



Patrick J. Geary

Herausforderungen und Gefahren der Integration von Genomdaten in die Erforschung der frühmittelalterlichen Geschichte

Göttingen: Wallstein Verlag, 2020
ISBN: 978-3-8353-4597-3

(Das mittelalterliche Jahrtausend ; 7 / hrsg. vom Michael Borgolte)

Persistent Identifier: urn:nbn:de:kobv:b4-opus4-38876

Die vorliegende Datei wird Ihnen von der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften unter einer Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International (cc by-nc-sa 4.0) Licence zur Verfügung gestellt.

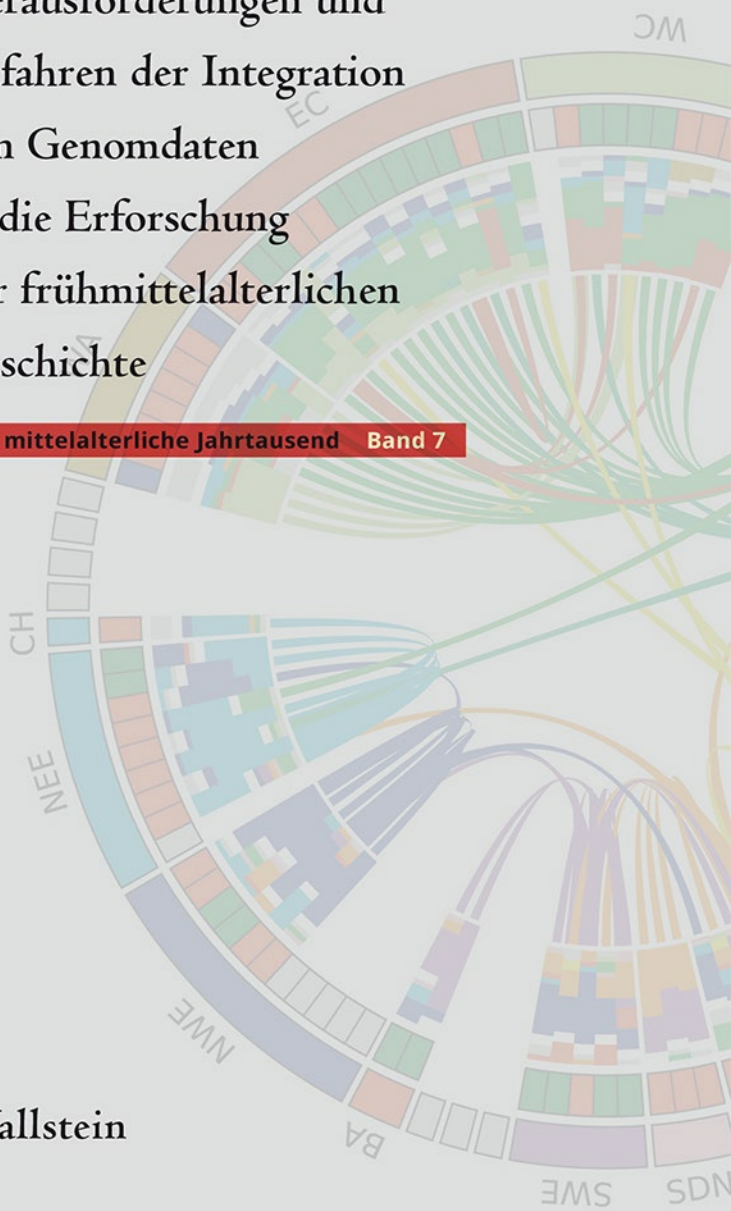


Patrick J. Geary

Herausforderungen und
Gefahren der Integration
von Genomdaten
in die Erforschung
der frühmittelalterlichen
Geschichte

Das mittelalterliche Jahrtausend Band 7

Wallstein



Patrick J. Geary
Genomdaten in der Erforschung
der frühmittelalterlichen Geschichte

DAS MITTELALTERLICHE JAHRTAUSEND

Herausgegeben von Michael Borgolte

Band 7



Patrick J. Geary

Herausforderungen und Gefahren
der Integration von Genomdaten
in die Erforschung der
frühmittelalterlichen Geschichte

WALLSTEIN VERLAG

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese
Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie;
detaillierte bibliografische Daten sind im Internet
über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar.

© Wallstein Verlag, Göttingen 2020

www.wallstein-verlag.de

Vom Verlag gesetzt aus der Stempel Garamond

Umschlaggestaltung: Susanne Gerhards, Düsseldorf, unter Ver-
wendung einer Abbildung aus George B. J. Busby et al., »The Role
of Recent Admixture in Forming the Contemporary West Eurasian
Genomic Landscape«, *Current Biology* 25 (2015), DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.08.007>. Nutzung unter Genehmigung
durch *Current Biology* (CC BY 4.0).

Lithografie: SchwabScantechnik GmbH, Göttingen

ISBN (Print) 978-3-8353-3871-5

ISBN (E-Book, pdf) 978-3-8353-4597-3

Inhalt

Vorwort	7
Einleitung	9
1. Das gefährliche Erbe der Rassenkunde	13
2. Die revisionistische Geschichte der frühmittelalterlichen Bevölkerungsbewegung . . .	17
3. Gegen einen genomischen ›Neo-Kossinismus‹ . .	22
4. Auf dem Weg zu einer neuen integrierten genomischen Methodik	29
5. Was Historiker von Genetikern lernen müssen . .	33
6. Jüngste Anwendungen der Genomik auf die frühmittelalterliche Geschichte	46
Zu Person und Werk des Autors	59

Vorwort

Zum neunten seiner Jahresvorträge konnte das Mittelalterzentrum der Berlin-Brandenburgischen Akademie der Wissenschaften am 25. Februar 2020 wiederum ein großes Publikum begrüßen. Neben vielen Zuhörer*innen kulturwissenschaftlicher Fächer, einer erfreulichen Anzahl interessierter Bürger*innen Berlins sowie Fachkolleg*innen von auswärts fanden sich diesmal eine Reihe von Naturwissenschaftler*innen der Akademie selbst ein. Sie wie alle anderen waren neugierig, was Prof. Patrick J. Geary (jetzt Oregon/USA) über seine neuesten Forschungen zur Historischen Genetik im Frühmittelalter zu sagen hatte; erst kurz zuvor war Geary mit anderen Mediävisten und Archäogenetikern mit dem höchstdotierten Preis des European Research Council ausgezeichnet worden, der es ihm und seinem Team ermöglichen wird, riesige Datenmengen historischer DNA mit äußerst verfeinerten Methoden zu analysieren.

Schon die Vortragsankündigung hatte ein ungewöhnlich starkes mediales Interesse ausgelöst, und über den intensiv diskutierten Vortrag berichtete ausführlich die Tagespresse (s. Jörg Feuchter, in der Frankfurter Allgemeinen vom 20. Mai 2020).

Ich bin Patrick Geary sehr dankbar, dass er uns rasch sein überarbeitetes Vortragsmanuskript, noch dazu in deutscher Sprache, für die Publikation in unserer inzwischen angesehenen Reihe überlassen hat. Wer sich über die Chancen, aber auch die Probleme der Historischen Genetik im Mittelalter informieren will, kann zur Zeit nichts Besseres als diese Schrift konsultieren.

Gleichfalls danke ich dem Wallstein Verlag, insbesondere Verleger Thedel v. Wallmoden und Lektor Jan Philipp Bothe, dass sie die Reihe mit dieser Abhandlung in ihr Programm aufgenommen haben.

Berlin, im Oktober 2020

Michael Borgolte

Einleitung

Der Harvard-Genetiker David Reich schrieb kürzlich:¹ »Eine der wichtigsten Grenzen, die von der Erforschung der alten DNA kaum überschritten wurde, ist der Zeitraum von viertausend Jahren vor unserer Gegenwart.«² Er hat zweifellos recht: Weltweit werden nach und nach spezialisierte Labore gebaut, die DNA aus lange vergangenen Zeiten analysieren. Datenbanken alter DNA sollen im Laufe der Zeit die Möglichkeit eröffnen, menschliche Vielfalt vom Neandertaler bis zum späten Neolithikum global abzubilden. Diese Arbeit verändert unser Verständnis der menschlichen Geschichte zwischen 400.000 und 4.000 Jahren vor der Gegenwart. Frühere Studien, die versuchten, aus modernen genetischen Mustern zu extrapolieren, die zuerst auf der Basis von Blutgruppen, dann über mtDNA und in jüngerer Zeit über Nuclear DNA von lebenden Personen erstellt wurden, haben sich als sehr anfechtbar erwiesen: Sie setzten notwendigerweise Kontinuität in Populationen über Jahrhunderte oder sogar Jahrtausende voraus. Ebenso versuchten sie, trotz der sehr problematischen Frage der Datierung des genetischen Wandels die Ursachen genetischer Muster bestimmten bekannten historischen Ereignissen zuzuordnen. Die neue Fähigkeit, Ge-

1 Ich möchte Helmut Reimitz, Johannes Krause, Michael Borgolte, Susanne Hakenbeck und Krishna Veeramah für ihre unschätzbare Unterstützung bei der Korrektur und Verfeinerung dieser Studie meinen Dank aussprechen.

2 *David Reich*, *Who we are and how We got Here: Ancient DNA and the New Science of the Human Past*. New York 2018, 277. Siehe auch die Einführung in die Archäogenetik von *Johannes Krause / Thomas Trappe*, *Die Reise unserer Gene: Eine Geschichte über uns und unsere Vorfahren*. Berlin 2019.

nomdaten aus historischen Proben zu gewinnen, hat diese beiden Probleme gelöst. Dank der schnellen Fortschritte bei der Sequenzierung mit hohem Durchsatz und der Entdeckung, dass der Felsenbeinknochen selbst in sehr alten und degradierten Proben eine Quelle für qualitativ hochwertige endogene DNA sein kann,³ ist es jetzt möglich, die tatsächlichen Bevölkerungsgruppen der Vergangenheit zu untersuchen und nicht einfach moderne Bevölkerungsgruppen als Stellvertreter für sie zu verwenden. Durch die Konzentration auf gut erhaltene Individuen, die sowohl genetisch als auch archäologisch gut untersucht und mit Hilfe der Radiokohlenstoffdatierung zeitlich eingeordnet sind, kann das Problem der chronologischen Präzision gelöst werden.

Die Ergebnisse, insbesondere die Verwendung der Genomsequenzierung mithilfe der ›Next Generation Sequencing‹-Methoden, sind spektakulär, und neue Erkenntnisse über das, was allgemein als Vorgeschichte bezeichnet wird, erscheinen in immer größerer Anzahl in den etablierten wissenschaftlichen Fachzeitschriften. Spezialisierte Labore für alte DNA auf der ganzen Welt bauen nach und nach Datenbanken alter DNA auf, die mit der Zeit die Möglichkeit bieten werden, die menschliche Vielfalt vom Neandertaler bis zur Neuzeit weltweit zu kartieren.

Der Analyse der alten DNA aus den letzten viertausend Jahren, für die wir zumindest in einigen Teilen der Welt nicht nur archäologische und biologische Daten, sondern auch schriftliche Quellen besitzen, wurde jedoch verhältnismäßig wenig Aufmerksamkeit und ein nur geringer

3 Ron Pinhasi / Daniel Fernandes / Kendra Sirak / Mario Novak / Sarah Connell / Songül Alpaslan-Roodenberg / Fokke Gerritsen et al., Optimal Ancient DNA Yields from the Inner Ear Part of the Human Petrous Bone. Edited by Michael D. Petraglia in: PLOS ONE 10, no. 6 (June 18, 2015): e0129102. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129102>.

Einsatz von Ressourcen gewidmet. Abgesehen von einigen Archäologen haben Wissenschaftler der historischen Disziplinen auch kein großes Interesse daran gezeigt, genomische Daten als historische Quellen zu verwenden.⁴ Die Gründe dafür sind zumindest teilweise verständlich. Offensichtlich sind genetische Daten für viele wichtige historische Fragen einfach nutzlos: Geistesgeschichte, Kulturgeschichte und ein Großteil der politischen und wirtschaftlichen Geschichte basieren auf sehr unterschiedlichen Arten von Daten, vor allem auf schriftlichen Quellen, die explizite Bedeutung und Intentionalität vermitteln. Aus der Sicht der Archäologen bieten Fortschritte in der Anthropologie, der Analyse stabiler Isotope und die Weiterentwicklung molekularbiologischer Technologien Einblicke in die Ernährung, die Gesundheit, die körperliche Aktivität und die Mobilität vergangener Generationen. So haben die Disziplinen der Archäologie und Geschichte in den letzten zwei Jahrhunderten hochspezialisierte Methoden entwickelt, um die jüngste menschliche Vergangenheit aus osteologischen, materiellen und schriftlichen Aufzeichnungen zu rekonstruieren. Vertreter dieser Diszi-

- 4 Ein Großteil der Diskussion über die Verwendung antiker DNA für die historische Forschung wurde auf Deutsch geführt. Siehe besonders: *Elsbeth Bösl*, *Doing Ancient DNA: Zur Wissenschaftsgeschichte der aDNA-Forschung*. (Histoire Transcript, Firm, Bd. 111.) Bielefeld 2017; *Jörg Feuchter*, *The Middle Ages in the Genetics Lab*, in: doi: 10.1515/9783110546316-004; *Elsbeth Bösl / Jörg Feuchter*, *Genetic History – Eine Herausforderung für die Geschichtswissenschaften*, in: *Neue Politische Literatur*, doi: 10.1007/s42520-019-00111-6; *Jörg Feuchter*, *Mittelalterliche Migrationen als Gegenstand der ›Genetic History‹*, in: Felix Wiedemann / Kerstin P. Hofmann / Hans-Joachim Gehrke (Hrsg.), *Vom Wandern der Völker. Migrationserzählungen in den Altertumswissenschaften*. (Berlin Studies of the Ancient World, Bd. 41.) Berlin 2017, 347–370; *Patrick Geary / Krishna Veeramah*, *Mapping European Population Movement through Genomic Research*, in: *Medieval Worlds* 4 (2016), 65–78, oder: doi: 10.1553/medievalworlds_no4_2016s65.

plinen haben wenig Grund gesehen, sich mit dem sich entwickelnden Gebiet der alten DNA-Forschung zu befassen, um ihre Analysen zu ergänzen. Einige meinen, dass genomische Daten die Verwendung schriftlicher Texte und materieller Kultur kaum bis gar nicht unterstützen können, um die jüngere menschliche Vergangenheit zu verstehen. Von einem Archäologen wurde das sogar als »eine Technik bei der Suche nach Anwendungen«⁵ kritisiert.

