

***Fragen an die Genforschung - J. Udolph (Leipzig) im Gespräch mit M. Kayser (Rotterdam) und L. Roewer (Berlin)***

In: *Europa Vasconica - Europa Semitica? Kritische Beiträge zur Frage nach dem baskischen und semitischen Substrat in Europa*, Hamburg 2013, S. 361-386.

**1 Vorbemerkung von J. Udolph**

Th. Vennemann versucht im allgemeinen, seine Theorien in erster Linie aus sprachlicher Sicht zu begründen. Aber nicht zuletzt durch zwei Artikel in der Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft*<sup>1</sup> ist deutlich geworden, daß er Ergebnisse der Genforschung einbezieht und darin Stützen für seine Ansichten sieht.

Die Beiträger zu diesem Sammelband sind Laien auf dem Gebiet der Genforschung. Daher schien es dem Herausgeber notwendig, Fachleute dieses Wissenschaftszweiges nach ihrer Meinung zu befragen. Ich biete zunächst einen kurzen Überblick über Argumente der Genforschung, die Th. Vennemann in seinem Buch *Europa Vasconica – Europa Semitica* und gemeinsam mit E. Hamel und P. Forster in den schon genannten Beiträgen aus der Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft* (Ausgabe vom Mai 2002) zur Stütze seiner These einer vaskonischen Besiedlung Mitteleuropas angeführt hat. Im Anschluß daran stelle ich Fragen an zwei ausgewiesene Fachleute auf diesem Gebiet (Prof. Dr. Manfred Kayser, Rotterdam; Priv.-Doz. Dr. Lutz Roewer, Berlin).

---

<sup>1</sup> E. Hamel u. Th. Vennemann, Vaskonisch war die Ursprache des Kontinents, *Spektrum der Wissenschaft*, Ausgabe vom Mai 2002, S. 32-40; P. Forster, E. Hamel, Drei Viertel unserer Gene stammen von den Urbasken, in: *Spektrum der Wissenschaft*, Ausgabe Mai 2002, S. 41-44.

## 2. Genforschung und vaskonische Theorie

In dem Kapitel 14.3. *Anthropologische Anhaltspunkte* äußert Th. Vennemann unter anderem<sup>2</sup>: „Bei Cavalli-Sforza et al. (1994: 300) heißt es, die baskisch-kaukasischen Sprachen seien die ersten Europas, sie hätten bereits der späten Altsteinzeit angehört; der Kaukasus sei wahrscheinlich Rückzugsgebiet ... z.B. besteht kein Zweifel daran, daß Südwestfrankreich noch in der Römerzeit vaskonisch war, nämlich in dem Sinn, daß die römerzeitliche Sprache Aquitaniens das Baskische oder ein nah verwandter Dialekt auf einer älteren Sprachstufe war (Michelena 1954, Gorrochategui 1984, 1987). Cavalli-Sforza und Cavalli-Sforza (1995: Kap. 6) entwerfen Bilder der genetischen Landschaft Europas, die sich ohne weiteres so deuten lassen, daß eine alteuropäische Bevölkerung, deren genetische Kennzeichen | sich am dichtesten im heutigen Baskenland bewahrt haben und von dort aus nach auswärts immer geringer werden, durch eine von Südosten vordringende agrarische Bevölkerung überlagert wurde, durch eine Bevölkerung also, die ich 1988a mit den Indogermanen identifiziert habe. Diese genetischen Landkarten basieren auf Bündelungen genetischer Merkmale. Doch kann schon ein einziges Merkmal dasselbe Bild ergeben, wie die Autoren schreiben:

The highest concentration of Rh- [Rhesusfaktor negativ] is found among peoples of European origin. The average is about 10-15 percent; though in at least one European population it is higher – the Basques – where it can reach the 30 percent [128 mark. Rh- is rare among Africans, and absent among Asian and the Amerind ... A Basque hematologist, Michel Angelo Etcheverry, hat observed the high frequency of Rh- among the Basques, and had suggested that the Basques of today could be descendants of a proto-European people with a very high incidence of Rh- (perhaps even 100 percent), who inhabited Europe before the arrival of outside populations who were mainly or entirely Rh+. We now have other reasons to believe that this once revolutionary theory is in all likelihood correct (Cavalli-Sforza and Cavalli-Sforza 1995: 108-109).

In einer Anmerkung heißt es dazu bei Th. Vennemann<sup>3</sup>: „Eine sehr anschauliche Karte zu diesem Befund, die auf der Arbeit von Luigi Luca Cavalli-Sforza beruht, findet sich in *National Geographic* 186, no. 3 (September 1994). Sie zeigt die größte Konzentration (mehr als 25%) Rh- im Baskenland, die zweithöchste (20 bis 25%) in einem großen, das Baskenland einschließenden Gebiet, das ungefähr mit Krahes Alteuropäischer Hydronymie koextensiv ist, und noch geringere Prozentanteile außerhalb dieses Gebietes. Dieses Ergebnis deckt sich mit meiner Deutung der Alteuropäischen Hydronymie als vaskonisch ...“.

<sup>2</sup> Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 461f.

<sup>3</sup> Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 470f.

Unter Einbeziehung der Blutgruppenforschung führt er weiter aus<sup>4</sup>: „Die hier zusammengefaßte Theorieskizze verträgt sich aber auch gut mit der kleinräumigen Kartierung der Blutgruppenstruktur der registrierten Spender in Bayern<sup>5</sup>. Diese zeigt, daß südlich der Donau die Blutgruppe Null, nördlich der Donau die Blutgruppe A überwiegt. Ist dies bereits bemerkenswert, so sind die Details der Karte ein Grund zur Verwunderung: Überwiegt südlich der Donau die Blutgruppe Null sowieso, nimmt sie in den Alpentälern noch einmal deutlich zu; und nördlich der Donau, wo generell die Blutgruppe A überwiegt, verdichtet sich die Blutgruppe Null in den bergigen Regionen, z.B. der Rhön. Dies läßt sich m.E. nur so deuten, daß die Blutgruppe Null die der bayerischen Urbevölkerung ist, die durch Zuwanderer, die stets das beste Land für den Ackerbau suchten, überlagert wurde und in typischen Rückzugsgebieten ihre genetischen Merkmale am wenigsten vermischt bewahrte. – Null ist die dominante Blutgruppe des Baskenlandes“.

Dieses Thema wird später noch einmal aufgegriffen<sup>6</sup> und durch eine Kartierung der Blutgruppe Null in Europa (Abb. 1 [bei Vennemann Abb. 16, S. 850]) erläutert.

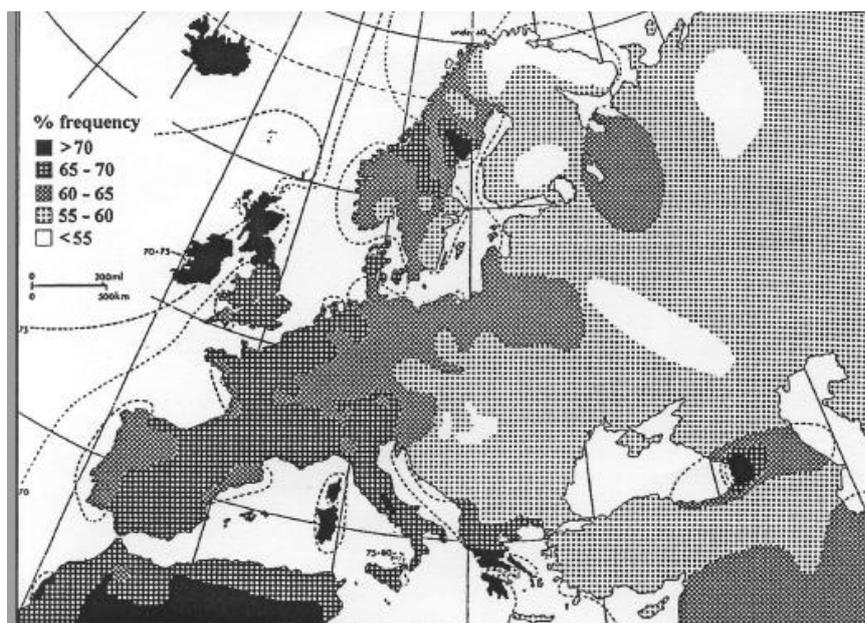


Abb. 1: Die Blutgruppe Null in Europa

In diesem Zusammenhang wird angeführt: „Die folgende Graphik, die die prozentuale Verteilung des Rhesusfaktors negativ (Rh minus) bildlich darstellt, sieht im getönten Teil aus wie eine Karte der alteuropäischen“ (siehe hier Abb. 2 [bei Vennemann Abb. 13, S. 847]).

<sup>4</sup> Ebda., S. 462.

<sup>5</sup> In einer Anmerkung wird erläutert, daß diese Kartierung auf auf Blutgruppendaten der Blutkonservensammelstelle in Nürnberg basiert.

<sup>6</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 850.

