

Hartmut Zänder

Über die Entstehung und Verbreitung der europäischen mitochondrialen Haplogruppen

Wer sich eine aufsteigende Linie seiner Ahnenreihe vorstellt, kann sich leicht ausmalen, wieviele Vorfahren an seiner eigenen genetischen Ausstattung beteiligt waren, wenn man nur einige Generationen zurückrechnet. Zwei Eltern, vier Großeltern, acht Urgroßeltern, sechzehn Urgroßeltern und so weiter haben mehr oder weniger große Schnipsel in unseren mehr als 3 Milliarden Basenpaaren hinterlassen. Das komplette Genom ist inzwischen aufgeschrieben, wenn auch noch nicht vollständig verstanden und in wenigen Jahren wird sich jeder für unter 1000 Euro sein ganzes Erbgut sequenzieren lassen können. Die Spuren der autosomalen Gene, also dasjenige, das in jeder neuen Generation rekombiniert und neu gemischt wird, verblassen sehr schnell. Es bräuchte eine riesige Menge von Tests an möglichst allen Verwandten, um einzelne Genschnipsel zu identifizieren und ihre Weitergabe zu verfolgen. Um also an langfristige Bestandteile unseres evolutionären Logbuchs zu kommen, war die Humangenetik schon lange auf der Suche nach etwas, das ausserhalb der rekombinierenden Gene liegen musste und stabile Informationen über unsere Menschheitsentwicklung enthalten kann.

Das neunzehnte Jahrhundert setzte auf die Vermessung von Schädeln, auf morphologische Unterschiede, die Aufschluss über die Herkunft verschiedener Bevölkerungsgruppen geben konnten. Rassenmythen prägten diese Forschung und noch Himmler finanzierte eine aufwändige Vermessungsexpedition nach Tibet, um eine gemeinsame arische Herkunft als Versprengte eines untergegangenen Atlantis zu belegen. Die ersten Versuche, ins Innere des menschlichen Körpers zu sehen, bezogen sich vor 100 Jahren auf die neu entdeckten Blutgruppen, die unterschiedlichen Populationen und Weltgegenden zugeordnet werden sollten. Heute weiß man, daß sich die Blutgruppen bereits bei den gemeinsamen Vorfahren von Menschenaffen und Menschen herausgebildet haben und für eine genauere Analyse der humanen Evolution nicht in Frage kommen.

Seit Crick und Watson 1951 das erste funktionierende Modell des menschlichen Genoms präsentiert haben, hat die Genetik eine rasante Entwicklung genommen. Neben den Y-Chromosomen, die ausschließlich väterlicherseits weitervererbt werden und deshalb bestens geeignet sind, einen rein männlichen Stammbaum zu zeichnen, richtet sich der wissenschaftliche Fokus seit 1981, als die erste Sequenz eines Mitochondriums vorlag, auf diese, da sie ihrerseits rein mütterlicherseits vererbt werden.

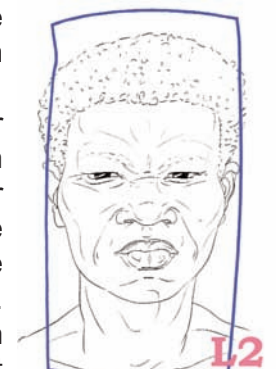
Mitochondrien sind winzige Organellen, Bakterien ähnlich, die seit der Frühzeit organischen Lebens eine Art Symbiose mit allen Zellen eingegangen sind und diese seitdem mit Energie versorgen, indem sie ATP, eine Art Zucker herstellen. Sie bevölkern zu Millionen unsere Zellen und verfügen über ein eigenes Erbgut, das sich mit seinen nur 16569 Basenpaaren recht überschaulich ausnimmt. Den größten Teil dieses Ringgenoms nimmt die codierende Region ein, die 37 Gene beherbergt, dazu 13 Polypeptide für die Zellatmung, ein paar Transportgene sowie auf 1122 Basenpaaren drei Kontrollregionen, die für die Vervielfältigung und Übersetzung zuständig sind. Bei jeder neuen Generation muss das Erbgut kopiert werden, aber bei etlichen Stellen kann es zu Schreibfehlern kommen, Mutationen genannt. Diese bestehen entweder aus einer

