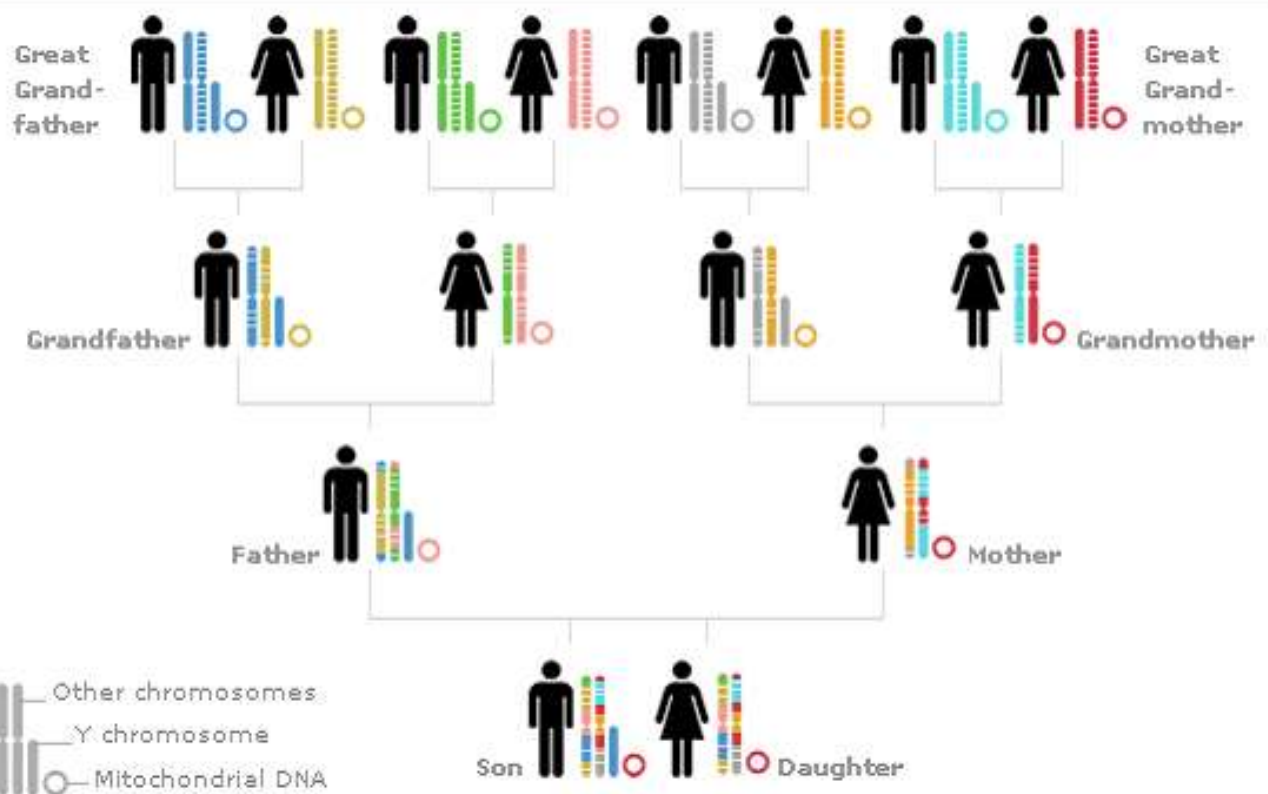
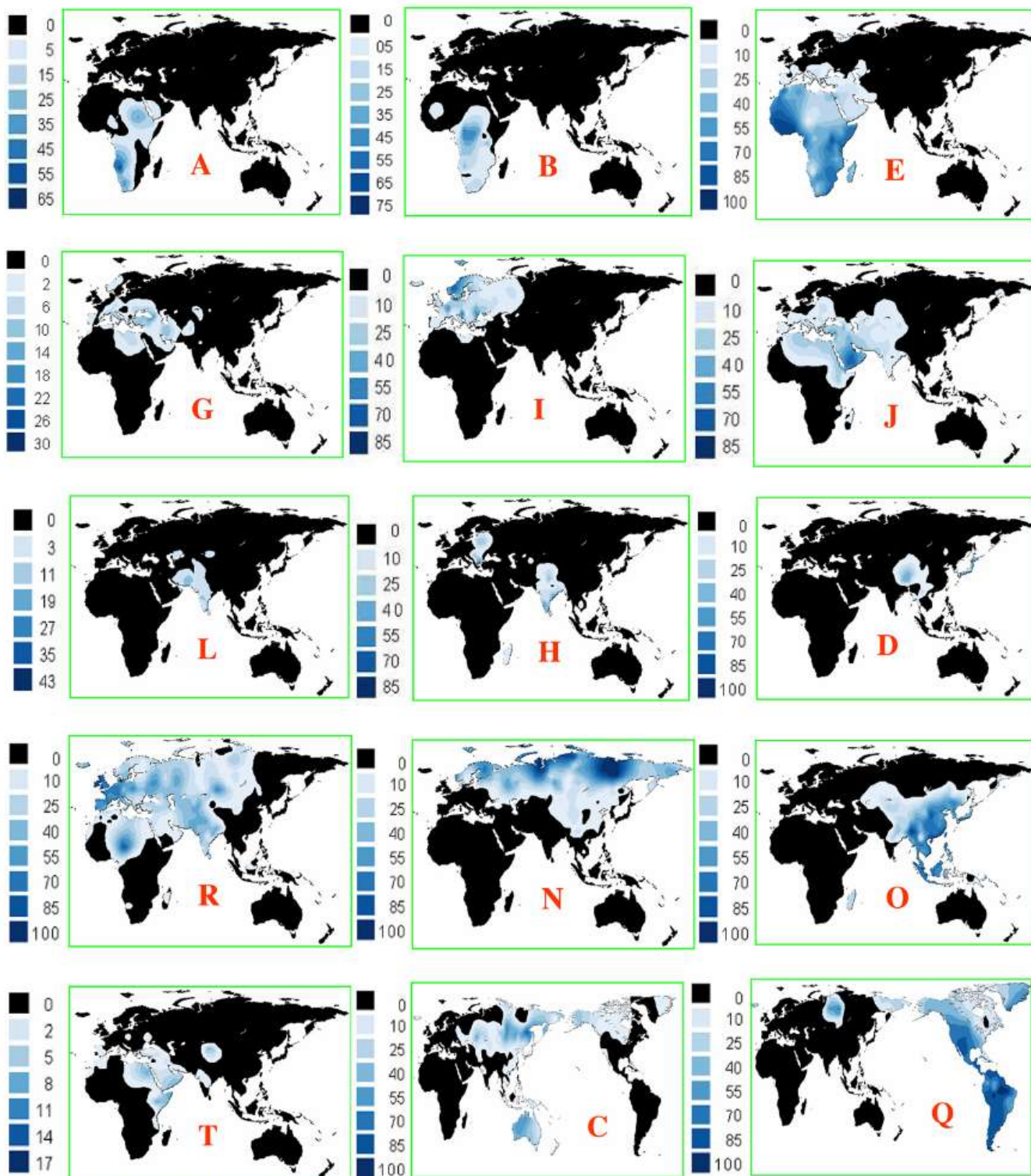


Kleine Einführung in die genetische Genealogie



Menschen wandern, ziehen umher und wenn ihre Gruppe zu groß geworden ist, trennen sie sich und gehen in unterschiedliche Richtungen. Die voneinander getrennten Gruppen haben unterschiedliche Mutationen, die somit Teil ihrer Geschichte als Gruppe werden und später Auskunft über die Wanderwege erteilen.

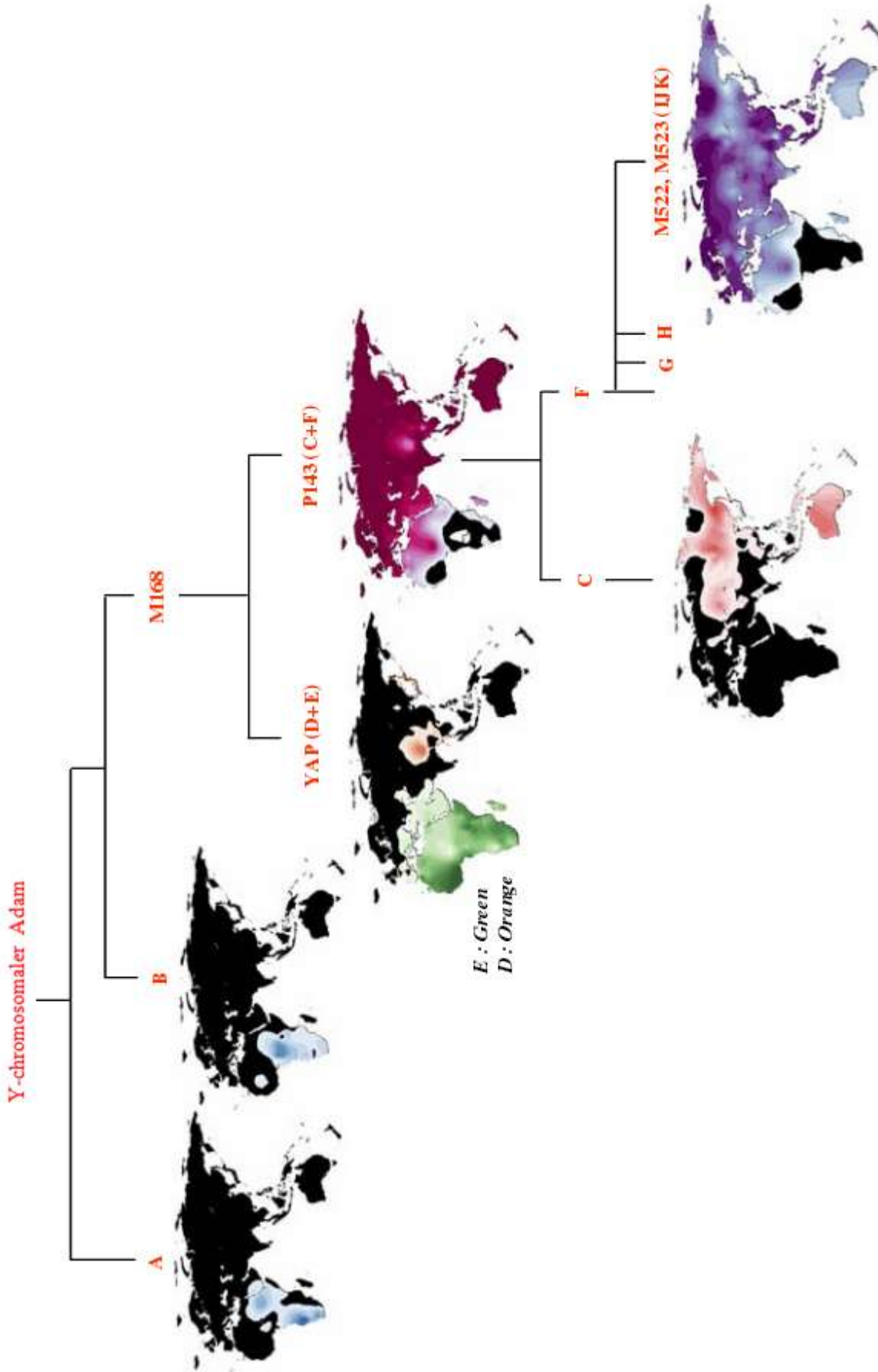
Wissenschaftler haben die grundlegenden Mutationen mit Buchstaben belegt und so die genetische Abstammung der einzelnen Gruppen und ihre geografische Verbreitung kartographiert. Man erkennt leicht die Kerngebiete der jeweiligen Gruppe, sieht aber auch dass die Gruppen sich in manchen Gebieten überlappen.