Neben der Archäologie gibt es auch andere historische Disziplinen wie Sozial-, Geschlechter- oder Migrationsgeschichte, die meines Erachtens von der Einbeziehung genomischer Daten in die Untersuchung von textlichen, materiellen und mündlichen Quellen profitieren können. Genomdaten haben das Potenzial, Wissenschaftlern neue Fragen zu eröffnen und neue Forschungsperspektiven auf die Vergangenheit zu erschließen.

Wenn die Erforschung der alten DNA auch einige Probleme und Fragen lösen kann, so stellt uns die Verwendung dieser Quellen zum Verstehen der jüngsten menschlichen Vergangenheit auch vor neue Herausforderungen. Sie betreffen nicht nur den relativen Erkenntniswert der Genomforschung in der Geschichtswissenschaft, sondern sind vielmehr mit grundsätzlichen epistemologischen Fragestellungen verbunden, die sich teilweise aus höchst problematischen Tendenzen in der Wissenschaftsgeschichte der historischen Disziplinen ergeben. Viele Historiker und viele Archäologen haben daher die Genomik mit großer Zurückhaltung aufgenommen, wenn sie sich nicht sogar offen gegen die Einbeziehung dieser neuen Forschungsrichtung in ihre Arbeit ausgesprochen haben. Leider haben sie gute Gründe für ihre Skepsis.

5 Tony Waldron, DNA in »Bones«, in: *International Journal of Osteoarchaeology* 1,2 (1991), 155, doi.org/10.1002/oa.1390010213. Zit. in: Bösl, *Doing Ancient DNA* (wie Anm. 4), 237.

1. Das gefährliche Erbe der Rassenkunde

Es ist vor allem der Geist von Gustaf Kossinna und seiner Generation von Archäologen, die im ersten Viertel des 20. Jahrhunderts auf ihre eigene Art versuchten, Geschichte, Archäologie, und Biologie zu verbinden, an den sich Historiker oft erinnert fühlen, wenn sie mit historischer Genomforschung konfrontiert werden.⁶ Kossinna entwickelte zusammen mit Zeitgenossen, wie dem polnischen Archäologen, Premierminister und späteren deutschen Kollaborateur Leon Kozłowski in Polen⁷ und dem Australier Gordon Childe in Schottland⁸, die sogenannte siedlungsarchäologische Methode.

Kossinna verstand die europäischen Völker als homogene politische, sprachliche, kulturelle und biologische Einheiten, von denen angenommen wurde, dass sie eine ihnen gemeinsame, durch die Archäologie identifizierbare Ur-Heimat hätten. Ebenso glaubte er, ihre Wanderungen mithilfe antiker schriftlicher Quellen, indogermanischer Philologie, archäologischer Funde und körperlicher Merkmale verfolgen zu können. So rekonstruierte er ihre

- 6 Zwei seiner klassischen Werke waren *Gustaf Kossinna*, Ursprung und Verbreitung der Germanen in vor- und frühgeschichtlicher Zeit. (Mannus-Bibliothek, Nr. 6.) Leipzig 1928, und *Ders.*, Die deutsche Vorgeschichte. Eine hervorragend nationale Wissenschaft. Würzburg 1912.
- 7 *Leon Kozłowski*, Epoka kamienia na wydmach wschodniej części Wyżyny Małopolskiej. [Die Steinzeit in den Dünen des östlichen Teils des Hochlandes von Kleinpolen]. Lwów 1923. Siehe *Sebastian Brather*, Archäologie der westlichen Slawen: Siedlung, Wirtschaft und Gesellschaft im früh- und hochmittelalterlichen Ostmitteleuropa. Berlin / New York 2008, XX.
- 8 *S. David R. Harris* (Hrsg.), The archaeology of V. Gordon Childe: Contemporary Perspectives. London 1994.

Geschichte von der Emigration aus diesen Heimatländern und ihrer Immigration in das Römerreich, das sie zerstörten, um daraufhin in den ehemaligen römischen Provinzen ihre Kultur und Gesellschaftsmodelle zu etablieren.

Obwohl einige Archäologen weiterhin eine modifizierte Version der siedlungsarchäologischen Methode anwenden, wird Kossinna heute regelmäßig zurückgewiesen und kritisiert.⁹ Das betrifft sowohl seine Versuche, alte Völker durch die Kombination von archäologischen, sprachlichen, biologischen und textlichen Beweisen zu identifizieren, als auch seine wertenden Vorurteile über diese Völker Europas.¹⁰

Und schließlich wollte Kossinna dem Studium der materiellen Kultur und der Sprachkultur eine zusätzliche Dimension hinzufügen – und zwar eine biologische. Er verwendete Schädelformen, um die Populationen zu kategorisieren, deren Geschichte er rekonstruieren wollte. Da er sich nicht mit der Untersuchung und Kategorisierung antiker Schädeltypen zufriedengab, suchte er in der zeitgenössischen Bevölkerung nach Belegen für die langfristigen Auswirkungen der mutmaßlichen Migrationen und erklärte zum Beispiel die Anwesenheit von »Germanengestal-

9 Besonders bedeutsam sind in diesem Zusammenhang die Arbeiten von *Sebastian Brather*, *Ethnische Identitäten als Konstrukte der frühgeschichtlichen Archäologie*, in: *Germania* 78 (2000), 139–177, doi.org/10.11588/ger.2000.60323, der Review-Artikel von *Guy Halsall*, *Movers and Shakers: The Barbarians and the fall of Rome*, in: *Early Medieval Europe* 8 (1999), 131–145, sowie dessen Beitrag: *Archaeology and the late Roman frontier in Northern Gaul: The so-called »Föderatengräber« revisited*, in: *Walter Pohl / Helmut Reimitz (Hrsg.), Grenze und Differenz im frühen Mittelalter. (Forschungen zur Geschichte des Mittelalters, Bd. 1.)* Wien 2000, 167–180.

10 Für eine sympathisierende, aber nicht unkritische Behandlung der Tradition der Siedlungsarchäologie siehe *Florin Curta*, *From Kossinna to Bromley: Ethnogenesis in Slavic archaeology*, in: *Andrew Gillett (Hrsg.), On Barbarian Identity. Critical Approaches to Ethnicity in the Early Middle Ages.* Turnhout 2002, 201–218.

ten« im modernen Italien so: »Solche hochgewachsenen blonden Kurzkopfmenschen haben sich im frühen Mittelalter durch die Einwanderung der Langobarden und im späteren Mittelalter durch die der Deutschen auch im östlichen Oberitalien stark verbreitet.«¹¹ Kossinna ging aber noch weiter: Für ihn gab es eine klare Hierarchie unter den Völkern Europas, eine Hierarchie, in der die germanische Kultur an der Spitze stand (obwohl er selbst masurischer Herkunft war). Seine Kombination von Methoden der Archäologie, der Linguistik und der physikalischen Anthropologie ermöglichte ein Verständnis der europäischen Bevölkerung sowohl in der Vergangenheit als auch in der Gegenwart:

»Die körperlichen Reste der Urbewohner unseres Landes, die wir hier so genau kennengelernt haben, wie der heutige Stand unserer Wissenschaft es zulässt, lehren, von welchen Ahnen wir abstammen und von welchen nicht. Aber noch Größeres leistet ja die Rassenkunde insofern, als sie nicht nur die körperlichen, sondern auch die seelischen und geistigen Eigenheiten der heutigen Rassen, also die bedeutungsvollen Unterschiede der Rassen nach dieser Richtung hin erkennen lässt.«¹²

Kossinna starb 1931. Die Verwendung seiner kombinierten Methode aus Archäologie, Geschichte, Linguistik und Biologie in den anderthalb Jahrzehnten nach seinem Tod durch deutsche Ideologen ist zu bekannt, um sie weiter behandeln zu müssen. Darüber hinaus hat die gewissenhafte historiographiehistorische Forschung der vergangenen Generation sowohl Kossinnas Ansätze als auch das

11 *Kossinna*, Ursprung und Verbreitung (wie Anm. 6), 120.

12 *Kossinna*, Ursprung und Verbreitung (wie Anm. 6), 125.

herder'sche Bild der »Wanderlawine«, für das sie verwendet wurde, grundsätzlich abgelehnt.¹³

- 13 Die neuere Literatur zur frühmittelalterlichen Ethnizität und Migration ist enorm und wächst rasant. Frühe Beiträge wurden von *Herwig Wolfram* geleistet, sowohl in seinen eigenen Studien, wie in: Zur Ansiedlung reichsangehöriger Föderaten, in: Mitteilungen des Instituts für Österreichische Geschichtsforschung 91 (1983), 5–35, doi.org/10.7767/miog.1983.91.12.5, sowie: Ethnogenesen im frühmittelalterlichen Donau- und Ostalpenraum (6. bis 10. Jahrhundert), in: Helmut Beumann / Werner Schröder (Hrsg.), Frühmittelalterliche Ethnogenese im Alpenraum. (Nationes, Bd. 5.) Sigmaringen 1985, 97–151, und in seinem klassischen Werk: Die Goten. Von den Anfängen bis zur Mitte des 6. Jahrhunderts. Wien / München 1990, als auch in verschiedenen Sammlungen, die er lancierte, darunter *Ders.* / *Andreas Schwartz* (Hrsg.), Anerkennung und Integration. Zu den wirtschaftlichen Grundlagen der Völkerwanderungszeit, 400–600. (Denkschriften der Österreichischen Akademie der Wissenschaften, Phil. hist. Kl. 193.) Wien 1988. Zu den neueren bedeutenden Beiträgen zählen die von *Walter Pohl*, von denen viele im Rahmen des Projekts »The Transformation of the Roman World« der European Science Foundation erschienen sind, darunter *Walter Pohl* / *Helmut Reimitz* (Hrsg.), Strategies of Distinction. The Construction of Ethnic Communities, 300–800. (The Transformation of the Roman World, Bd. 2.) Leiden / Boston / Köln 1998, und *Ders.* (Hrsg.), Kingdoms of the Empire. The Integration of Barbarians in Late Antiquity. (The Transformation of the Roman World, Bd. 1.) Leiden / New York / Köln 1997, sowie seine eigenen Studien, besonders *Ders.*, Die Awaren. Ein Steppenvolk in Mitteleuropa, 567–822 n. Chr. München 1988, jetzt überarbeitet und erweitert in einer englischen Übersetzung: *The Avars: A Steppe Empire in Central Europe*, 567–822. Ithaca NY / London 2018. Für einen umfassenden Überblick der Forschungsgeschichte siehe jetzt: *Ders.*, Von der Ethnogenese zur Identitätsforschung, in: *Ders.* / Maximilian Diesenberger / Bernhard Zeller (Hrsg.), Neue Wege der Frühmittelalterforschung – Bilanz und Perspektiven. (Forschungen zur Geschichte des Mittelalters, Bd. 22.) Wien 2018, 9–34. In jüngerer Zeit hat sich *Michael Borgolte* in der Geschichte der Migration in transkultureller Perspektive engagiert in »Migrationen als transkulturelle Verflechtungen im mittelalterlichen Europa. Ein neuer Pflug für alte Forschungsfelder«, in: *Historische Zeitschrift* 289 (2009), 261–285. DOI 10.1524/hzhz.2009.0041.

2. Die revisionistische Geschichte der frühmittelalterlichen Bevölkerungsbewegung

Dieses revisionistische Unternehmen wurde bisher zunächst durch die Analyse der spärlichen dokumentarischen Nachweise spätantiker und frühmittelalterlicher Texte vorangetrieben, die mithilfe neuer Erkenntnisse aus der vergleichenden Geschichte, Soziologie und Kulturanthropologie immer wieder neu interpretiert werden. Für Globalhistoriker wie Michael Borgolte wurden die Bevölkerungsbewegungen im frühen Mittelalter auch durch vergleichende Studien zu Migration und Bevölkerungsveränderungen diachron und in ganz Eurasien analysiert.¹⁴ Die Migration selbst wurde unter die Lupe genommen, da vergleichende Studien belegen, dass Europa die Bevölkerungsbewegungen seit jeher kannte. Die wichtigsten davon waren Prozesse einer »demic expansion«, einer Kettenmigration oder der Bewegung spezialisierter Kategorien wie Soldaten oder Bergleute, nicht ganzer Gemeinschaften. Ebenso haben rezente Generationen von Archäologen neue grundlegende Möglichkeiten entwickelt, um materielle Kultur im Hinblick auf lokale Gemeinschaften, soziale Hierarchien, Austausch und Lebenszyklen zu interpretieren, anstatt beobachtete Muster auf Fragen der Rasse oder der ethnischen Zugehörigkeit zu reduzieren. Veränderungen in den Mustern der materiellen Kultur erbrachten Erklärungen und

14 *Michael Borgolte*, Mythos Völkerwanderung: Migration oder Expansion bei den »Ursprüngen Europas«, in: *Viator* 41 Multilingual (2010), 23–48 (10.1484/J.VIATOR.1.100725), siehe dazu auch nun *Mischa Meier*, *Geschichte der Völkerwanderung. Europa, Asien, Afrika*, 3. – 8. Jahrhundert. München 2019.