Transition (die zueinandergehörenden Basen Adenin und Guanin oder Thymin und Cytosin werden umgedreht), einer Transversion (ein Sprung ins andere Paar), einer Insertion (ein oder mehrere Basenpaare werden eingefügt) oder einer Deletion, bei der Basenpaare gelöscht werden. Die Mutationen reichern sich im Lauf der Evolution in unserer DNA an, wobei die Forschung für einzelne Regionen von unterschiedlichen Mutationsraten ausgeht. Bei der Kontrollregion 1 rechnet man mit einer Geschwindigkeit von etwa 10000 Jahren pro Mutation, bei der Kontrollregion bedeutend weniger, bei der codierenden Region mit etwa 4000. Daneben kennt man inzwischen sogenannte Hotspots, die relativ schnell hin und her mutieren und deshalb für die Analyse kaum eine Rolle spielen. Seit Ende der achtziger Jahre ist man dabei, in diesen Mutationen zusammengehörige Muster zu sehen, die Haplogruppen genannt werden und die Grundlage für einen einheitlichen realen Stammbaum der gesamten Menschheit bilden. Jede dieser Haplogruppen kann als Bestandteil oder Untergruppe der vorherigen gesehen werden und so lassen sich alle heute identifizierbaren Muster in einer ununterbrochenen Kette zurückverfolgen bis zu der jüngsten gemeinsamen Vorfahrin, etwas plakativ „Mitochondriale Eva“ genannt, die vor etwa 200000 Jahren in Ostafrika gelebt haben muss. Sie war nicht die erste und einzige Frau ihrer Zeit, aber die einzige, deren genetisches Logbuch mitsamt allen Mutationen bis heute kopiert und weitergegeben wird. Sie begründet die Haplogruppe L, der heute alle afrikanischen Linien angehören, darunter auch die eine L3-Linie, die allen nichtafrikanischen vorausgeht. Die Menschenformen davor, denen der Neanderthaler, Homo erectus, der Java- und der Pekingmensch zuzuordnen sind, können meist nur durch fossile Funde belegt werden, obwohl Untersuchungen mit ancient DNA bereits 12 Neanderthal-Sequenzen hervorgebracht haben, die aber noch nicht in einer einheitlichen Nomenklatur eingereiht wurden.

Von der Haupt-L-Linie zweigte bereits vor etwa 150000 Jahren L0 ab, deren Unterklassen L0d und L0k sich heute ausschließlich bei den Buschleuten Südafrikas finden läßt. In der Zeit, als L1, 4, 5, 7 und später die bantu-spezifische L2-Linie entstand, muß es einen bevölkerungsmäßigen Engpaß gegeben haben, bei dem die gesamte Menschheit durch schlechte klimatische Bedingungen bis auf wenige tausend Menschen geschrumpft und akut von ihrer Auslöschung bedroht war. Diese dramatische Situation bewirkte, daß die allermeisten Haplogruppen, die wir heute nicht mehr kennen, verschwanden, die große genetische Diversität, die jeder beliebigen Schimpansenhorde zu eigen ist, bis auf die eine Haupt-L-Linie fast auf Null gedreht wurde. Die wenigen menschlichen Populationen bewohnten vor etwa 80000 Jahren vornehmlich die Ostküste Afrikas und lebten hauptsächlich vom Fischfang.

Während der gesamten Geschichte der Genus „Homo“ gab es wohl einige Versuche, den afrikanischen Kontinent zu verlassen und den Rest der Erde zu bevölkern, aber wir kennen nur die wenigen, die durch fossile Funde belegt sind oder auf die man durch spätere Funde schließen konnte.

Dem letzten bekannten Auszug aus Afrika (out of africa!) irgendwann vor 60 bis 70 Tausend Jahren ging eine Naturkatastrophe von globalem Ausmaß voraus. Vor 74.000 Jahren explodierte der Toba-Vulkan vor Sumatra und schleuderte über 3000 Kubikkilometer Asche und Lava in die Atmosphäre, die sich weltweit über ein paar Jahrtausende hin ablagerte und heute noch als dicker, dunkler Streifen in Steinbrüchen zu sehen ist. Man schätzt, daß der Toba-Ausbruch im gesamten asiatischen Raum etwa ein Drittel allen Lebens vernichtet und während eines leicht



wärmeren Interglazials eine kleine Eiszeit von etwa 6000 Jahren verursacht hat. Wer sich noch an die Eruption von Mount St Helens erinnert, weiß, wie der 1,3 Kubikkilometer Fallout sich bis nach Alaska hin verteilte und jahrelang ablagerte.

