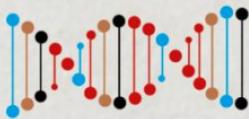


JOHANNES KRAUSE
mit THOMAS TRAPPE

Die Reise unserer Gene



EINE GESCHICHTE
ÜBER UNS UND
UNSERE VORFAHREN



ullstein

ullstein



Dank des neuen Wissenschaftszweigs der Archäogenetik können wir aus alter DNA die Geschichte unserer Vorfahren rekonstruieren. Wir bekommen damit nicht nur einen völlig neuen Blick auf unsere Herkunft, sondern auch auf unsere Gegenwart. Die DNA jedes Europäers zeugt davon, wie sich unsere Ahnen einst den Kontinent erschlossen – und welch weite Wege sie dafür zurücklegen mussten. Dabei bietet die europäische Geschichte für Fatalismus ebenso wenig Anlass wie für Romantisierungen: Immer wieder war Migration mit großem Leid und tödlichen Konflikten verbunden. Unsere Gene zeugen von ungeahnten Wanderungsbewegungen, von verheerenden Seuchen und von bitteren Schlachten. Wie wurden aus den dunkelhäutigen Jägern und Sammlern, die vor 40 000 Jahren den Kontinent besiedelten, die heutigen Europäer?

Prof. Dr. JOHANNES KRAUSE, geb. 1980, ist Experte für die Entschlüsselung der DNA aus alten Knochen. Er war Gründungsdirektor des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte in Jena und ist seit 2020 Direktor am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig. Er arbeitete zusammen mit Svante Pääbo an der Sequenzierung des Neandertalgenoms, 2010 entdeckte er auf Grundlage der DNA eines Fingerknochens den Denisovaner, eine neue Urmenschenform. Heute ist Krause fokussiert auf DNA-Analyse zur Erklärung historischer Epidemien und menschlicher Wanderungsbewegungen.

THOMAS TRAPPE, geb. 1981, wuchs in Thüringen auf und lebt heute in Berlin. Er ist Redaktionsleiter beim Berliner *Tagesspiegel* und schreibt vor allem über gesundheitspolitische und wissenschaftliche Themen.

Johannes Krause

mit Thomas Trappe

Die
Reise
unserer
Gene

Eine Geschichte über uns
und unsere Vorfahren

Ullstein

Besuchen Sie uns im Internet:
www.ullstein.de



Ungekürzte Ausgabe im Ullstein Taschenbuch
1. Auflage September 2020
© Ullstein Buchverlage GmbH, Berlin 2019 / PropyläenVerlag
Umschlaggestaltung: zero-media.net, München,
nach einer Vorlage von Rothfos & Gabler, Hamburg
Karten: Peter Palm, Berlin
Satz: Pinkuin Satz und Datentechnik, Berlin
Gesetzt aus der Sabon
Druck und Bindearbeiten: CPI books GmbH, Leck

ISBN 978-3-548-06234-1

INHALT

PROLOG

7

KAPITEL 1

Knochenjob

13

KAPITEL 2

Die hartnäckigen Einwanderer

41

KAPITEL 3

Die Einwanderer sind die Zukunft

67

KAPITEL 4

Parallelgesellschaften

95

KAPITEL 5

Alleinstehende junge Männer

111

KAPITEL 6

Die Europäer finden eine Sprache

137

KAPITEL 7
Patriarchale Strukturen

155

KAPITEL 8
Sie bringen die Pest
173

KAPITEL 9
Neue Welt, neue Seuchen
205

SCHLUSS
Das Ende von Schwarz und Weiß
229

Anmerkungen/Vertiefungen
259

Quellen
267

Danksagung
284

Bildnachweis
286

PROLOG

Nach der Pandemie sollte nichts mehr sein, wie es vorher war. Wie ein Sturm fegte die bis dahin unbekannte Krankheit über Europa, und wo sie wütete, sortierten sich komplette und seit Jahrhunderten etablierte Gesellschaftssysteme völlig neu. Die Macht der Krankheitserreger spürte die Menschheit vor 4.800 Jahren mit brachialer Gewalt. Die Seuche nahm im Osten ihren Ausgang und sorgte offenbar dafür, dass sich die genetische Struktur der in Europa lebenden Menschen nahezu komplett änderte – Osteuropäer also den Kontinent übernahmen und schließlich die Bronzezeit einleiteten. Es war die Pest, die Europa in der Steinzeit wahrscheinlich das erste Mal heimsuchte, und danach im Laufe der Geschichte immer wieder schlimmste Verheerungen anrichtete. Schon im Mittelalter versuchten die Menschen, durch Einreisesperren, Quarantänen und ein Runterfahren der Handelsbeziehungen die Krankheit einzudämmen, deren Ursache sie nicht kannten, deren Ausbreitung sie aber direkt beobachten konnten. In Venedig etwa, einem wirtschaftlichen Kraftzentrum jener Zeit, erlahmten die Handelsbeziehungen. Und in den Straßen starben die Menschen in einer Zahl, die nur

noch Massenbestattungen zuließ. Zustände, von denen man bis vor Kurzem hoffte, dass sie sich nicht wiederholen würden. Bis im März 2020 Bilder um die Welt gingen: Von Militärlastern, die in Bergamo Leichen von Menschen, die an den Folgen einer Corona-Infektion gestorben waren, in Krematorien abtransportierten.