Ansätze, die eher auf Kulturtransfer als auf Migration und Eroberung hindeuten.¹⁵

Die Ergebnisse dieser revisionistischen Ansätze in Bezug auf die sogenannte Migrationsperiode sind signifikant, wenn auch immer noch umstritten. Jedoch werden einst als klar abgrenzbare, homogene Völker gesehene Gemeinschaften zunehmend als heterogene, unter bestimmten historischen Umständen entstandene Ad-hoc-Konstellationen verstanden. Als Motor/Katalysator für die Ethnogenese eines neuen Volkes wurde häufig die römische Welt selbst angesehen, die sowohl aktiv als auch passiv zur Bildung neuer Völker beitrug. Römische Kaufleute drangen auf der Suche nach Rohstoffen, Bernstein und Sklaven jenseits des Limes in barbarische Gebiete ein und destabilisierten das Gleichgewicht kleiner, traditioneller Gesellschaften von Bauern und Hirten. Noch dramatischer war das Bestreben der römischen Staatspolitik, lokale Eliten, Anführer und Herrscher zu fördern, die römische Interessen unterstützten, Überfälle auf das Imperium unterbanden und der römischen Armee bei Bedarf Hilfstruppen zur Verfügung stellen konnten. Das Ergebnis, so heißt es in der Theorie, war das Entstehen stärker hierarchisierter, größerer politischer Gemeinschaften an der Peripherie des Imperiums. Die Entstehung dieser Gemeinschaften war so eng mit dem Imperium verwoben, dass der österreichische Historiker Herwig Wolfram über »Das Römerreich und *seine* Germanen« schrieb.¹⁶ Auf Druck Roms und seiner Barbaren konnten sich andere Gruppen zu neuen, antirömischen politischen Einheiten wie den Marcomanni oder den Ala-

15 Besonders bedeutsam sind in diesem Zusammenhang die Arbeiten von *Brather*, *Ethnische Identitäten*, und *Ders.*, *Archaeology and the late Roman frontier* (beide wie Anm. 9).

16 *Herwig Wolfram*, *Das Römerreich und seine Germanen: eine Erzählung von Herkunft und Ankunft*. Köln 2018.

manni zusammenschließen, die – ansonsten ungleich – das Bedürfnis nach Schutz oder den Wunsch nach Raub teilten. In dem Maße, in dem diese ›Völker‹ unter historischen Umständen konstituiert wurden, folgt logischerweise, dass sie auch verschwinden, sich neu konstituieren und ihre Identität mit den sich ändernden Umständen erneut ändern konnten.

Ebenso werden die Prozesse, die zur Präsenz nicht-römischer Gruppen innerhalb des Imperiums führten, nicht als unruhige Suche nach einer neuen Heimat oder Massenbewegungen ganzer Völker verstanden, sondern als einzelne Übergriffe, die im Kontext von Bürgerkriegen vor sich gingen und in den letzten Jahrhunderten die Politik der westlichen Hälfte des Reiches maßgeblich mitbestimmten. Die vielleicht prägnanteste Aussage dieses neuen Verständnisses ist die von Guy Halsall, der eindringlich argumentiert, dass Spannungen im Imperium von etwa 400 n. Chr. »auf lokaler und regionaler Ebene im westlichen Imperium ein politisches Vakuum geschaffen haben, in das nicht-römische politische, soziale und militärische Einheiten hineingezogen wurden«. Er schließt daraus, dass die »barbarischen Migrationen ›das Ergebnis des Endes des Römischen Reiches‹« waren und nicht umgekehrt.¹⁷

Was den Bevölkerungswandel in Europa am Ende der Römerzeit angeht, ist jedoch noch vieles unklar. Wir wissen, dass zu verschiedenen Zeiten tatsächlich kurzfristige, dramatische Migrationen stattgefunden haben. Auch gegenwärtig erleben wir eine solche – auch wenn der Vergleich der heutigen Migrationen aus dem östlichen Mittelmeerraum und Afrika mit den Vertreibungen und Migrationen nach dem Zweiten Weltkrieg, als mehr als

17 *Guy Halsall, Barbarian Migrations and the Roman West, 376–568.* Cambridge 2007, 34.

zehn Millionen Menschen vor Verfolgung und Hunger in Osteuropa in den Westen flohen, nahelegt, dass wir es jetzt eher mit dem Ergebnis von schlechtem Management als demografischen Prozessen zu tun haben. Ebenso haben sicherlich Expansionen stattgefunden, obwohl es von Zeit und Ort abhängt, ob diese zur Verdrängung der indigenen Bevölkerung oder zu ihrer allmählichen Absorption führten. Wir wissen auch, dass Migration eine geschlechtsspezifische Dimension hat: Männer und Frauen haben nicht die gleichen Mobilitätsmuster.

Wir können heute davon ausgehen, dass viele frühmittelalterliche Völker Ad-hoc-Konstellationen verschiedener ethnischer und sozialer Gruppen waren. Allerdings scheinen einige ethnische Identitäten tatsächlich einen stärkeren und dauerhafteren Fokus auf politische Integration und soziale Kohärenz als andere gelegt zu haben. Dies ermöglichte sozialen Gemeinschaften, trotz Unterordnung und vorübergehenden Verschwindens, Jahrhunderte überdauern zu können.

Als Historiker müssen wir also die verschiedenen Arten von Bevölkerungsveränderungen interpretieren, die in der Weltgeschichte zu beobachten waren. Wie können wir diejenigen verstehen, die zwischen dem vierten und dem siebten Jahrhundert in West-Eurasien stattgefunden haben? War das ›business as usual‹ oder eine Phase der Intensivierung? Sollten wir in diesen Jahrhunderten nicht zwischen einer Vielzahl von Modalitäten unterscheiden: von Eliteübernahmen durch kleine barbarische Militäreinheiten, die in römische Bürgerkriege verwickelt waren, über massivere Invasionen von Männern, Frauen und Kindern bis hin zu Kettenmigrationen, die über Generationen hinweg stattfanden, oder einer umfassenden Expansion wie in den von Michael Borgolte untersuchten Modellen, etwa was die Ausbreitung von slawischen Gruppen über

weite Teile Mittel- und Osteuropas betrifft? Ein Modell passt sicherlich nicht für alle: Es gibt keinen Grund, weshalb die soziale und politische Umgestaltung Britanniens in den sächsischen Königreichen des fünften und sechsten Jahrhunderts nach dem gleichen Muster verlaufen sein sollte wie die Entstehung der fränkischen Königreiche im fünften Jahrhundert oder des langobardischen Königreiches Italien im sechsten Jahrhundert. Man muss auch nicht davon ausgehen, dass die Integration der Sachsen, Franken, Alemannen, Heruler oder Langobarden auf dieselbe Art erfolgte. Ebenso wenig kann man bei der Etablierung der Steppenvölker-Reiche in Europa, seien es die Hunnen, Awaren oder Magyaren, von den gleichen kulturellen, sozialen und politischen Voraussetzungen und Prozessen ausgehen.

Wie kommen wir also über die lakonischen schriftlichen Zeugnisse und die mehrdeutigen archäologischen Befunde hinaus, um diese Prozesse aufzuklären? Wie können wir die interne soziale und kulturelle Zusammensetzung der verschiedenen Akteure, ihre Anzahl, ihre Bewegungen und letztendlich ihre Auswirkungen auf die europäische Bevölkerung verstehen? In zunehmendem Maße versuchen Genetiker, neue Daten bereitzustellen, um sowohl alte Fragen zu beantworten, als auch neue zu stellen. So können sie etwa helfen, neue Erkenntnisse über den geschlechtsspezifischen Charakter frühmittelalterlicher Gesellschaften zu gewinnen, über das Ausmaß, in dem Endogamie von verschiedenen kulturellen und politischen Gruppen praktiziert wurde, zur Größe der Bevölkerungsgruppen und über die Interaktion der neu angekommenen Bevölkerung mit den ›einheimischen‹ Provinzialen des Römischen Reiches.

3. Gegen einen genomischen ›Neo-Kossinismus‹

Offen gesagt, das ist gefährlich. Erinnern wir uns, was Kossinna und seine Zeitgenossen mit ihren Schädelmaßen angestellt haben. Kossinna hatte keinen direkten Zugang zu genetischen Daten (die Idee der DNA war zu seiner Zeit völlig unbekannt). Was er mit der Schädelmorphologie untersuchte, war eigentlich einen Phänotyp als Ersatz für den Genotyp. Anschließend verallgemeinerte er anhand der von ihm als ›typisch‹ erachteten Schädeltypen nach Regionen, um die Populationen dieser Regionen zu kategorisieren. Die so identifizierten Gruppen setzte er mit einer bestimmten materiellen Kultur und, gestützt auf die Arbeit indoeuropäischer Philologen, einer sprachlichen Kultur gleich. Und schließlich verfolgte er die Bewegung dieser Verbände in ganz Europa, indem er beobachtete, wie sich sowohl die materielle Kultur als auch der Prozentsatz seiner Schädeltypen veränderten. Auffällig ist die Ähnlichkeit von Kossinnas Methode mit einigen der aktuell gebräuchlichen genetischen Ansätze.

Heute befürchten einige Historiker und Archäologen, dass einige Genetiker, obwohl sie sicherlich nicht Kossinnas Rassen- und Hierarchientheorien teilen – ganz im Gegenteil – mit denselben Prämissen arbeiten. Wie zum Beispiel die Cambridge-Archäologin Susanne Hakenbeck kritisch bemerkte, beginnen einige neuere Studien, die versuchen, die Ursprünge der Indoeuropäer zu bestimmen, mit den archäologischen Komplexen, die Kossinna sehr vertraut gewesen wären – wie etwa der ›Schnurkeramik-Kultur‹ oder dem ›Glockenbecherphänomen‹.¹⁸ Bei der Su-

¹⁸ *Susanne E. Hakenbeck*, *Genetics, archaeology and the far right*:

che nach biologischen Beweisen für diese Kulturen achten sie nicht auf die Schädelmorphologie, sondern auf Genomsequenzen von Proben, die aus Gebieten der archäologisch konstruierten Regionen entnommen wurden. In einer Studie bedeutete dies eine Stichprobengröße von nur 101 Personen aus ganz Eurasien, die zwischen 3.000 und 1.000 v. Chr. lebten.¹⁹ Eine andere Studie stellte auf der Basis von nur 69 Europäern, die zwischen 6.000 und 1.000 v. Chr. lebten fest, dass »spätneolithische Schnurkeramik-Leute aus Deutschland 75 % ihrer Vorfahren auf die Yamnaya« zurückführen können. Eine kulturelle Praxis, wiederum eine Art Keramik, wird hier mit einem ›Volk‹ identifiziert, das sich angeblich durch ein spezifisches genetisches Signal identifizieren lasse.²⁰

Eine oberflächliche Lektüre dieser beiden Studien könnte leicht den Eindruck erwecken, dass einige ihrer Ansätze und Interpretationen denen von Kossinna und seinen Zeitgenossen recht ähnlich sind. Manche der frühen Versuche in der noch sehr jungen Disziplin der historischen Erforschung genetischer Daten waren auch tatsächlich von der Tendenz der älteren archäologischen Forschung beeinflusst, die Fundkomplexe bestimmten Völkern oder ethnischen Gruppen zuzuordnen. Eine solche Essentialisierung sowohl von geistes- als auch naturwissenschaftlicher Seite

an unholy Trinity, in: *World Archaeology*, DOI: 10.1080/00438243.2019.1617189. Siehe auch *Volker Heyd*, Kossinna's smile, in: *Antiquity* 91 (2017), 348–359, hier 356, DOI: 10.15184/aqy.2017.21, und *Kristian Kristiansen et al.*, Re-theorising mobility and the formation of culture and language among the Corded Ware Culture in Europe, in: *Antiquity* 91, Nr. 356 (2017), 334–347 DOI: 10.15184/aqy.2017.17.

- 19 *Morten E. Allentoft et al.*, Population genomics of Bronze Age Eurasia, in: *Nature* 522 (11 June 2015), DOI: 10.1038/nature14507.
- 20 *Wolfgang Haak et al.*, Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe, in: *Nature* 2015; www.nature.com/doi/10.1038/nature14317.

ist mehr als doppelt gefährlich. Allerdings sind heute in beiden Disziplinen, der Archäologie und der historischen Erforschung genetischer Daten, kritischere Sichtweisen gut etabliert. Die Idee, dass das ›Schnurkeramik-Volk‹ oder die ›Yamnaya-Kultur‹ klar abgrenzbare ethnische Gruppen oder Völker repräsentieren, ist in der modernen Archäologie aufgegeben worden. ›Pots are not peoples‹ ist ein mittlerweile allgemein anerkannter Slogan. Und auch die führenden Vertreter der historischen Genforschung sind sich der Gefahren des Missbrauchs ihrer Daten wohl bewusst und weisen in ihren genetischen Analysen darauf hin, dass ihre Proben kein homogenes genetisches Profil aufweisen, sondern das Ergebnis komplexer Beimischungen sind.²¹ So hilft es etwa wenig, auch wenn die genetische Vielfalt anerkannt wird, wenn man sie mit älteren archäologischen Arbeiten verbindet, in denen die Schnurkeramik-Kultur oder die Yamnaya-Kultur abgegrenzte oder abgrenzbare soziale Verbände repräsentieren. Noch akuter wird das Problem, wenn man die Namen von ethnischen Gruppen oder Völkern, die aus schriftlichen Quellen bekannt sind, wie etwa die Sachsen, Hunnen oder Langobarden, zur Einordnung von archäologischen oder genetischen Komplexen verwendet, da diese Namen im Wesentlichen subjektive kulturelle

21 Ein herausragendes Beispiel für eine Studie, die die genetische Komplexität von Populationen zeigt, ist *Anja Furtwängler et al., Ancient genomes reveal social and genetic structure of Late Neolithic Switzerland*, in: *Nature Communications* 11, 1915 (2020); <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15560-x>. Hier werden genomweite Daten von 96 Personen aus der Jungsteinzeit und der frühen Bronzezeit aus der Schweiz, Süddeutschland und dem Elsass sowie einer Person aus der frühen Eisenzeit und einer Person aus der Römerzeit analysiert. Die Studie achtet zwar darauf, die Personen in der Studie nicht durch solche Etiketten zu vereinfachen oder essentiell zu machen, vergleicht sie jedoch mit den Gruppen ›Yamnaya-Komplex, ›Bell Beaker-Populationen‹ und ›Corded Ware‹.