Während einer Eiszeit kann der Meeresspiegel bis zu 150 Metern sinken, zum einen, weil die sich vom Norden und Süden ins Land fressenden Gletscher ungeheure Wassermassen binden, zum anderen, weil die niedrigeren Temperaturen ein zusätzliches Schrumpfen des Wasserkörpers bewirken. Den nur spärlich fruchtbaren Steppengebieten wird dadurch noch der letzte Rest Feuchtigkeit entzogen und so breiten sich die Wüsten immer weiter aus, über die arabische Halbinsel hinaus bis hoch zum Hindukusch, eine Barriere, die bis heute den eurasischen und asiatischen Genpool weitgehend getrennt hält, im Gegensatz zum nördlichen Bevölkerungsgürtel, auf dem es von den westlichen Saamen in Finnland bis zu den sibirischen Stämmen immer wieder einen leichten Genaustausch gegeben hat.

Neben einigen wenigen Homo Erectus-Populationen im asiatischen Raum gab es in Europa den ersten Entwurf eines modernen Menschen, den Homo sapiens neanderthalensis. Er bewohnte Europa seit etwa 300000 Jahren, vielleicht auch erst später und breitete sich im Osten bis ans schwarze Meer und im Süden bis zur Levante aus. Er wurde früher mit den Funden von Steinheim, Halle und Heidelberg (vor circa 400000 Jahren) oder Atapuerca (800000) in Verbindung gebracht, doch seit den letzten genetischen Untersuchungen, bei denen der letzte gemeinsame Vorfahr (MRCA = most recent common ancestor) bei nur etwas über 500000 Jahren angesiedelt wurde, ist eine spätere Einwanderung wahrscheinlicher geworden. Ihre Mitochondrien bezeugen eine ältere Linie, die sich heute nicht mehr finden, aber in mehreren Proben untereinander bereits differenzieren läßt. Sie gaben bisher keinerlei Aufschluss darüber, ob sich die beiden modernen Menschenarten vermischt haben. Erst eine kürzliche Untersuchung des Microcephalin-Gens erbrachte einen ersten Hinweis, daß es vor 38000 Jahren zu einer genetischen Beimischung gekommen sein kann. Dies passt auch gut zu dem Zeitrahmen, in dem die Cromagnons von Süden und Osten aus Europa betraten und den Neanderthaler langsam bis nach Spanien verdrängt haben, wo sich seine Spur um 28000 verlor. Den ersten Versuch, Afrika zu verlassen, starteten unsere Vorfahren bereits in der Warmzeit vor über 100000 Jahren über die Sinairoute hoch in die Levante, wo ihre Gebeine in den Höhlen von Skhul und Shanidar gefunden wurden. Sie schafften es nicht, sich weiter auszubreiten, wurden vielleicht von den Neanderthalern aufgehalten, die sich nachweislich noch vor 50000 Jahren in denselben Höhlen aufgehalten haben.

Zum Zeitpunkt des Auszugs aus Afrika dürfte die gesamte Menschheit auf wenige tausend Vertreter geschrumpft und ihre genetischen Linien des modernen Menschen vor 70000 Jahren bis auf ganz wenige ausgedünnt sein. Neben den beiden ältesten Linien L0 und L1, denen die heutigen Buschleute und Pygmäen entstammen und der Bantutypischen L2-Gruppe entstand vor circa 80000 Jahren L3, dessen einer Zweig allen nichtafrikanischen Haplogruppen vorausgeht. Seit dieser Zeit ist in Ostafrika eine küstenbewohnende Lebensweise bekannt und so dürfte in Äthiopien, als der Meeresspiegel auf seinen Tiefststand sank, eine Gruppe von mehr oder weniger 120 Leuten zur arabischen Halbinsel übergesetzt sein, ihrem Verlauf bis zu den Küsten des heutigen Irans und Pakistans gefolgt und sich so um Indien herum bis zum Sunda-archipel