Fast 5000 Jahre sollte es dauern, bis wir überhaupt von der Steinzeitpest erfuhren. Mit revolutionärer Technologie bewaffnet, zermahlten wir uralte Knochen zu Staub und destillierten aus ihrer DNA die Geschichten, die wir in diesem Buch erzählen. Der junge Wissenschaftszweig der Archäogenetik nutzt in der Medizin entwickelte Methoden, um altes Erbgut, das teilweise Hunderttausende Jahre alt ist, zu entschlüsseln. Das Fach nimmt gerade noch Fahrt auf, doch ist der bisherige Erkenntnisgewinn schon unermesslich. In menschlichen Knochen aus einer fernen Vergangenheit erkennen wir nicht nur genetische Profile der Verstorbenen, sondern auch, wie sich ihre Erbanlagen in Europa ausbreiteten, also wann und woher unsere Vorfahren kamen. Und auch die Bakterien tödlicher Krankheiten, nicht nur der Pest, können wir inzwischen aus den in Zähnen getrocknetem Blut hunderter und tausender Jahre alter Knochen herausfiltern. Die Geschichte und auch die Krankengeschichte Europas kann dank dieser archäogenetischen Verfahren völlig neu erzählt werden. Und es zeigt sich, dass zwei der großen Themen, die die Welt derzeit, in den zurückliegenden und wohl auch den kommenden Jahren beschäftigen, Konstanten in der menschlichen Geschichte sind: Tödliche Pandemien und ständige Migrationsbewegungen.

Als dieses Buch im Februar 2019 erschien, war die politische Diskussion in Deutschland noch geprägt von der »Flüchtlingskrise« des Jahres 2015. Die Aufmerksamkeit der Leser und der Presse richtete sich vor allem auf jene Passagen, in denen es um die archäogenetischen

Nachweise der unzähligen Migrationsbewegungen in der Welt und den ständigen genetischen Austausch unserer aller Vorfahren ging. Nun, ein Jahr später, scheint dies weit weg, da der gesamte Globus es mit der erbamungslosen Kraft eines Virus namens SARS-CoV-2 zu tun bekommen hat. Und auch, wenn sich ein Vergleich zwischen der sehr viel tödlicheren Pest und dem neuartigen Corona-Virus verbietet, so zeigt sich doch eine Parallelie: Schon immer vermochten es unsichtbare Pathogene, ganze Gesellschaften von einem Tag auf den anderen aus dem Gefühl der Unangreifbarkeit in eine lähmende Ohnmacht zu stürzen. Welche Folgen die derzeitige Pandemie für das Europa der Zukunft haben wird, das vermag heute noch niemand abzuschätzen. In diesem Buch, immerhin, können wir zeigen, was solche Ereignisse für unsere Vorfahren bedeuteten. Es wäre vermassen, daraus politische Schlüsse für die Gegenwart zu ziehen, denn das ist nicht die Aufgabe der Archäogenetik. Aber wir können helfen, besser einzuordnen. Und Europa als das zu verstehen, was es ohne Zweifel ist: eine sich über Jahrtausende erstreckende Fortschrittsgeschichte, die ohne die Migration und Mobilität von Menschen unmöglich gewesen wäre, und die es immer wieder vermochte, auch aus katastrophalen Pandemien letztlich gestärkt hervorzugehen. Wir müssen kein Geheimnis daraus machen, dass wir zumindest in diesem Punkt auf eine Wiederholung der Geschichte hoffen.

Zunächst aber sollen in diesem Buch die großen Migrationswellen, die Europa seit der Urzeit prägten und auch jene, die von hier ausgingen, Thema der folgenden Seiten sein. Wir beschäftigen uns unter anderem mit der ewigen Balkanroute und den seit Menschengedenken auftretenden Konflikten, die mit Migrationen einhergingen. Wir werden erklären, warum die ersten Europäer dunkelhäutig waren. Und warum man mit Genomanalysen einzelne Europäer zwar auf einer Landkarte ver-

orten kann, Völker oder gar Nationalitäten sich aber genetisch nicht eingrenzen lassen. Wir spannen einen Bogen von der Eiszeit, in der die genetische Reise der Europäer begann, bis zum Heute, in welchem wir kurz davorstehen, unsere Evolution in die eigenen Hände zu nehmen. Wohlgemerkt sollen mit dem Buch nicht nur politische Kontroversen adressiert werden, sondern auch erstmals die Erkenntnisse der Archäogenetik über die Geschichte Europas in einem deutschsprachigen Werk zusammengefasst werden.