Projektionen sind und keine objektiven Beschreibungen archäologischer oder genetischer Komplexe.

Hier wird die Schwierigkeit, kritische Ansätze über die disziplinären Grenzen hinweg zu entwickeln, besonders deutlich: Genetiker, Historiker und Archäologen haben in ihren Disziplinen ein jeweils eigenes Verständnis von Begriffen wie Population, Bevölkerung, Volk, Ethnie, Gruppe. Die Unterschiede dieser jeweils differenziert entwickelten Begrifflichkeiten gehen aber in gemeinsamen Publikationen oft verloren – ein Problem, das nicht zuletzt auch durch die deutlich kompaktere Form naturwissenschaftlicher Veröffentlichungen verschärft wird. Die reduzierte Darstellung der Ergebnisse wird daher von Archäologen und Historikern oft sehr kritisch aufgenommen. Die ihnen weniger vertraute kurze und manchmal wohl auch verkürzte Darstellung der Forschungen gibt ihnen wenig Möglichkeiten, die interdisziplinäre kritische Arbeit dahinter zu erkennen.

Viele befürchten daher, dass solche Studien noch immer im Schatten Kossinnas stehen und die vereinfachenden und essentialisierenden Auffassungen der Vergangenheit fortsetzen, die in der älteren Archäologie und auch Geschichtsforschung so einflussreich etabliert waren. So gesehen mag man verstehen, dass Historiker und Archäologen der europäischen Vergangenheit der Einführung genetischer Daten in das Studium der sogenannten Völkerwanderungszeit skeptisch gegenüberstehen. Anstatt unser Verständnis der Vergangenheit durch neue Methoden zu verbessern, sehen sie das Risiko, dass neue Technologien alte Ideologien bekräftigen. Und genau diese Befürchtungen/Missverständnisse finden sie oft in der populären Presse und in den social media oder der Blog-Kultur bestätigt. Im gegenwärtigen Klima des aufkeimenden ethnischen Nationalismus und Rassismus ist diese Rückkehr in die Vergangenheit eine

große Gefahr für unsere Gesellschaften. Umso wichtiger ist es, dass Forscher für diese Fragen, die nur gemeinsam von Natur- und Geisteswissenschaftlern beantwortet werden können, auch eine gemeinsame Sprache und Sichtweise entwickeln, in denen wir unsere Ergebnisse auch einer breiteren Öffentlichkeit mitteilen können. Die Voraussetzung dafür sind die Fortsetzung oder sogar Verstärkung des Dialogs und der Auseinandersetzung über die disziplinären Grenzen hinweg, wie sie etwa durch die Arbeiten und Projekte am Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte und die Studien von Jörg Feuchter und Elsbeth Bösl beispielhaft verfolgt und weiterentwickelt werden.²²

Ein zweiter Ansatz zur Genomgeschichte, der besorgniserregende Obertöne von Kossinnas Erbe aufweist, ist der Versuch, aus zeitgenössischen Bevölkerungsgruppen zu extrapolieren, um die Bevölkerungsdynamik und -bewegungen in der Vergangenheit zu verstehen. Wir haben gesehen, dass Kossinna angenommen hat, bestimmte Schädeltypen im Italien des 20. Jahrhunderts seien wahrscheinlich ein Beweis für frühmittelalterliche Migration gewesen. Die Tatsache, dass zwischen diesen beiden Momenten 1.300 Jahre Geschichte vergangen waren, einschließlich mehrfacher militärischer Einfälle deutscher Heere auf die italienische Halbinsel in der Neuzeit, Migrationen von Einzelpersonen und Gruppen zu Land, zur Arbeit oder aus anderen Gründen, schien ihm irrelevant. Heute scheinen Genetiker, die von modernen Populationen auf die Vergangenheit schließen, von sehr ähnlichen Annahmen

22 Siehe insbesondere *Jörg Feuchter*, Für einen kritischen Dialog zwischen Geschichtswissenschaft und genetic history, in: *NTM Zeitschrift für Geschichte der Wissenschaften, Technik und Medizin* 26, Heft 3 (2018), 339–344 (<https://doi.org/10.1007/s00048-018-0196-9>); *Bösl / Feuchter*, Genetic History (wie Anm. 4), und *Feuchter*, Middle Ages in the Genetics Lab (wie Anm. 4).

wie Kossinna auszugehen. Eine Studie über die Bevölkerung der britischen Inseln beruht auf der Prämisse, dass eine Person, die vier Großeltern am selben Ort hat, seit der sächsischen Einwanderung im fünften Jahrhundert ein Stellvertreter für die Bevölkerung der Region sein kann.²³ Ein solcher Ansatz ist aus mindestens zwei Gründen äußerst problematisch. Erstens und am offensichtlichsten minimiert er die Bedeutung von Bevölkerungsbewegungen, demografischen Ereignissen wie Seuchen, Versorgungskrisen oder -engpässen sowie Bevölkerungsverschiebungen und -veränderungen über mehr als ein Jahrtausend. Es kann sein, dass die Bevölkerung an einigen Orten stabil blieb. Dies muss jedoch nachgewiesen und darf nicht vorausgesetzt werden. In Ländern wie Ungarn wurden fast alle Bevölkerungsgruppen mehrmals ersetzt.²⁴ Die meisten Gebiete liegen wahrscheinlich zwischen diesen Extremen, aber es ist die Aufgabe von Historikern und anderen Wissenschaftlern, die tatsächliche Bevölkerungsgeschichte einer bestimmten Region herauszufinden und nicht einfach eine massive Kontinuität anzunehmen.

Das zweite Problem ist subtiler, aber ebenso wichtig: Wenn man nur wissen möchte, wie erfolgreich bestimmte genetische Stammbäume waren, um sich bis in die Gegenwart zu behaupten, ist dieser retrospektive Ansatz vielleicht sinnvoll. Wenn das Ziel jedoch darin besteht, die Vergangenheit in ihrem eigenen Kontext zu verstehen, ist es wichtig zu verstehen, wie unterschiedlich die früheren Bevölkerungsgruppen gewesen sein können. Einzelperso-

23 *Stephen Leslie* et al., The fine-scale genetic structure of the British population, in: *Nature* vol. 519 (2015), 309–314, doi:/10.1038/nature14230.

24 *Csanad Bálint*, Some Problems in Genetic Research on Hungarian Ethnogenesis, in: *Acta Archaeologica Academiae Scientiarum Hungaricae* 61 (2010), 283–294, DOI: 10.1556/AArch.61.2010.1.9.

nen und Gruppen können erhebliche politische, kulturelle oder wirtschaftliche Auswirkungen gehabt haben, selbst wenn sie ihre Gene nicht bis in die Gegenwart verewigt haben. Während es sein kann, dass jede Population ihre Spuren im modernen Genpool hinterlässt, tun dies Einzelpersonen nicht unbedingt, und die Prozentsätze solcher Spuren in der gegenwärtigen Population weisen nicht notwendigerweise auf ihre relative Bedeutung in der Vergangenheit hin. Sich auf moderne DNA zu konzentrieren bedeutet also, die Gewinner oder zumindest diejenigen zu untersuchen, die sich heute durchgesetzt haben, und möglicherweise die komplexen Konturen der Vergangenheit falsch einzuschätzen.

4. Auf dem Weg zu einer neuen integrierten genomischen Methodik

Wie können die neuen Genomanalysen die Fehler des letzten Jahrhunderts vermeiden und tatsächlich zu einem tieferen Verständnis der Geschichte beitragen? Kollaborative, interdisziplinäre Forschungsteams haben schon begonnen, Prinzipien und Ansätze zu entwickeln, die den Weg in die Zukunft weisen.

Anstatt moderne Bevölkerungsgruppen als Stellvertreter für die Vergangenheit zu untersuchen, müssen wir uns zunächst auf die Analyse der DNA konzentrieren, die aus alten Proben entnommen wurde, das heißt direkt von den Menschen, die wir erforschen möchten.

Wie bereits erwähnt, haben Fortschritte bei der Gewinnung von DNA-reichem Material aus alten Proben (insbesondere aus dem Felsenbein) unsere Fähigkeit revolutioniert, gute Daten zu generieren. ›Next Generation Sequencing‹ (NGS), ein revolutionärer Prozess der massiv parallelen Sequenzierung, ermöglicht es, in sehr kurzer Zeit und mit relativ geringen Kosten ganze Genome oder große Teile des Genoms zu sequenzieren, und hat damit die gesamte genetische Forschung verändert.²⁵ Zuvor wurde häufig ein als PCR oder Polymerasekettenreaktion bekanntes Verfahren verwendet, um Sequenzdaten aus bestimmten Segmenten des Genoms zu erhalten und in Mil-

25 Oben, S. 10. Für einen kurzen und verständlichen Überblick über NGS siehe *Jerzy K. Kulski*, Next-Generation Sequencing — An Overview of the History, Tools, and ›Omic‹ Applications, in: <https://www.intechopen.com/books/next-generation-sequencing-advances-applications-and-challenges/next-generation-sequencing-an-overview-of-the-history-tools-and-omic-applications>.

lionen von Kopien für die weitere Forschung zu replizieren. Der Prozess ist kontaminationsanfällig und erlaubt es nicht, die Authentizität der DNA nachzuweisen; er wird nur noch selten angewendet und, wenn doch, auf die DNA der Mitochondrien oder Teile des Y-Chromosoms bezogen (siehe unten). NGS ermöglicht die Sequenzierung ganzer Genome und hat auch Methoden entwickelt, durch die weitgehend Fehler vermieden werden können, die durch Degeneration der DNA, die beim Tod beginnt, entstehen. Außerdem kann mit der NGS die Kontamination gemessen werden, die durch Kontakt der Probe mit der DNA von Bakterien, Archäologen, Museumskuratoren oder jedem anderen Menschen entsteht. Es gibt also keine Entschuldigung mehr dafür, aDNA nicht zur Untersuchung alter Populationen zu verwenden oder PCR gegenüber NGS zu bevorzugen.

Das zweite wesentliche Element für eine solche Arbeit ist die enge Zusammenarbeit von Historikern, Genetikern, Archäologen und, im Idealfall, Sprachwissenschaftlern. Diese Zusammenarbeit muss zu Beginn des Projekts stattfinden und die Erarbeitung von Forschungsfragen, die Auswahl von Standorten und Entscheidungen über die Probenahme umfassen. Zu oft suchen Genetiker, die isoliert arbeiten, einfach die Archäologen auf, um von ihnen Proben zu erhalten, anstatt ihr Fachwissen in das Design des Projektes und die Analyse ihrer Ergebnisse zu integrieren. Ebenso wenden sich Genetiker häufig erst nachträglich historischen Veröffentlichungen zu, um eine allgemeine Darstellung zu finden, die zu ihren Daten passt.²⁶ Genetiker müssen von Historikern und Archäolo-

26 Ein Paradebeispiel ist das Papier von *P. Ralph / G. Coop*, *The Geography of Recent Genetic Ancestry across Europe*, in: *PLoS Biol* 11/5 (2013): e1001555. doi:10.1371/journal.pbio.1001555. Diese ansonsten ausgezeichnete genetische Untersuchung der modernen

gen lernen, dass genetische Gruppen nicht mit kulturellen Gruppen identisch sind, dass genetische Identität nicht unbedingt der kulturellen, politischen oder sozialen Identität entspricht, und dass Identitäten in der Tat situativ, überlappend und vielfältig sein können.²⁷ Die historische Identitätsforschung ist zwar noch eine recht junge Disziplin, aber ihre Fragen, Ergebnisse und Ansätze sollten gerade für die Zeit der Spätantike und des frühen Mittelalters einbezogen werden. Die Zuordnung von ethnischen Bezeichnungen zu genetisch definierten Gruppen ist nicht nur gefährlich, sie verzerrt auch die Komplexität der menschlichen Gesellschaft. Stattdessen sollten Modelle, die aus genetischen Daten entwickelt wurden, mit Modellen verglichen werden, die aus Isotopenanalysen, kultureller Archäologie und historischer Dokumentation stammen.

Drittens muss das Team zusammenarbeiten, um gültige Forschungsfragen zu formulieren. Dies sollten nicht die Fragen des neunzehnten und frühen zwanzigsten Jahrhunderts sein, wie etwa die Frage, wo die Urheimat der Indogermanen war oder wie sich die Route der gotischen oder langobardischen Migration von Skandinavien nach Italien rekonstruieren ließe. Solche Fragen beruhen auf veralteten

Bevölkerungsstruktur in Europa konzentrierte sich auf bestimmte chromosomale Regionen, die in der Vergangenheit von Paaren von Individuen desselben Vorfahren geteilt wurden (bekannt als Traktate der Identität nach Abstammung oder IBD). Es ging darum, beobachtbare Muster in Ost- und Mitteleuropa mit der mitteleuropäischen ›hunnischen Expansion‹ zu erklären, obwohl das einzige Wissen über die Hunnen, das in dem Aufsatz belegt wurde, aus einer allgemeinen Geschichte Europas, einem Überblick über die slawische Geschichte und zwei Artikeln in der *New Cambridge Medieval History* stammte.

27 Siehe *Stefanie Eisenmann et al., Reconciling material cultures in archaeology with genetic data: The nomenclature of clusters emerging from archaeogenomic analysis*, in: *Scientific Reports* 8, 13003 (2018), <https://doi.org/10.1038/s41598-018-31123-z>.