Neanderthaler



ausgebreitet haben. Von dort war es nur noch ein Katzensprung bis Papua und Australien. Daran beteiligt waren die aus L3 hervorgegangenen Superhaplogruppen N und M, frisch entstandene Untergruppen wie O,P, Q, R und S und wohl noch unbekannt, die einerseits durch genetische Verlagerung (genetic drift) und natürliche Selektion keine Fortsetzung in den darauffolgenden Jahrtausenden erfahren haben. Am Lake Mungo in Australien fand man die Gebeine von mehreren Menschen, durch die Thermoluminiszenzmethode auf 60000 Jahre geschätzt, deren robustere Vertreter alle in die Gruppen M und N einzuordnen waren. Eine junge, zierlich gebaute junge Frau von allermodernstem Typus war jedoch darunter (Lake Mungo 3 genannt), deren Linie noch weit vor der mitochondrialen Eva, also vor 200000 Jahren anzusiedeln war. Noch lassen die wenigen bestehenden Daten viel Spekulations-spielraum über die frühen Migrationsbewegungen.

Haplogruppe M ist wahrscheinlich erst im indischen Raum entstanden, denn bis auf die später zurückgewanderte Linie M1 ist sie kaum im eurasischen Genpool vorhanden. Südostasien, Sunda genannt, in Eiszeiten fast eine einzige Landmasse, avancierte neben Indien für lange Zeit zur bevölkerungsreichsten Gegend der Erde. Von dort aus breiteten sich die Menschen außer in das südliche Sahul mit neuen Gruppen wie C, Z, E, D und G nach Norden bis China aus. Mit dabei waren einige asienspezifische Untergruppen von M und N.

Den Grundstock für den eurasischen Genpool bildete ausschließlich die Gruppe N, der sehr schnell die Untergruppe R folgte. Sie wandten sich nicht nur östlich in Richtung Indien, sondern auch nach Westen, wo sie in der Gegend unterhalb des Kaukasusgebirges die Basis für alle folgenden Ausbreitungswellen gründeten. Vier verschiedene Cluster lassen sich ausmachen, die zu spezifischen Wanderungsbewegungen gehören. Richtung Nordosten finden sich bald die Untergruppen A und B, das abzweigt und sich durch die Mongolei den asiatischen Leuten anschließt, um sich später an der Besiedlung des Pazifik zu beteiligen und auf dem Seeweg Amerika zu erreichen. Auf dem Weg nach Norden entstehen aus N1 und N2 die Linien I und W, ihnen schließen sich später U4, HV und Xa2 an, das in Europa die Solutreen-Kultur begründet, sich aber auch zusammen mit A und den aus China hochgewanderten Gruppen C und D auf den langen Weg über die Behringstrasse macht.

Die europa-typischen Haplogruppen.

I, W und X bilden ein eigenes Cluster, weil sie direkt aus N hervorgehen. Die drei weiteren eurasischen Cluster zeichnen sich durch die Mutation 16223T auf der Kontrollregion aus, die R definiert. Ihr entstammen die Cluster R0, früher pre-HV genannt, U/K und J/T. Die Vorläufer aller für Europa typischen Haplogruppen entstanden im vorderen Orient in einem Gürtel zwischen der Gegend unterhalb des Kaukasus und dem heutigen Pakistan.

N, N1, N2, I, W & X.

Mögliche Begegnungen zwischen Neanderthalern und unseren direkten Vorfahren sind bis heute reine Spekulation, die erst aufhören wird, wenn gemeinsame autosomale Gensegmente identifiziert sind, was allerdings in naher Zukunft zu erwarten ist, da bereits fieberhaft an der Sequenzierung des kompletten Neanderthal-Genoms gearbeitet wird. Fest steht bis jetzt, daß die Ausbreitung des modernen Menschen mit