http://www.tropie.tamow.opoka.org/pl/pol_almanach.htm

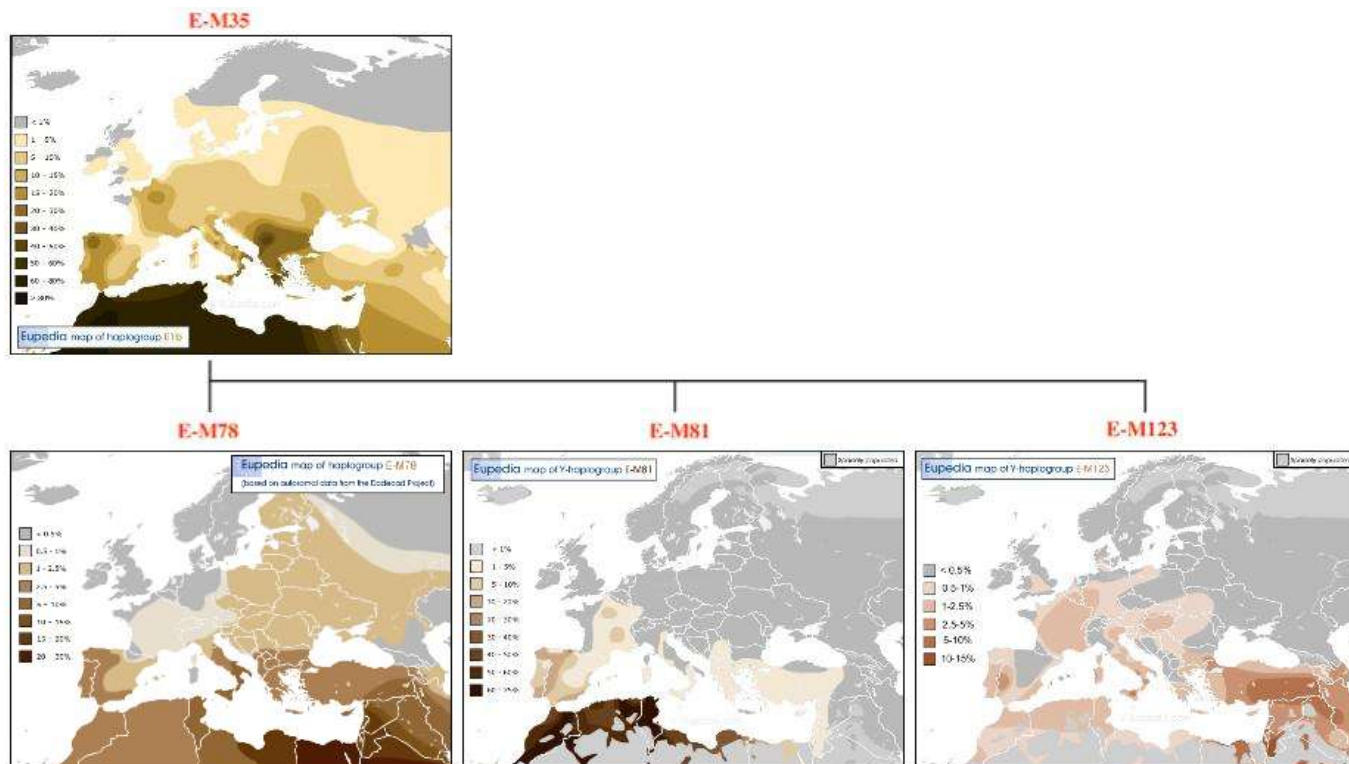
Heute findet man praktisch jede genetische Gruppe (Fachbegriff: Haplogruppe) in nahezu allen Nationen und Völkern der Welt. Kaum jemand weiß, wie bunt gemischt die Nationen genetisch zusammengesetzt sind, da diese Vermischungen bereits lange vor der Formation der Völker und Staaten stattfanden.

Alle uns heute bekannten Haplogruppen konnten von den Wissenschaftlern, über die ihnen zugrunde liegenden Mutationen, in einer groben Abstammungstafel einander zugeordnet werden. Der gemeinsame Ursprung aller Gruppen, der Mann mit der frühesten Mutation, wurde Adam des Y-Chromosoms genannt.



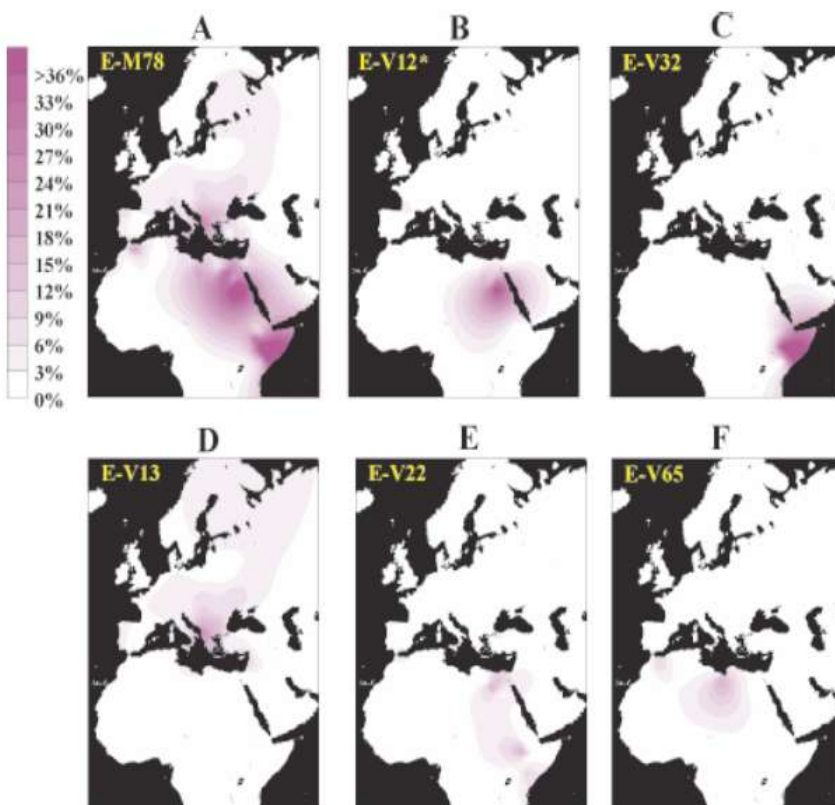
So entstand mit der Zeit ein ungefähres Bild von Ursprung und Verbreitung der Menschheit. Zur Verdeutlichung dieser Erkenntnisse soll hier die Gruppe E dienen.

Um eine genaueres Bild ihrer Geschichte zu erhalten, musste man auch die jüngeren Mutationen testen. Dabei zeigte sich, dass die Nachfahren in unterschiedlichen Gebieten siedelten. Die Gruppe mit der Mutation E-M2 besiedelte das Gebiet südlich der Sahara. Die Nachkommen des Mannes mit der Stamm-Mutation E-M35 jedoch verbreiteten sich über Nord- und Ostafrika. Die Mutation E-M78 findet man in Ägypten und in Südeuropa, E-M81 ist unter den Berbern verbreitet und der Marker E-M123 findet sich hauptsächlich im Nahen Osten.



Die Nachkommen der Mutation E-M78 sind E-V12 in Oberägypten und E-V22 in der Levante. E-V13 findet sich im Balkan und in Griechenland bis zu einem Anteil von 40% an der Bevölkerung in der Peloponnes-Halbinsel.

Tatsächlich gibt es eine griechische Sage über die feindlichen Brüder Danaos und Aigyptos, in welcher Danaos nach Griechenland floh. Dies ist möglicherweise eine verdeckte Erinnerung an die Einwanderer aus Ägypten.



Die Träger der Endmutationen E-V12, E-V32, E-V13, E-V22 und E-V65 sind Nachkommen der Träger mit der Mutation E-M78 und tragen diese ebenso in sich.

So sind die davor entstandene Mutation E-M35 und alle vor ihr entstandenen Mutationen ein Teil des genetischen Erbes.

Im Erbgut jedes Menschen sind alle jemals in seinen Vorfahren aufgetretenen Veränderungen mit enthalten.

Die Mutationen repräsentieren eine lückenlose Abfolge von Generationen, bei welcher die Vererbung, vom Vater auf den Sohn, die meiste Zeit identisch ist und nur hin und wieder ein Unterschied auftritt.

Nicht nur die räumliche auch die zeitliche Einordnung der Mutationen ist möglich. Durch die sog. „molekulare Uhr“ (eine Datierungsmethode für Mutationen) können die Mutationen auch zeitlich eingeordnet werden.

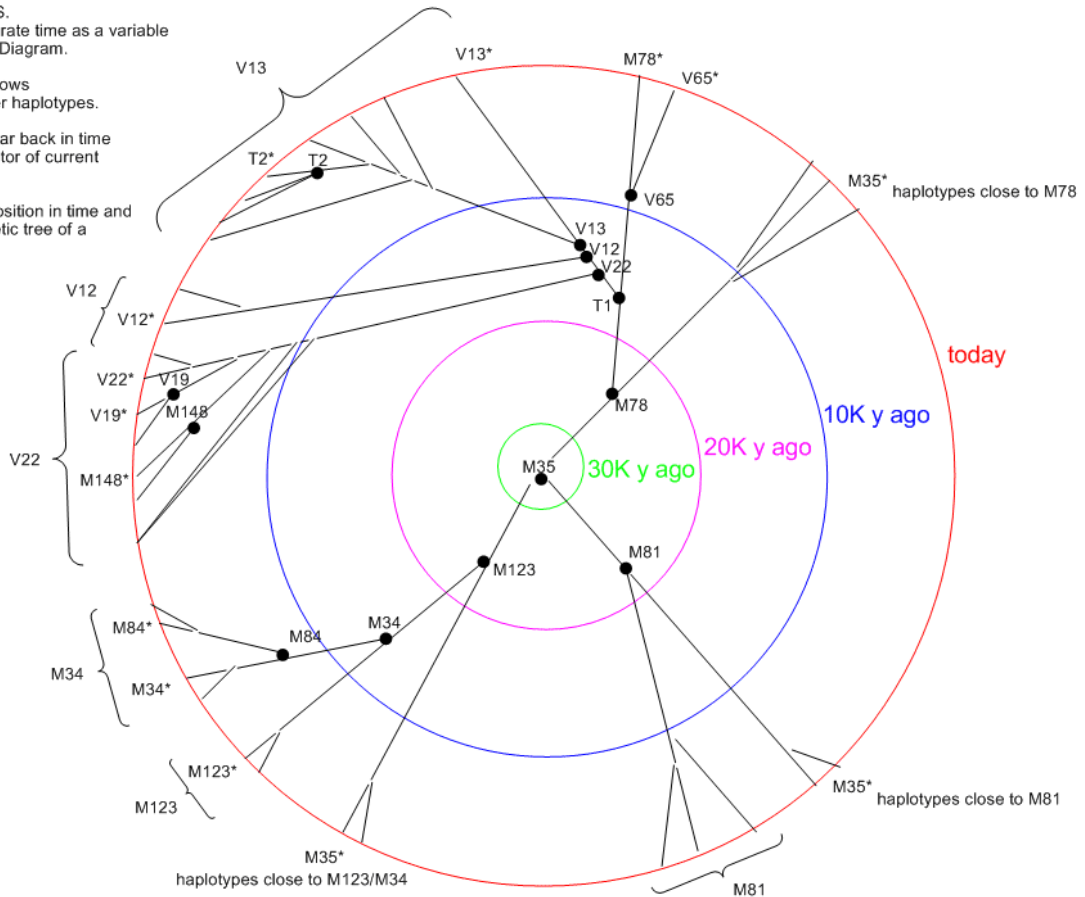
So kann man in der Darstellung unten sehen, wie von der Mutation E-M35 ausgehend, die darauf folgenden Mutationen genealogisch einzuordnen sind und zu welchem Zeitpunkt sie ungefähr stattgefunden haben.

20008-11-08, D.S.
Idea how to integrate time as a variable into a SplitsTree Diagram.