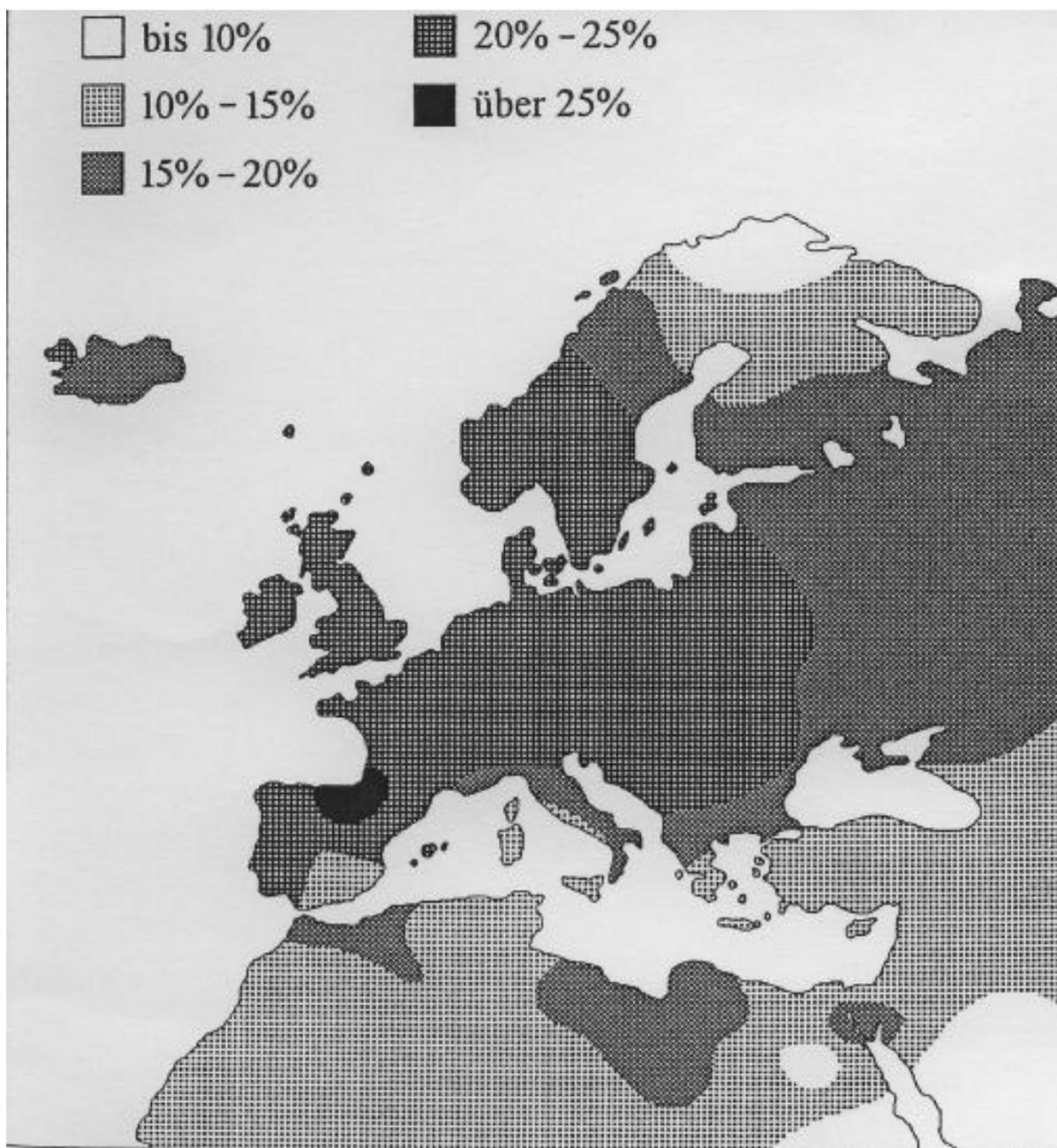


Abb. 2: Die prozentuale Verteilung von Rh- (Rhesusfaktor negativ)

Kap. 26.19 bei Th. Vennemann<sup>7</sup> handelt von der „vorgeschichtlichen Vaskonisierung Europas“. Demnach kann die linguistisch-vaskonische Expansion nach Europa kartographisch etwa wie folgt dargestellt werden (Abb. 3 [bei Vennemann Abb. 11, S. 845])<sup>8</sup>:

<sup>7</sup> Europa Vasconia, S. 845-849.

<sup>8</sup> Wobei diese Kartierung nach Vennemann, Europa Vasconica, S. 855 im Jahr 1996 unabhängig von Beobachtungen zur Genetik erstellt wurde.



Abb. 3: Die linguistisch-vaskonische Expansion nach der letzten Eiszeit

Diese Karte ist nach Th. Vennemann die Antwort auf die Frage, „wie denn ganz Europa nördlich der Gebirge einheitlich vaskonisch hat werden können“<sup>9</sup>, und der Grund ist seiner Ansicht nach ganz einfach: „Nach der letzten Eiszeit vor ca. zehntausend Jahren ist das menschenleere Europa nördlich der Gebirge von seiner südlichen Region aus in Besitz genommen worden. Diese war Südfrankreich, und Südfrankreich war vaskonisch, wie ja zum größten Teil sogar noch zur Römerzeit“<sup>10</sup>.

Damit deckt sich die „genetische Expansion der Vaskonen in Europa“ ist nach Th.

Vennemann von Genetikern wie folgt dargestellt worden, wobei er allerdings für diese Karte keine Quelle angibt (Abb. 4 [bei Vennemann Abb. 12, S. 846]; offensichtlich ein Versehen):

<sup>9</sup> Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 845.

<sup>10</sup> Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 846.

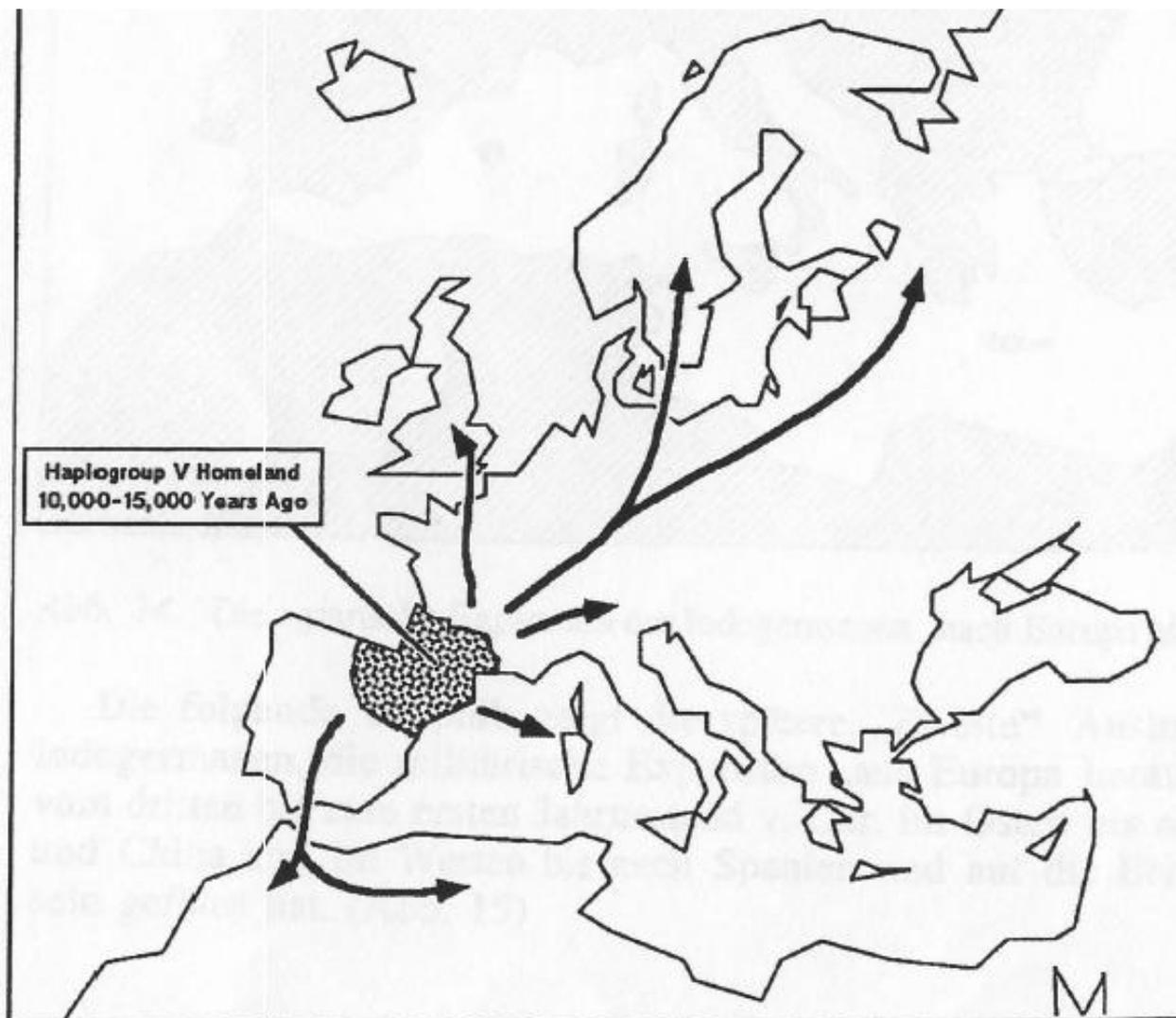


Abb. 4: Die genetische Expansion der Vaskonen in Europa

Ergänzend dazu führt er aus<sup>11</sup>: „Die Genetiker meinen inzwischen also auch, daß Europa vom Baskenland aus wiederbesiedelt wurde, daß die alten Vaskonen ihre Gene nach ganz Europa, sogar bis nach Lappland transportiert haben. Mir kann das natürlich nur recht sein“.