einem gleichzeitigen Rückzug der Neanderthaler gekoppelt ist. Der früheste Zeitrahmen für das Betreten Europas liegt bei 45000 Jahren, allerdings weisen die harten Fakten, die Funde im Donaudelta um 34000 sowie bei Palacci in Norditalien um 28000 auf ein eher jüngeres Auftauchen des modernen Menschen in Europa hin. Sicher waren sie Träger der alten Haplogruppen, von N1 und N2, aus denen vor gegen 35 - 40000 Jahren die Gruppen I und W hervorgingen. Der englische Genetiker Brian Sykes, der allen Haplogruppen einen eigenen Namen gab, nannte diese beiden Gruppen Ina und Wilma. Während I sich vom schwarzen Meer aus Richtung Skandinavien orientierte oder auch erst auf dieser Route entstand, bewegte sich W auch noch weiterhin auf dem Korridor zwischen der heutigen Türkei und Nordindien, zusammen mit R2 und U7, einer alten Verbindung, die erst mit der letzten Eiszeit, die eine Verwüstung der Gegend um Pakistan bis hoch zum Hindukusch verursachte, auseinanderbrach. Deshalb gibt es heute zwei getrennte Hauptgruppen von W, die eine in geringer Dichte eher in Nordeuropa beheimatet, die andere indienspezifisch und über das Kaschmirtal bis hoch in die Mongolei hinein anzutreffen.

Haplogruppe W ist durch die Mutationen 1243, 3505, 8994, 11947, und 15884 auf der Kontrollregion definiert. Nach der Eiszeit breitete sich W außer nach Skandinavien (Höchstwert 9%) in ganz Europa aus. Die Mutation 119 auf der HVR2 ließ sich im heutigen Frankreich nieder. Nachfahren der Frau mit der Änderung 16362 auf der HVR1 verteilten sich über ganz Mittel- und Nordeuropa und siedelten schließlich auf den britischen Inseln.

X (Xenia) hat eine sehr eigenwillige Geschichte und Verbreitung. Diese Gruppe entstand vor beinahe 50000 Jahren im nahen Osten. Eine erste, sehr bald danach gebildete Untergruppe X1 schloss sich der zurückgekommenen asiatischen Gruppe M1 sowie U6 an, wandte sich nach Südwesten, betrat Nordafrika und begründete die Daggan-Kultur, die afrikanische Variante dessen, was wir aus Altamira in Europa kennen. X1 ist heute am stärksten in Marokko und Algerien sowie bei den nomadisierenden Berbern und in Äthiopien vertreten. X2, das heute etwa 97 % von X umfasst, wandte sich nach Norden sowohl nach Europa, wo ihr die Beteiligung an der Solutreen-Kultur bis vor etwa 17000 Jahren zugesprochen wird wie auch über das Altaigebirge nach Sibirien, wo sie sich den Gruppen A, C und D anschloß, um Amerika zu besiedeln. Die frappierende Ähnlichkeit der eigenwilligen Pfeilspitzen sowohl der Solutreen- wie auch der Cloviskultur legt eine Beteiligung von X nahe. Insgesamt bildet sie nur eine kleine Gruppe, wovon X2a heute den Löwenanteil beansprucht. Höhere Werte als normal erreicht X in eher geschlossenen Gesellschaften wie den Druze, in Georgien sowie auf den Orkney Inseln.



Die Haplogruppen U und K

Die Haplogruppe **K** (Kathrin) war eine der ersten, die als typisch europäisch definiert wurde. Ihr Hauptmotiv sind die Mutationen 16224C und 16311C. Zu Anfang wurde noch eine gemeinsame Ausgangslinie U/K angenommen, doch inzwischen ist klargestellt, daß K als Untergruppe von U und zwar als Schwestergruppe von U8b anzusehen ist.

Haplogruppe **U** (Ursula) ist eine der ältesten, weitverbreitesten und deshalb spannendsten Gruppen. Sie entstand sehr schnell nach R und gehörte zu der Gruppe von Pionieren, die sich westwärts in den Nahen Osten wandten und den eurasischen Genpool begründeten.