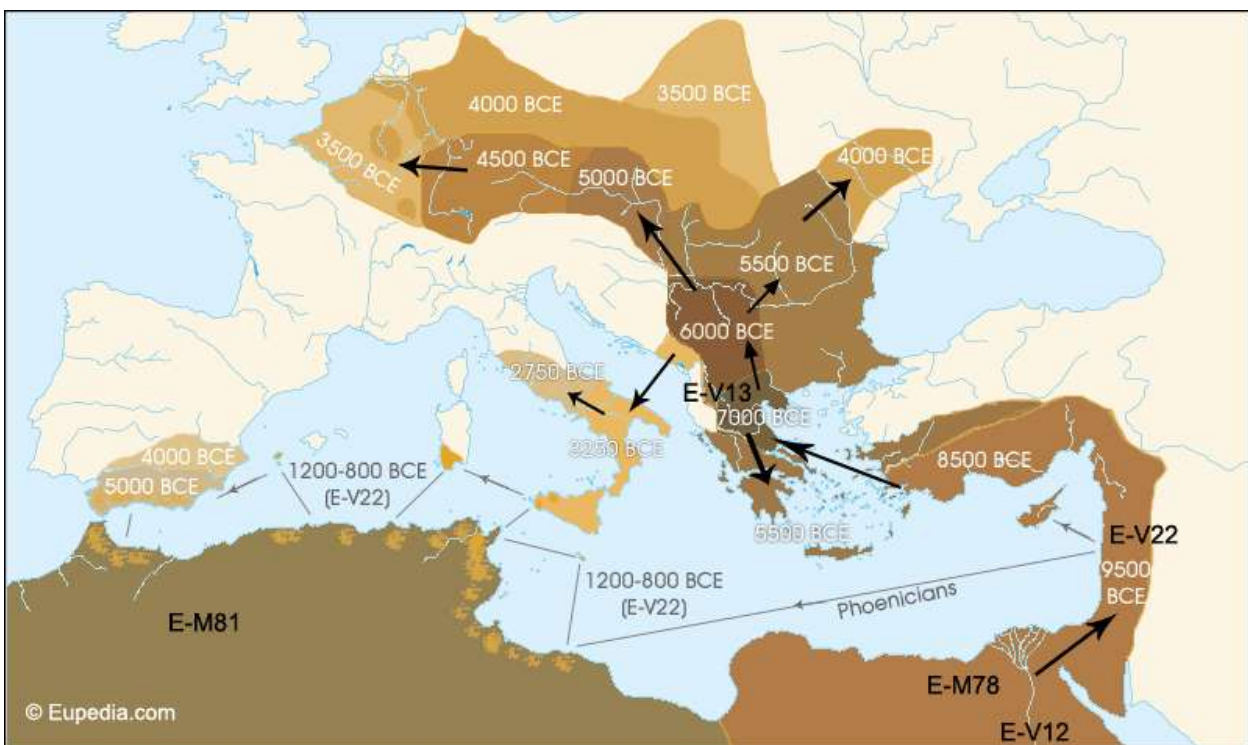
The periphery shows current 67-marker haplotypes.

— indicate how far back in time a common ancestor of current haplotypes lived.

● indicates the position in time and on the phylogenetic tree of a known SNP.



Mit den örtlichen Verbreitungsmustern kann man dann die Geschichte der jeweiligen Gruppe in groben Zügen erforschen. So werden archäologische Funde mit genetischen Ergebnissen zu neuen Erkenntnissen verwoben.

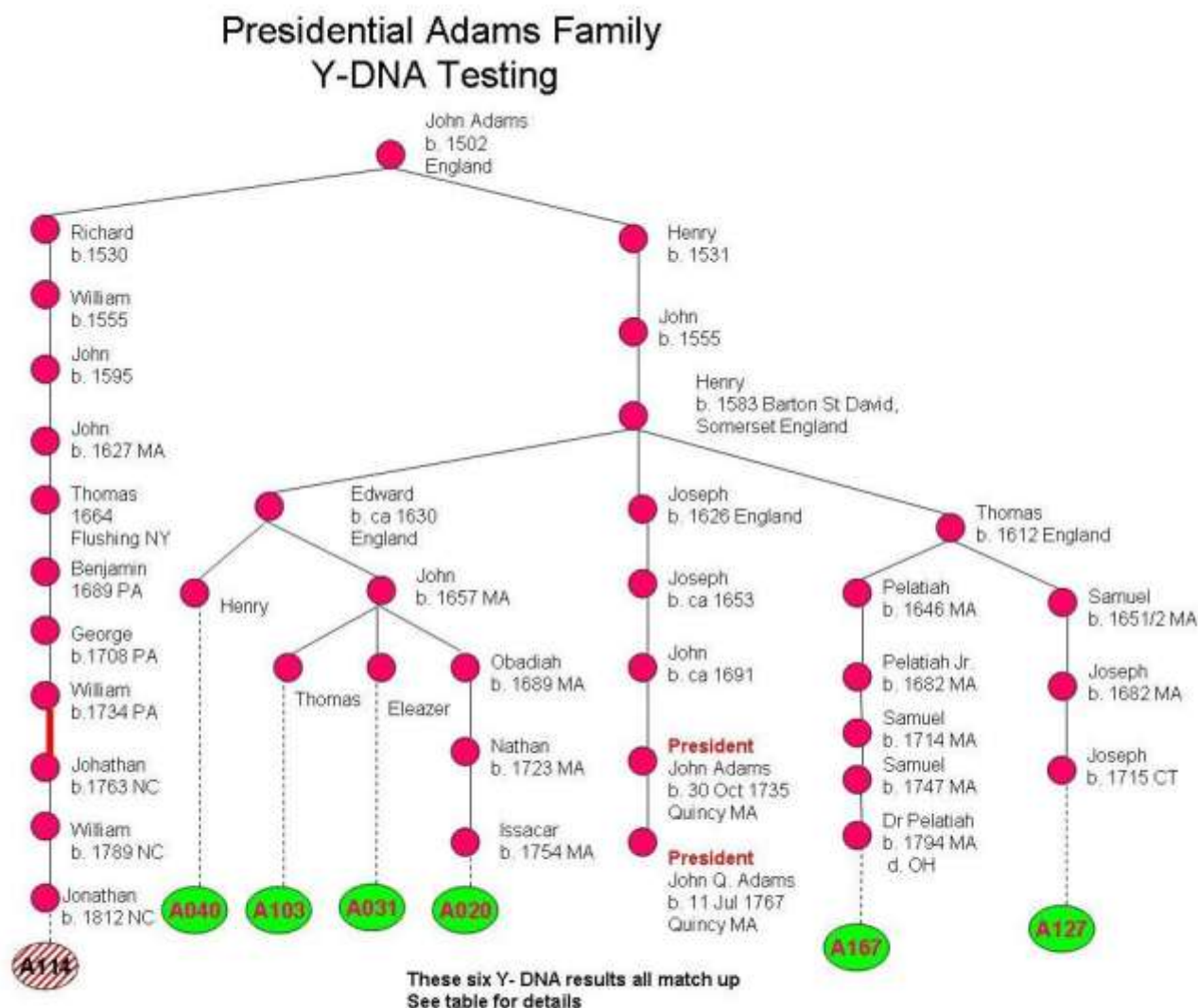


Gerade in den Vereinigten Staaten, deren genealogische Aufzeichnungen oftmals ungenügend sind, versuchen viele Ahnenforscher mit Hilfe der genetischen Genealogie herauszufinden, ob sie mit anderen Menschen verwandt sind.

Dazu werden sogenannte Nachnamen-Projekte ins Leben gerufen, die, bei gleichen oder auch ähnlichen Nachnamen, die Haplotypen innerhalb einer Haplogruppe vergleichen.

Ein solches Surname-Project ist z.B. das Adams Surname DNA Project, welches die genetische Verwandtschaft mit den ehemaligen US-Präsidenten Adams (Vater und Sohn) untersucht. Die über genealogische Dokumente gut gesicherte Verwandtschaft wurde nochmals genetisch untersucht und für die Person A114 als nicht stichhaltig erkannt.

Auch dies sind, allerdings dann weniger erfreuliche, Ergebnisse der genetischen Genealogie.



Y-DNA result has refuted this connection for A114
The suspected error is at or above (older than) the link in red.

<http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~jswdna/adamsresults.html>

© John S Walden 2006-2007

Die nicht durch Dokumente genealogisch gesicherten Probanden vergleichen ihre Ergebnisse mittels der sog. Haplotypen, die systematisch geordnet sind. Je weniger Unterschiede auftreten, desto näher genetisch verwandt sind jeweils die Probanden.

Auf diese Weise kann man mit einigem Aufwand einen genetisch-genealogischen Stammbaum einer Familie erstellen, der sogar bis in die Zeit vor Einführung der Nachnamen zurückreichen kann, wie im folgenden Bild schematisch dargestellt wurde.

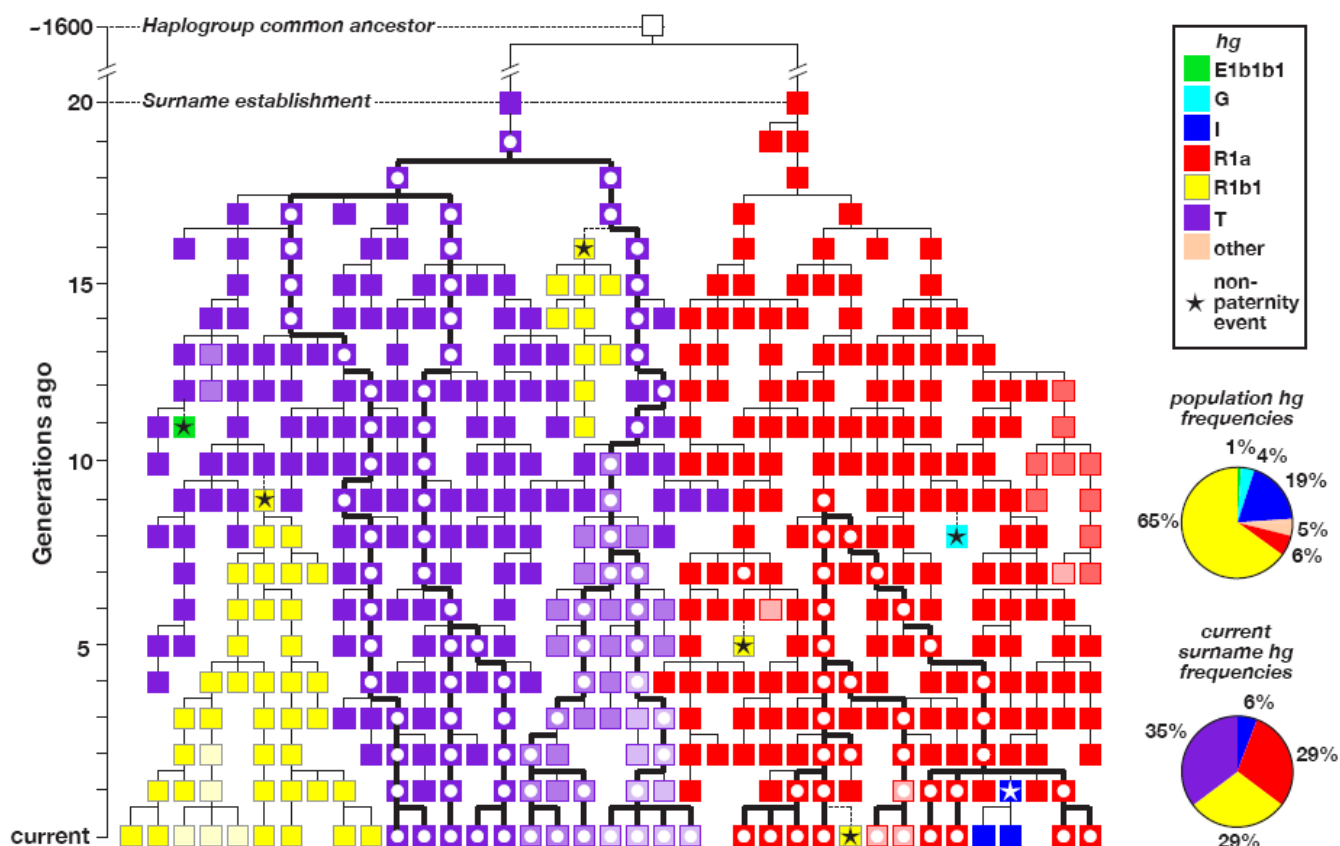


Figure 1: Current Y diversity within a surname is influenced by founder numbers, non-paternity, genetic drift and mutation.