In diesem Zusammenhang wird noch einmal auf die prozentuale Verteilung des Rhesusfaktors negativ (Rh minus) zurückgegriffen (Kartierung siehe Abb. 2 [bei Vennemann Abb. 13, S. 847] und gefolgert<sup>12</sup>: Die sich durch den Rhesusfaktor negativ (Rh minus) abzeichnende Bevölkerung ist jedoch „tatsächlich ... die ... Bevölkerung nach ihrer Verdünnung durch die indogermanischen Ackerbauern dar“, die aus dem Südosten kommend, Europa erreicht haben und „die alten nacheiszeitlichen Vaskonen, graduell von Osten her indogermanisiert“ haben. Graphisch sieht das wie folgt aus (Abb. 5 [bei Vennemann Abb. 14, S. 848])<sup>13</sup>:

<sup>11</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 847.

<sup>12</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 851.

<sup>13</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 848.

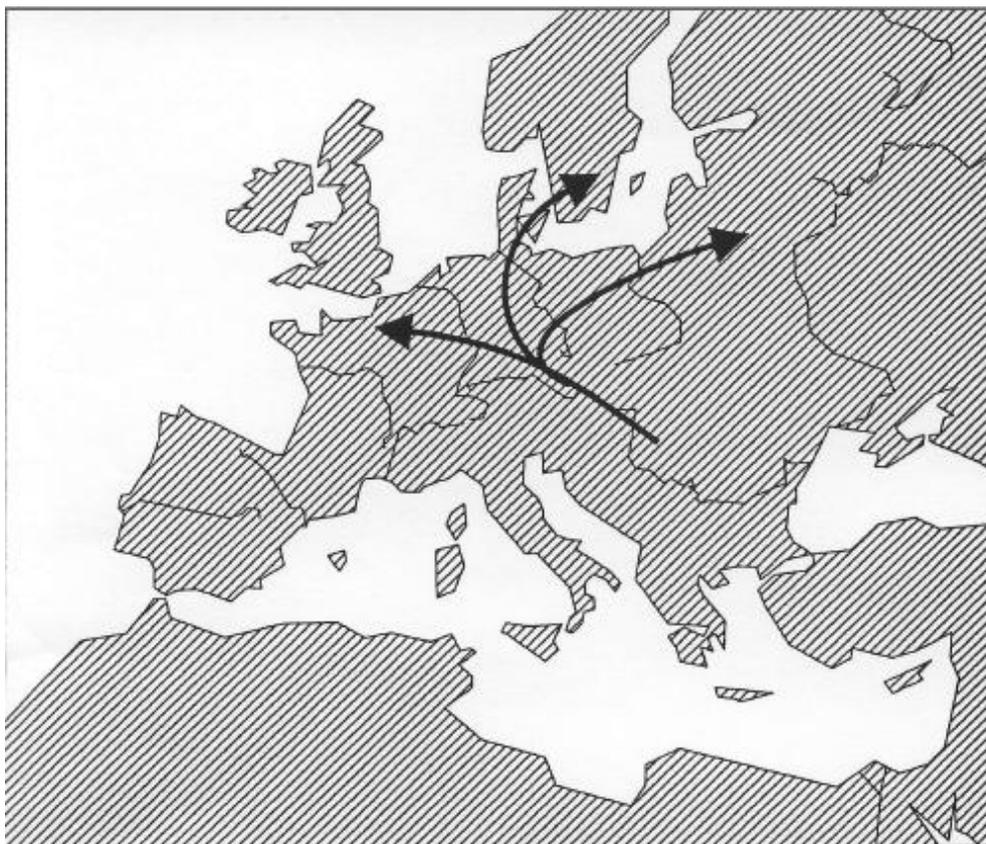


Abb. 5: Die agrarische Expansion der Indogermanen „nach Europa hinein“

Und erst im Anschluß daran sind Indogermanen expandiert<sup>14</sup> (Abb. 6 [bei Vennemann Abb. 15, S. 849]).

Wie schon erwähnt wurde, sind auch die beiden Artikel in der Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft* vom Mai 2002 für die Frage nach einer Verbindung von Genforschung und Namenanalysen und – verbreitung von Bedeutung. Aus dem Beitrag von P. Forster und E. Hamel<sup>15</sup> scheinen mir die folgenden Passagen beachtenswert und ich möchte sie den Fachleuten der Genforschung zur Begutachtung vorlegen. Mir besonders wichtig erscheinende Aussagen habe ich kursiv gesetzt.

„Zu den Wissenschaftlern verschiedener Disziplinen, welche die hier vorgestellten Studien über die europäische Besiedlungsgeschichte durchgeführt haben, gehören neben anderen

<sup>14</sup> Karte 15 bei Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 849.

<sup>15</sup> Drei Viertel unserer Gene stammen von den Urbasken, in: *Spektrum der Wissenschaft*, Ausgabe Mai 2002, S. 41-44.

Martin Richards von der Universität Huddersfield (England), Antonio Torroni von der Universität Pavia und Hans-Jürgen Bandelt von der Universität Hamburg. Für die hier angeführten Ergebnisse wurde Erbmateriale der Mitochondrien verglichen - Zellorganellen, die ein eigenes Genom getrennt von dem des Zellkerns besitzen und nur von der Mutter weitervererbt werden (während die Chromosomen im Zellkern teils von der Mutter, teils vom Vater stammen). *Diese Befunde von inzwischen über 10000 Europäern geben darum über die weiblichen Abstammungslinien Auskunft.*“

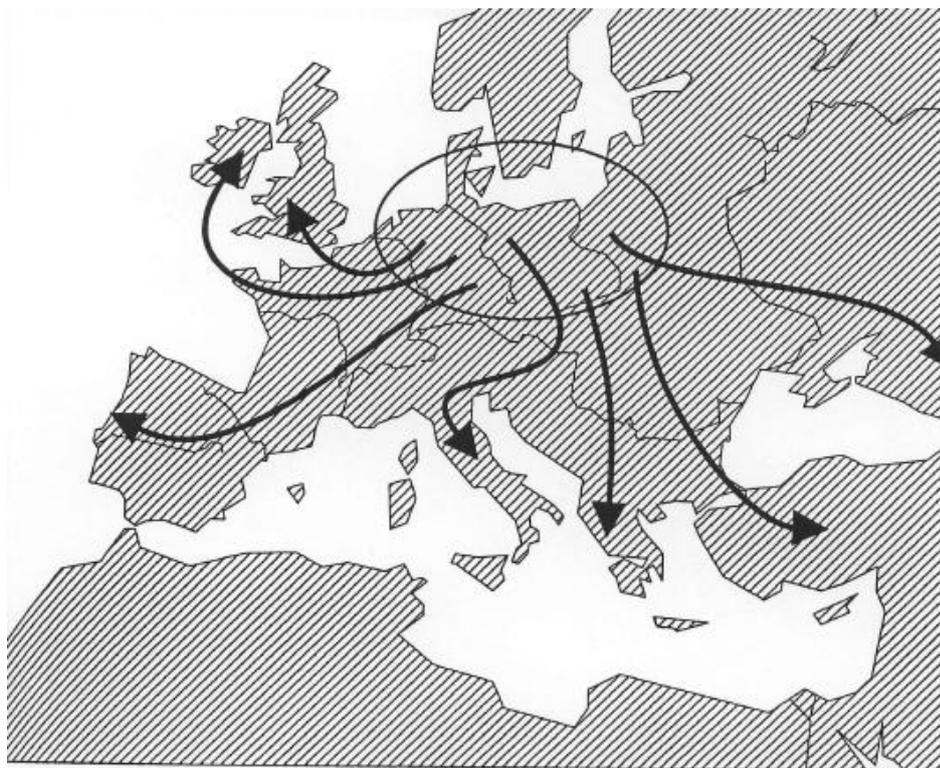


Abb. 6: Die militärische Expansionen der Indogermanen „aus Europa heraus“

Als wichtigstes Ergebnis stellen E. Hamel und P. Forster heraus: „Mindestens drei Viertel der heutigen Europäer stammt in weiblicher Linie direkt von Alteuropäern ab, die bereits vor dem Höhepunkt der letzten Vereisung - also vor über 20.000 Jahren - aus dem Nahen Osten kamen. Die ältesten europäischen Typen dürften nach unseren Daten vor 50.000-80.000 Jahren in Vorderasien entstanden sein. Es erweist sich klar, dass sie alle von Linien des modernen *Homo sapiens* abstammen, also nicht etwa auf Neandertaler zurückgehen“. Weiter heißt es: „Das eiszeitliche Maximum konnten die Europäer vermutlich nur in den wenigen klimatisch günstigeren Refugien überstehen, wovon die beiden wichtigsten in der

*Ukraine und in Südwesteuropa lagen. Wie wir zeigten, kamen die Populationen, die den Westen und Norden des Kontinents nach der Eiszeit wieder besiedelten - laut genetischer Datierung vor 10.000-15.000 Jahren - zu einem beträchtlichen Teil aus Südwesteuropa, denn die Basken und die übrigen Westeuropäer unterscheiden sich genetisch nur zu etwa 25 Prozent. Das bedeutet, völlig entgegen den bisherigen Vorstellungen, dass im Neolithikum neu zugewanderte Menschengruppen zur europäischen Bevölkerung nur relativ wenig beitrugen“.*

Besonders interessant erscheinen nach E. Hamel und P. Forster

„die Ergebnisse über zwei der genetischen Grundtypen des Mitochondrien-Genoms, die wir Version ‘H’ (oder Typ ‘H’) und Version ‘V’ (Typ ‘V’) nennen. ‘H’ könnte man der Einfachheit halber als ‘Hauptversion’ lesen, denn diesen Typ weisen rund 40 Prozent der Europäer auf. Es steht fest, dass dieser Typ schon während der letzten Eiszeit in Europa vorhanden war“.