Nicht mit dabei war die Haplogruppe M, die sich ostwärts orientierte, sondern nur N1 und N2, ein bißchen R und eben bald U um die Zeit vor 55.000 Jahren. In einem günstigen, warmen Klima zwischen 50 und 30000 Jahren konnten sich diese Sammler und Jäger überall im Nahen Osten festsetzen und kleineren Sippen erlauben, sich in alle Himmelsrichtungen auszubreiten. Es ist heute noch nicht genau auszumachen, ob sich die neu entstandenen Untergruppen, die wir als geographisch typisch empfinden, noch an den Rändern des Ost-Westkorridors oder erst nach der Trennung von den Ursprungssippen entwickelten. Bis zur letzten Eiszeit sehen wir jedenfalls viele neue Untergruppen hin und herstreuen, danach bleiben sie nachhaltig getrennt. Den Cromagnons als ersten neuen Europäern wird jedenfalls die neue Gruppe U5 als typisch zugesprochen. Sie ist heute nach H die häufigste Gruppe Europas und war bei der letzten Eiszeit im iberischen Refugium, von wo sie sich seitdem vornehmlich nach Norden (eigenes Saami-Motif) sowie nach Süden bis Nordafrika (eigene Berber-Linien) ausgebreitet hat. Im heutigen Nordamerika hat sie eine fast so starke Präsenz wie H.

Ähnlich alt ist U2 mit vielen kleinen Untergruppen, von denen die meisten über ganz Indien verstreut sind, abgesehen von U2e, das in kleiner Zahl im westlichen Pool blieb. Auch U8 ist sehr alt, der Mutterklan für U8a, U8b und K, die alle bald folgten. Bei den Basken findet sich der älteste Stammbaum in Europa für die mitochondriale Untergruppe U8a. Sie alle entstanden wohl in Kleinasien und betraten Europa auf den gleichen Wegen wie U5. Eine Gruppe von U wandte sich nach Osten und wurde zur typisch indischen Gruppe U7, auch wenn einige wenige Untergruppen sich in Europa finden. In der Levante bricht U6 zusammen mit X1 und M1 nach Nordafrika auf und findet sich von Äthiopien bis Marokko, auf den Canaren und den kleineren Mittelmeerinseln. Den östlichen Norden Europas bevölkerte nach der Eiszeit U4 von ihrem Refugium in der Ukraine aus. Hg U1 und U3 verblieben zum größten Teil in Kleinasien und sickerten nur zum kleinen Teil nach Europa.

Drei Zuzugswege nach Europa, die wieder und wieder benutzt wurden, sind bekannt. Die nördliche beginnt am schwarzen Meer, zieht sich hoch bis zum Ural und biegt dort zum Baltikum ab, um entweder nach Skandinavien oder an der Ostsee entlang zu führen.

Die mittlere Route folgt vom Balkan aus dem Verlauf der Donau, des Rheins und der Rhone und verbindet so ganz Mitteleuropa, während sich die südliche um Griechenland herum an den mediterranen Küstenlinien orientiert. Beständiges Eintröpfeln von Neuankömmlingen ist nur schwer zu belegen, doch es zeigen sich mehrere größere Zuzugswellen, die Bewegung in die Besiedlung Europas brachten. Nach dem frühen Auftauchen der ersten Cromagnons noch während der Altsteinzeit, denen



die Aurignacien-Kultur zugesprochen wird, kommen die Träger des Magdaleneen noch während der kältesten Phase der Eiszeit nach Europa. Als sich vor 15000 Jahren der Gletschergürtel, der ganz Mittel- und Nordeuropa in Umklammerung hielt, begann zurückzuziehen, rückten die Sammler und Jäger, dem Wild folgend nach, verließen die Refugien in Spanien, der Toskana, dem Balkan und der Ukraine, um verlorenes Terrain wieder gut zu machen. Gleichzeitig strömten neue Leute aus dem Nahen Osten dazu.

Zu diesem ersten Zustrom gehört neben neuen Linien von H auch K, das sich bald überall in den Pyrenäen und den Alpen findet und nach H und U zur drittstärksten Haplogruppe avanciert. Dies belegen Grabfunde aus dem Baskenland zwischen 8 und 5000 Jahren. Ötzi, die berühmte Tiroler Eismumie, 5300 Jahre alt, gehört zur inzwischen ausgestorbenen Linie K1ö. Vor 4600 Jahren lebten in Eulau in Sachsen eine Sippe Bandkeramiker, die ein tragisches Schicksal ereilte. Als eine Gruppe



Männer von der Jagd heimkehrte, fanden sie die 13 Daheimgebliebenen massakriert vor und begruben sie liebevoll. In einem Grab konnten Genetiker eine komplette Familie identifizieren und fanden bei der Mutter und den beiden Söhnen die Haplogruppe K1b. Im Verlauf der letzten zweitausend Jahren entstanden die drei Linien K1a1b1a, K1a9 und K2a2, die als typisch ashkenasisch gelten und etwa ein Drittel aller heutigen jüdisch-europäischen Linien ausmachen.