Für Schwarz-Weiß-Debatten taugen die neuen Erkenntnisse nicht. Zweifelsohne prägten Einwanderer Europa, und fraglos brachten die damit einhergehenden Verwerfungen viel Leid mit sich, etwa für die Jäger und Sammler, die von den anatolischen Ackerbauern verdrängt wurden. Und ja, die Geschichte der Migration war auch immer eine der tödlichen Krankheiten. Das Buch liefert, dessen sind wir uns bewusst, Argumente für diejenigen, die gegenüber der Migration aufgeschlossen sind, wie auch für jene, die ihr strikte Grenzen setzen wollen. Nur wird hoffentlich niemand nach der Lektüre noch abstreiten, dass die Mobilität in der Natur des Menschen liegt. Am liebsten wäre den Autoren natürlich, wenn sich die Leser ihrem Standpunkt annäherten, dass die seit Jahrtausenden erprobte globale Gesellschaft auch in Zukunft der Schlüssel zum Fortschritt sein wird. Die Zeiten, die die Welt gerade durchlebt, zeigen die Zweischneidigkeit der menschlichen Mobilität schließlich wie unter einem Brennglas. Einerseits wäre die Ausbreitung von Covid-19 ohne sie kaum denkbar gewesen. Andererseits führt ihre weitgehende Einschränkung nur für ein paar Wochen zu sozialen Verwerfungen und wirtschaftlichen Einbrüchen, deren Ausmaß weltweit – und nicht zuletzt in Italien – noch auf Jahre hinaus im Alltag sichtbar sein werden.

Zwei Autoren arbeiteten an diesem Buch: Johannes

Krause, dem ab dem folgenden Kapitel die Rolle des Ich-Erzählers zukommt. Er gehört (das schreibt aus Bescheidenheitsgründen der zweite Autor) zu den etabliertesten Experten auf dem Gebiet der Archäogenetik weltweit und ist Direktor am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig. Co-Autor Thomas Trappe kam nicht nur die Aufgabe zu, das gesammelte Wissen Krauses zu einer kompakten Erzählung zu verdichten, sondern auch, ihr einen zeitgenössischen Rahmen zu geben und in die aktuellen politischen Debatten einzubetten. Trappe arbeitete in den vergangenen Jahren immer wieder journalistisch mit Krause zusammen, außerdem beschäftigte er sich mit dem Nationalismus und dem völkischen Gedankengut heutiger Tage. In vielen Gesprächen beider Autoren entstand der Wille, Wissenschaft und tagesaktuelle Debatte in einem gemeinsamen Buch zusammenzubringen.

Beginnen wollen wir mit einem schnellen Ritt durch das kleine Einmaleins der Archäogenetik. Und mit einem Fingerknochen, der Krauses wissenschaftliche Laufbahn maßgeblich beeinflusste. Dieser machte uns, völlig überraschend, mit einer neuen Menschenform bekannt – und zeugte indirekt von der Affinität der frühen Europäer zum Neandertaler.

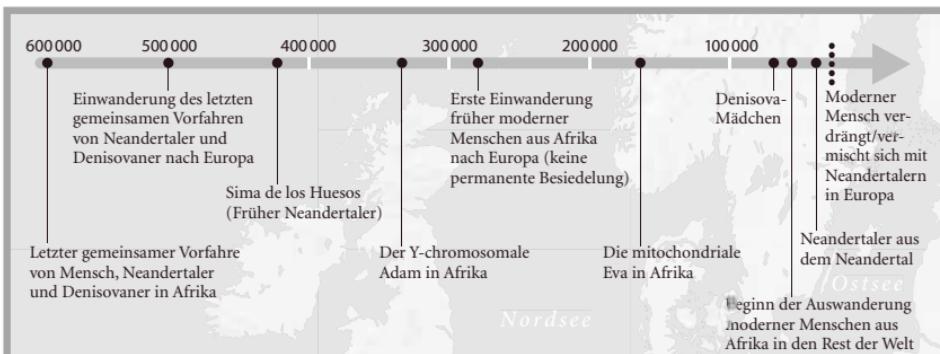
*Johannes Krause und Thomas Trappe
Berlin, im Juni 2020*

KAPITEL 1



Knochenjob

Ein sibirischer Finger führt uns zum neuen Urmenschen. Genetiker in Goldgräberstimmung, sie haben Wundermaschinen. Adam und Eva lebten getrennt. Der Neandertaler war eine Täuschung. Jurassic Park macht alle verrückt. Ja, wir alle sind mit Karl dem Großen verwandt.



Knochenjob



Ein Knochen auf dem Schreibtisch

Die Fingerkuppe, die ich eines Morgens im Winter des Jahres 2009 auf meinem Schreibtisch vorfand, war nur noch der klägliche Rest eines Fingers. Der Nagel fehlte, die Haut sowieso, eigentlich war es nur die Spitze eines oberen Fingerknochens, nicht größer als ein Kirschkern. Sie gehörte, wie ich später herausfand, einem fünf- bis siebenjährigen Mädchen. Die Kuppe lag in einem handelsüblichen wattierten Umschlag und kam von weit her, aus Nowosibirsk. Nicht jeder ist erfreut, wenn er noch vor dem Morgenkaffee abgetrennte Körperteile aus Russland auf seinem Schreibtisch findet. Doch ich war es.