Für unsere Frage von besonderer Bedeutung scheint mir die Aussage: *„Die Version "V" mag hier salopp für "Vaskonen" stehen. Sie gibt nämlich Hinweise auf die Expansion der Menschen nach der letzten Eiszeit aus dem eiszeitlichen Rückzugsgebiet in Nordspanien/Südfrankreich (wie einige andere Linien auch).“*

Zu dem Y-Chromosom meinen E. Hamel und P. Forster u.a., daß damit zusammen hängende Fragen erst weitere genetische Untersuchungen etwa über das Y-Chromosom werden klären können, „denn dieses rein männlich vererbte Chromosom könnte über die männlichen Abstammungslinien Auskunft geben. Eine neuere Studie am Y-Chromosom, die Ornella Semino von der Universität Pavia zusammen mit einem internationalen Team durchführte, liefert hierzu die ersten Schritte. In dieser Studie vermuteten die Forscher, dass ihre Befunde gut zu denen am Mitochondrien-Genom passen könnten: *Nur rund 20 Prozent der Y-Linien in Europa schienen erst in jüngerer Zeit auf dem Kontinent aufgetaucht zu sein. Auch dürfte eine Ausbreitungswelle von der Iberischen Halbinsel her gekommen sein. Allerdings ist die zeitliche Zuordnung dieser Daten noch unsicher“.*

Unter anderem wird dabei auf eine Studie von A. Torroni u.a. verwiesen<sup>16</sup>.

Als Ergebnis der – nur drei Seiten langen (!) – Studie von E. Hamel und P. Forster heißt es wenige Seiten später in dem Beitrag von E. Hamel u. Th. Vennemann<sup>17</sup>: „Viele Namen von Siedlungen, Flüssen, Bergen, Tälern und Landschaften in Europa dürften auf vorindogermanische Sprachen zurückgehen. Nach neueren Erkenntnissen finden sich dabei insbesondere Bezüge zur baskischen Sprache. Das spricht dafür, dass mit den heutigen Basken verwandte Völker einst beinahe ganz Europa bewohnten. Das waren eben die

<sup>16</sup> A Signal, from Human mtDNA, of Postglacial Recolonization in Europe. Von Antonio Torroni et al. in: The American Journal of Human Genetics, Bd. 69, S. 844, 2001.

<sup>17</sup> Vaskonisch war die Ursprache des Kontinents, in: Spektrum der Wissenschaft, Ausgabe vom Mai 2002, S. 32.

Vaskonen - nach der lateinischen Bezeichnung der Basken in der Antike. *Gleiches haben jetzt von den linguistischen Forschungen völlig unabhängige genetische Studien ergeben (siehe den Beitrag Seite 41). Danach sind die heutigen Basken keineswegs biologisch eine eigene, mit den übrigen Europäern wenig verwandte Randgruppe. Im Gegenteil: Ihr Erbgut findet sich in verblüffendem Grade in der gesamten europäischen Bevölkerung. Es ist kaum übertrieben zu sagen: Wir Europäer sind alle Basken“*,  
und an anderer Stelle:

*„Auf ganz andere Weise nähert sich die Genetik der Frage der nacheiszeitlichen Besiedlung Europas - und kommt zu verblüffend ähnlichen Schlussfolgerungen. Molekulargenetiker fanden Hinweise, dass der größte Teil der heutigen Europäer Vorfahren hat, die schon während der Eiszeit in Europa lebten. Die Forscher fanden auch, ähnlich wie auf Grund der sprachlichen Befunde schon früher vermutet, dass die Wiederbesiedlung des westlichen Europas nach der Eiszeit hauptsächlich von dem eiszeitlichen Refugium im Norden der iberischen Halbinsel und Südfrankreich ausging“.*

Es sind in erster Linie die Studien von P. Forster, auf die sich E. Hamel und Th. Vennemann sich stützen. Das wird auch aus einer Bemerkung von C. Renfrew deutlich<sup>18</sup>: „However Vennemann (1994) has recently suggested that the Old European hydronyms might represent an altogether pre-Indo-European linguistic stratum. Peter Forster (pers. comm.) has suggested to me that this might be correlated with the late palaeolithic population spread from southwestern to northern Europe now documented by DNA studies (Torrioni et al. 1998)“. Es handelt sich um den Beitrag von Torrioni, A., Bandelt, H.-J., D’Urbano, L., Lahermo, P. et al., *mtDNA analysis reveals a major late paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe*, in: *American Journal of Human Genetics*, 62, 1997, S. 1137-1152.

Soweit mein Bericht über Argumente aus Sicht der Genforschung. Wie schon oben bemerkt, scheint es mir sinnvoll, genetische Vorgehensweisen und Ergebnisse auch von Fachleuten kommentieren zu lassen. Ich habe von meiner Warte aus – also als Sprachwissenschaftlicher und Namenforscher – eine Reihe von Fragen, die ich ausgewiesenen Genetikern, die sich auch mit Fragen der Vor- und Frühgeschichte beschäftigen, vorgelegt haben und drucke diese und die erhaltenen Antworten im folgenden ab. Sie stammen von Manfred Kayser, Ph.D., Professor, Head, Department of Forensic Molecular Biology, Erasmus MC - University Medical Centre Rotterdam, sowie von Prof. Dr. Lutz Roewer, Institute of Legal Medicine, Medical Faculty (Charite) Berlin.

---

<sup>18</sup> In dem Beitrag *Time depth, convergence theory and innovation in Proto-Indo-European: 'Old Europe' as a PIE linguistic area*, *Journal of Indo-European Studies* 27, 1999, S. 257-93.

### 3. Fragen an Genetiker

**J.U.:** Wie steht man heute zu der Auffassung von L.L. Cavalli-Sforza (u.a.), „die baskisch-kaukasischen Sprachen seien die ersten Europas, sie hätten bereits der späten Altsteinzeit angehört; der Kaukasus sei wahrscheinlich Rückzugsgebiet“<sup>19</sup>?

**Antwort von MK (Manfred Kayser):** Diese Frage sollte ein Linguist und kein Genetiker beantworten. Meiner (limitierten) Kenntnis zufolge wird allgemein hin die Baskische Sprache nicht der Indo-Europäischen Sprachfamilie zugeordnet und als linguistisches Isolat ohne Verwandtschaft zu derzeit existierenden Sprachen betrachtet (siehe Ruhlen, M., *A guide to the world's languages*. Stanford University Press, 1991). Einige Linguisten klassifizieren die Baskische Sprache als prä-Indo-Germanisch und prä-Romanisch.

Demgegenüber gehören die heutzutage im Gebiet des Kaukasus verbreiteten Sprachen zu vier großen Sprachfamilien: Indo-Europäisch, Altaisch, Nord- und Südkaukasisch, wobei es unterschiedliche Auffassungen über deren Ursprung gibt. Renfrew erachtet die nord- und südkaukasischen Sprachfamilien als Relikt einer sehr frühen Besiedlung des Kaukasus (vor >15.000 Jahren), wogegen er die armenischen (Indo-Europäisch) und aserbajdschanischen Sprachen (Altaisch) weitaus jüngeren Einflüssen zuordnet (Renfrew, C., *Archaeology, genetics and linguistic diversity*, in: *Man* 27, 445-478, 1992). Demgegenüber erachtet Nichols die südkaukasischen Sprachen als eine jüngere Einwanderung, sieht aber die armenischen Sprachen als Relikt einer früher weiter verbreiteten Sprache an (Nichols, J., *The epicentre of the Indo-European linguistic spread*. In: *Archaeology and language*, ed. R. Blench & M. Spriggs, S. 122-148, London, Routledge, 1997).

Ein verwandtschaftlicher Zusammenhang zwischen baskischen Sprachen und den Sprachen der Kaukasus-Region wird heutzutage von den meisten Linguisten nicht gesehen – eine Ansicht, die im Übrigen auch von den genetischen Daten gestützt wird (z.B. Bertorelle, G. et al., *Do Basque- and Caucasian-speaking populations share a non-Indo-European ancestor?* *European Journal of Human Genetics* 3(4), 256-263, 1995).

**Antwort von LR (Lutz Roewer)**

**L.R.:** Dazu kann ich mich nicht äußern, Linguistik liegt außerhalb meines Fachgebiets.

---

<sup>19</sup> Vennemann, *Europa Vasconica*, S. 461.

**JU:** Stimmt es, daß die genetischen Kennzeichen einer alteuropäischen Bevölkerung „sich am dichtesten im heutigen Baskenland bewahrt haben“<sup>20</sup>?