Modellen von Populationen, Homogenität und Bewegung und missbrauchen zwangsläufig genomische Daten, um ideologische Positionen zu stützen. Andererseits sind Genomdaten sehr hilfreich für das Verständnis der Bevölkerungskomplexität, der geschlechtsspezifischen Unterschiede, der Heiratsstrategien und der Bevölkerungsmobilität auf lokaler und regionaler Ebene, und diese Fragen sollten den Kern der Forschungsagenden bilden.

Viertens, um zu vermeiden, dass ganze Populationen wie von Kossinna und auch heute noch von einigen Archäologen und Genetikern essentialisiert werden, sollten Teams, die mit genomischen Daten arbeiten, möglichst keine weit verstreuten Stichproben von wenigen Gräbern an mehreren Standorten analysieren. Stattdessen müssen möglichst umfassende Analysen der gesamten Gräberfelder gemacht werden. Durch die Auswahl bestimmter Gräber als ›typisch‹ aufgrund ihres Standorts, ihrer Grabbeigaben oder ihrer Konstruktion oder einfach aufgrund der Verfügbarkeit osteologischer Materialien, kann ein Forschungsprojekt die mögliche Komplexität und Heterogenität innerhalb einer Gemeinde nicht aufdecken. Grundsätzlich muss vermieden werden, ethnische Bezeichnungen aus schriftlichen Dokumenten zur Charakterisierung genetischer Populationen zu verwenden. Etiketten sind nicht unschuldig: Die Beschreibung genetischer Komplexe mit kulturellen Begriffen ist eine gefährliche Gratwanderung.

5. Was Historiker von Genetikern lernen müssen

Für einen Historiker ist es einfach zu sagen, was Genetiker von Historikern und Archäologen lernen müssen. Auf der anderen Seite müssen Historiker und Archäologen mehr über den Prozess der Erzeugung von Genomdaten und insbesondere über die statistischen Analysen erfahren, um sowohl die Möglichkeiten als auch die Grenzen ihrer Analyse zu verstehen. Ansonsten werden Historiker entweder weiterhin genetische Daten ablehnen oder – was ebenso problematisch ist – Behauptungen von Genetikern unkritisch akzeptieren, weil ›es Naturwissenschaft ist‹.

Genetische Daten lügen nicht, aber wie alle anderen Daten sagen sie auch nicht die Wahrheit. Alle Daten schweigen: Alle geschriebenen, mündlichen, materiellen oder genetischen Daten müssen interpretiert werden. Die Interpretation und damit die relative Unsicherheit erfolgt in jedem Stadium der Genomanalyse. In meiner aktuellen Forschung sammeln wir Knochenproben von Gräberfeldern in Ungarn und Italien und versuchen, Proben von jedem Grab auf einem bestimmten Gräberfeld zu erhalten, und dann von diesen Proben genomische Sequenzdaten zu gewinnen. Das Ergebnis ist eine lange Reihe genetischer Daten, die aus den Nukleotidsequenzen A, T, C und G bestehen und in der berühmten Doppelhelix gepaart sind, die das menschliche Genom ausmacht. Das gesamte Genom besteht aus ca. 3,2 Milliarden Basenpaaren. In den meisten Fällen ist die alte DNA so stark fragmentiert, dass wir nicht das gesamte Genom sequenzieren können. Stattdessen versuchen wir, ungefähr 1,2 Millionen SNPs oder einzelne Nukleotidpolymorphismen, das heißt Positionen im Genom, die variabel

sind, zu untersuchen, denn in 99,9% der DNA sind alle Menschen identisch. Gemeinsame Variationen können auf eine engere Beziehung zwischen Individuen hinweisen, die diese SNPs teilen. Einzelne SNPs sind zwar nicht sehr aufschlussreich. Jedoch sind tausende oder hunderttausende von übereinstimmend genutzten SNPs ein starker Indikator für engere Beziehungen zwischen den Menschen, deren genetische Daten untersucht wurden. Jedes Individuum erbt seine SNPs von Millionen von Vorfahren und stellt somit eine ganze Population an Herkunftssignaturen dar. Es hat sich gezeigt, dass die von uns ausgewählten 1,2 Millionen SNPs in der heutigen Bevölkerung regional verteilt sind und daher verwendet werden können, um eine Vorstellung von Bevölkerungsdivergenzen und Verwandtschaften in verschiedenen Regionen der Welt zu erhalten.

Die Analyse dieser SNPs aus alten Skeletten bringt allerdings auch gewisse Schwierigkeiten und Herausforderungen mit sich. Ihre Aufzeichnung und ihre Analyse sind natürlich wissenschaftlich, aber jede Methode, auch exakte wissenschaftliche Methoden, haben ihre Vorurteile und Einschränkungen. DNA wird im Laufe der Zeit abgebaut und fragmentiert, sodass es schwierig ist, sehr lange DNA-Sequenzen zu erhalten. Im besten Fall arbeitet man mit kurzen Fragmenten, häufig nur 50 Basenpaare lang, die dort eingeordnet werden müssen, wo sie wahrscheinlich auf ein menschliches Modellgenom passen. Die von Illumina hergestellten Sequenziergeräte können Fehler verursachen, und daher ist im Idealfall eine hohe Anzahl von Sequenzlesevorgängen erforderlich, die eine bestimmte Position abdecken, um festzustellen, wie zuverlässig die Daten sind. Leider befindet sich in den alten Knochen nur wenig DNA, sodass die Abdeckung jeder Position häufig gering ist.

Problematischer ist, dass sich die alte DNA verändert und es Fehler gibt, bei denen beispielsweise ein G in ein A um-

gewandelt und ein C gegen ein T ausgetauscht wird. Es gibt Verfahren, um diese Fehler zu reparieren, aber Genetiker müssen darauf achten, dass das, was sie analysieren, tatsächlich der genetischen Variante entspricht und nicht einem Ergebnis des Abbaus. Einige Labore reparieren die DNA, andere nur einen Teil der DNA-Fragmente, wobei häufig die Enden der DNA-Fragmente nicht repariert werden können, und andere wiederum reparieren das gesamte DNA-Fragment. Wenn diese dann verglichen werden, kann es sein, dass Gemeinsamkeiten oder Unterschiede das Ergebnis der Verarbeitung der DNA in den unterschiedlichen Laboren sind und nicht tatsächliche Unterschiede im Genom der Personen, deren Proben untersucht wurden.

Unter der Annahme, dass wir ziemlich genaue Sequenzdaten erhalten, ist die grundlegende Frage, wie sie zum Verständnis der Populationsstruktur verwendet werden können. Frühere Studien stützten sich auf diejenigen Teile des Genoms, die von Generation zu Generation weitergegeben werden ohne Rekombination, das heißt dass sich die Chromosomen von Mutter und Vater austauschen. Dabei handelt es sich um die von Mutter zu Kind vererbte mitochondriale DNA (mtDNA) und das Y-Chromosom (Y-Chr), das vom Vater auf den Sohn übertragen wird. Ähnliche mtDNA-Sequenzen oder auch Y-Chr-Sequenzen, die im Stammbaum des Menschen auf den gleichen Ast fallen und somit eine nähere gemeinsame Abstammung aufzeigen, werden zu Haplogruppen zusammengefasst und diese mit geografischen Gebieten korreliert. So gibt es bestimmte mtDNAs oder Y-Chrs ursprünglich nur in Afrika südlich der Sahara.

Haplogruppen sind jedoch nicht sehr hilfreich, um die vollständige Komplexität der Vorfahren und damit der Populationen zu verstehen: Jeder Mensch hat zwei Eltern, vier Großeltern; acht Urgroßeltern; 16 Ur-Ur-Großeltern

usw., von denen er seine Gene vererbt bekommt. Schon nach 10 Generationen (ca. 300 Jahre) hat jeder von uns 1.000 Vorfahren. Nach 30 Generationen (ca. 900 Jahre) haben wir mathematisch mehr als eine Milliarde Vorfahren. Somit ist über einen Zeitraum von 1.000 Jahren jeder Europäer mit jedem Europäer verwandt. Es ist offensichtlich, dass die Verfolgung einer einzigen Linie wie der mtDNA oder der Y-Chr, die in 30 Generationen nur 30 Vorfahren hat, nur sehr wenig über die komplexe Abstammung aussagt, die jeder von uns in sich trägt. Zudem erlauben diese einzelnen genetischen Marker kaum, die gesamte Population in ihrer komplexen Zusammensetzung und Konstellation zu rekonstruieren. Dazu brauchen wir eine Möglichkeit, die Kern-DNA zu untersuchen, also den Teil, der von allen Vorfahren eines Menschen vererbt wird, der jedoch in jeder Generation einer Rekombination unterliegt. Populationsgenetiker wenden eine Reihe statistischer Methoden an, um zu versuchen, gemeinsame Vorfahren innerhalb dieser Masse komplexer Daten zu erkennen.

Eine der am häufigsten angewandten Methoden, die bei der Präsentation vor einem allgemeinen Publikum häufig verwendet wird, aber auch missverstanden werden kann, ist die Hauptkomponentenanalyse.²⁸ Dies ist ein statistisches Verfahren, das Muster in einem komplexen Datensatz identifiziert. Dies geschieht durch Konvertieren eines Satzes von möglicherweise korrelierten Variablen in einen Satz jener Komponenten, die so viel Varianz wie möglich innerhalb des Satzes ausmachen. Somit ist die erste

28 Für eine kurze Einführung: *Jake Lever / Martin Krzywinski / Naomi Altman*, Principal component analysis, in: *Nature Methods* 14 (2017), 641 f.; doi:10.1038/nmeth.4346. Zu Fragen zur PCA und aDNA siehe *David Reich / Alkes L Price / Nick Patterson*, Principal component analysis of genetic data, in: *Nature Genetics* 40 (2008), 491 f.; doi: 10.1038/ng0508-491.

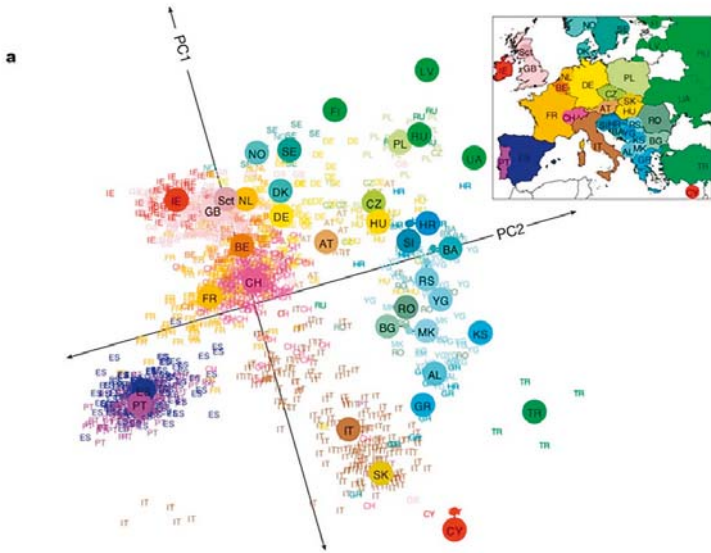


Abb. 1: Die Bevölkerungsstruktur in Europa. Nach *John Novembre et al.*, in: *Nature* 456, 1-4 (2008); doi:10.1038/nature07331. Reprinted by permission from *Nature*, Genes mirror geography. Reprinted by permission of *Nature*.

Komponente für die größte Varianz verantwortlich, die zweite für die zweitgrößte usw. Hauptkomponentenanalysen können theoretisch verwendet werden, um einer beliebigen Anzahl von Komponenten zu folgen. In der Genetik werden sie jedoch häufig verwendet, um eine visuelle Darstellung der genetischen Distanz und Beziehungen zwischen Individuen oder Populationen auf einer zweidimensionalen x-y-Achse zu erstellen. Das Ergebnis ist, in einem einfachen Bild den relativen Abstand zu zeigen, der alle Proben trennt. Die vielleicht berühmteste Verwendung von PCA in den letzten Jahren war von John Novembre, der 1.387 zeitgenössische europäische Genome analysierte,

die auf ungefähr 200.000 SNPs untersucht wurden.²⁹ Basierend auf den ersten beiden Hauptkomponenten ordneten sich die Daten so an, dass die daraus resultierende zweidimensionale visuelle Zusammenfassung eine außerordentlich genaue Karte von Europa ergab, obwohl keine geografischen Daten enthalten waren. Novembre kam zu dem Schluss, dass die Entfernung und nicht irgendein anderer Faktor der wichtigste Bestandteil der genetischen Struktur zwischen Individuen und Populationen in Europa ist.

Historiker, Archäologen und Genetiker, die mit alter DNA arbeiten, haben den gleichen Ansatz gewählt, um Bevölkerungsgruppen in den von ihnen untersuchten historischen Gemeinschaften zu identifizieren. Insbesondere zeichnen sie die Hauptkomponenten, die ihre Stichproben trennen, gegen einen modernen Populationsdatensatz auf.³⁰ Letzteres ist notwendig, weil man normalerweise nicht mit vollständigen Genomen arbeitet und daher vollständigere Proben benötigt, nämlich die Proben moderner Individuen, um die SNPs abzugleichen, die aus den alten Proben gewonnen werden können.

Die Ergebnisse können aussagekräftig sein, aber sie können auch in die Irre führen. In einer kürzlich von mir durchgeführten Studie haben wir Bestattungen aus einem Gräberfeld aus dem sechsten Jahrhundert untersucht. Wir wollten feststellen, ob es möglich sein könnte, die genetische Komplexität in kleinen Gemeinden im frühmittelalterlichen Norditalien und einer Region im heutigen Ungarn zu erkennen.³¹ Als wir unsere Proben aus dem

29 *John Novembre et al.*, Genes mirror geography within Europe, in: *Nature* vol. 256 (6 November 2008), doi:/10.1038/nature07331.