Fast ein Jahrzehnt zuvor, im Jahr 2000, hatte der amerikanische Präsident Bill Clinton im Weißen Haus eine Pressekonferenz gegeben, in der, nach zehnjähriger Arbeit und Milliarden an Investitionen in das »Human-Genomprojekt«, die Entschlüsselung des menschlichen Genoms verkündet wurde. DNA war damals auf einmal überall Thema, die FAZ räumte ihr Feuilleton frei, um Sequenzen des menschlichen Genoms abzudrucken – eine endlose Reihe der Basen A, T, C und G, aus denen die DNA besteht. Vielen wurde in dieser Zeit schlagartig bewusst, welche Bedeutung der Genetik künftig zukommen würde. Immerhin bestand die Aussicht, in der DNA des Menschen wie in einem Bauplan zu lesen.

2009 war die Wissenschaft diesem Ziel schon sehr viel näher. Ich arbeitete in dieser Zeit als Post-Doktorand am Leipziger Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie, auch bekannt unter dem geradezu sinnbildlichen Kürzel MPI-EVA. Das Institut war damals schon die weltweit erste Adresse für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler, die mithilfe hocheffizienter Technik die DNA aus alten Knochen sequenzieren wollten. Vorangegangen waren jahrzehntelange Kraft-

anstrengungen der genetischen Forschung, die es erst möglich machten, dass mithilfe des Fingerknochens auf meinem Schreibtisch die Entstehungsgeschichte der Menschheit ein wenig umgeschrieben wurde. Denn bei dem Fund aus Sibirien handelte es sich um die 70000 Jahre alten Überreste eines Mädchens, das einer bisher unbekannten Urmenschenform angehörte. Das verrieten ein paar Milligramm Knochenstaub – und eine hochkomplexe Sequenziermaschine. Nur wenige Jahre zuvor wäre es technisch undenkbar gewesen, einer winzigen Fingerkuppe zu entlocken, von wem sie stammte. Und nicht nur das zeigte uns der Knochensplitter. Wir erfuhren von ihm auch, was das Mädchen mit uns heute lebenden Menschen verband – und wie es sich von uns unterschied.

Eine Billion am Tag

Die DNA als Bauplan des Lebens ist schon seit über hundert Jahren bekannt. 1953 entdeckten James Watson und Francis Crick nach Vorarbeit von Rosalind Franklin ihre Struktur, wofür beide neun Jahre später den Nobelpreis für Medizin bekamen (Franklin war zu diesem Zeitpunkt schon verstorben, im jungen Alter von 37 Jahren). Die Medizin war es auch, die seitdem die DNA-Forschung antrieb und schließlich das Humanogenomprojekt einläutete.

Ein Meilenstein, um DNA zu entschlüsseln, sie also lesen zu können, war in den Achtzigerjahren die Entwicklung der Polymerase-Kettenreaktion.¹ Dieses Verfahren ist eine der Grundlagen heutiger Sequenziermaschinen, die die Abfolge der Basen innerhalb eines DNA-Moleküls auslesen. Seit der Jahrtausendwende entwickelten sich die Sequenziermaschinen rasant weiter. Jeder, der sich an seinen alten Commodore 64 erinnert und heute

ein Smartphone nutzt, kann sich in Ansätzen vorstellen, wie rasch die Technik auch in der Genetik voranschritt.

Ein paar Zahlen lassen erahnen, in welchen Dimensionen wir uns bewegen, wenn es um die DNA-Entschlüsselung geht: Das menschliche Genom besteht aus 3,3 Milliarden Basen.² Um die Erbinformationen eines Menschen zu entschlüsseln, brauchte man 2003, als das Humangenomprojekt beendet wurde, noch mehr als zehn Jahre.³ Heute schaffen wir in unserem Labor eine Billion Basenpaare pro Tag. Der Durchsatz der Maschinen hat sich in den vergangenen zwölf Jahren verhundertmillionenfacht, sodass wir heute auf einer einzigen Sequenziemaschine sagenhafte 300 menschliche Genome an einem Tag decodieren können. In zehn Jahren werden weltweit mit einiger Sicherheit die Genome von Millionen Menschen entschlüsselt sein; wobei die künftigen Entwicklungen bislang fast immer unterschätzt wurden. DNA-Sequenzen werden immer schneller und kostengünstiger ausgewertet und damit für alle zur Option. Mittlerweile kostet die Untersuchung eines Genoms weniger als ein großes Blutbild – gut vorstellbar, dass es für junge Eltern bald zur Routine wird, das Genom ihres Neugeborenen zu entschlüsseln. Die DNA-Sequenzierung bietet ungeahnte Möglichkeiten, etwa bei der Früherkennung genetischer Dispositionen für bestimmte Krankheiten, und das Potenzial wird steigen.⁴