**MK:** Diese Frage ist in ihrer Absolutheit schwer zu beantworten. Tatsache ist, dass einige genetische Marker (z.B. auf dem väterlich-vererbten Y-Chromosom), welchen von einigen (jedoch nicht von anderen) Genetikern ein Ursprung in einer alteuropäischen Bevölkerung (Paläolithikum) zugeordnet wird, eine große Häufigkeit in den heutigen Basken haben (z.B. Haplogruppe R1\*: 80-90%). Gleichzeitig jedoch sind diese Marker auch in anderen nicht-baskischen Bevölkerungsgruppen der Iberischen Halbinsel häufig, wenn auch in etwas geringerer Frequenz (R1\*: 60-80%) und nehmen in ihrer Frequenz in Richtung Ost-/Südosteuropa stark ab. Einige Wissenschaftler interpretieren diese Beobachtungen als Ausbreitung einer alteuropäischen Bevölkerung nach der letzten Eiszeit und ausgehend von einem angenommenen Rückzugsgebiet auf der Iberischen Halbinsel (Semino et al., The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective, in: Science, 290: S. 1155-1159, 2000). Ob dabei das Baskenland eine besondere Stellung eingenommen hat, ist fraglich. Die große Häufigkeit dieser Marker bei den Basken wird heutzutage von vielen Genetikern als Folge von Isolation und genetischer Drift (zufälliger Veränderung von Häufigkeiten genetischer Marker) angesehen, welche in kleinen und relativ isolierten Bevölkerungen, wie z.B. den Basken, sehr starke Auswirkungen auf die genetische Diversität und deren Veränderung haben kann. Es muss auch kritisch angemerkt werden, dass die Berechnung des zeitlichen Ursprungs von genetischen Markern (z.B. Paläolithikum) eine große Unsicherheitsspanne beinhaltet und die oft praktizierte Gleichsetzung von Alter des genetischen Markers mit Alter der entsprechenden Bevölkerung eine grobe, wenn nicht sogar fehlerhafte Vereinfachung darstellt. Barbujani hat dieses Dilemma am Beispiel einer (hypothetischen) menschlichen Besiedlung des Mars demonstriert: Würden Europäer heutzutage den Mars besiedeln, so würde eine genetische Altersabschätzung dieser Marsbewohner einen größtenteils paläolithischen Ursprung ergeben, jedoch sagt dies nichts über den (heutigen) Zeitpunkt der Marsbesiedlung aus (Barbujani et al., Evidence for Palaeolithic and Neolithic gene flow in Europe, in: American Journal of Human Genetics 62, 488-491, 1998).

**LR:** Zur Vorrede: Grundsätzlich muß man zwischen dem Fluß von Genvarianten in Raum und Zeit und ihren Trägern unterscheiden, zusammenführen lässt sich beides nur in Modellen, die eine Vielzahl von teils nicht überprüfbaren Annahmen machen. Bei allen genetischen Analysen und Modellen ist weiterhin zu bedenken, dass jeder genetische

---

<sup>20</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 461f.

Sequenzpolymorphismus (=variabler Ort der DNA) eine andere Geschichte erzählt und daher eine andere Verteilung in Raum/Zeit seiner Population hat. Kategorien dieser „Geschichte“ heißen nicht „Reform“ oder „Revolution“ sondern „Selektion“, „Drift“ oder „Mutation“, Mechanismen die zwischen der Generation  $t$  und der Generation  $t+1$ ,  $t+2$  etc. ablaufen und jeden Marker und seine Population anders treffen können. Bezogen auf die sehr populären linear vererbten Marker (Y und mitochondriale DNA) ist wichtig zu verstehen, dass wir nur einen Bruchteil der vererbten genetischen Information/Varianten in solchen Markern finden. Geht man nur 10 Generationen zurück existieren schon 1024 Vorfahren für jeden von uns, nur 1 von 1024 davon ist bspw. der Überträger des Y-Chromosoms. Dieselbe Einschränkung gilt für die maternal-linear vererbte mitochondriale DNA.

Viele Linien ohne Nachkommen sind zudem ausgestorben und man kann Geschichte nur noch anhand der überlebten Linien rekonstruieren. Das führt mit Sicherheit zum Ausschluß und zur Nichtwahrnehmung alternativer und paralleler Szenarien.

Drittens bestehen gewaltige Probleme mit der Datierung anhand der molekularen Uhr, die wiederum für jeden Marker anders geeicht ist und zwar anhand der Mutationsraten. Wir haben eine der größten Studien zu Mutationsraten von Y-Chromosomen durchgeführt (Kayser M. Roewer L. et al. Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father / son pairs. *Am J Hum Genet* 66, 1580-1588), und haben sie für einige populäre Marker relativ genau bestimmt. Dennoch ergeben sich Konfidenzintervalle von vielen Generationen bzw. vielen tausend Jahren, wenn man versucht, das Auftreten einer bestimmten Mutation, die z.B. mit einer bestimmten Expansion einhergehen könnte zu datieren.

Im Detail: ob „die Basken“ eine genetisch ältere europäische Bevölkerung als z.B. „die Spanier“ oder „die Franzosen“ sind lässt sich aus der Genetik allein nicht beweisen. Die baskische Bevölkerung könnte aufgrund der Sprache und der Geographie (ev. der Kultur/Politik) eine Population eingeschränkter genet. Variabilität darstellen, in der Patrilokalität der Clangruppen in besonderem Maße herrschte, d.h. eine Ansiedlung der Söhne erfolgt vorzugsweise in der Nähe der Wohnstätten der Väter, genet. Influx von Außen war reduziert. Dies würde zu einer Häufung von identischen z.B. Y-chromosomalen Merkmalen in einem beschränkten Gebiet führen. Tatsächlich gibt es aber trotz dieser Effekte von Endogamie und Patrilokalität eine große Ähnlichkeit der Y-chromosomalen Merkmale mit den anderen Populationen Spaniens und Westeuropa. Es gibt Y-chromosomal keinen Gradienten der vom Baskenland ausgeht, sondern nur einen Gradient einer mitochondrialen Linie ausgehend von der Iberischen Halbinsel. Bitte lesen Sie die Ausführungen dazu nach in „Human Evolutionary Genetics“ Kasten S. 315, The Basques: A Paleolithic relic in Europe ? (pdf des Kapitels im Anhang).

**JU:** Ist die Beschreibung des Verbreitung des Rh- [Rhesusfaktor negativ] bei Th. Vennemann (etwa S. 462f.) mit Karte 13 (s. oben) korrekt und kann man dem zustimmen, daß dieser Bluttyp „die größte Konzentration (mehr als 25%) Rh- im Baskenland, die zweithöchste (20 bis 25%) in einem großen, das Baskenland einschließenden Gebiet“ besitzt<sup>21</sup>? Kann man aus dieser Verbreitung auch auf Expansionen oder Ausbreitungen schließen?

**MK:** Wie bereits gesagt: eine große Häufigkeit eines (neutralen) genetischen Markers in einem geographischen Gebiet kann durchaus die Folge der ursprünglichen „Entstehung“ (Neumutation) dieses Markers in dieser Region sein, und eine geringere Häufigkeit in einer anderen Region die Folge von Ausbreitung aus ersterer Region, muss aber nicht. Insbesondere in kleinen und relativ isolierten Bevölkerungen (wie z.B. den Basken) ist durchaus zu erwarten, dass Markerhäufigkeiten sehr stark von genetischer Drift beeinflusst werden. Auch Bevölkerungsexpansionen können zu einer Verschiebung von Häufigkeiten führen, sowie

---

<sup>21</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 470.

bestimmte Fortpflanzungspraktiken, und auch zu großen Häufigkeiten ohne einen zugrunde liegenden regionalen Markerursprung. Hinzukommt, daß es problematisch ist, genetische Marker, welche eine biochemische Funktion haben, die in Wechselwirkung mit der Umwelt steht, wie es z.B. für Blutgruppenmarker nicht ausgeschlossen werden kann und z.T. bereits bekannt ist, für populationshistorische Fragestellungen zu benutzen. Dann kann dieses, eine beobachtete Häufigkeit, bei derartigen Markern Folge einer Umweltpassung durch natürliche Selektion sein und besitzt dann keine oder nur eine stark verminderte Aussagekraft bezüglich der Bevölkerungsgeschichte. Insofern wird heutzutage genetischen Studien unter Verwendung von neutralen genetischen Markern mehr vertraut als solchen, die auf potentiell nicht-neutralen Markern (wie Rhesus Faktor) beruhen. Ein Einfluss von (negativer) natürlicher Selektion, hervorgerufen durch den Rhesus Faktor (Rh negativ) ist jeder Mutter eines zweiten Kindes bei vorliegender Rhesus-Faktor-Unverträglichkeit zwischen Mutter und ungeborenem Kind bekannt, und kann u.U. zur Gesundheitseinschränkung und zum Tod des Kindes führen.

**LR:** Die Karte könnte zurückgehen auf Mourant AE et al. (1976) *The distribution of the Human Blood Groups and Other Polymorphisms*. Oxford University Press, London und beschreibt die hohe Frequenz von Rh - , die bereits seit den vierziger Jahren bekannt ist, richtig. Verschieden Ursachen können für die Fixierung des einen (und Eliminierung eines anderen) Erbmerkmals verantwortl. sein: zuvörderst genetische Drift, besonders in kleine Populationen, Gründer-Effekte, Bottlenecks (Reduzierung genetischer Variabilität durch Eliminierung eines Bevölkerungsanteils und anschließende Expansion der Restbevölkerung, z. B. infolge von Krieg oder Hungersnot).

**JU:** Kann man aus der Verbreitung der Blutgruppe Null auf Zentren und sekundär erreichte Gebiete schließen?

**MK:** Die kurze Antwort heißt: nur bedingt, mit einem Verweis auf die vorige Antwort (Problem der Interpretation von Häufigkeiten nicht-neutraler Marker).

**LK:** Grundsätzlich lassen sich Wanderungen besser mit dem genealogischen Ansatz (unter Verwendung nichtrekombinierende Marker wie Y und mitochondrialer DNA) unter Verwendung der Koaleszenz-Theorie (Rückschluß auf einen Most Recent Common Ancestor) erschließen, als mit einem Allelfrequenz-basierten Ansatz rekombinierender Marker (alle klassischen Systeme inkl. ABO), aus deren Häufigkeiten sich keine Chronologie der Ereignisse ablesen lässt. Insofern lautet die Antwort nein.