In this hypothetical genealogy all males share a patrilineal surname which originated 20 generations ago in two unrelated founding men carrying different Y haplogroups (hgs; see colour key top right), T and R1a, that themselves share common ancestry ~1600 generations ago.

Subsequently further diversity was introduced by non-paternity events, adoptions or surname changes (shown by stars, and the different haplogroup colours) or STR mutations (different shades of haplogroup colours).

Diversity was reduced by genetic drift: all current hg T chromosomes within the surname descend from the original founder, whereas all current hg R1a chromosomes have a most recent common ancestor (MRCA) only 9 generations ago.

In each case, white dots and bold lines indicate genealogical connections between current chromosomes and their MRCA.

Current haplogroup diversity within the surname is very different from that in the general population (pie charts to right, with sectors proportional to haplogroup frequency); in particular, hg T is not found in the general population sample, but represents 35% of the chromosomes in the surname sample.

<http://www.le.ac.uk/ge/maj4/KingJoblingRevisedWeb.pdf>

Diese Vorgehensweise kann nun, statt nur auf eine Familie beschränkt zu sein, auch auf Familien gleichen Namens angewandt werden, welche nicht miteinander verwandt zu sein scheinen.

Dies sind zumeist ehemalige Berufsbezeichnungen, wie Schäfer, Schneider, Zimmermann, Smith oder Miller, kann aber auch mit Namen, die von Vornamen abgeleitet sind, durchgeführt werden.

Diese Nachnamen sind dann von der Art Anderson, Hinrichs, Jakob, Peters oder Kilian. Andere Nachnamen sind von Orten abgeleitet, wie z.B. Hollerbach oder Wertheimer.

Ein gutes Nachschlagewerk für die Deutung von Nachnamen ist das Deutsche Namenlexikon von Hans Bahlow mit ca. 15 000 Familiennamen nach Ursprung und Sinn erklärt.

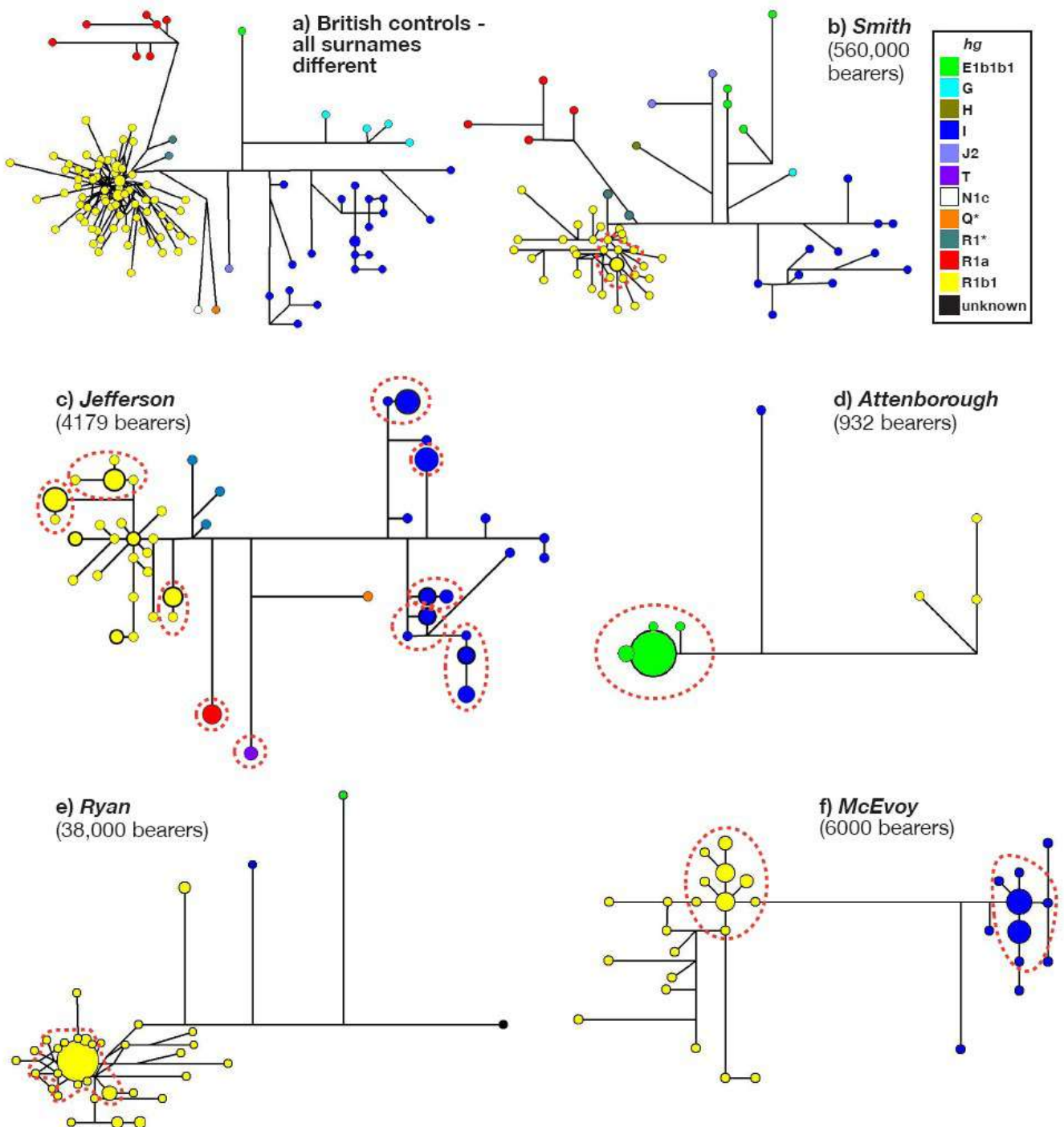
Untersucht man, wie das einige englische Forscher taten, welche genetische Verteilung bestimmte Namen in England aufweisen, so erhält man je nach Art des Nachnamens eine genetische Landkarte der jeweiligen Nachnamen, wie das in der folgenden Grafik dargestellt wurde.

Dabei zeigt Bild a) die sogenannte Kontrollgruppe, in der alle Nachnamen verschieden sind, wie die Verteilung der Haplogruppen in Großbritannien ausfällt. Die Mehrzahl der Bevölkerung gehört demnach der Haplogruppe R1b1 an, gefolgt von der Gruppe I und der Gruppe R1a.

Das Bild b) die Gruppe, mit dem Namen Smith, zeigt ein durchaus ähnliches Bild, was nicht verwunderlich ist, da man ja nicht davon ausgehen kann, dass alle Schmiede miteinander verwandt sein müssten.

Aber schon Bild c) mit einem Nachnamen, der von einem Vornamen abgeleitet wurde, zeigt dass die Träger dieses Namens mit großer Wahrscheinlichkeit von wenigen Personen abstammen, die jeweils den Namen Jeff trugen.

Natürlich kann man allein aus der Haplogruppe nicht schließen, dass alle Träger dieses Namens in einer Haplogruppe nun von einer Person abstammen müssen. Weitere Untersuchungen z.B. der Haplotypen und natürlich der Genealogien aus Pfarrbüchern müssten folgen.



Für Bild d) jedoch ist die Wahrscheinlichkeit sehr hoch, dass alle Attenborough der gleichen Haplogruppe von einem einzigen gemeinsamen Vorfahren abstammen.

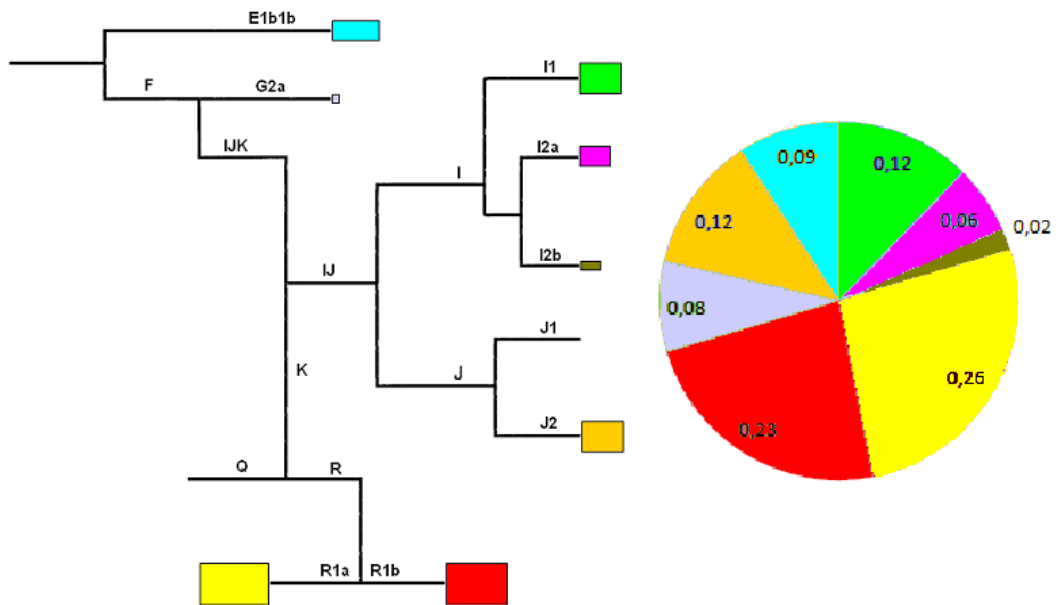
Ob die anderen Namensträger aus Adoptionen stammen oder zufällig nach dem Ort in Nottinghamshire benannt wurden, der für die Familie Pate stand, kann dann weiteren Forschungen überlassen werden.

Für die Studie wurden übrigens auch leicht abweichende Namenformen, wie Attenboro u.ä. mit gezählt.

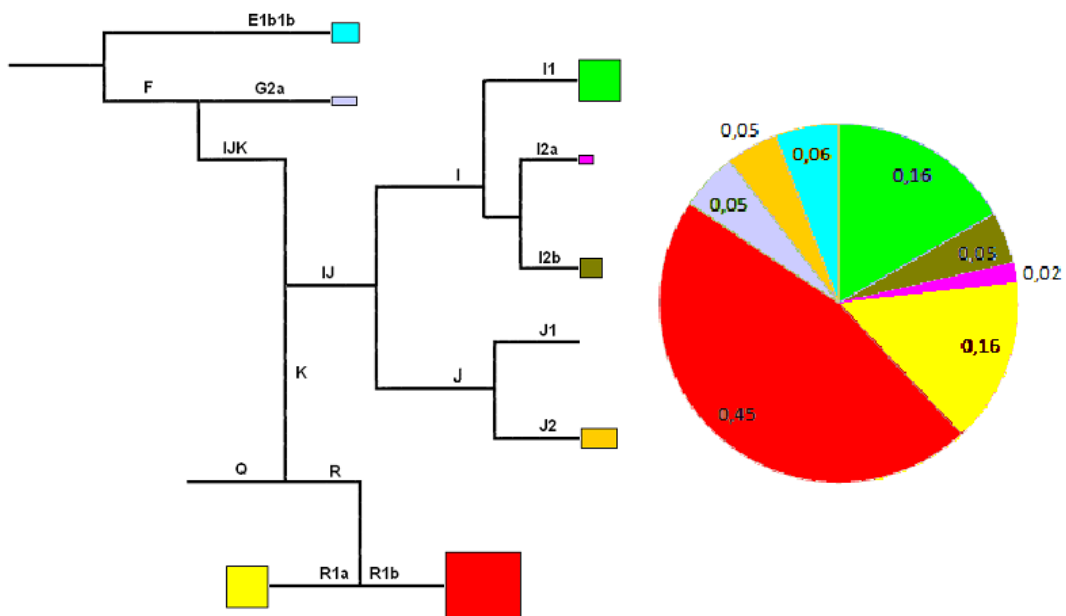
Fasst man nun wiederum alle Personen eines Landes mit gleicher Haplogruppe zusammen, so kann man dies in der Form eines Stammbaums oder in Form einer Tortengrafik darstellen und erhält eine Art genetischen Fingerabdruck des Landes.