Während die Medizin Genome heute lebender Menschen entschlüsselt, um Krankheiten besser zu verstehen und auf dieser Grundlage neue Therapien und Arzneimittel zu entwickeln, nutzen Archäogenetiker die in der Humangenetik entwickelten Techniken, um archäologische Funde – alte Knochen, Zähne oder auch Bodenproben – zu analysieren und über die darin zu findende DNA Rückschlüsse auf die Herkunft längst verstorbener Menschen zu ziehen. Für die Archäologie eröffnen sich damit ganz neue Wege. Anders als bislang



Johannes Krause entnimmt eine DNA-Probe aus dem Oberarmknochen des Neandertalers aus dem namensgebenden Neandertal.



Die größte Gefahr bei der DNA-Analyse ist die Kontamination. Um eine Verunreinigung zu verhindern, werden die Knochenproben in Schutzanzügen und in luftdicht abgeriegelten Räumen entnommen.

ist sie nicht mehr nur auf Theorien und Interpretationen angewiesen, sondern kann zum Beispiel Wanderungsbewegungen von Menschen auf Grundlage genetischer Analysen in bisher nicht da gewesener Präzision belegen. Die Entschlüsselung alter DNA ist für die Archäologie vergleichbar bedeutend wie eine andere technische Revolution, die auf die Fünfzigerjahre des vergangenen Jahrhunderts zurückgeht. Damals wurde die Altersbestimmung archäologischer Funde mit der Radiokarbonmethode auf völlig neue Grundlagen gestellt. Mit ihr konnten menschliche Überreste erstmals zuverlässig datiert werden, wenn auch nicht auf das Jahr genau.⁵ Die Archäogenetik ermöglicht es nun sogar, in Skelettfragmenten zu lesen und darin Zusammenhänge zu erkennen, von denen selbst die nichts wussten, denen die Knochen einst gehörten. Die menschlichen Überreste, von denen manche seit mehreren zehntausend Jahren in der Erde lagern, werden so zu wertvollen Boten aus der Vergangenheit. In ihnen stehen die Geschichten unserer Vorfahren geschrieben, die in diesem Buch – einige zum ersten Mal – erzählt werden.

Fortschritt durch Mutationen

Die junge Wissenschaft der Archäogenetik kann uns helfen, neue Antworten auf einige der ältesten und grundlegendsten Fragen der Menschheitsgeschichte zu finden: Was macht uns zum Menschen? Woher kommen wir? Und wie wurden wir zu denen, die wir heute sind?

Einer der wichtigsten Pioniere des Fachs ist Svante Pääbo, seit 1999 Direktor des MPI-EVA in Leipzig. Von Haus aus Mediziner, extrahierte Pääbo 1984 während seiner Promotion an der schwedischen Universität Uppsala – mehr oder weniger heimlich nachts im Labor – DNA aus einer ägyptischen Mumie. Es war der Be-

ginn einer großen Karriere. 2003 nahm Pääbo mich in Leipzig als Diplomand an Bord. Als es zwei Jahre später darum ging, ein Thema für meine Doktorarbeit zu finden, schlug er mir vor, zusammen mit seinem Team das Neandertalergenom zu entschlüsseln. Ein Wahnsinn eigentlich: Beim damaligen Stand der Technik hätte ein solches Unternehmen Jahrzehnte in Anspruch genommen, zudem hätten wir gleich Dutzende Kilogramm wertvoller Neandertalerknochen zermahlen müssen. Doch ich vertraute Pääbo und seiner Fähigkeit, das Projekt realistisch einzuschätzen. Ich nahm den Auftrag an. Die Entscheidung erwies sich als richtig. Dank der atemberaubend schnellen Entwicklung der Sequenziertechnik schlossen wir die Arbeit drei Jahre später ab, und zwar mit sehr viel weniger Knochenarbeit.

In dieser Zeit gelangte auch das Stück Finger aus dem Altai zu mir. Solche Knochen sind die Datenträger der Archäogenetik, aus denen wir viele Schlüsse ziehen können. Zählte der Urmensch, dem der Knochen gehörte, zu unseren direkten Vorfahren oder starb seine Linie irgendwann aus? Wie unterscheidet sich sein Erbgut von unserem? Die Genome von Urmenschen werden damit zur Schablone, auf die wir unsere heutige DNA legen. Als Wissenschaftler interessieren uns die Stellen, an denen die Schablone nicht mehr passt. Das nämlich sind die Positionen, auf denen sich unsere DNA verändert hat, wo sie mutiert ist. Wenn das Wort in vielen Ohren auch einen unangenehmen Beiklang haben mag, so sind Mutationen doch der Motor der Evolution und der Grund dafür, dass sich Mensch und Schimpanse heute einander durch einen Zaun getrennt im Zoo bestaunen. Für die Archäogenetik sind Mutationen die Marksteine der Menschheitsgeschichte.