Basierend auf der Analyse nicht-rekombinierender Marker, deren Varianten sich in einem evolutionären Stammbaum festen Zweigen (Haplogruppen) zuordnen lassen, wurde für Europa ein Modell der Besiedelung (Zeitraum von vor ca. 45.000 Jahre bis 5000 Jahren) aus mehreren Richtungen in mehreren Wellen u.a. aus dem sibirischen Osten, dem Nahen Osten, vom Balkan, aus der Apenninen- und der Iberischen Halbinsel (s. Human Evolutionary Genetics, Kapitel 10, s. Anhang) postuliert. Die Haplogruppenverteilung (Phylogeographie) erlaubt durchaus auch eine Modellierung der Zeitachse des Y- oder mt-Stammbaumes, denn jede neue Mutation, die zu einem vorhandenen Satz von Mutationen dazukommt muß jüngeren Datums erworben sein. Insofern lässt sich anhand der Zahl der Mutationen auf einem klonal (nicht-rekombinant) vererbten Marker wie Y und mt eine molekulare Uhr eichen und primäre von sekundären Besiedelungen unterscheiden.

**JU:** Seit wann gibt es Blutgruppenunterschiede und kann man diese mit dem Baskischen oder einer anderen europäischen Bevölkerung in Verbindung bringen?

**MK:** Die Antwort hängt sehr davon ab, um welche Blutgruppenunterschiede es sich handelt. Einige Blutgruppenmarker (z.B. das ABO System) haben ihren Ursprung sehr früh in der menschlichen Evolutionsgeschichte, womöglich vor mehreren Millionen Jahren. Andere Blutgruppenmarker sind sicherlich weitaus jüngeren Ursprungs und verbreiteten sich als Folge der genetischen Anpassung des Menschen an die ihn umgebenden Umweltfaktoren wie z.B. Resistenzen gegenüber Infektionskrankheiten. Aufgrund der möglichen und zum Teil bereits bekannten Umweltanpassungen, die über Blutgruppenmerkmale vermittelt werden, erachte ich die Verwendung dieser Marker zur Beantwortung bevölkerungshistorische Fragestellungen als durchaus kritisch. Zum Beispiel ist bekannt, dass bestimmte Blutgruppenmerkmale (z.B. Duffy) bei Resistenzen gegenüber Infektionskrankheiten (z.B. Malaria) in bestimmten geographischen Regionen (z.B. Afrika) eine Rolle spielen. Die Häufigkeitsverteilung dieser Blutgruppenmarker entspricht dann der Verteilung des Krankheitserregers (z.B. Plasmodium) bzw. seines Vektors (z.B. Anopheles), mitnichten

jedoch der Migrationsgeschichte der entsprechenden Bevölkerungen.

**LR:** Natürlich gab es schon vor der Besiedelung Europas durch den modernen Menschen Blutgruppenunterschiede, die letzten 45.000 Jahre sind eine evolutionär kaum nachweisbare Zeiteinheit. Häufungen können durch Selektion (Blutgruppen unterliegen anders als neutrale Polymorphismen auf Y und mt der Selektion) und Drift sowie weitere Mechanismen (s.o.) entstehen.

**JU:** Man darf sich auch als Laie vorstellen, daß in die von Eis langsam frei werdenden Gebiete eine Bevölkerung aus Süden, grob gesprochen: aus dem Mittelmeergebiet, eingewandert ist. Gibt es dazu aus genetischer Sicht sichere Erkenntnisse?

**MK:** Theoretisch würde man bei einer Zurückweichung des Eises in Süd-Nord-Richtung und einer damit in direktem Zusammenhang stehenden Besiedlung von Süden nach Norden auch eine graduelle Verteilung genetischer Diversität in Süd-Nord-Richtung erwarten. Eine Verteilung in strikter Süd-Nord-Richtung ist bisher für keinen genetischen Marker beschrieben. Allerdings hängt eine derartige Besiedlung neben der Richtung des zurückweichenden Eises auch von der geographischen Lage der Einwanderungsgebiete ab. In der Tat gibt es z.B. Y-chromosomale Marker (nicht jedoch mitochondriale Marker), welche ein klar ersichtliches und statistisch abgesichertes graduelle Verteilungsmuster in Europa, und zwar in Südost-Nordwest Richtung zeigen, also eine große Häufigkeit im Südosten Europas/Mittlerer Osten und eine abnehmende Häufigkeit nach Nordwesteuropa (Haplogruppen E3b\*, F\*, G and J2) (Semino et al. 2000). Ähnliche graduelle Verteilungen zeigen sich auch in der statistischen Auswertung von Häufigkeiten klassischer Marker (Blutgruppenmarker). Einige Genetiker interpretieren diese Beobachtungen als Beweis für die Einwanderung von Bevölkerungen im Neolithikum aus dem Mittleren Osten und zwar für solche, die Ackerbau und Viehzucht mit sich brachten und in Europa einführten (demic diffusion model). Allerdings ist, wie bereits ausgeführt wurde, sowohl die Datierung genetischer Marker als auch die Gleichsetzung des Alters von genetischen Markern mit dem

Alter von Bevölkerungen kritisch zu beurteilen. Weiterhin ist anzumerken, dass es auch (andere) Marker gibt, deren graduelle Häufigkeitsverteilungen in andere Richtungen zeigen und die somit auf weitere Einwanderungswellen aus anderen Gebieten und zu anderen Zeiten hindeuten (siehe unten).

**LR:** Siehe Abbildung aus Human Evolutionary Genetics al PP Graphik im Anhang. Diese postglaziale Einwanderung in entleerte Regionen Nordeuropas erscheint so logisch, dass die Genetik nicht umhin kam, sie z.T. nachzuweisen. Viel spricht aus Y-chromsomalere Sicht dafür, dass es Refugia auf dem Balkan und auf der Iberischen Halbinsel gab. Allerdings lassen sich die vielfältigen Einfallstore, die unterschiedlichen Zeitfenster und die Völker als Träger der Erbinformation nicht identifizieren, das sind heutige Zuschreibungen und Wunschvorstellungen. Man spricht deshalb in der Fachliteratur nie von „Basken“ oder „Kroaten“ (außer von manchen Autoren aus den betreffenden Gebieten) die gewandert sind, sondern von einem „Signal“ für eine Expansion ausgehend vom Balkan oder aus Iberien oder aus dem Kurgan-Becken.

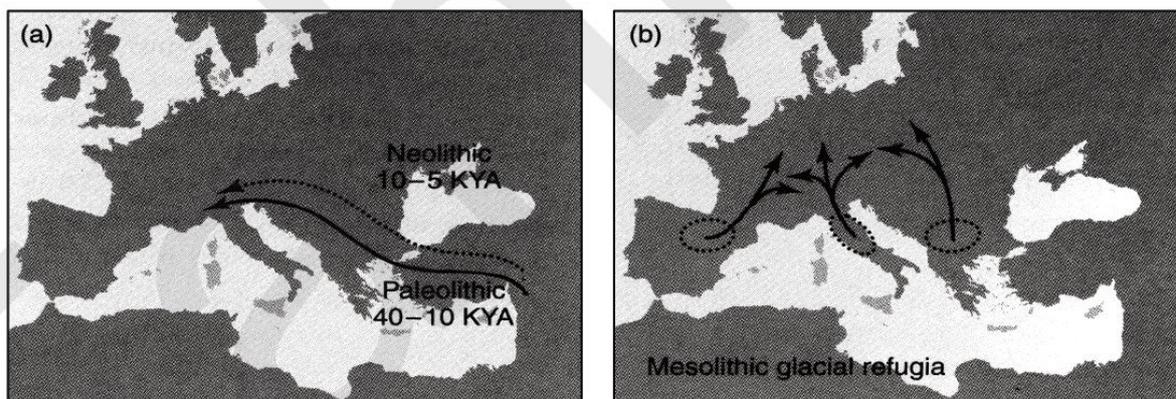


Abb. 7: Prähistorische Migrationen nach und in Europa

**JU:** Worauf basiert Abb. 12 bei Vennemann, Europa Vasconica (S. 846, s. oben)? Kann die Genetik dem zustimmen, daß die Besiedlung Mitteleuropas allein aus dem Südwesten erfolgt ist?

**MK:** Dieser Abbildung liegen Häufigkeitsverteilungen der mitochondrialen Haplogruppe V, ihre genetische Datierung sowie eine Analyse der mit der Haplogruppe V assoziierten mtDNA Diversität zu Grunde, sowie Abstraktionen. Sie ist augenscheinlich der Publikation Torroni et al., mtDNA analysis reveals a major late paleolithic population expansion from

Southwestern to Northeastern Europe, in: *American Journal of Human Genetics*, 62:1137-1152, 1998 entnommen, jedoch ist in diesem Artikel ein Terminus „Vaskonisch“ oder „Baskisch“ nicht erwähnt. Dazu muss gesagt werden, dass die bisherigen genetischen Daten einen Ursprung der Haplogruppe V in der Iberischen Halbinsel nahe legen, nicht jedoch explizit im Baskenland (z.B. Torroni et al., 1998). Eine Assoziierung der Ausbreitung dieses genetischen Markers mit der Ausbreitung der Basken/Vaskonen, wie es die Abbildung vermittelt, ist spekulativ.

