

Das Y-Chromosom und die Vorgeschichte der Sprache.



Dr. Michael St. Clair, PhD
und das Genetic-Linguistic Interface Project



Das Y-Chromosom und die Vorgeschichte der Sprache.

Herzlichen Dank an Philip für seinen Beitrag zu diesem Projekt:



Eine unerforschte Insel in unbekanntem sprachlichen Gewässern.

Das Y-Chromosom und die Vorgeschichte der Sprache.

von Michael St. Clair

The Genetic-Linguistic Interface

© 2023 Michael St. Clair

The Genetic-Linguistic Interface Project
1630 Wallace Rd. NW Unit 48
Salem, OR 97304

E-Mail: mstclair@genlinginterface.com

Project Website: <https://genlinginterface.com/>



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

- **Attribution** – You must give [appropriate credit](#), provide a link to the license, and [indicate if changes were made](#). You may do so in any reasonable manner, but not in any way that suggests the licensor endorses you or your use.
- **NonCommercial** – You may not use the material for [commercial purposes](#).
- **ShareAlike** – If you remix, transform, or build upon the material, you must distribute your contributions under the [same license](#) as the original.

ISBN (Online PDF Monograph): 979-8-218-28187-8

Das englische Originalausgabe erschien 2021 unter den Titel *The Prehistory of Language: A Triangulated Y-Chromosome-Based Perspective*: ISBN (Online PDF Monograph): 978-3-00-071045-2.

Die Zuschreibung sollte folgende Informationen enthalten: St. Clair, Michael R. 2023. *Das Y-Chromosom und die Vorgeschichte der Sprache*. Salem, Oregon, USA: The Genetic-Linguistic Interface: <https://genlinginterface.com/sprachvorgeschichte/>

Titelbild: Leaving Africa (2021) © Michael St. Clair, Stuttgart, Germany, all rights reserved.

Inhaltsverzeichnis

	Seite
Abbildungverzeichnis.	xv
Tabellenverzeichnis.	xvii
Das Vorwort.	xviii
Hinweis auf ergänzende Materialien	xix
Kapitel 1: Überblick.	1
Abschnitt 1. Einleitung.	1
Abschnitt 2. Überblick über den Forschungsprozess.	1
Abschnitt 3. Die Suche nach informativen molekularen Markern.	2
Abschnitt 4. Wichtige Schlüsselkonzepte.	3
4.1. Überblick.	3
4.2. Rekombination.	3
4.3. Mutation.	4
4.4 Nomenklatur und phylogenetische Zusammenhänge.	5
4.5. Die Datierung von Mutationen.	8
4.6. Phylogeografie.	8
4.7. Geschichte der Bevölkerung.	9
4.8. Vorteile des Y-Chromosoms.	10
4.9. Alte DNA.	11
4.10. Paläogenomik.	12
Abschnitt 5. Kapitel Schlussfolgerungen.	13
Kapitel 2: Haplogruppe A.	14
Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe A.	14
Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe A.	14
Abschnitt 3. Frühe kognitive Belege für die Evolution der Sprache.	15
Abschnitt 4. Zeitgenössische sprachliche Vielfalt in Afrika.	15
Abschnitt 5. Das Khoisan im südlichen Afrika.	15
Abschnitt 6. Das Nilo-Saharanische, Afroasiatische, und Niger-Kongo.	16
Abschnitt 7. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe A.	18
Kapitel 3: Haplogruppe B-M60.	19
Abschnitt 1. Die Evolutionsgeschichte der B-M60-Mutation.	19
Abschnitt 2. Aktuelle Verteilung von B-M60-Mutationen.	19
2.1. Überblick.	19
2.2. Nicht-bantoide Landwirte.	19
2.3. Bantu-Bauern.	20
2.4. Pygmäen-Jäger-Sammler.	20
2.5. Khoisan Jäger und Sammler.	21
2.6. Hadza und Sandawe Jäger und Sammler.	21
2.7. Nilo-Sahara Landwirte.	21
2.8. Afroasiatische Landwirte.	21
2.9. Erhebungsfehler.	21
Abschnitt 3. Ausbreitung der Bantu und Sprachverschiebung bei den Pygmäen.	22
Abschnitt 4. Sprache mit Klickkonsonanten.	24
Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe B-M60.	25