In der Zeit, die Sie zum Lesen dieses Kapitels benötigen, wird sich die DNA in Millionen Ihrer Körperzellen chemisch verändern, weil sie fortwährend kaputtgeht und

wieder erneuert werden muss, auf der Haut, im Darm, überall. Wenn dabei etwas schiefgeht, spricht man von Mutationen. Sie passieren sehr häufig, was angesichts der dichten Frequenz der Zellerneuerungen nicht überrascht. In der Regel werden Mutationen vom Körper sofort repariert, doch das funktioniert nicht immer. Treten Mutationen in den Keimzellen des Menschen auf, also in Spermien und Eizellen, können sie als Erbanlage an die nächste Generation weitergegeben werden. Dabei greift eine körpereigene Schutzfunktion: Keimzellen mit Mutationen, die schwere Krankheiten verursachen, sterben zumeist ab. Bei kleineren Mutationen muss das hingegen nicht passieren. Dann wird eine genetische Veränderung unter Umständen vererbt.⁶

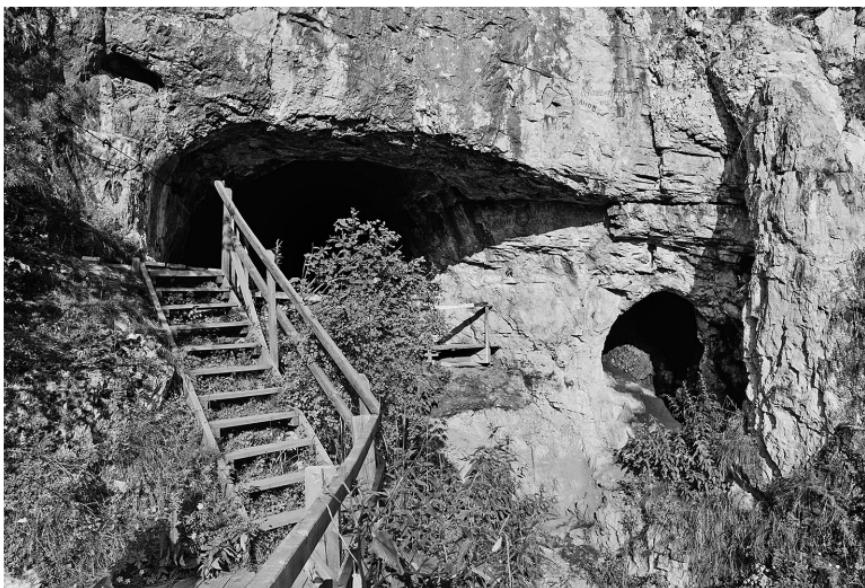
Genetische Veränderungen, die zu mehr Nachkommen führen, verbreiten sich in Populationen schneller, weil sie häufiger weitergegeben werden. Dass der Mensch zum Beispiel weniger Haare hat als sein entfernter Cousin, der Menschenaffe, ist wohl Folge von mehreren Mutationen – statt Haaren entwickelten sich Schweißdrüsen. Mit diesem neuen Kühlsystem konnte der spärlich behaarte Urmensch ausdauernder laufen, besser jagen und flüchten, lebte folglich länger und hatte größere Chancen, sich fortzupflanzen. Urmenschen mit Erbanlagen, die für mehr Haare sorgten, hatten hingegen das Nachsehen und starben aus. Die meisten Mutationen sind allerdings nicht zielgerichtet und führen nirgendwohin. Entweder haben sie überhaupt keinen Effekt auf den Organismus, oder aber sie schaden ihm und werden negativ selektiert, das heißt aussortiert. Die seltenen Ausnahmen, in denen sich die Veränderungen als nützlich für Überleben und Fortpflanzung erweisen, werden hingegen positiv selektiert. Solche Mutationen verbreiten sich und treiben die Entwicklung permanent voran. Die Evolution ist damit ein Zusammenspiel von Zufällen unter den Bedingungen eines fortlaufenden Praxistests.

Es grüßt der Urmensch

Der Blick ins Erbmaterial alter Knochen gleicht für Archäogenetiker der Reise in einer Zeitmaschine: Anhand der DNA unserer Vorfahren, die vor mehreren Zehntausend Jahren gelebt haben, können wir erkennen, welche Mutationen sich seitdem in den heute lebenden Menschen durchgesetzt haben und welche Eigenschaften verloren gingen. Auf solche Erkenntnisse hofften wir, als wir den Fingerknochen aus Russland analysierten.

Anatoli Derevjanko, einer der renommiertesten Archäologen Russlands, fand den 70 000 Jahre alten Knochen in der Denisova-Höhle, also auf knapp 700 Metern Höhe im Altai. Das Gebirge liegt mehr als 3500 Kilometer östlich von Moskau an der russischen Grenze zu China, Kasachstan und der Mongolei und damit mitten in Asien. Die Denisova-Höhle ist nicht nur ein beliebtes Ausflugsziel, sondern seit Jahren auch eine Fundgrube für Wissenschaftler, die hier regelmäßig Knochen und allerlei von Menschenhand bearbeitete Gegenstände aus der Steinzeit finden. Dabei ist es ein großer Vorteil, dass es im Altai so sibirisch ist, wie man es sich nur vorstellen kann, denn die Kälte konserviert die Funde besonders gut. Seit Svante Pääbo, ein paar Kollegen und ich Anfang 2010 in die Region kamen, um Derevjanko zu treffen, weiß ich, dass auf der Haut bei 42 Minusgraden Eiskristalle wachsen können.