30 *Krishna R. Veeramah et al.*, Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria (*Proceedings of the National Academy of Sciences*), <http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1719880115>.

31 *Carlos Eduardo G. Amorim et al.*, Understanding 6th-century bar-

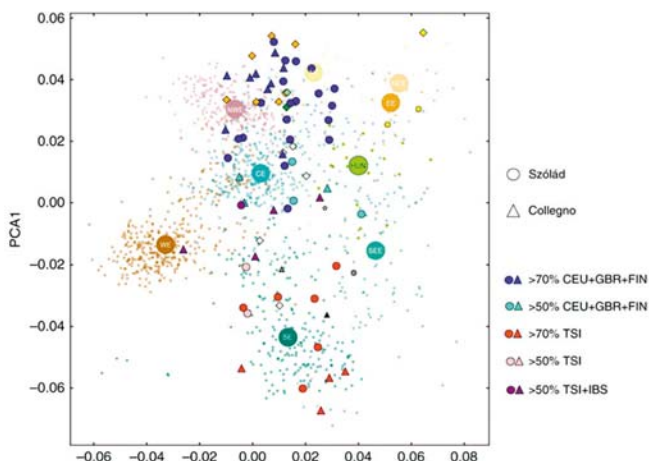


Abb. 2: Hauptkomponentenanalyse von Szólád und Collegno. Nach Amorim et. al., Understanding 6th-century barbarian social organization, in: Nature Communications 9, no. 1 (December 2018): 3547 doi.org/10.1038/s41467-018-06024-4.

sechsten Jahrhundert gegen eine moderne genetische Karte Europas zeichnen, konnten wir zwei verschiedene Gruppen erkennen.

Die erste Gruppe würde man im Allgemeinen in das Gebiet einordnen, das heute Nord- und Mitteleuropa umfasst, die zweite nach Italien. Keine der Gruppen stimmt mit der heutigen Bevölkerung Ungarns überein. Diese Visualisierung kann jedoch leicht falsch interpretiert werden. Da die Karte Cluster unseres Gräberfeldes aus dem sechsten Jahrhundert erzeugt und dabei einen nordeuropäischen und einen südeuropäischen Cluster bildet, könnte man fälschlicherweise den Schluss ziehen, dass diese

barian social organization and migration through paleogenomics, in: Nature Communications 9 (2018), doi:10.1038/s41467-018-06024-4.

Personen oder ihre Vorfahren entweder aus Nord- oder Südeuropa stammten. Dies ist eine mögliche, aber keineswegs eine notwendige Schlussfolgerung. Wir wissen noch nicht, wie eine detaillierte Gesamtdarstellung Europas des sechsten Jahrhunderts aussehen würde. Die Tatsache, dass diese Gruppen heute nach Norden und Süden fallen, sollte nicht als Beweis für die Migration aus diesen Regionen interpretiert werden. Es kann also mit den aktuellen Möglichkeiten der historischen Ein- oder Zuordnung nur die Unterscheidung zwischen diesen beiden Gruppen festgestellt werden.

Auch sind die Grenzen dieser Gruppen nicht festgelegt. Abhängig davon, wie viel Prozent der Vorfahren aus der einen oder anderen Gruppe als cutoff, als Kriterium für ihre Konstituierung als Gruppe, verwendet werden, kann man die Grenzen zwischen den beiden Gruppen unterschiedlich ziehen oder sogar zusätzliche Gruppierungen einführen. Die modernen Daten helfen uns, Gruppen zu erkennen, aber nicht ihre Herkunft, da eine genetische Karte am Ende der Antike oder im frühmittelalterlichen Europa möglicherweise ganz anders als heute ausgesehen hat.

Obwohl die Bevölkerung der von uns untersuchten Orte im heutigen Italien und Ungarn nach Abstammung in zwei allgemeine Gruppen fällt, sind sie keineswegs reine Nachkommen einer einzigen Population. Alle Menschen sind das Ergebnis von Mischungen. Hier wird es auch notwendig sein zu unterscheiden, welchen Zeitschichten die jeweiligen Abstammungsmuster oder -daten zuzuordnen sind. Einige reichen lange in die Vergangenheit zurück, wie die Triade der paläolithischen Jägersammler, der neolithischen Bauern aus Anatolien und der bronzezeitlichen Steppenhirten, die sich heute in allen Europäern wiederfindet, während andere Veränderungen erst in jüngerer Zeit

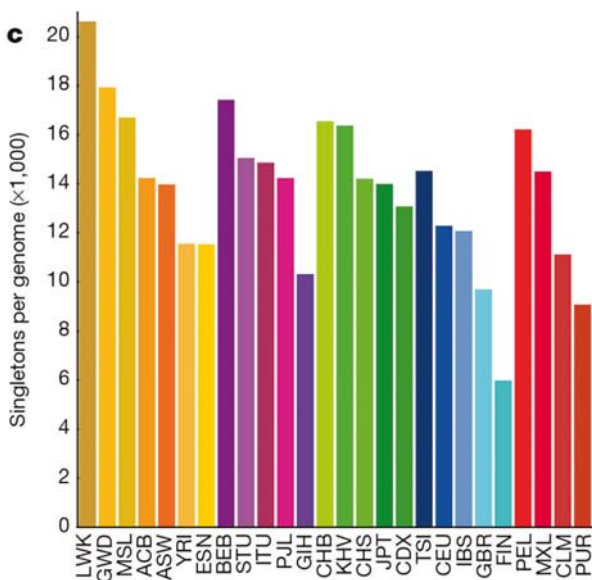


Abb. 3: Bevölkerungsstichprobe im 1000 Genomes Project. *Auton/Abecasis/Altshuler et al., A global reference for human genetic variation*, in: *Nature* 526, 68–74 (2015). <https://doi.org/10.1038/nature15393>.

Schlüssel zu den Abkürzungen: ASW: African ancestry in SW USA; ACB: African Caribbean in Barbados; BEB: Bengali in Bangladesh; GBR: British from England and Scotland; CDX: Chinese Dai in Xishuangbanna, China; CLM: Colombian in Medellín, Colombia; ESN: Esan in Nigeria; FIN: Finnish in Finland; GWD: Gambian in Western Division – Mandinka; GIH: Gujarati Indians in Houston, Texas, United States; CHB: Han Chinese in Beijing, China; KHV: Kinh in Ho Chi Minh City, Vietnam; LWK: Luhya in Webuye, Kenya; MSL: Mende in Sierra Leone; MXL: Mexican Ancestry in Los Angeles CA, United States; PEL: Peruvian in Lima, Peru; PUR: Puerto Rican in Puerto Rico; PJI: Punjabi in Lahore, Pakistan; STU: Sri Lankan Tamil in the UK; TSI: Toscani in Italia; YRI: Yoruba in Ibadan, Nigeria; CEU: Utah residents with Northern and Western European ancestry from the CEPH collection.

stattgefunden haben.³² Um die verschiedenen Abstammungsmischungen innerhalb einer Population abzuschätzen, verwenden Genetiker eine als ADMIXTURE-Analyse bezeichnete Methode, die SNP-Daten von einer Person mit einer Datenbank von Proben aus der ganzen Welt vergleicht, wie jene des sogenannten 1000 genomes project.³³

Die Qualität der Ergebnisse hängt von der Qualität der verwendeten Datenbank ab. Auch hier fehlen detaillierte alte DNA-Karten von Europa, und Historiker und Populationsgenetiker greifen erneut auf moderne Datenbanken zurück, um unsere Proben aus der Vergangenheit zu vergleichen. Bei unserer ADMIXTURE-Analyse waren die Ergebnisse der ungarischen Gräberfelder z.B. die in Abb. 4 repräsentierten (s. S. 43).

Aber was bedeutet das genau? Dies bedeutet nicht, dass eine der auf diesem Gräberfeld begrabenen Personen ihren Ursprung in Finnland, Großbritannien, der Iberischen Halbinsel oder der Toskana hatte. Alles, was unsere ADMIXTURE-Analyse zeigt, ist, dass die Individuen aus dem sechsten Jahrhundert im Vergleich zu einer modernen Bevölkerung eine Mischung aus mehreren genetischen Abstammungskomponenten aufweisen, innerhalb dieser bestimmten Population zwei solcher Komponenten jedoch überwiegen. Von diesen beiden Komponenten würden wir annehmen, dass sie ihren genetischen Ursprung in Mittel- bis Nordeuropa bzw. in Mittel-Norditalien hatten, wenn sie moderne Individuen wären. Da das aber nicht der Fall ist, können wir, wie im vorherigen Hauptkomponenten-Diagramm, nur die Komplexität unserer Populationen und die Tatsache feststellen, dass zwei sehr allgemeine Grup-

32 *Iosif Lazaridis et al.*, Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans, in: *Nature* 513 (2014), 409–413, doi:/10.1038/nature13673.

33 <https://www.internationalgenome.org/>.

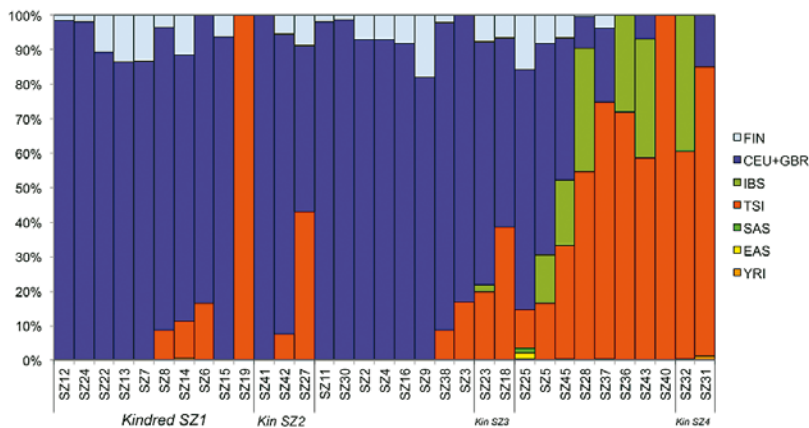


Abb. 4: Modellbasierte Abstammungsschätzungen von ADMIXTURE für Szólád. Amorim et. al., Understanding 6th-century barbarian social organization, in: Nature Communications 9, no. 1 (December 2018), 3547, doi.org/10.1038/s41467-018-06024-4.

pen innerhalb dieser Komplexität erkannt werden können, nicht die Ursprünge dieser Gruppen selbst.

Methoden wie ADMIXTURE gehen davon aus, dass es sich bei Individuen um Zufallsstichproben aus einer oder mehreren Populationen handelt und dass die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Individuen ein bestimmtes Allel (oder Variante) bei einem SNP teilen, eine einfache Funktion dieser Allel-Häufigkeit in der Allgemeinbevölkerung ist. Als solche setzen diese Methoden implizit voraus, dass Paare von Individuen aus derselben Population stammen können, aber nicht eng miteinander verwandt sind.

Ein anderes Modell ist notwendig, wenn man engere Beziehungen erkennen möchte, die in der Populationsgenetik als direkte biologische Verwandtschaftsverhältnisse bezeichnet werden können – also etwa als Eltern, Kinder, Geschwister, Cousin-Beziehungen usw. Ein solche

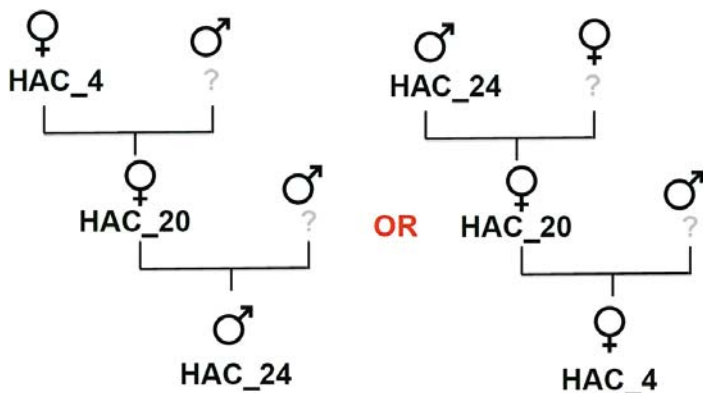


Abb. 5: Zwei mögliche Stammbäume, die von lcMLkin generiert wurden.

Methode wurde z.B. implementiert, indem man versucht festzustellen, ob zwei Personen null, ein oder zwei Allele (entweder SNPs oder Haplotypen) in einer Region im Genom gemeinsam haben, die nach ihrer Abstammung identisch sind. Der Anteil des Genoms, der IBD 0, 1 oder 2 ist, ermöglicht dann die Berechnung eines Verwandtschaftskoeffizienten, dessen Wert auf eine bestimmte Art von Beziehung hinweist (z.B. haben Geschwister einen Verwandtschaftskoeffizienten von 0,5).

Bei der alten DNA von Sequenzdaten mit geringer Abdeckung ist dies jedoch problematisch, da man oft nicht beide Allele sehen kann, die ein Individuum besitzt, geschweige denn, beide Allele für zwei Individuen. Mein Kollege Krishna Veeramah hat ein statistisches Programm namens lcMLkin entwickelt, das diese Unsicherheit berücksichtigt, den Verwandtschaftskoeffizienten genau berechnet und auf Beziehungen bis zu den Verwandten dritten Grades

(abhängig von der Qualität der zugrunde liegenden Daten) schließen lässt.³⁴

Der Algorithmus von Veeramah geht über das bloße Identifizieren von Verbindungen hinaus. Durch Berücksichtigung des Prozentsatzes des geteilten c-Verwandtschaftskoeffizienten kann die Nähe der Beziehung bestimmt werden. Wenn dies zu Informationen über Alter und Geschlecht hinzugefügt wird, können detaillierte biologische Stammbäume von Verwandtschaften abgeleitet werden. So wichtig diese Technik für neue, weitreichendere und gleichzeitig genauere Erkenntnisse auch ist, es gibt wie immer auch Schwachstellen. Mit ihr allein kann man zum Beispiel Eltern nicht von Kindern oder Geschwistern unterscheiden. Sie kann Beziehungen erkennen, wie in diesem Beispiel zwischen HAC_4 und HAC_24, aber sie kann nicht bestimmen, wer die Großmutter und wer die Enkeltochter ist.