Inhaltsverzeichnis

Kapitel 4: Haplogruppe D-M174.	26
Abschnitt 1. Die Evolutionsgeschichte der Mutation D-M174.	26
1.1. Überblick.	26
1.2. Überblick über die Zeitstandards.	25
1.3. Überblick über paläoklimatologische Konzepte.	26
1.4. Der Exodus aus Afrika.	28
1.5. Hiatus in der Levante während der 4 Sauerstoff-Isotopenstufe.	29
1.6. Ausbreitung des <i>Homo sapiens</i> über eine südliche Route.	31
1.7. Ausbreitung von D-M174 und <i>Homo sapiens</i> nach Ostasien.	33
Abschnitt 2. Heutige Verbreitung der Haplogruppe D-M174.	35
2.1. Überblick.	35
2.2. Haplogruppe D-M174 und Japonier.	35
2.3. Haplogruppe D-M174 und die Ainu-Sprachisolat.	35
2.4. Haplogruppe D-M174 und die Andamanen Inseln.	36
2.5. Tibeto-birmanische Sprachen und Haplogruppe D-M174.	37
2.6. D1a-F6251, Hmong-Mien und Tai-Kadai.	38
Abschnitt 3. Angebliche afrikanische Ursprünge von D-M174.	38
Abschnitt 4. Evolution der Sprache, der Klimawandel und natürliche Selektion.	39
Abschnitt 5. Archaische Menschen und das Y-Chromosom des <i>Homo Sapiens</i> .	40
Abschnitt 6. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe D.	40
Kapitel 5: Haplogruppe E-M96.	42
Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe E-M96.	42
Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe E-M96.	42
Abschnitt 3. Die Ursprünge der Landwirtschaft in Südwestasien.	43
Abschnitt 4. Die Ursprünge des Afroasiatischen.	45
Abschnitt 5. Die Mutationen des Grünen Clusters.	46
5.1. Überblick.	46
5.2. E1b-M34 und das Afroasiatische.	46
5.3. E1b-M81, das Afroasiatische und die Berber-Sprachen.	47
5.4. E1b-M293, Nilo-Saharanisch, Niger-Kongo und Khoisan-Sprachen.	48
Abschnitt 6. Rote Cluster-Mutationen.	49
6.1. Überblick.	49
6.2. E1b-V13, E1b-V22 und das Afroasiatische.	50
6.3. E1b-V32, das Nilo-Saharanische und Afroasiatische.	50
Abschnitt 7. Nilo-Sahara und die E2a-M41-Mutation des Gelben Clusters.	51
Abschnitt 8. Nilo-Saharanische, Afroasiatisch, Niger-Kongo und E1a-M33.	51
Abschnitt 9. Bantu-Bauern, Pygmäen, Khoisan und das blaue Cluster.	52
Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe E-M96.	52
Kapitel 6: Haplogruppe C1-F3393.	54
Abschnitt 1. Zeitgenössische Verbreitung von C1-F3393.	54
Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte von C1-F3393.	54
Abschnitt 3. Ausbreitung der C1b-F1370-Mutationen über die südliche Route.	55
3.1. Überblick über die genetischen Daten.	55
3.2. Archaeological and Climatological Perspectives.	55
Abschnitt 4. C1b-M356 und sprachliche Vielfalt in Südasien.	56
Abschnitt 5. C1b-M38, C1b-M208, die Papuasprachen und das Austronesische.	57
5.1. Überblick.	57
5.2. Geografie.	57
5.3. C1b-M38 ohne die C1b-M208-Mutation (C1b-M38 xM208).	57
5.4. C1b-M208 und das Austronesische.	58