Dies ist natürlich nicht wirklich mit allen Einwohnern eines Staates zu machen. Deshalb werden repräsentative Stichproben durchgeführt und dann auf die Gesamtbevölkerung hochgerechnet.

Im Beispiel unten wurde dies für Österreich und Deutschland dargestellt. Man kann deutlich erkennen, dass trotz der Ähnlichkeiten in der Zusammensetzung einige Unterschiede vorhanden sind.



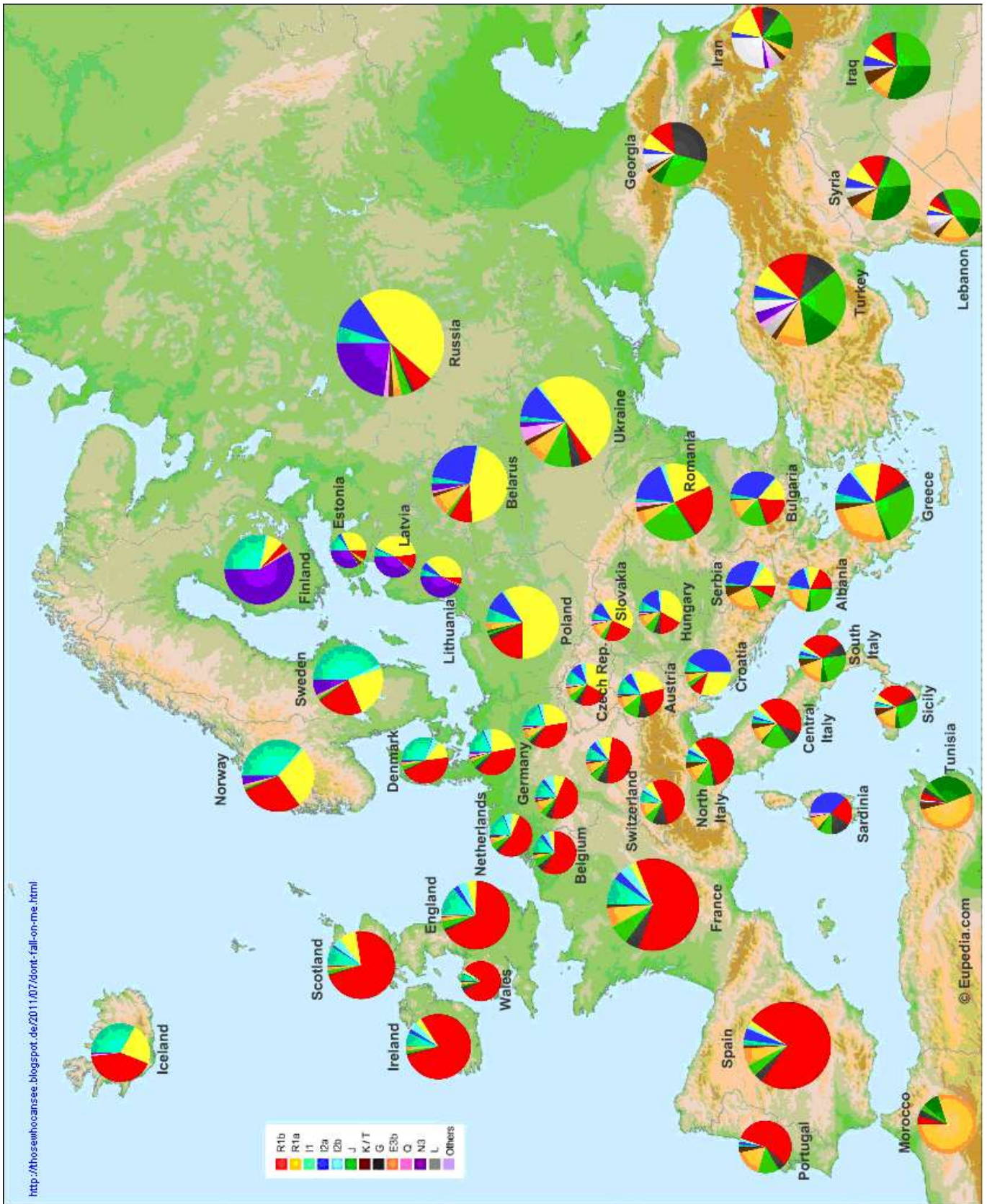
Austria



Germany

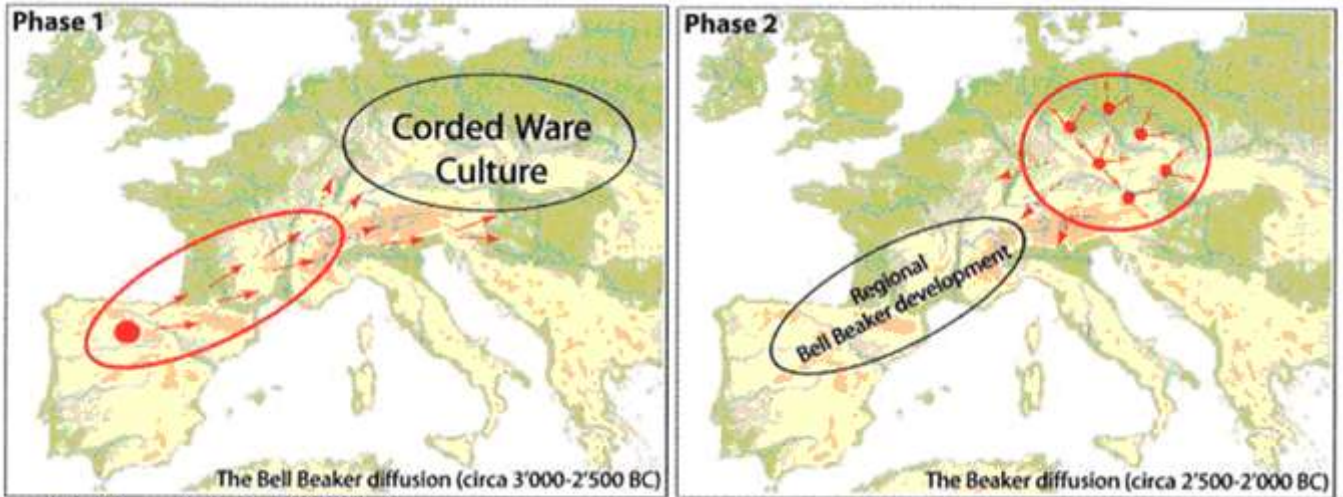
Im Bild auf der folgenden Seite erkennt man dieses Prinzip auf Europa angewendet.

Auf dieser Karte kann man erkennen, dass die Vermischung der Bevölkerung in Europa recht groß ist. Es sind aber auch die Schwerpunkte einzelner Gruppen zu sehen, welche das hauptsächlich Verbreitungsgebiet der jeweiligen Gruppe in heutiger Zeit kennzeichnen.



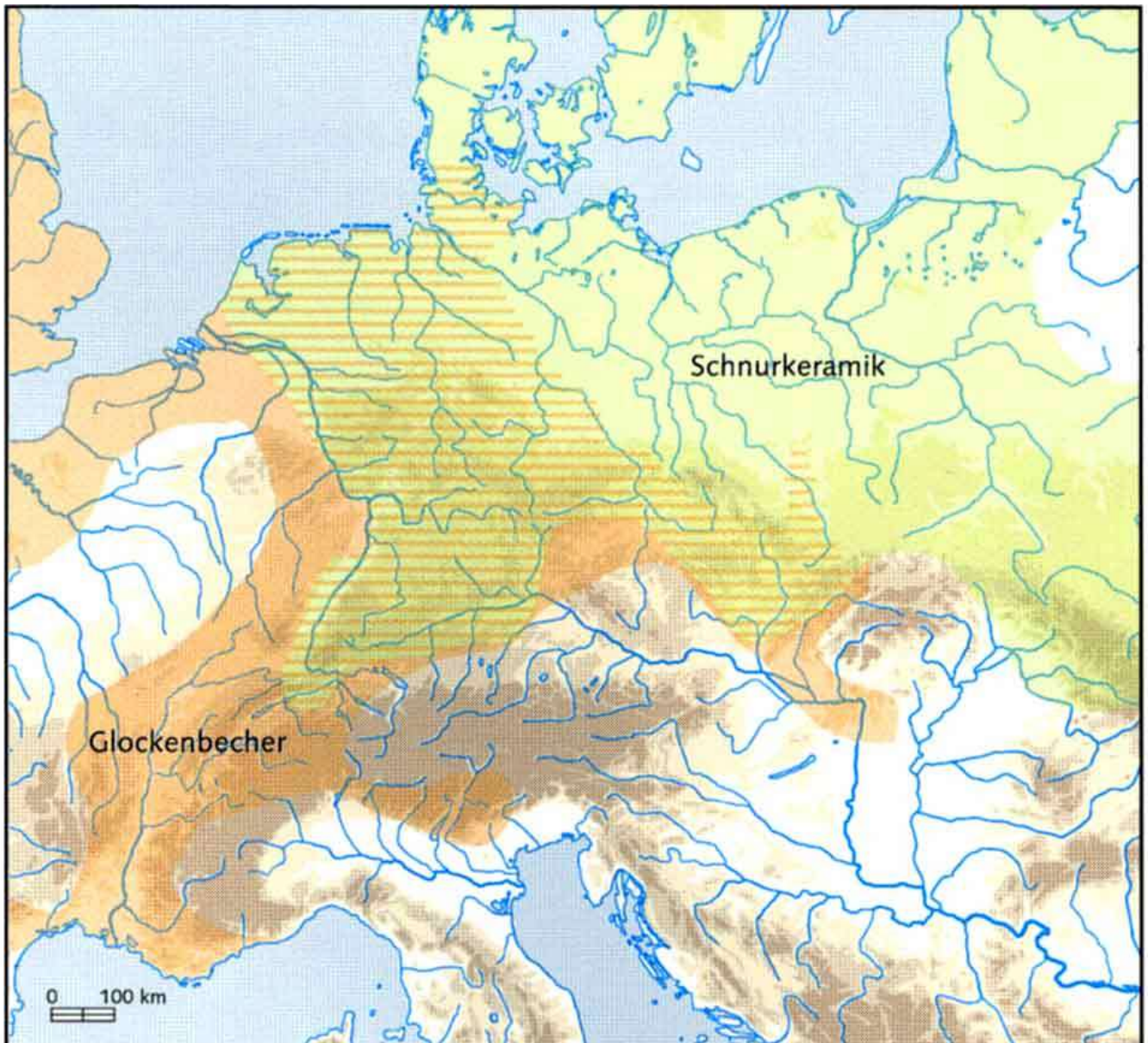
Die Genetik ermöglicht es Ereignisse, für die keinerlei schriftliche Zeugnisse vorliegen, nachzuvollziehen, sofern sie im Erbgut Spuren hinterlassen haben. So können Herkunft und Wanderwege verschiedener Gruppen erkannt und Details der Geschichte erforscht werden. In Zusammenarbeit mit Archäologen und Untersuchungen der DNA, bei vor Ort gefundenen Skeletten, ist eine Zuordnung der genetischen Gruppen auch zu alten Kulturen möglich.

Die Zusammenarbeit von Archäologie und Genetik wird am Beispiel der Glockenbecher und der Schnurkeramiker deutlich. Die unterschiedlichen Kulturen, benannt nach der jeweils vorherrschenden Keramik, vermischten sich mit der Zeit, sodass man nicht mehr erkennen konnte, welchen Vorgänger eine Nachfolgerkultur hatte.



