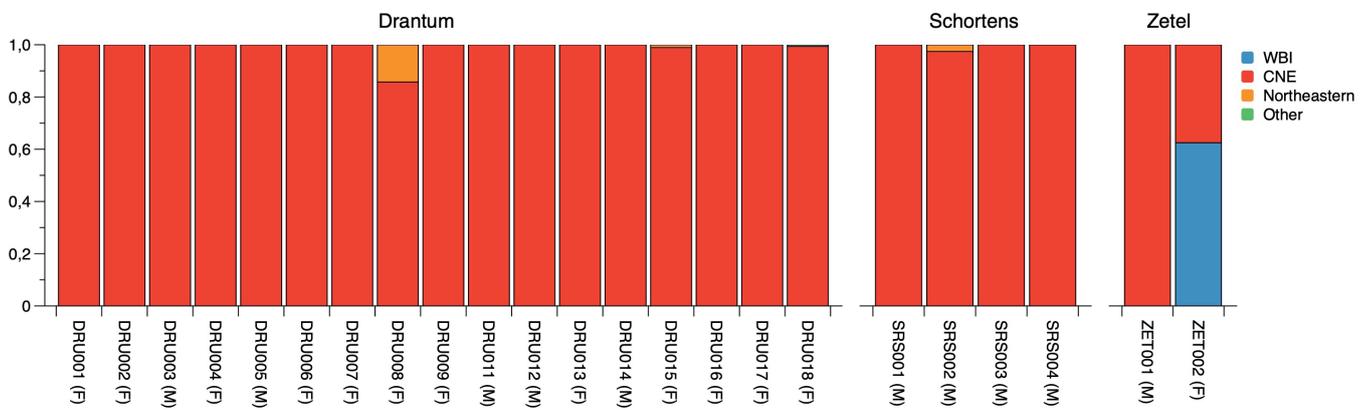


Abb. 4: Herkunftsanalyse der 23 Individuen aus Drantum, Schortens und Zetel, in Bezug auf relevante genetische Komponenten die zu dieser Zeit in Europa verbreitet waren (siehe Text). Das molekulare Geschlecht der Individuen ist hinter den IDs ebenfalls angegeben.

zur Bronzezeit vorgearbeitet. Das frühe Mittelalter hingegen ist bisher kaum Untersuchungsgegenstand archäogenetischer Publikationen gewesen. Das liegt unter anderem daran, dass große genetische Umwälzungen zu dieser Zeit scheinbar kaum mehr zu erwarten sind, liegen doch die genetischen Profile der bisher untersuchten Individuen aus dieser Zeitperiode genetisch vergleichbar "nah" an der heutigen Bevölkerung in diesen Regionen.

Im vorliegenden Projekt haben wir, um trotz der geringen genetischen Diversität innerhalb Nordwest-Europas systematische Unterschiede zu finden, den bisher größten Referenzdatensatz heutiger Europäer aus verschiedenen Publikationen der letzten Jahre zusammengestellt. Hiermit lassen sich die Herkunftsprofile der hier untersuchten frühmittelalterlichen Niedersachsen zuverlässig aufteilen in drei Komponenten: 1.) CNE (Continental Northern European): "Lokale" kontinentaleuropäische Herkunft, die im Frühmittelalter von England bis nach Dänemark verbreitet war, und auch heute noch die Mehrheitskomponente in diesen Regionen ist. 2.) WBI (Western British-Irish Isles): Herkunft, die vor dem Frühmittelalter die dominierende Komponente in ganz Britannien war, und heute noch in Schottland, Irland und Wales vorliegt. 3.) Northeastern, welche sowohl Skandinavien als auch Osteuropa (Polen) zusammenfasst.

Wie zu erwarten, sind die Individuen aus den drei Fundorten vornehmlich lokaler norddeutscher Herkunft, die sie übrigens mit zeitgleichen Funden von Dänemark bis nach Friesland teilen (hier nicht abgebildet). Im Gesamtprojekt dienen diese Individuen vor allem der Identifizierung und Quantifizierung frühmittelalterlicher Einwanderung nach England. Interessanterweise sehen wir aber z.B. in Zetel auch Evidenz für den umgekehrten Prozess: Hier sehen

wir klare Hinweise darauf, dass auch Menschen westlich-insularer Herkunft nach Niedersachsen gereist sein müssen. Zumindest ist sicher, dass das ZET002 offenbar mehr als die Hälfte ihrer Herkunft Verwandten aus Britannien verdankt. Diese Herkunft war vor der frühmittelalterlichen Besiedlung Englands durch Angeln, Sachsen und weitere Gruppen in ganz Britannien dominant. Während des Frühmittelalters gab es sie vor allem in Wales, Schottland und Irland. Aber auch nach Skandinavien oder Nordosteuropa weisen Verwandtschaftslinien hin, wie z.B. in DRU008 aus Drantum zu etwa 10% zu erkennen ist.

Über diese grundsätzlichen Herkunftslinien hinaus, ist es auch möglich, direkte Verwandtschaftsgrade zwischen Paaren der Individuen aus diesen drei Gräberfeldern nachzuweisen. In Drantum konnte aufgrund von DNA-Ähnlichkeiten eine Vater-Tochter Beziehung nachgewiesen werden (zwischen DRU014 und DRU006), sowie weitere Paare mit Verwandtschaftsgraden zweiten und dritten Grades (z.B. Cousin/Cousine), die insgesamt drei Verwandtschaftsgruppen, bzw. Großfamilien zugeordnet werden können. In Schortens sehen wir alle vier analysierten Individuen als miteinander direkt verwandt an.

Genetische Analysen, wie die hier vorgestellten aus Niedersachsen, ermöglichen zunehmend neue Erkenntnisse zu Verwandtschaft und Mobilität in der Menschheitsgeschichte, vor allem in Zeitperioden wichtiger kultureller Veränderungen, wie sie etwa in der Archäologie sichtbar gemacht werden können. In diesem Artikel wurden nur drei Fundorte vorgestellt, die aber gerade im Kontext des größeren Projektes wichtige Bausteine für die Rekonstruktion frühmittelalterlicher Migration in Europa liefern.