Nur wenn wir aus der physikalischen Anthropologie wissen, dass HAC_24 ein Kind zwischen fünf und sechs Jahren war, können wir sicher sein, dass das erste und nicht das zweite Modell korrekt ist.

34 *Mikhail Lipatov et al.*, Maximum Likelihood Estimation of Biological Relatedness from Low Coverage Sequencing Data, in: bioRxiv doi: <https://doi.org/10.1101/023374>.

6. Jüngste Anwendungen der Genomik auf die frühmittelalterliche Geschichte

Obwohl die Zusammenarbeit zwischen Genetikern, Archäologen und Historikern, die das frühe Mittelalter studieren, noch sehr jung ist, sehen wir Beispiele dafür, wie die kombinierten Methoden verwendet wurden, um die Populationen im fünften und sechsten Jahrhundert zu verstehen.

Die Verwendung alter DNA zur Untersuchung der Bevölkerungsstruktur und Mobilität in Westeuropa befindet sich ebenfalls in einem vorläufigen Stadium, in dem sich die Forschung auf zwei Regionen konzentriert hat: den Nordatlantik und das Donaubecken. Im Norden konzentrierte sich die Genomforschung auf die Besiedlung Islands und die Eroberung der britischen Inseln. Island bietet aufgrund seiner ungewöhnlichen demografischen Geschichte seit Langem eine einzigartige Population für genetische Untersuchungen: Vor der zweiten Hälfte des neunten Jahrhunderts völlig unbewohnt, endete die maßgebliche Migration nach etwa einem Jahrhundert. Darüber hinaus hat DECODE genetics Inc. reichlich moderne DNA gesammelt, die einzigartige Informationen über die Genetik der gesamten Bevölkerung liefert. Frühere Studien hatten gezeigt, dass 62 % der matrilinearen Vorfahren der Isländer aus Schottland und Irland und 75 % ihrer patrilinealen Vorfahren aus Skandinavien stammen. Darüber hinaus ist die mtDNA der alten Isländer aufgrund der genetischen Drift der von Schottland und Irland näher als der der heutigen Isländer.³⁵ In einem kürzlich von DECODE

35 S. Goodacre et al., Genetic evidence for a family-based Scandinavi-

gesponserten Artikel wurden ganze Genomsequenzen von 27 isländischen Siedlern der ersten Generation sowohl mit der heutigen irischen als auch mit der schottischen Bevölkerung, der heutigen Bevölkerung Skandinaviens und der heutigen Bevölkerung Islands verglichen.³⁶ Das Team bewertete auch die Sr-Isotopen-Werte für die Proben, um festzustellen, ob die getesteten Personen selbst oder ihre Vorfahren in Island geboren wurden oder auf die Insel einwanderten. Die neuere Studie kam jedoch zu etwas anderen Ergebnissen. Eine Hauptkomponentenanalyse der SNP-Daten dieser 27 Proben im Vergleich zu 28 heutigen europäischen Populationen ergab, dass die meisten Isländer skandinavische und brito-irische genetische Herkunft aufwiesen. Die mittlere skandinavische Abstammung der Isländer aus der Zeit 1.000 nach Chr. betrug 56,6%, ohne dass ein signifikanter Unterschied zwischen Männern und Frauen bestand, während die der heutigen Isländer 70,4% beträgt. Die Autoren spekulieren, dass dies möglicherweise auf einen Fortpflanzungsvorteil zurückzuführen ist, den nordische Nachkommen mit höherem Status im Vergleich zu denen mit irisch-schottischem Hintergrund hatten, von denen viele möglicherweise als Sklaven nach Island ge-

an settlement of Shetland and Orkney during the Viking periods, in: *Heredity* 95 (2005), 129–135; doi: 10.1038/sj.hdy.6800661; A. Helgason / S. Sigurðardóttir / J.R. Gulcher / R. Ward / K. Stefánsson, mtDNA and the Origin of the Icelanders: Deciphering Signals of Recent Population History, in: *The American Journal of Human Genetics* 66 (2000), 999–1016; doi: 10.1086/302816; A. Helgason et al., Estimating Scandinavian and Gaelic Ancestry in the Male Settlers of Iceland, in: *American Journal of Human Genetics* 67 (2000), 697–717; doi: 10.1086/303046; A. Helgason et al., Sequences from First Settlers Reveal Rapid Evolution in Icelandic mtDNA Pool, in: *PLOS Genet.* 5 (2009); doi:10.1371/journal.pgen.1000343.

- 36 S. Sunna Ebenesersdóttir et al., Ancient genomes from Iceland reveal the making of a human population, in: *Science* 360 (2018), 1028–1032 (1 June 2018); doi: 10.1126/science.aar2625.

bracht wurden. Die Strontium-Analyse ergab, dass vier der 24 untersuchten Individuen, die vor dem Jahr 1.000 n. Chr. lebten, nicht in Island geboren wurden. Bei zweien, ein Mann und eine Frau, konnten nur nordische Vorfahren festgestellt werden, bei einer Frau ausschließlich gälische. Ein Mann hatte sowohl nordische als auch gälische Vorfahren, was darauf schließen lässt, dass die Mischung bereits vor der Ankunft in Island stattgefunden hatte.

2016 erschienen zwei Studien zur britischen Bevölkerung, die ergänzende Belege für die Bevölkerungsstruktur und die Migration in der Römerzeit und im frühen Mittelalter lieferten. Zuvor hatten eine Reihe von Untersuchungen moderne DNA verwendet, die auf den Britischen Inseln gesammelt wurde, um die Migrationsgeschichte zu erforschen. Diese Studien beruhen allerdings ebenfalls auf dem Vergleich der historischen Daten mit modernen Populationen, dessen Probleme und Unsicherheiten hier schon besprochen wurden.³⁷ Beide Projekte, unabhängig voneinander durchgeführt, versuchten, Kontinuitäten und Migrationsereignisse durch Analyse der aus historischen Populationen extrahierten Kern-DNA zu identifizieren. In York erhielt ein Team von Genetikern und Archäologen unter der Leitung von Matthew J. Collins und Daniel G. Bradley Kern-DNA eines Individuums, das aus einem Gräberfeld aus dem ersten Jahrhundert v. Chr. in East Yorkshire stammte, sieben weitere Proben von einem Bestattungsort aus der Römerzeit in York, der vom zweiten bis zum vierten Jahrhundert genutzt wurde, und von einer Beerdigung in einem post-römischen Gräberfeld im Nordosten Englands. Dabei zielte die Analyse auf einen Vergleich von ~210k bis ~400k SNPs der verschiedenen Proben

37 S. Leslie et al., The fine-scale genetic structure of the British population, in: *Nature* 519 (2015), 309–314; doi.org/10.1038/nature14230.

ab.³⁸ Sie führten auch eine Strontium (Sr)-Isotopenanalyse der Proben durch, um die möglichen geografischen Ursprünge der Individuen zu identifizieren. Sie verglichen die Hauptkomponenten dieser neun Stichproben mit einer Datenbank von 780 Proben aus Europa, Westasien, Nordafrika und dem Nahen Osten. Eine der römischen Proben wies sowohl in genetischen als auch in Sr-Profilen eine starke Assoziation mit modernen Populationen im Nahen Osten auf. Die anderen Proben aus der Römerzeit unterschieden sich ebenfalls stark von der modernen Bevölkerung in Yorkshire, aber gruppierten sich ebenso wie das Individuum aus der Eisenzeit in der Nähe der modernen walisischen Bevölkerung. Die Stichprobe aus dem nachrömischen Gräberfeld kam den modernen Engländern an der Ostküste der Insel zwischen dem englischen und dem niederländischen Median am nächsten. Die Autoren der Studie schließen vorläufig, dass in den letzten anderthalb Jahrtausenden eine große genetische Veränderung an der Ostküste Großbritanniens stattfand, möglicherweise aufgrund der Einwanderung von sächsischen und anderen Gruppen aus dem nördlichen Kontinentaleuropa. Darüber hinaus meinen sie, dass ihre Forschung die These stützt, dass die Bergregionen von Wales Populationen enthalten könnten, die ein früheres, weit verbreitetes britisches genetisches Signal repräsentieren.

Im selben Jahr publizierten Stephan Schiffels et al. die Ergebnisse der Analyse von zehn Genomen von Frauen, die auf drei Gräberfeldern, Hinxton (5), Oakington (4) und Linton (1) aus der Nähe von Cambridge, von der späten Eisenzeit bis zur Mitte der angelsächsischen Zeit

38 *Rui Martiniano et al.*, Genomic signals of migration and continuity in Britain before the Anglo-Saxons, in: *Nature Communications* (2016); doi: 10.1038/ncomms10326.

gesammelt worden waren.³⁹ Ein Hauptkomponentendiagramm der zehn Proben zusammen mit modernen Daten zeigte, dass diejenigen aus der Eisenzeit der modernen englischen und französischen Bevölkerung näher kommen, während die Proben aus dem frühen Mittelalter eher denen aus dem modernen Schottland und Norwegen ähneln. Um eine differenziertere Analyse unter Verwendung ihrer gesamten Genomdaten zu entwickeln, konnten sie einen neuartigen Ansatz zum Vergleich gemeinsamer seltener Varianten in den Genomen ihrer Individuen mit modernen Populationen aus Großbritannien und Europa entwickeln. Die Analyse seltener Varianten ermöglichte die Konstruktion einer europäischen Populationsphylogenie in Form eines Baumes. Bei dieser Untersuchung gab es erhebliche Unterschiede zwischen den Proben aus der Eisenzeit und der angelsächsischen Zeit. Erstere lagen nahe der Basis des Ahnenzweiges heutiger Nordeuropäer, und die frühmittelalterlichen Proben lagen, mit einer Ausnahme, viel näher an der Bevölkerung aus niederländischen und dänischen Gebieten. Diese eine Ausnahme von Oakington zeigte dasselbe Signal wie die Proben aus der Eisenzeit, obwohl das kulturelle Profil der Bestattung sich nicht von den anderen frühmittelalterlichen Gräbern unterschied. Eine zweite Stichprobe aus Oakington deutete auf eine gemeinsame Abstammung sowohl von Vorfahren, die schon länger in England lebten, und solchen, die kontinentaler Herkunft waren. Allerdings können die Autoren der Studie nicht ausschließen, dass Immigranten diese Abstammungsmuster schon vor ihrer Einwanderung auf die Insel im fünften Jahrhundert aufwiesen. In Hinxton, wo die Proben eher mit einer unvermischten Ab-

39 S. Schiffels et al., Iron Age and Anglo-Saxon genomes from East England reveal British migration history, in: *Nature Communications* (2016); doi: 10.1038/ncomms10408.

stammung von Einwanderern übereinstimmten, deutete die Studie darauf hin, dass dies für eine fortgesetzte Immigration vom Kontinent sprechen könnte.

Die Methode von Schiffels et al. bietet ein wertvolles Mittel zur Erkenntnis subtiler Unterschiede zwischen eng verwandten Populationen, wenn ganze Genome aus alten Proben gewonnen werden können. Diese Studie zeigte auch, dass bereits in der Frühzeit intensiver Migration auf die britischen Inseln im fünften Jahrhundert eine genetische Mischung zwischen indigener Bevölkerung und Neuankömmlingen stattfand und, was vielleicht ebenso wichtig ist, dass sich auch danach unterschiedliche Migrations- und Integrationsmuster feststellen lassen.

In Mittel- und Osteuropa haben mehrere Teams von Genetikern und Archäologen ihr Interesse auf die ›barbarische‹ Bevölkerung entlang der Donau-Grenze des Römischen Reiches gerichtet, die zwischen dem vierten und siebten Jahrhundert in diesen Gebieten lebte. Historiker und Archäologen diskutieren seit Langem, welche Rolle nicht-römische Gruppen in der Umgestaltung der römischen Welt spielten. Ebenso wichtig scheint aber auch die Frage zu sein, welche Auswirkungen die ›transformation of the Roman world‹ auf die Welt jenseits der Reichsgrenze hatte. Inwiefern veränderten sich die sozialen Strukturen, demografischen Profile und Zusammensetzungen von barbarischen Gemeinschaften? Was war dabei die Rolle der Migration innerhalb und außerhalb der Grenzen des römischen Imperiums?