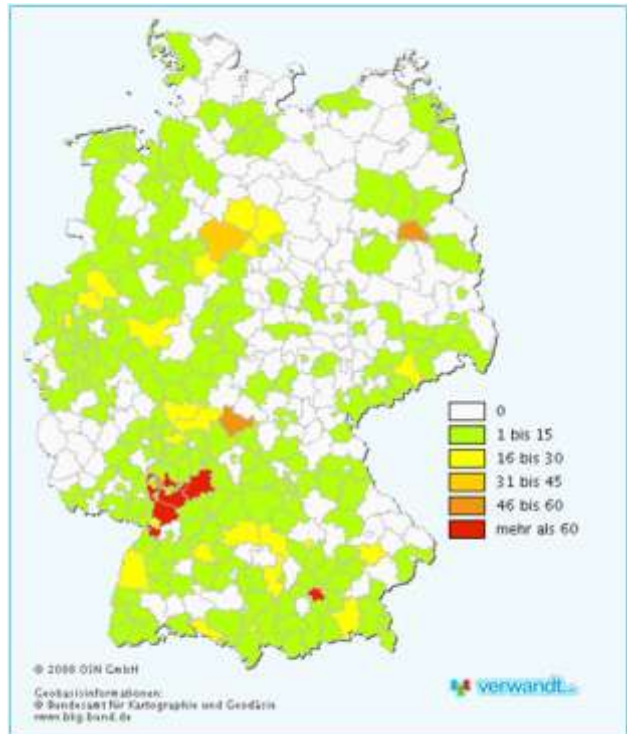
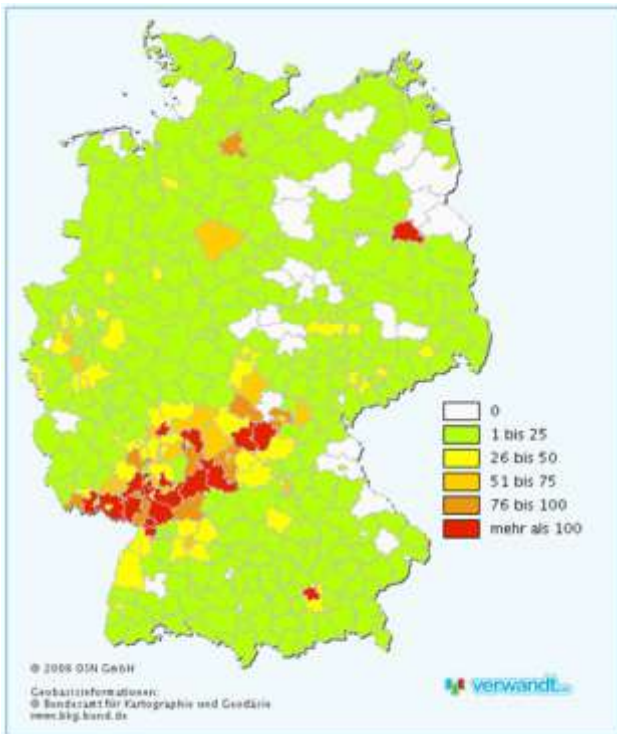
<http://img51.imageshack.us/img51/5666/bbeaker.png>

Da man aber genetisch die Glockenbecherleute der Gruppe R1b, die Schnurkeramiker der Gruppe R1a zuordnen konnte, war auch der Anteil der beiden Kulturen in den Nachfolgerkulturen anhand der Genetik bestimmbar.



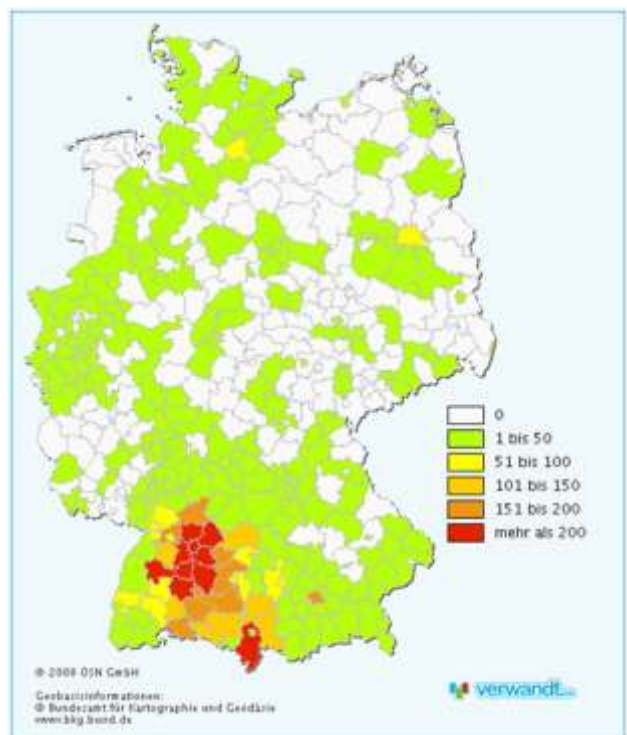
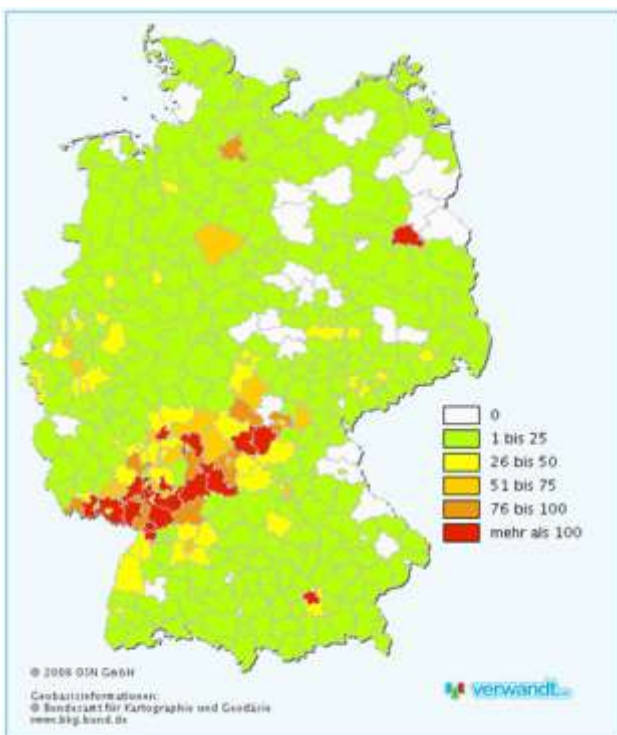
http://www.landschaftsmuseum.de/Bilder/Karte-Schnurker_Glockenb-2.jpg

Aber auch mit herkömmlichen Methoden, kann man Aussagen über die Verbreitung einzelner Familien treffen. Der Name Hauck mit ck auf der linken Karte hat ein ähnliches Verbreitungsgebiet, wie der Name Hauk nur mit k auf der rechten Karte. Da das Gebiet der Hauk mit k kleiner ist, kann man annehmen, dass diese Schreibweise aus der ersten entstanden ist und beide gemeinsame Vorfahren haben.

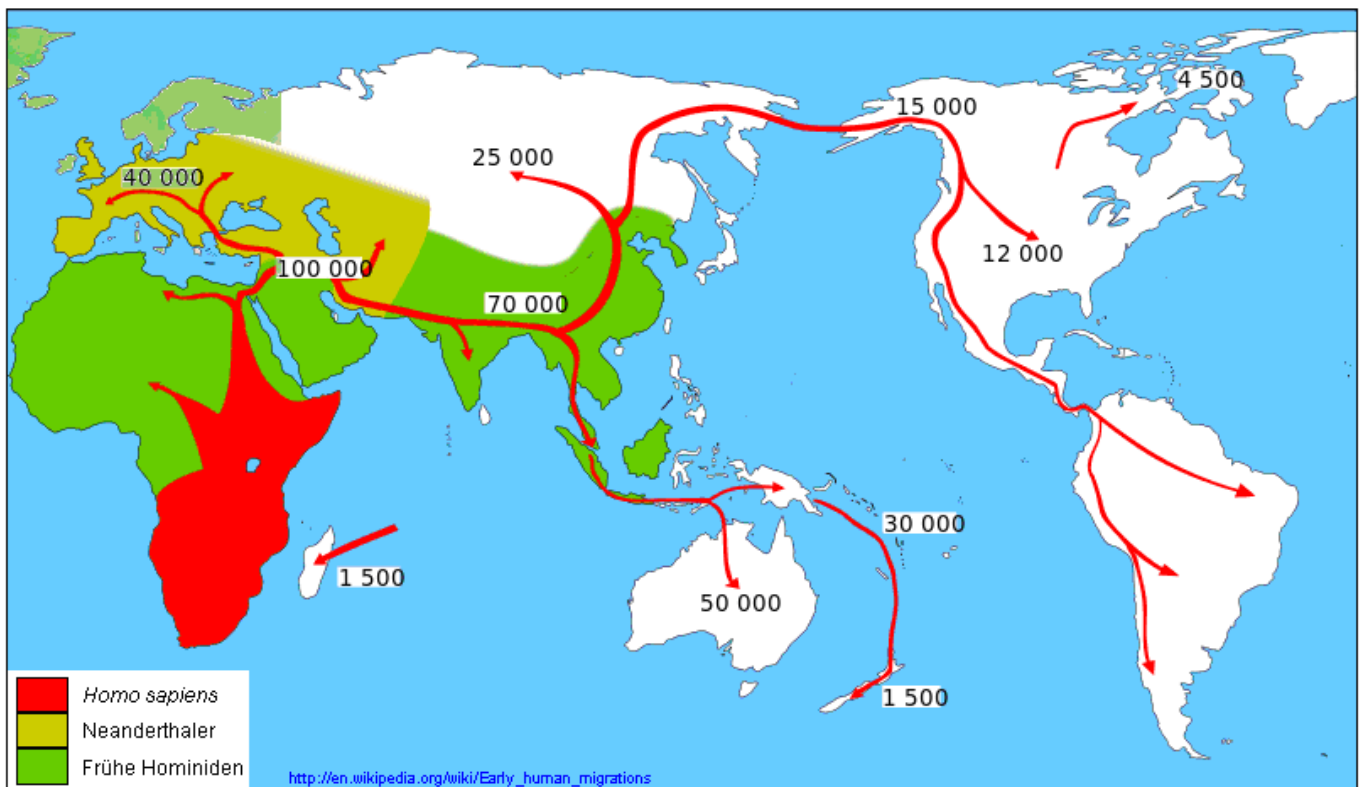


Anders steht es mit dem Namen Haug mit g, auf der rechten Karte unten, wieder im Vergleich zu Hauck mit ck. Hier ist ein völlig anderes Verbreitungsgebiet zu sehen, so dass man völlig verschiedene Vorfahren annehmen kann, die nicht miteinander verwandt waren.

Auch wenn die Schreibweise der Nachnamen im Mittelalter nicht festgelegt war, kann man auf diesem Wege doch einiges über die Geschichte einer Familie herausfinden. Ebenso wie diese Karten, die auf den gemeldeten Telefonanschlüssen basieren, kann auch die Genetik der Ahnenforschung helfen, die Geschichte einer Familie in vorschriftlichen Zeiten zu rekonstruieren.



Die Geschichte der Menschheit beginnt in Afrika, wo viele verschiedene Arten von Vormenschen lange Zeit nebeneinander existierten. Mehrfach gab es Auswanderungen früher Hominiden, wie z.B. des Homo erectus, dessen Funde in Asien Pekingmensch und Javamensch (Verbreitung in der Karte grün) genannt wurden.



Im Nahen Osten und Europa entwickelte sich, vor 200 000 Jahren aus dem Homo erectus über die Zwischenform des Homo heidelbergensis, der nach seinem Fundort benannte Neandertaler (in der Karte braun).

Zeitgleich aber durch klimatische Barrieren getrennt (letzte Eiszeit vor 120 000 bis 14 000 Jahren) kam es auch in Afrika zur Entwicklung des anatomisch modernen Menschen aus dem dort verbliebenen Homo erectus.