Inhaltsverzeichnis

Abschnitt 6. C1b-M347 und die australischen Sprachen.	59
Abschnitt 7. C1a-CTS11043-Mutationen und die nördlichen Ausbreitung.	59
7.1. Überblick über die archäologischen Funde.	59
7.2. Genetische Unterstützung für die nördliche Ausbreitung.	60
Abschnitt 8. C1a-M8 und das Japanische.	61
Abschnitt 9. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe C1-F3393.	61
Kapitel 7: Haplogruppe C2-M217.	62
Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe C2-M217.	62
Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte der Haplogruppe C2-M217.	62
2.1 Überblick.	62
2.2. Genetische Perspektiven.	62
2.3. Klimatologische und archäologische Perspektiven.	63
Abschnitt 3. Die altaischen Sprachen.	64
3.1. Überblick.	64
3.2. Linguistische Perspektiven und die Turksprachen.	64
3.3. Linguistische Perspektiven und Mongolisch.	64
3.4. Linguistische Perspektiven und Tungusic.	64
3.5. Die Genetik und das Altaische.	65
3.6. Die Genetik und das Tungusische.	65
3.7. Die Genetik und das Mongolische.	65
3.8. Die Genetik und die Turksprachen.	65
3.9. Klima und archäologische Perspektiven.	66
3.10. Schlussfolgerungen für Abschnitt 3.	66
Abschnitt 4. C2-M217 und die nicht-altaischen Sprachen Ostasiens.	67
Abschnitt 5. C2-M217 und die Transeurasische Hypothese.	68
Abschnitt 6. C2-M217, Ainu, Japaner und das Flussgebiet des Amur.	68
Abschnitt 7. C2-M217, die Ureinwohner Amerikas und die Korjaken.	70
Abschnitt 8. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe C2-M217.	71
Kapitel 8: Haplogruppe G-M201.	72
Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe G-M201.	72
Abschnitt 2. Die Entwicklung und Verbreitung der Haplogruppe G-M201.	72
Abschnitt 3. Bedeutung des südwestasiatischen Neolithikums für Linguisten.	72
Abschnitt 4. Haplogruppe G-M201, die Archäologie und das Indoeuropäische.	73
Abschnitt 5. Die Indo-Iranischen Sprachen Südasiens.	76
Abschnitt 6. Die drawidischen Sprachen Südasiens.	77
Abschnitt 7. Die iranischen Sprachen Zentralasiens.	78
Abschnitt 8. Die Turksprachen Zentralasiens.	79
Abschnitt 9. Haplogruppe G-M201, der Kaukasus und der Sprachkontakt.	79
9.1. Überblick.	79
9.2. Haplogruppe G-M201 und die neolithische Transformation.	79
9.3. Haplogruppe G-M201 und Endogamie.	80
9.4. Das Nordkaukasische und Kartwelische.	80
9.5. Osseten.	81
Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe G-M201.	81
Kapitel 9: Haplogruppe H-M2713.	83
Abschnitt 1. Die zeitgenössische Verbreitung der Haplogruppe H-M2713.	83
Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von H-M2713.	83
Abschnitt 3. H1a-M69 und Sprachvariation in Südasien.	84
3.1. Überblick.	84