Das Cluster R0: HV, H und V

Ähnliche alt wie U ist **R0** (früher pre-HV genannt), ebenfalls in Kleinasien entstanden und heute am stärksten auf der arabischen Halbinsel vertreten. Die Tochtergruppe HV orientiert sich nordwärts, teilt sich in mehrere Untergruppen, eine davon ist H (Helena), zu 20% im Nahen Osten, 10% in Nordafrika und fast 50% in Europa vertreten und damit die erfolgreichste Linie Europas. Eine Vielzahl ihrer Untergruppen entwickelte sich direkt in Europa. Dazu gehört H6, vor 40000 Jahren entstanden, deren eine Linie wohl wieder nach Osteuropa und in den Nahen Osten zurückgewandert ist. Den umgekehrten Weg nahm die gleich alte Linie H11, vom schwarzen Meer aus hoch nach Norden, in einem Gürtel über Nordeuropa bis nach England präsent und selbst noch in Sibirien anzutreffen.

Es ist schwer, Ordnung in den Stammbaum von H zu bekommen, denn während die meisten anderen Gruppen sich fein säuberlich in wenigen Hauptlinien teilen und immer weiter verzweigen, gehen die bisher bekannten mehr als 38 Linien von H fast alle von einem gemeinsamen Knoten aus. Da die meisten dieser Linien durch Mutationen auf der Kodierregion definiert werden, fällt die Bestimmung ohne eine



Vollgenomsequenzierung sehr schwer, zumal die CRS, die Cambridge Referenz Sequenz, an der alle anderen Haplogruppen abgeglichen werden, zu der kleinen Linie H2a2 gehört, aus der heraus man alle Mutationen verfolgen muss.

Häufigste Gruppe in H ist H1, vermutlich in Spanien entstanden, circa 15 Jahre alt und in ähnlicher Verschiedenheit auch geringfügig im Nahen Osten vertreten. Zweitgrößte Gruppe ist H3, 5000 Jahre jünger und nur aus Europa bekannt. Beide zusammen machen fast die Hälfte aller H-Linien aus. Ähnlich europäisch ist H5a, noch etwas jünger, wobei der Ursprung von H5 wohl noch in der Levante zu suchen ist. Die weniger häufigen Haplogruppen H4, H7 und H13 finden sich ebenfalls weitgestreut, wobei H13 - 16 auch im Kaukasus vorkommt. Von dort zieht sich auch das Verbreitungsgebiet von H2 hoch nach Osteuropa. Von H sind etliche prominente Linien aus den europäischen Königshäusern bekannt. Marie-Antoinette gehört zum Beispiel dazu.

Von H's Mutterlinie HV zweigt oberhalb des schwarzen Meers neben einigen HV-Varianten auch pre-V ab, das mit H zusammen vom Osten her Europa betritt. Lange Zeit galt ihre Tochterlinie V (Velda) als Weggefährte von H1 und H3, die nach der Eiszeit gemeinsam das leere Europa zurückerobert haben sollen.

Nachdem man jedoch in den jungsteinzeitlichen Gräbern im Baskenland keinerlei Spur von V gefunden hat, wird ihr Ursprungsort doch eher im deutsch-französischen Raum vermutet.

Das Cluster JT betritt als letztes Europa.

Vor circa 40000 Jahren im Nahen Osten entstanden, waren J (Jasmin) und T (Tara) maßgeblich an der neolithischen Revolution, dem Übergang von einem nomadisierenden zu einem ackerbauenden und viehhaltenden Lebensstil beteiligt. Sie kommen, hauptsächlich von den Küsten her zusammen mit anderen nach der Eiszeit nach Europa und sind heute überall in einer Frequenz von 6 – 9 % vorhanden.