Vor etwa 110 000 Jahren kam es zu einer leichten Erwärmung innerhalb der Eiszeit und der Homo sapiens verließ zum ersten Mal Afrika. Er traf im Nahen Osten auf den Neandertaler und lebte bis vor 80 000 Jahren friedlich mit diesem im selben Gebiet, wie archäologische Funde aus z.B. Israel beweisen.

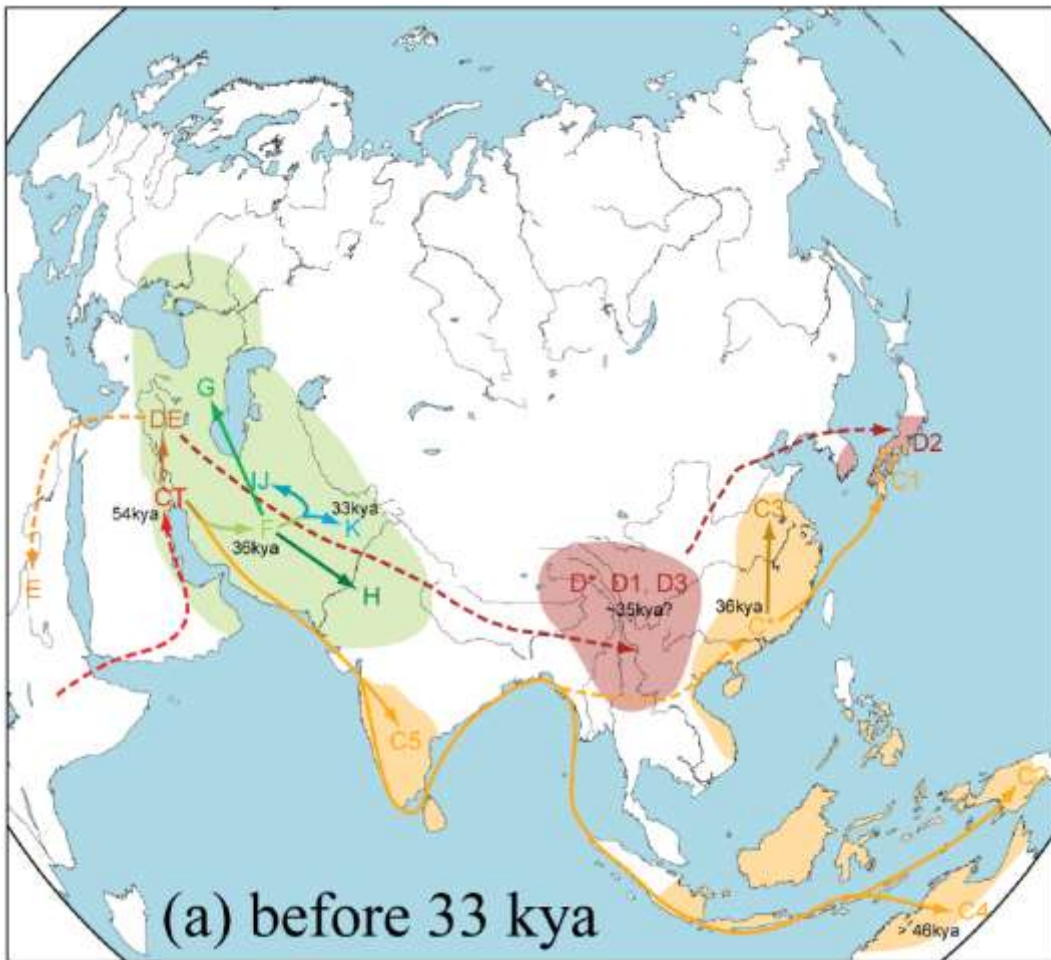
Aufgrund der genetischen Marker weiß man heute, dass die Haplogruppe, welche Afrika verließ den genetischen Marker M168 besaß. Alle Gruppen, die sich außerhalb Afrikas entwickelten, trugen diesen Marker als die älteste gemeinsame Mutation in ihren Genen. Die Wissenschaftler benannten diese erste Auswanderer-Gruppe mit den Buchstaben CT. Die Menschen, die in Afrika verblieben, gehörten den Gruppen A und B an.

Damals bestanden die Gruppen noch aus nur wenigen Menschen und es gab noch keine Untergruppen. Sie zogen umher und verteilten sich im Nahen Osten, das nun wieder durch das Klima von Afrika und Europa abgeschottet war. Mit der Zeit teilte sich diese Gruppe in eine nördliche (CF genannt) und eine südliche Gruppe (DE benannt).

Als das Klima vor 60 000 Jahren wieder milder wurde, zog ein Teil der nördlichen Gruppe in das Gebiet östlich des Kaspischen Meeres und verbreitete sich nördlich des Himalaya in Asien. Sie gehörten zur Haplogruppe C.

Der andere Teil der Nordgruppe (F) verblieb zunächst im Tarimbecken, und teilte sich in die westliche Gruppe G (sie findet man im Kaukasus), die südliche Gruppe H (sie ist typisch für Indien) und die Gruppe IJK weiter auf.

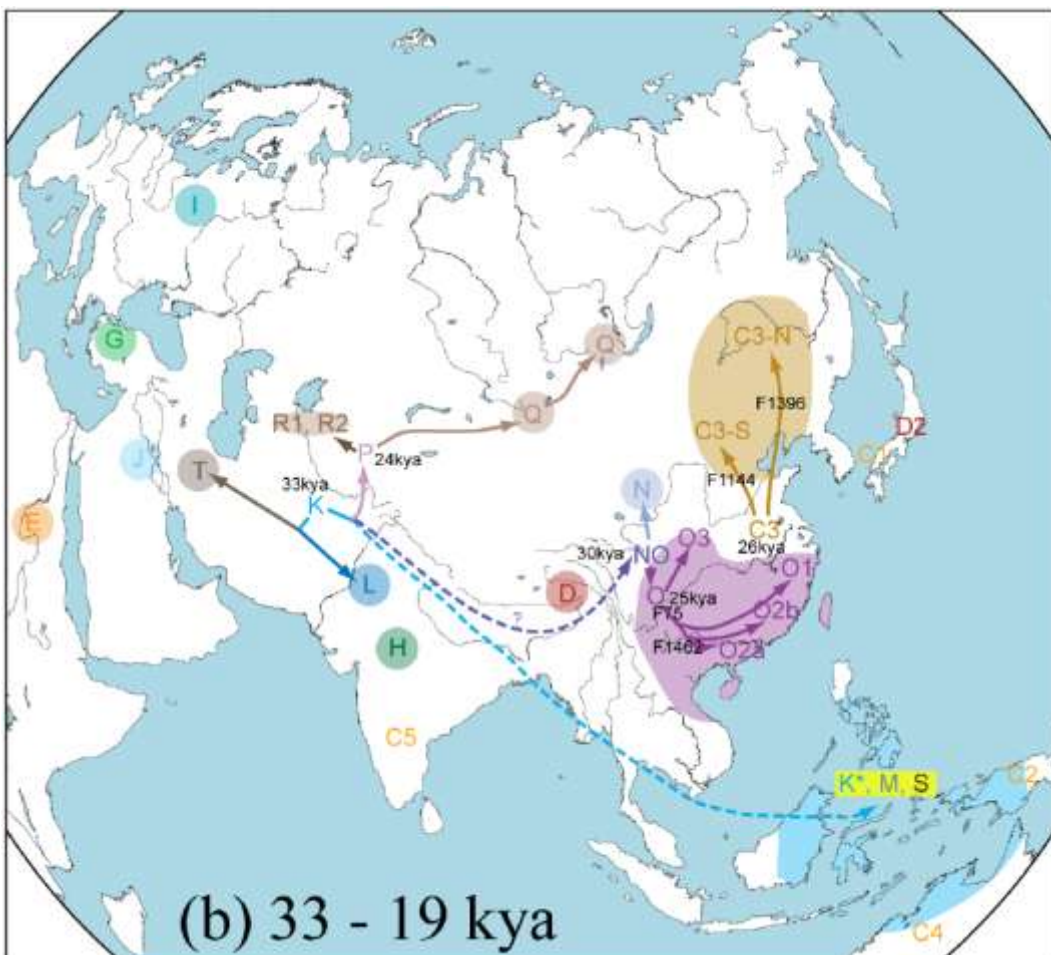
Die im Süden der Arabischen Halbinsel zurück gelassene Gruppe DE spaltete sich ebenfalls in eine westliche und eine östliche Gruppe auf. Die östliche Gruppe D findet man heute in Tibet und im Norden Japans, während die westliche Gruppe E den Nahen Osten verließ und zurück nach Afrika wanderte.



Auf dieser Grafik links erkennt man die frühe Aufspaltung der ersten Gruppen, die Afrika verließen, sowie die weiten Wanderungen in den Süden sowie den Osten Asiens und nach Australien.

Ebenfalls ist in diesem Bild die Rückkehr der Gruppe E nach Afrika, sowie die Wanderung der Gruppe D nach Asien hinein, zu sehen.

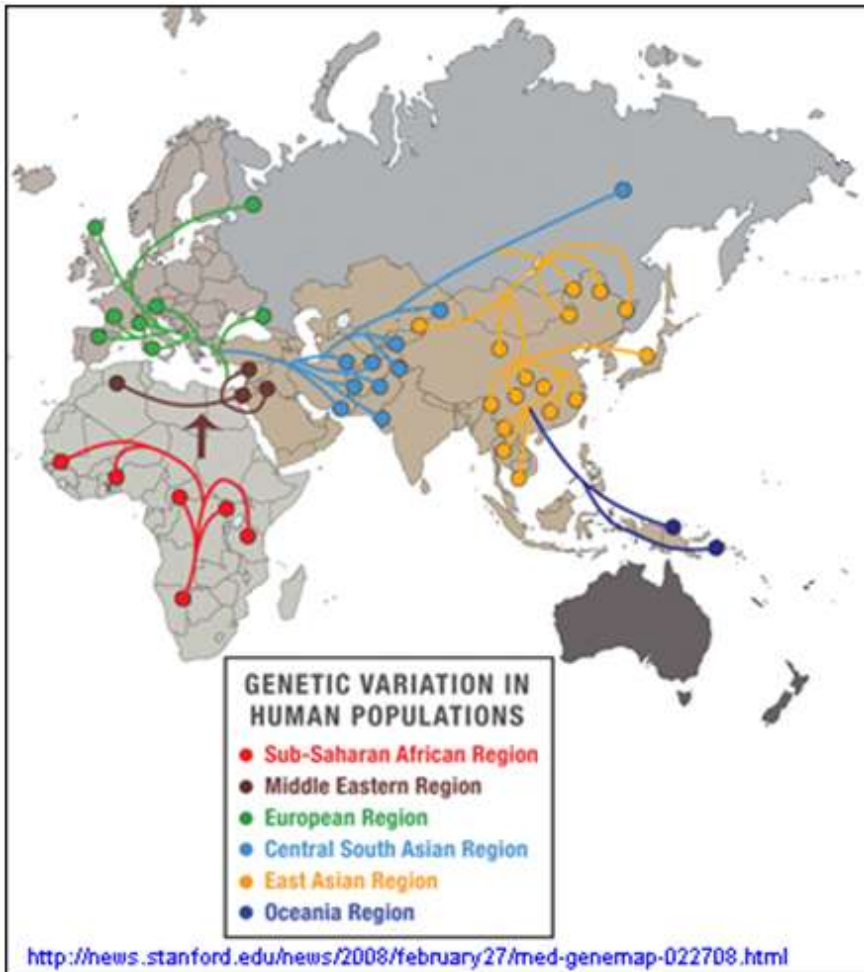
<http://polishgenes.blogspot.de/> <http://img268.imageshack.us/img268/2769/hxzk.png>



Auf diesem Bild ist das Auftauchen der Haupt-Haplogruppen während und am Ende der letzten großen Vereisung zu sehen.

Die Haplogruppe K blieb im Tarimbecken zurück, und unterteilte sich in Gruppen, wie L, P, M, S und T, welche ebenso Untergruppen bildeten.