Ein Einblick in die geschlechtsspezifische Migration ergab sich aus einer Analyse von 36 Personen aus Bayern des späten fünften und frühen sechsten Jahrhunderts sowie aus fünf weiteren Stichproben aus zeitgenössischen, aber unterschiedlichen Bevölkerungsgruppen: von einem römischen Soldaten aus dem Gebiet des heutigen München,

einer Stichprobe aus der Krim, das im dritten und vierten Jahrhundert zum gotischen Königreich gehörte, einer Probe aus dem modernen Serbien, die man archäologisch der Gepiden-Kultur zuordnete, und zwei aus dem südlichen Ural, die von Archäologen als den Sarmaten zugehörig identifiziert wurde.⁴⁰ Das Team führte die Erfassung des gesamten Genoms aus 11 Proben durch und implementierte eine Methode, um neutrale Regionen aus allen Proben anzureichern und zu sequenzieren. Ihr besonderes Interesse galt 14 Fällen, in denen alle Individuen, bis auf eine Frau, mit großer Wahrscheinlichkeit schon als Säuglinge eine künstliche Schädeldeformation erfahren hatten. Schädeldeformation war in vielen Gesellschaften in der Antike eine kulturelle Praxis, ist jedoch in Ost- und Südeuropa in einem viel höheren Prozentsatz anzutreffen als im Westen und war in Bayern fast ausschließlich auf erwachsene Frauen beschränkt. Einige Archäologen hatten spekuliert, dass diese Frauen Migranten aus dem Osten gewesen sein könnten, aber ihre Bestattungszusammenhänge und Grabbeigaben entsprachen im Allgemeinen denen von Frauen mit nicht deformierten Schädeln. Das Team zeichnete die Hauptkomponenten ihrer Proben anhand einer modernen Bevölkerungsreferenzstichprobe auf und stellte fest, dass sich alle Männer und 11 der 13 Frauen mit nicht deformierten Schädeln als moderne Nord- und Mitteleuropäer kartieren ließen. Im Gegensatz dazu hatten alle Frauen mit langgestreckten Schädeln signifikante genetische Merkmale von Vorfahren, die heute südeuropäischen Gebieten, hauptsächlich Rumänien und Bulgarien, ent-

⁴⁰ *Krishna R. Veeramah et al.*, Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female biased immigration in Early Medieval Bavaria, in: *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* (2018), doi: 10.1073/pnas.1719880115.

sprechen würden, eine Frau sogar zu 30% ostasiatischen Regionen. Die Ergebnisse deuten stark darauf hin, dass innerhalb dieser genetisch unterschiedlichen bayerischen Gemeinschaften Frauen mit deformierten Schädeln aus Osteuropa eingewandert waren, möglicherweise in einem System der Exogamie, um strategische Allianzen mit Bevölkerungsgruppen im Osten zu bilden. In Bayern lässt die Tatsache, dass ihre Bestattungsgüter denen indigener Frauen ähneln, darauf schließen, dass sie trotz ihrer exotischen Herkunft und ihres physischen Erscheinungsbilds in die lokalen Gemeinschaften, in denen sie lebten und starben, integriert waren.

In Studien, die mein Team in Ungarn und Italien durchgeführt hat, verwendeten wir auch PCA- und ADMIXTURE-Analysen, die wir mit Isotopen- und kulturarchäologischen Analysen korrelierten, um die Bevölkerung des fünften und sechsten Jahrhunderts in Westungarn und Norditalien zu verstehen. Diese Studien unterschieden sich jedoch in mehreren Punkten erheblich von den zuvor diskutierten. Zunächst umfasste das wissenschaftliche Team von Anfang an Historiker und Archäologen sowie Populationsgenetiker. Gemeinsam formulierten sie eine Reihe von Forschungsfragen zu Populationen aus der Migrationszeit und entwickelten Methoden, die isotopische, kulturarchäologische, dokumentarische und genomische Ansätze kombinierten, um diese zu beantworten. Wir haben zwei pannonische und zwei norditalienische Gräberfelder aus dem fünften Jahrhundert für die Untersuchung ausgewählt sowie zwei gut ausgegrabene und analysierte Standorte aus dem sechsten Jahrhundert, einen am Plattensee in Szólád und einen in Collegno bei Turin. Wir haben dann das bereits erwähnte lcMLkin verwendet, um biologische Verwandtschaftsnetzwerke innerhalb der Grabstätten zu bestimmen. Ich kann in diesem Rahmen allerdings nicht genauer auf die Ergeb-

nisse eingehen und sie nur sehr vorläufig und allgemein skizzieren. Während wir im fünften Jahrhundert in Italien feststellten, dass unsere Bevölkerung den modernen Italienern sehr ähnlich war und keine Hinweise auf externe Gruppen enthielt, waren in den ungarischen Gräberfeldern Individuen bestattet, bei denen sich zwei zu unterscheidende Abstammungsmuster feststellen ließen. Die beiden Gruppen könnte man in eine mit einer eher südlichen und eine mit einer eher nördlichen Abstammung unterscheiden, wobei die beiden Begriffe sehr allgemein verstanden werden müssen, etwa so wie nördlich oder südlich der Alpen. Allerdings gab es keine räumliche Trennung innerhalb des Gräberfelds aufgrund der genetischen Herkunft. Auffällig war jedoch, dass die Grabbeigaben der Frauen in der nördlichen Gruppe eindrucksvoller sind als die der südlichen Frauen oder der Männer insgesamt.

Im sechsten Jahrhundert hat sich die Situation in beiden Regionen verändert. Im Ungarn des sechsten Jahrhunderts treten beide Gruppen auf, jedoch mit einer viel klareren Differenzierung als ein Jahrhundert zuvor. Mehrere Verwandtschaftsgruppen mit anscheinend eher nördlicher Herkunft – fast ausschließlich Männer – sind in der Mitte des Gräberfelds begraben, während Individuen mit südlichen Merkmalen sich an der Peripherie befinden. Die Isotopenanalyse bestätigt, dass die erste Gruppe eine höherwertige Ernährung mit tierischen Proteinen aufweist und auch mit wertvollen und zahlreichen Grabbeigaben bestattet wurde. Im Gegensatz dazu wurden die südlichen Gruppen in flacheren Gräbern ohne Grabbeigaben beigesetzt. Es lassen sich auch keine verwandtschaftlichen Beziehungen zwischen den beiden Gruppen feststellen.

In Italien gibt es um 600 nun eine beträchtliche Anzahl neuer Einwohner, die auf einem PCA-Plot als Mittel- oder Nordeuropäer gelten würden. Wir können unter

ihnen mehrere enger verwandte Gruppen identifizieren, deren Bestattungen reicher an Grabbeigaben sind als die der Individuen, deren genetische Profile auf eine südlichere Abstammung hindeuten. Waren die Gruppen in den ungarischen Gräbern des fünften Jahrhunderts die Vorfahren derjenigen in dem ungarischen Gräberfeld aus dem sechsten Jahrhundert? Lassen die Ergebnisse eher auf einen recht radikalen kulturellen Wandel dieser Gemeinschaft schließen als auf eine Immigration neuer Gruppen? Waren die mittel- oder nordeuropäischen Gruppen in Italien die Nachkommen der in dem ungarischen Gräberfeld des sechsten Jahrhunderts bestatteten? Wir können diese Fragen leider noch nicht beantworten: Die Fähigkeit zur Unterscheidung innerhalb der nördlichen und südlichen Gruppen ist noch nicht ausreichend entwickelt. In Italien gibt es jedoch deutliche Anzeichen für einen signifikanten sozialen Wandel durch eine neu angekommene Elite mit kulturellen Praktiken, die mit jenen der im heute ungarischen Gräberfeld vergleichbar ist. Was dies bedeutet, muss jedoch noch geklärt werden: Anstatt voreilig zu behaupten, dass unsere nördliche Bevölkerung im sechsten Jahrhundert Langobarden sind und ihre Präsenz in Italien ein Beweis für eine massenhafte Migration ist, müssen wir von der Vorläufigkeit der Ergebnisse ausgehen und dürfen auch nicht die Möglichkeiten der Interpretation unserer Daten überschätzen. Unsere Ergebnisse sagen nichts über die ethnische Zugehörigkeit der einzelnen Personen oder Gruppen aus, und wir können noch nicht sagen, dass es im sechsten Jahrhundert in Ungarn zu einem Bevölkerungswandel gekommen ist. Was jedoch feststeht ist, dass in beiden Bereichen eine gruppenübergreifende Ehe fast nicht existierte, obwohl die Gründe dafür ungewiss sind. Wir können auch nicht sagen, ob sich die Unterscheidungen zwischen den Gruppen im Laufe der Zeit auflösten: Wir

erforschen derzeit an beiden Orten spätere Zeitschichten, um dies zu untersuchen.

Dennoch können wir zum ersten Mal beginnen, die Komplexität der Gesellschaften an der Grenze der römischen Welt und im westlichen Imperium in der Zeit seiner Auflösung und Umgestaltung mithilfe dieser neuen Methoden zu verstehen. Wir können sehen, dass Frauen und Männer sowohl in Bayern als auch in Ungarn und Italien sehr unterschiedliche Lebenserfahrungen hatten, und wir können sehen, dass die biologische Herkunft und die kulturelle Repräsentation zuweilen, aber nicht immer, zusammenfallen können. Wir können erkennen, welche unterschiedlichen Rollen und Lebensumstände Frauen und Männer in den verschiedenen regionalen, politischen und sozialen Kontexten in Bayern, Ungarn und Italien haben konnten. Und wir haben auch neue Ausgangspunkte und Grundlagen, um zu untersuchen, ob die biologische Herkunft mit der kulturellen Repräsentation zusammenfällt oder nicht, und wir können davon ausgehend präziser die jeweiligen Situationen und Kontexte dieses Verhältnisses analysieren. In diesem frühen Stadium der Integration genomischer Daten in die Geschichtsforschung sehen wir, dass es sich um unvollständige Werkzeuge handelt. Die von uns verwendeten Datenbanken sind unvollständig. Die Entscheidung, welche genetischen Marker untersucht werden sollen, beschränkt die möglichen Ergebnisse. Die statistischen Methoden, die wir verwenden, vereinfachen zwangsläufig unsere Daten und schließen einen Großteil davon aus. Und endlich vereinfacht die statistische Modellierung der Genetik notwendigerweise die Komplexität der menschlichen genetischen Vorgeschichte. Trotz dieser Einschränkungen, oder besser genau wegen dieser Einschränkungen, können Historiker, die die komplexe Geschichte vergangener Populationen verstehen wollen,

genomische Daten nicht einfach ignorieren. Vielmehr ist es unsere Aufgabe, die vorläufigen Modelle, die die Populationsgenetik aus diesen Daten bereitstellt, mit anderen Modellen und Daten aus der Kulturarchäologie, Isotopenstudien oder auch aus schriftlichen Aufzeichnungen kritisch zu vergleichen.

In jedem der untersuchten Fälle wären die genomischen Daten allein nutzlos gewesen, um die sozialen und kulturellen Komplexitäten frühmittelalterlicher Gesellschaften zu verstehen. Die Archäologen in unserem Team mussten detaillierte Analysen der Organisation jedes Gräberfelds, mit jeder einzelnen der Grabbeigaben, der Tiefe und der Merkmale jedes Grabes vorlegen. Die Isotopenanalyse war unabhängig von der genetischen Analyse erforderlich, um Modelle für Ernährung, Gesundheit und Migration zu erstellen, die dann mit den aus der Genetik entwickelten Modellen kombiniert werden konnten. Historiker, die mit frühmittelalterlichen Gesetzesbüchern sowie mit Erzählungen des fünften und sechsten Jahrhunderts arbeiteten, wurden aufgefordert, rhetorische und ideologische Darstellungen vergangener Gesellschaften gegen die komplexen Modelle zu testen, die aus der Genetik und der Archäologie hervorgehen.

Genomische Daten sind nur dann aussagekräftig, wenn die statistischen Modelle, die damit erstellt werden, von Teams breit ausgebildeter Kultur- und Naturwissenschaftler mit den Modellen integriert werden, die ebenso zur Interpretation der erhaltenen materiellen und textlichen Quellen entwickelt wurden. Um dies zu erreichen, sind von den Wissenschaftlern Geduld, Demut sowie harte Arbeit gefordert. Wenn wir bereit sind, uns dieser Herausforderung zu stellen, dann ermöglicht uns die Genomik, äußerst wertvolle neue historische Erkenntnisse zu gewinnen. Dabei soll es nicht darum gehen, einfach alte und oft

auch überholte Fragen zu historischen Populationen zu untersuchen, sondern neue Fragen zu stellen, die materielle und schriftliche Beweise niemals beantworten könnten. Einige dieser Fragen zeichnen sich schon deutlicher ab, andere weniger, und es werden sich neue ergeben, die wir noch gar nicht absehen können. Aber ich bin davon überzeugt, dass die konsequente Arbeit, sie zu entwickeln, uns ein neues und tieferes Verständnis der Geschichte Eurasiens am Ende der Antike und am Beginn des Mittelalters ermöglichen wird.

Zu Person und Werk des Autors

Patrick J. Geary ist einer der international führenden Mittelalterhistoriker mit einem Schwerpunkt auf dem Frühen Mittelalter. Er studierte in Yale (New Haven / USA) und Löwen (Belgien) und schloss sein Studium mit der Promotion in Yale ab (1974). Geary war Assistant Professor in Princeton University, dann Associate und Professor an der University of Florida; von 1993 bis 2011 war er Professor für Geschichte und Direktor des University of California Los Angeles Centers for Medieval and Renaissance Studies beziehungsweise Direktor des University of Notre Dame's Medieval Institute. Von 2012 bis zu seiner Emeritierung 2019 war er als Professor für Geschichte des abendländischen Mittelalters am Institute for Advanced Study in Princeton / New Jersey tätig. 2008 / 2009 bekleidete er das Amt des Präsidenten der Medieval Academy of America. Wiederholt wurde er an führende wissenschaftliche Einrichtungen im europäischen Ausland berufen (Gastprofessuren an der Universität Wien und der Central European University in Budapest, Directeur d'Études associés an der École des Hautes Études en Sciences Sociales in Paris, Research Fellow am Max-Planck-Institut für Geschichte in Göttingen). 2011 wurde er mit dem Anneliese-Maier-Forschungspreis der Deutschen Forschungsgemeinschaft und 2019 zusammen mit Wissenschaftler*innen anderer Fächer für das Projekt »HistoGenes« mit dem Synergy Grant des European Research Council (Dotierung 10 Millionen Euro) ausgezeichnet. Er ist Mitglied und Korrespondierendes Mitglied mehrerer Akademien.

Seine Monografien fanden große internationale Beachtung und wurden wiederholt auch ins Deutsche übersetzt,

so: »Die Merowinger. Europa vor Karl dem Großen« (1996); »Europäische Völker im frühen Mittelalter. Zur Legende vom Werden der Nationen« (2002); »Am Anfang waren die Frauen. Ursprungsmythen von den Amazonen bis zur Jungfrau Maria« (2006).