Im Leipziger Labor durchlief der Fingerknochen aus dem Altai das zigfach geübte Verfahren. Dabei wird ein kleines Loch in den Knochen gebohrt, der gewonnene Knochenstaub kommt in eine spezielle Flüssigkeit, in der sich schließlich die DNA-Moleküle aus dem Puder lösen. Viele Versuche hatten wir in diesem Fall nicht, denn wir konnten nur zehn Milligramm Knochenpulver extrahieren, das entspricht einem Brotkrümel. Wir gingen



Die Denisova-Höhle im sibirischen Altai-Gebirge, in der die Fingerknochen des Denisovaner-Mädchen gefunden wurden. In dieser Höhle lebten auch frühe moderne Menschen und Neandertaler.

davon aus, es mit einem gewöhnlichen Knochen eines modernen Menschen zu tun zu haben, vielleicht auch mit dem eines Neandertalers. Plötzlich aber spuckte die Sequenziemaschine Ergebnisse aus, mit denen ich zunächst nichts anfangen konnte. Die DNA passte weder zu der des modernen Menschen noch zu der des Neandertalers. Eilig trommelte ich unser Team zusammen, um die rätselhaften Ergebnisse zu präsentieren. »Welchen Fehler habe ich gemacht«, fragte ich. Zusammen gingen wir die Daten wieder und wieder durch. Doch am Ende war klar: Ich hatte mich nicht geirrt. Als ich später meinen Chef anrief, bat ich ihn, sich kurz zu setzen. »Svante, ich glaube, wir haben den Homo erectus gefunden.« Der Homo erectus ist der gemeinsame Vorfahre von moder-

nem Menschen und Neandertaler, von ihm gibt es bislang keine entschlüsselte DNA. Wir wären, so dachte ich damals, also die Ersten, denen das gelang.

Was hatten wir in der DNA des Fingerknochens gesehen? Sie unterschied sich auf doppelt so vielen Positionen vom Erbgut heutiger Menschen wie die DNA des Neandertalers von der unseren. Das musste heißen, dass der Mensch aus der Denisova-Höhle und der Neandertaler schon länger getrennte evolutionäre Wege gingen als Neandertaler und moderner Mensch. Unsere damaligen Berechnungen legten nahe, dass sich vor etwa einer Million Jahren aus dem *Homo erectus* in Afrika zwei getrennte Linien entwickelten. Aus der einen entstanden Neandertaler und moderner Mensch, die andere entwickelte sich in Asien zum Denisova-Menschen weiter. Und das warf vieles von dem, was bisher als gesicherte Erkenntnis der evolutionären Forschung gegolten hatte, über den Haufen, unter anderem die Gewissheit, dass vor 70 000 Jahren neben frühem modernen Mensch und dem Neandertaler keine weiteren Urmenschenformen auf dem Planeten lebten.

Die Daten führten uns aber in die Irre, was wir jedoch damals noch nicht wussten. Und so erzählten wir in unserer ersten Denisova-Publikation, die im März 2010 in der *Nature* – dem heiligen Gral der Fachzeitschriften – erschien, eben diese Geschichte. Über mich brach sofort die Welt herein, ich erinnere mich noch, wie mehrere Kamerateams gleichzeitig in unserem Labor standen. Eine Woche lang gab ich durchgehend Telefoninterviews zur Entdeckung des »Denisovaners«, wie wir unseren Urmenschen getauft hatten. Doch schon nach wenigen Wochen hegten wir erste Zweifel, ob mit den Daten, die wir gerade publiziert hatten, alles stimmte. Oder besser gesagt: ob wir sie richtig interpretiert hatten.

Halb Schrott, halb Bauplan

Wenn wir von den Genen des Menschen reden und damit das Genom meinen, ist das wissenschaftlich eigentlich nicht korrekt – nur ein sehr geringer Teil der 3,3 Milliarden Basenpaare unseres Genoms sind Gene. Diese zwei Prozent sind dafür zuständig, Proteine zu codieren, sind also die Pläne für rund 30 Billionen Zellen, die Bausteine unseres Körpers.⁷ Nur etwa 19 000 Gene hat der Mensch insgesamt, und das ist eine erstaunlich geringe Zahl. Eine Amöbe, also ein winziger Einzeller, hat 30 000 Gene, eine gewöhnliche Kiefer mehr als 50 000. Die Zahl der Gene allein ist aber nicht ausschlaggebend dafür, wie komplex ein Lebewesen ist. Denn bei Organismen mit Zellkern können Informationen aus einem Gen zu unterschiedlichen Bausteinen kombiniert werden, das Gen ist nicht zwingend nur für eine Funktion im Körper zuständig. Bei primitiveren Lebewesen, zum Beispiel Bakterien, wird hingegen aus einem Gen meist nur ein Baustein gebildet, der in der Regel auch nur eine Aufgabe übernimmt. Man könnte auch sagen, dass die Gene der Menschen, aber auch der meisten Tiere, ein sehr kleines Team mit extrem gutem Teamplay sind.