Darüber hinaus sprechen die Ergebnisse genetischer Analysen von Knochenfunden aus dem Baskenland nicht für einen Ursprung der Haplogruppe V bei den Basken. Knochen aus prähistorischen Zeiten (3400-5000 BP) und von verschiedenen Fundstellen im Baskenland zeigten kein Vorhandensein der Haplogruppe V (Izagirre and de la Rúa, *An mtDNA analysis in ancient Basque populations: implications for haplogroup V as a marker for a major palaeolithic expansion from Southwestern Europe*, in: *American Journal of Human Genetics* 65, 199-207). Auch wurde die Haplogruppe V aus historischen Knochenfunden von Aldaita (Baskenland), datiert auf das 6.-7. Jahrhundert AD, bei nur einem von 65 Individuen nachgewiesen (Alzualde et al., *Insights into the „isolation“ of the Basques: mtDNA lineages from the historical site of Aldaieta (6th-7th centuries A)*, in: *American Journal of Physical Anthropology*, 2006). Zwar besitzt dieser Marker eine Häufigkeit von 10-20% bei den heutigen Basken (Torroni et al. 1998, Bertranpetit et al., *Human mitochondrial DNA variation and the origin of Basques*, in: *Annals of Human Genetics* 59, 63-81, 1995), aber aufgrund der Ergebnisse der Knochenanalysen ist zweifelhaft, dass die heutzutage beobachtete Häufigkeit der Haplogruppe V bei den Basken Rückschlüsse auf die ursprüngliche Ausbreitung von Individuen/Bevölkerungen mit der Haplogruppe V zulassen. Auch gilt es zu betonen, dass sowohl die Haplogruppe V wie auch andere mitochondriale Haplogruppen keine graduelle Verteilung innerhalb Europas zeigen (wie sie z.B. Y-chromosomale Marker besitzen), die detaillierte Rückschlüsse auf Bevölkerungsausbreitungen erlauben, sondern eine relativ gleichmäßige Häufigkeitsverteilung in Europa. Haplogruppe V zeigt im Übrigen eine grössere Häufigkeit als bei den Basken bei anderen Bevölkerungen der Iberischen Halbinsel (z.B. Katalanen: 27%, nach Torroni et al. 1998) sowie bei den Finischen Saamen (41%, nach

Torrioni et al. 1998), wobei weitergehende genetische Analysen zeigten, dass trotz der großen Häufigkeit der genetische Ursprung der Haplogruppe V nicht in Nordfinnland, sondern auf der Iberischen Halbinsel liegt.

Eine Besiedlung Mitteleuropas allein aus dem Südwesten steht jedoch nicht im Einklang mit den genetischen Daten (siehe unten), sondern spiegelt nur einen Teil der genetischen Befunde wider.

**LR:** Natürlich nicht, siehe oben.

**JU:** Wie steht man zu der Aussage<sup>22</sup>: „Die Genetiker meinen inzwischen also auch, daß Europa vom Baskenland aus wiederbesiedelt wurde, daß die 24 alten Vaskonen ihre Gene nach ganz Europa, sogar bis nach Lappland transportiert haben“.

**MK:** Viele Genetiker werden einer solchen Aussage nicht zustimmen. Zwar gibt es – wie bereits ausgeführt - genetische Anhaltspunkte für eine oder mehrere Besiedlungswelle(n) ausgehend von der Iberischen Halbinsel, womöglich als Folge eiszeitlicher Rückzugsgebiete, dass sich dies jedoch auf das Baskenland beschränkt, ist spekulativ. Neue genetische Befunde zeigen, dass basierend auf Y-chromosomalen Markern die Basken weder die einzige noch eine repräsentative Bevölkerung darstellt, welche heutzutage den alteuropäischen Genpool widerspiegelt (Alonso et al., The place of the Basques in the European Y-chromosome diversity landscape. European Journal of Human Genetics 13, 1293-1302, 2005).

**LR:** Wohl kein Populationsgenetiker würde sich im Ernst so äußern, es sei denn er möchte sein paper populär (oder unpopulär ?) machen.

**JU:** Wie stehen Sie zu der Äußerung: „Wie wir zeigten, kamen die Populationen, die den Westen und Norden des Kontinents nach der Eiszeit wieder besiedelten - laut genetischer Datierung vor 10.000-15.000 Jahren - zu einem beträchtlichen Teil aus Südwesteuropa, *denn die Basken und die übrigen Westeuropäer unterscheiden sich genetisch nur zu etwa 25 Prozent*“? Kamen die Zuwanderer nur aus Südwesteuropa?

**MK:** Neben den genannten graduellen Häufigkeitsverteilungen in Südwest-Ost-Richtung, insbesondere bekannt für Y-chromosomale Marker (Haplogruppe R1a\*) und als Ergebnis einer möglicherweise postglazialen Ausbreitung von der Iberischen Halbinsel, gibt es weitere

---

<sup>22</sup> Vennemann, Europa Vasconica, S. 470.

Y-chromosomale Marker mit statistisch abgesicherter gradueller Häufigkeitsverteilung innerhalb Europas, jedoch in unterschiedlichen Richtungen, die auf unterschiedliche Einwanderungswellen hindeuten. Dazu gehören die bereits erwähnten Marker, welche eine graduelle Häufigkeitsverringerung von Südost- nach Nordwesteuropa zeigen, als Folge einer möglicherweise neolithischen Einwanderung von Ackerbauern und Viehzüchtern aus dem Mittleren Osten (Haplogruppen E3b\*, F\*, G and J2). Auch gibt es einen Y-chromosomalen Marker (Haplogruppe R1a1), welcher von einigen Genetikern mit einer frühen postglazialen Besiedlung Europas assoziiert wird, ausgehend von einem weiteren putativen paläolithischen Rückzugsgebiet, der Region der heutigen Ukraine. Dieser Marker zeigt eine Verteilung, welche graduell von Nordost- nach Südwesteuropa abnimmt. Darüber hinaus gibt es andere Marker, welche auf Besiedlungen aus Nordosteuropa (Haplogruppe N3), wieder andere aus der Balkanregion (Haplogruppe I1b) hinweisen. Insofern lassen die genetischen Daten eine Reihe von Einwanderungswellen aus verschiedenen Richtungen nach Europa vermuten. Kritisch muss man anmerken, dass für einige dieser Besiedlungswellen als genetische Hinweise bisher allein Y-chromosomale Marker bekannt sind und es bleibt weiteren Forschungen vorenthalten, zusätzliche genetische Beweise für die entsprechenden Wanderungsbewegungen zu finden.

Dazu die Literatur: Rosser et al., Y-chromosomal Diversity in Europe is clinal and influenced primarily by geography, rather than by language, *American Journal of Human Genetics*, 67: 1526-1543, 2000; Semino et al. (2000), in: *Science*, 290: 1155-1159; Rootsi et al., Phylogeography of Y-chromosomal haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe, in: *American Journal of Human Genetics* 75:128-137, 2004.

**LR:** Nein, z.B. auch aus Westsibirien (heutige Y-Haplogruppen N), Zentraleurasien (R1a, G), aus Nordafrika (E3b), aus der Levante (J) usw.

**JU:** Kann oder muß man die Ergebnisse zu dem Typ „V“ des Mitochondrien-Genoms so verstehen, wie E. Hamel und P. Forster es getan haben (*Die Version "V" mag hier salopp für "Vaskonen" stehen. Sie gibt nämlich Hinweise auf die Expansion der Menschen nach der letzten Eiszeit aus dem eiszeitlichen Rückzugsgebiet in Nordspanien/Südfrankreich (wie einige andere Linien auch)?*)?

**MK:** Wie bereits ausgeführt, sehen einige Genetiker einen Ursprung der Haplogruppe V in der Iberischen Halbinsel, wenige jedoch explizit im Baskenland.

**LR:** Kann ich nicht beantworten. Diskutieren müsste man an dieser Stelle einmal das „sampling“. Kaum jemand ist in der Lage alle betreffenden Gebiete repräsentativ zu sammeln, d.h. Probanden zur Speichelprobe zu bitten. Pro domo gesprochen: In unserem Ansatz (Roewer et al. 2001, Online reference database of European Y-chromosomal short tandem repeat (STR) haplotypes. For Sci International 118(2-3):106-13, s. www.yhrd.org) haben wir es mit Hilfe von regional verankerten überwiegend rechtsmedizinischen Instituten, die in die Abstammungsdiagnostik, eine Diagnostik des „kleinen Mannes“, versucht aus allen Regionen Europas und der Welt anonymisierte Proben zu erhalten. Langsam entsteht daraus seine Karte genetischer Variation eines populationssensitiven Markers, die nicht-selektiv die Sammelgebiete repräsentiert, die zu einer Hypothese gebraucht werden, sondern alle. In der Literatur sind Daten zu Basken im Übermaß vorhanden, aber kaum etwas zu Galicien, Kantabrien oder zur Provence und Auvergne. Dies ist ein Hauptgrund für vereinfachte Hypothesen.

**JU:** Es wird ausgeführt, daß *nur rund 20 Prozent der Y-Linien in Europa ... erst in jüngerer Zeit auf dem Kontinent aufgetaucht zu sein [scheinen]*. Wie ist das aus Sicht der Genetik zu beurteilen?