Die Gruppe J, welche in den Nahen Osten wanderte teilte sich in die Gruppe I, die als erste nach Europa zog, und die Gruppe K, die im Nahen Osten blieb.

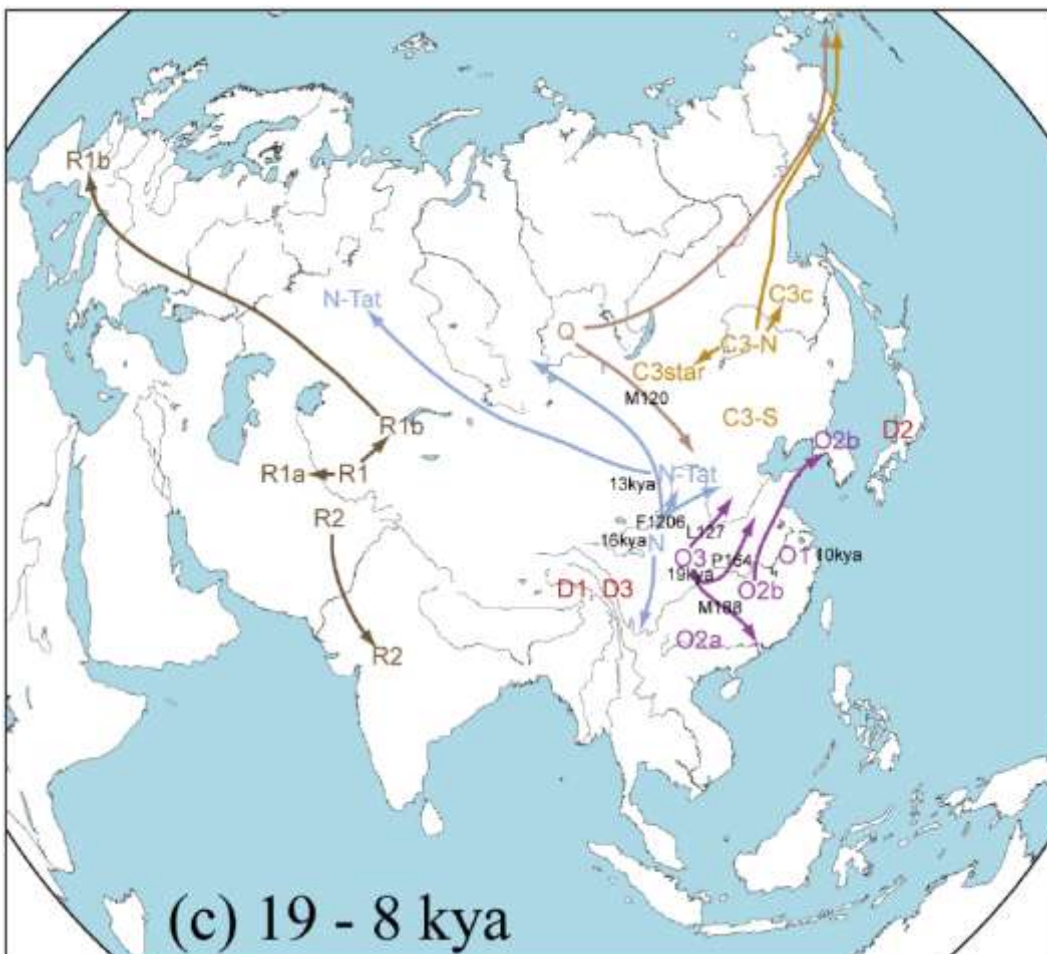


So war die Situation, vor ca. 30 000 Jahren, als das Klima der noch immer andauernden Eiszeit wieder abkühlte.

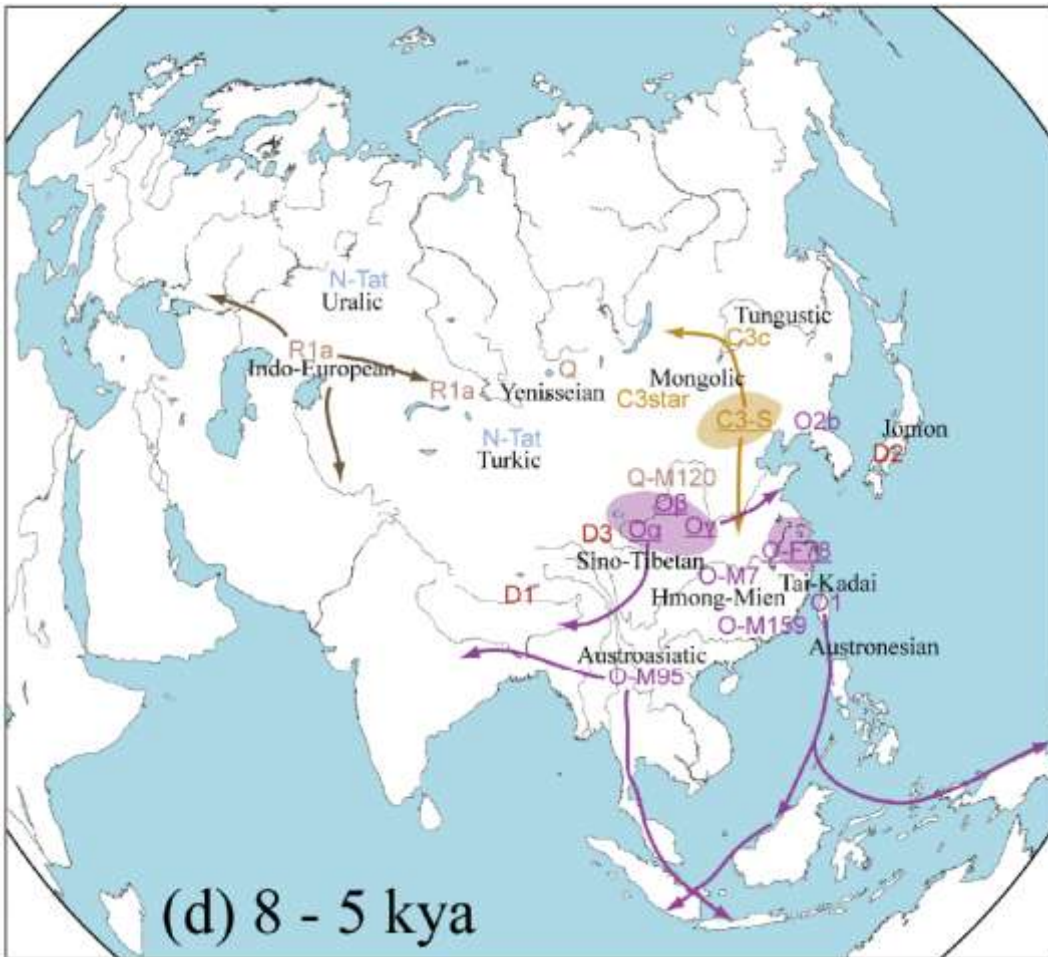
Die einzelnen Gruppen waren nun getrennt und entwickelten die für sie charakteristischen Mutationen, die heute mit ihren Ursprungsgebieten in Verbindung gebracht werden können.

Erst als vor etwa 20 000 Jahren das Klima wieder wärmer wurde, konnten viele Gruppen erneut ungehindert umher ziehen und die Vermischung der Haplogruppen begann.

Durch die nachfolgenden Mutationen ist es heute möglich, die damaligen Wanderbewegungen der genetischen Gruppen mit archäologischen Skelettfunden in Zusammenhang zu bringen und die Geschichte der schriftlosen Zeiten nieder zu schreiben.



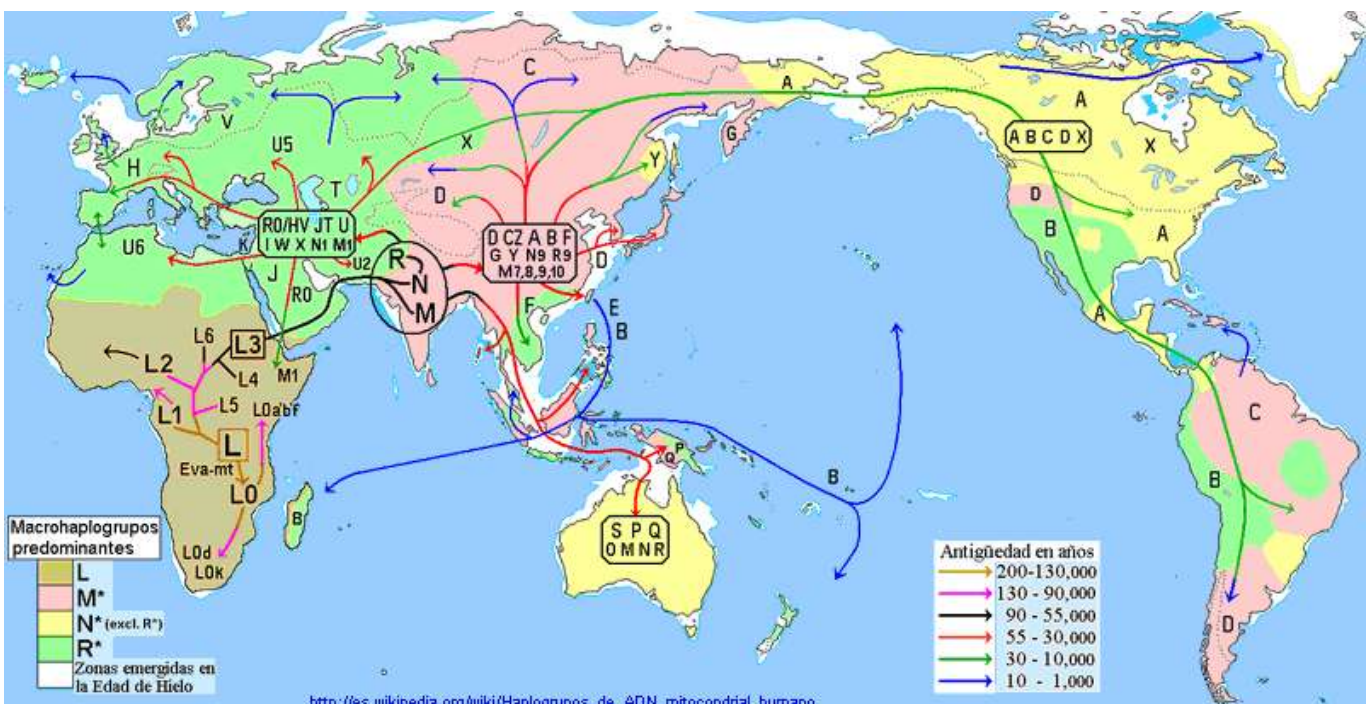
Diese Grafik zeigt die Etablierung der heute vorherrschenden Verteilung der Haplogruppen im Zeitraum nach dem Maximum der letzten Eiszeit vor ca. 20 000 Jahren bis vor etwa 8 000 Jahren.



Die letzte Grafik zeigt Expansionereignisse, der größeren bzw. Haupt-Populationen in Ostasien, während der Jung-Steinzeit und mögliche Beziehungen der Haplogruppen zu Sprachfamilien dort.

Diese Darstellungen repräsentieren eine lückenlose Abfolge von Generationen, bei der die Vererbung, vom Vater auf den Sohn, die meiste Zeit identisch ist. Die Vererbung von der Mutter auf die Tochter folgt den gleichen genetischen Regeln und wird von den Forschern ebenfalls in Haplogruppen eingeteilt.

Allerdings folgt die Verbreitung der weiblichen Gruppen anderen Mustern, als die der männlichen Haplogruppen. Deshalb sind die weiblichen Gruppen nicht im selben Maße mit den großen Wanderbewegungen und Kulturen in Verbindung zu bringen, wie dies bei den Männern der Fall ist.



Dennoch können auch für mitochondriale Haplogruppen Wanderwege und Herkunftsorte bestimmt werden. Die großen Wanderwege sind bekannt, die Wege der Untergruppen werden noch erforscht.