Beide teilen die HVS1 Mutation 16126C und drei weitere auf der Kodierregion. Die Haplogruppe T wurde zuerst von Antonio Torroni entdeckt, der größere Blutprobensätze aus verschiedenen Bevölkerungen mit Restriktionsenzymen untersuchte. Erst seit der Einführung der sehr viel genaueren PCR/RFLP Technik (Polymerase chain reaction/restriction-fragment-length-polymorphism) wurde ab 1989 die Einteilung in Haplogruppen möglich. Die ersten identifizierten Haplogruppen waren die der amerikanischen Ureinwohner: A, B, C and D, desweiteren die asiatischen Gruppen E, F und G.

Der Name T geht auf eine Veröffentlichung von Torroni et al. 1996 zurück. (Classification of european mtDNAs from an analysis of three european populations), worin die beiden Mutationen 16126C und 16294T beschrieben sind. Heute wird J und T in der Nähe von R2 gesehen, mit der sie die Mutation 15607 teilen.

Von Beginn an wurde versucht, den einzelnen Haplogruppen bestimmte Eigenschaften zuzuschreiben, Langlebigkeit zum Beispiel oder einen gewissen Hang für bestimmte Krankheiten. T war ein besonderes Opfer dieser übermotivierten Haltung. Als 1994 Dr. Robert Plomin vom US-Gesundheitsinstitut eine Untersuchung mit 200 Schulkindern durchführte, wollte er einen Zusammenhang zwischen den T-typischen Mutationen und Kindern mit dem niedrigsten IQ, bis hin zur geistigen Behinderung festgestellt haben. Ein Jahr danach machten die Autoren die Position 15928 dafür verantwortlich. Erst eine erneute Untersuchung von Mark Thomas drei Jahre später entlarvte diese Fehleinschätzung.

Dieselbe Position 15928 mußte erneut als Sündenbock herhalten, als



gegen Ende des Jahrtausends Ruiz-Pesini et al. eine Art Spermienwettrennen veranstalteten. In den Spermien sind ein paar Mitochondrien enthalten, die die Energie für ihre Beweglichkeit liefern. Der Verlierer T war um ein Drittel langsamer als der Sieger H.

Doch auch diese niederschmetternde Diagnose ließ sich zum Glück nicht halten (Pereira et al. 2005).

Ein Grund für solche Fehlurteile sind in der Regel die zu geringen Datensätze.

Weitere Links und Hinweise

de.wikipedia.org/wiki/Mitochondriale_Eva

Auf Wikipedia gibt es erste Rohdaten über die verschiedenen Haplogruppen, meist mit Literaturhinweisen.

www.phylotree.org

hier werden alle jeweils gültigen Mutationen in ihrem möglichen Stammbaumzusammenhang aufgelistet und beständig erneuert.

www.mitosearch.com

Ein Dienst von familytreedna. Jeder kann sich kostenlos registrieren und seine Mutationen eintragen lassen. Er erhält eine persönliche ID-Nummer, kann anonym oder nicht einen Kontakt angeben, seine früheste bekannte Vorfahrin nennen und seine Sequenz mit Tausenden anderer Nutzer auf Treffer vergleichen. Familytreedna bietet außerdem für jede Haplogruppe ein gesondert geführtes Projekt (auch Nachnamen) sowie ein Forum an.

www.ncbi.nlm.nih.gov

Bei dieser globalen Genbank sind alle mitochondrialen Vollgenomsequenzen für die Forschung, aber auch zum privaten Studium frei verfügbar und können jederzeit heruntergeladen werden. Die eigene Sequenz kann mit bestimmter Aufbereitung dort aufgespielt und bei neu gefundenen Mutationen zur weiteren Differenzierung von der Forschung genutzt werden.

Soziale Gruppen und Foren

Bei Facebook und anderen sozialen Netzen gibt es viele Treffpunkte für einzelne Haplogruppen. Das beste Forum jedoch ist

www.dna-forums.org

mit einer Fülle an Information und der Möglichkeit, sich von Spezialisten bei Bedarf helfen zu lassen. Es wird auf Englisch geführt, hat aber auch eine deutsche Ecke.

mtDN-art

www.zaender.com/my/index.htm = Herkunftslinien des Ur

eigene Seiten zur Haplogruppe K

www.myspace.com/haplogroupK

www.facebook.com/group.php?gid=84700162825&ref=mf

hartmut@zaender.com

Köln, November 2009