**MK:** In der Tat gibt es einige Genetiker, die für die heutige europäische Bevölkerung einen mittleren Anteil paläolithischer genetischer Abstammung in Europa mit 80% und einen Anteil neolithischen genetischen Abstammung mit 20% angeben, und zwar sowohl basierend auf mitochondrialen, als auch auf Y-chromosomal Daten (Richards et al., Palaeolithic and neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool, in: American Journal of Human Genetics 59, 185-203; Semino et al. 2000). Allerdings hängen solche Schätzwerte sehr von der verwendeten statistischen Methodik ab. So ergab beispielsweise eine Neuanalyse der Y-chromosomal Daten von Semino et al. durch Chikhi et al. (2002) einen weitaus höheren

neolithischen Anteil von 50% (Chikhi et al., Y genetic data support the Neolithic demic diffusion model, in: Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 99:11008-11013, 2002). Darüber hinaus beruhen einige derartiger Analysen (admixture analyses) auf der Verwendung von Ursprungsbevölkerungen, z.B. den Basken als Repräsentant für eine paläolithische Bevölkerung, und das (unbekannte) Ausmaß von nicht-paläolithischen genetischen Anteilen in den verwendeten Baskischen Daten beeinflusst demzufolge die resultierenden Werte fehlerhaft.

**JU:** Als Laie versteht man nicht die Diskrepanz zwischen Ergebnissen der X- und Y-Chromosome, so etwa, wenn *nur rund 20 Prozent der Y-Linien in Europa ... erst in jüngerer Zeit auf dem Kontinent aufgetaucht zu sein [scheinen]*.

**LR:** X-Chromosomen werden kaum untersucht, sondern rekombinierende Marker (alle klassischen Merkmale inkl. Blutgruppen) sowie mitochondriale DNA und Y-chromosomale DNA (lineare Marker). Die Diskrepanz zwischen Karten Europas die auf mitochondrialen oder Y-chromosomalen Daten beruhen (s. Kapitel 10 des Buches Human Evolutionary Genetics im Anhang) beruht u.a. auf der unterschiedl. Migrationsneigung von Männern und Frauen. Patrilokalität ist in den meisten traditionellen patriarchalischen Gesellschaften verbreitet, d.h. die Männer sind eher standorttreu (zum Herkunftsort der männl. Deszendenzgruppe oder Clan), Frauen sind „on the move“ (Stoneking M, 1998, Nature Genetics 20(3) 219-20). Daher gibt es meist schärfere Abgrenzungen der Y-chromosomalen Pattern als der mitochondrialen, also mehr genetische „Stratifikation“ oder Differenzierung.

**JU:** Es wird behauptet, daß eine Ausbreitungswelle der Y-Linie „von der Iberischen Halbinsel her gekommen ist“. Wie steht man heute dazu?

**MK:** Eine Ausbreitungswelle ausgehend von der Iberischen Halbinsel wird – wie bereits erwähnt - für einen Y-chromosomalen Marker (Haplogruppe R1\*, Marker M173) angenommen (Semino et al., 2000). Genetische Datierungen der entsprechenden Mutation ergab ein Alter von ca. 30.000 Jahren (auf die Probleme mit derartigen zeitlichen Aussagen wurde bereits hingewiesen), was einige Genetiker darüber spekulieren lässt, dass es sich dabei womöglich um ein genetisches Indizien für die Aurignac Kultur handelt. Die Aurignac Kultur (benannt nach der Erstfundstelle in Aurignac im heutigen Frankreich) war vor 34.000-23.000 Jahren BP in Europa und Südwestasien verbreitet, und Archäologen nehmen an, dass es sich bei den Herstellern dieser Artefakte um die ersten anatomisch-modernen Menschen in Europa gehandelt hat. Eine solche spezifische, aber auch sehr indirekte Zuordnung genetischer Funde ist jedoch nicht ohne Zweifel und erst eine Analyse von Knochenfunden aus dieser Zeit könnte Gewissheit liefern.

Darüber hinaus gibt es zumindest einen weiteren Y-chromosomalen Marker (Haplogruppe R1b8), der seinen genetischen Ursprung in der Iberischen Halbinsel hat (Hurles et al., Recent Male-Mediated Gene Flow over a Linguistic Barrier in Iberia, suggested by Analysis of a Y-Chromosomal DNA Polymorphism, in: American Society of Human Genetics 65:1437-1448, 1999). Dieser Marker zeigt große Häufigkeiten auf der Iberischen Halbinsel (11% bei den Basken, 22% bei Katalanen), existiert jedoch außerhalb der Iberischen Halbinsel nur in sehr geringer Häufigkeit. Wie daraus zu erwarten war, ergab die genetische Datierung ein Alter von nur wenigen tausend Jahre. Dieser Marker ist ein Beispiel für die zumindest in jüngerer Vergangenheit stattgefundene genetische Vermischung zwischen Basken und benachbarten nicht-baskischen Bevölkerungen, ein Befund, welcher auch von mitochondrialen Daten aus historischen Knochenfunden mit dem Nachweis eines nordwestafrikanischen Markers gestützt

wird (Alzualde et al. 2006). Insofern ist die oft beschriebene Isolation der Basken nicht absolut zu verstehen, ihre Gründe (Sprache?) sind weitestgehend unbekannt.

**LR:** Eine (von mehreren) Ausbreitungswellen von dort ist wahrscheinlich.

**JU:** Stimmt die Genforschung der Meinung zu, daß „die heutigen Basken keineswegs biologisch eine eigene, mit den übrigen Europäern wenig verwandte Randgruppe sind. Im Gegenteil: Ihr Erbgut findet sich in verblüffendem Grade in der gesamten europäischen Bevölkerung. Es ist kaum übertrieben zu sagen: Wir Europäer sind alle Basken“?

**MK:** Zuerst einmal sind wir Nicht-Afrikaner alle Afrikaner im Exil, denn ein Ursprung des anatomisch-modernen Menschen vor 100-200,000 Jahren in Afrika gilt inzwischen als (größtenteils) anerkannt. Was die menschliche Abstammungsgeschichte Europas angeht, so haben wir Europäer unseren genetischen Ursprung in einer Vielzahl von Bevölkerungsgruppen, welche innerhalb der letzten 30.000 Jahre Europa aus verschiedensten Richtungen besiedelten. Die Annahme, dass wir Europäer zu ca. 80% von alteuropäischen Jägern und Sammlern aus dem Palaeolithikum und zu ca. 20% von aus dem Mittleren Osten im Neolithikum eingewanderten Ackerbauern abstammen, ist eine sehr starke Vereinfachung, welche viele Aspekte der Abstammungsgeschichte Europas ignoriert. Wie bereits ausgeführt und näher erklärt wurde, stimmen heutzutage viele Genetiker darin überein, dass es sich bei den Basken um eine Bevölkerung handelt, die genetische Merkmale zeigt, wie sie auch andernorts typisch für relativ kleine und relativ isolierte Bevölkerungsgruppen sind, und bei denen genetische Drift und relative Isolation bestimmte ungewöhnliche genetische Charakteristika hervorgebracht haben, wie z.B. große Häufigkeiten bestimmter genetischer Marker (Blutgruppe Rhesus negativ, Blutgruppe Null, Y-chromosomale Haplogruppe R1). Es ist auf der Grundlage der bisherigen genetischen Daten spekulativ zu behaupten, dass genetische Komponenten, die einer alteuropäischen Bevölkerung (Paläolithikum) zugeschrieben werden und die in heutigen europäischen Bevölkerungen zu unterschiedlichen Anteilen vorhanden sind, den Basken zuzuordnen. Richtig ist: viele europäische Bevölkerungen, inklusive der Basken, tragen derartige alte genetische Marker, und im Westen

in höherem Ausmaß als im Osten Europas. Darüber hinaus besitzen europäische Bevölkerungen, inklusive der Basken, jedoch eine Reihe von genetischen Markern die aus anderen, vermutlich jüngeren Einwanderungswellen nach Europa resultieren. Der Versuch, die verschiedenen genetischen Anteile, welche wir Europäer von unseren Europäischen Vorfahren geerbt haben, sowohl quantitativ als auch qualitativ zuzuordnen und zu verstehen, ist alles andere als trivial und wird Genetiker und Molekularanthropologen noch einige Zeit beschäftigen.

**LR:** Umgekehrt wird ein Schuh draus; „auch die Basken sind Europäer, genauer Westeuropäer“ (s. Abbildung 4.1, Roewer et al. 2005 Signature of recent historical events in the European Y-chromosomal STR haplotype distribution. *Human Genetics* 116(4):279-91.) Falls wirklich (ohne politischen Hintersinn) echte Isolate (oder Völkerwanderungsrelikte) in Europa gesucht werden, sollte man sich den Saami (Lahermo et al. 1999, Y chromosomal polymorphisms reveal founding lineages in the Finns and the Saami. *Eur J Hum Genet.* 7(4):447-58) oder Roma zuwenden (Kalaydjieva et al. 2005, A newly discovered founder population: the Roma/Gypsies. *Bioessays* 27(10):1084-94).

Aber die mythologische Konstruktion verlangt wohl, dass „Alteuropäer“ Atlantiker sind. Alle altsteinzeitlichen Hauptströme nach Europa haben aber ihren Ursprung im eurasischen Osten, sei es die sibirische Ebene, das Kurgan-Becken, die Levante, Mesopotamien oder Zentralasien. Nach dem letzten glazialen Maximum mit der Erwärmung des Klimas und im Neolithikum mit der agrarischen Bevölkerungsexplosion begann dann die Binnenwanderung in Europa (s. Abb. Im Anhang), deren Komplexität und zeitlicher Ablauf sich aus dem Erbgut nicht mehr ohne Zusatzannahmen rekonstruieren lässt (die klassische Formulierung lautet „The genetic record is a complex palimpsest“ und ist als „Palimpsest-Metapher“ bekannt).