50 Prozent des menschlichen Genoms sind – wie bei einer viel zu großen Festplatte – mit Schrott belegt, also mit DNA-Sequenzen, die keinen für uns sichtbaren Zweck erfüllen. Neben den Genen spielen die molekularen Schalter eine wichtige Rolle, sie machen ungefähr zehn Prozent der äußerst komplexen Genomstruktur aus. Diese Schalter werden durch »Transkriptionsfaktoren« aktiviert und deaktiviert und sorgen dafür, dass jeder Teil des Körpers die richtigen Proteine herstellt – und sich etwa die Zellen in der

Fingerkuppe nicht für Magenzellen halten und Säure produzieren. Denn grundsätzlich enthalten alle Zellen eines Menschen die gleichen Informationen, aus denen die relevanten erst einmal herausgefiltert werden müssen.

Für die Archäogenetik ist das Phänomen der nutzlosen Genombestandteile Gold wert, denn nur dank ihnen kann die sogenannte genetische Uhr funktionieren. Die Wissenschaftler messen Mutationen im gesamten Genom und leiten daraus ab, wann sich zum Beispiel zwei Populationen aufspalteten – je länger dieser Zeitpunkt zurückliegt, desto mehr Differenzen haben sich in der DNA angesammelt. Bestünde das gesamte Genom aus Genen, würde die Zahl der Differenzen, also Mutationen, nicht von der Dauer der Trennung abhängen, sondern davon, wie stark sich die Umwelt beider Populationen unterscheidet. So haben Afrikaner in einigen Genen weniger Veränderungen als die Nachfahren der Menschen, die aus Afrika auswanderten. Das liegt daran, dass sich die Gene der Auswanderer an neue äußere Bedingungen anpassen mussten, diejenigen der Afrikaner hingegen nicht oder zumindest nicht so stark. Trotzdem finden sich in den Genomen heutiger Afrikaner, außerhalb der zwei Prozent Gene, in etwa so viele Mutationen wie bei allen anderen Menschen auf der Welt. Der Grund: Im großen »Schrott-Anteil« des Genoms gibt es wie in den Genen Mutationen, aber eben kaum positive oder negative Selektion. Seit unseren letzten gemeinsamen Vorfahren haben sich in jedem von uns im gleichen Maße Mutationen angesammelt. Die genetische Uhr funktioniert also immer – egal, wie sehr sich die eigentlichen Gene von zwei miteinander zu vergleichenden Populationen auseinanderentwickelten.

Die Mutter aller Gene

Die Zweifel an unserer Interpretation der Denisovanner-DNA waren, das wissen wir heute, berechtigt. Der Weg, auf dem wir später die echte, nicht weniger überraschende Geschichte dahinter aufklären konnten, ist exemplarisch dafür, wie rasant sich die Archäogenetik in den zurückliegenden Jahren entwickelte – und wie dabei immer wieder Gewissheiten fielen, die in der Archäologie zum Teil für Jahrzehnte Bestand gehabt hatten. Denn es stellte sich heraus: Gerade weil wir die Daten aus dem Altai falsch gedeutet hatten, konnten wir einen noch größeren Trugschluss der Urmenschenforschung aufdecken. Die DNA des asiatischen Denisova-Menschen gewährte uns – indirekt, aber eindeutig – einen völlig neuen Blick auf die Besiedlung Europas durch den modernen Menschen. Und wir erfuhren, dass er hier schon vor Hunderttausenden Jahren auf den Neandertaler traf. Und Sex mit ihm hatte.

Um den Stammbaum des Denisova-Mädchen zu rekonstruieren, nutzten wir für die erste Publikation die DNA der Mitochondrien, die auch als Kraftwerke der Zellen bezeichnet werden. Die mitochondriale DNA, kurz: mtDNA, ist nur ein winziger Bruchteil unseres Genoms. Während heute die Sequenzierung der viel umfangreicheren und relevanteren Kern-DNA Standard ist, griff man vor 2010 zumeist auf die mtDNA zurück, um ganz erheblich Zeit und Kosten zu sparen.⁸ Zwar liefert die mtDNA keine sehr detailreichen Ergebnisse, doch eignet sie sich gut für die Erstellung von Stammbäumen. Zum einen erben alle Menschen ihre mtDNA ausschließlich von ihren Müttern, zum andern kommt recht zuverlässig im Schnitt alle 3000 Jahre eine Mutation in der mtDNA hinzu, die an die Folgegeneration weitergegeben wird – über die Dauer von 3000 Jahren