Inhaltsverzeichnis

3.2. Südasiatische H1a-M69-Daten und Erhebungsfehler.	85
3.3. H1a-M69, Neolithikum, Drawidische und Indo-Europäer.	86
3.4. H1a-M69, das ostasiatische Neolithikum und das Austroasiatische.	86
Abschnitt 4. H1a-M69 und Sprachvariation in Zentralasien.	87
Abschnitt 5. H1a-M69 und die Romani-Sprachen	88
Abschnitt 6. Die FR-M89-Paragruppe.	88
Abschnitt 7. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe H-M2713.	89
Kapitel 10: Haplogruppe I-M170.	90
Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe I-M170.	90
Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von I-M170.	90
2.1. Überblick.	90
2.2. Wichtige phylogenetische Verwandtschaftsbeziehungen.	90
2.3. Der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe.	91
2.4. Die 2. Sauerstoff-Isotopenstufe und eiszeitliche Refugien	92
Abschnitt 3. Die I1-M253-Mutation und die germanischen Sprachen.	92
3.1. Überblick.	92
3.2. Vorgeschichte der germanischen Sprachen aus linguistischer Sicht.	93
3.3. Die Vorgeschichte der germanischen Sprachen und Archäologie.	93
3.4. Die Germanische Sprachen und die I1-M253-Mutation.	95
3.5. Das Indo-Europäische und Sprachkontakt.	96
Abschnitt 4. Das Uralische und die Mutation I1-M253.	96
Abschnitt 5. Romani und die I1-M253-Mutation.	97
Abschnitt 6. Linguistische Bedeutung der I-M423-Mutation.	97
Abschnitt 7. I2a-M26 und das baskische Sprachisolat.	98
Abschnitt 8. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe I-M170.	99
Kapitel 11: Haplogruppe J-M304.	100
Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe J-M304.	100
Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe J-M304.	101
Abschnitt 3. Modellierung der Ursprünge des Afroasiatischen.	101
3.1. Frühe Sprachnachweise in Südwestasien.	103
3.2. Das Afroasiatische und theoretischen Ansätzen.	101
3.3. Niederschlag, Sprachvariation und J1-M267-Mutationen.	102
3.4. J1-M267 und die semitischen Sprachen.	103
Abschnitt 4. Haplogruppe J-M304 und das Indoeuropäische.	104
4.1. Klima, Topografie und indoeuropäische Sprachen.	104
4.2. Die Hypothese der Schwarzmeerflut.	104
Abschnitt 5. Haplogruppe J-M304 und Sprachvariation im Kaukasus.	105
Abschnitt 6. J-M304, das Iranische, Indoarische und Drawidische.	107
Abschnitt 7. Haplogruppe J-M304 und das Iranische.	108
Abschnitt 8. Linguistische und J-M304 Variation in Zentralasien.	108
Abschnitt 9. J-M172 und das Tocharische.	109
Abschnitt 10. J-M172 und das Albanische, Griechische, und Italische.	109
Abschnitt 11. Der neolithische Übergang und die Sprachverschiebung.	109
Abschnitt 12. Verbreitung der alten Mutationen G-M201 und J-M304.	110
Abschnitt 13. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe J-M304.	110
Kapitel 12: Haplogruppen L-M20 und T-M184.	112
Abschnitt 1. L-M20 und T-M184 innerhalb der Y-Chromosom-Phylogenie.	112
Abschnitt 2. Zeitgenössische Verteilung der Haplogruppen L-M20 und T-M184.	112
Abschnitt 3. Evolutionsgeschichte der Haplogruppen L-M20 und T-M184.	113

Inhaltsverzeichnis

Abschnitt 4. Das Afroasiatische, Indoeuropäische und Drawidische.	113
Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für LT-L298	114
Kapitel 13: Die KR-M526 Paragruppe.	115
Abschnitt 1. Einleitung.	115
Abschnitt 2. Nomenklatur und M9-Mutationen.	115
Abschnitt 3. Die Evolutionsgeschichte der KR-M526 Paragruppe.	116
Abschnitt 4. Unerforschte KR-M526 Mutationen.	116
Abschnitt 5. Die sprachliche Verbreitung von KR-M526*, SM-P399* und P-P295*	116
Abschnitt 6. KR-M526* unter australischen Ureinwohnern.	116
Abschnitt 7. Ungelöste papuanische und austronesische KR-M526-Mutationen.	117
Abschnitt 8. Die SM-P399*-Mutation.	118
Abschnitt 9. Die P-P295*-Mutation.	118
Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die KR-M526 Paragruppe.	119
Kapitel 14: Haplogruppen M-P256 und S-B254.	120
Abschnitt 1. Zeitgenössische Verbreitung der Haplogruppen M-P256 und S-B254.	120
Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte der Haplogruppen M-P256 und S-B254.	120
Abschnitt 3. Trans-Neuguinea und die frühe landwirtschaftlichen Ausbreitung.	120
Abschnitt 4. Das Australische.	123
Abschnitt 5. Sprachkontakt im Insel Südostasien.	124
Abschnitt 6. Schlussfolgerungen für die Haplogruppen M-P256 und S-B254.	125
Kapitel 15: Haplogruppe N-M231.	126
Abschnitt 1. Die gegenwärtige Verbreitung von N-M231.	126
Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von N-M231.	127
2.1. Die Ursprünge der Paragruppe NO-M214.	127
2.2. Diversifizierung der Haplogruppe N-M231.	128
Abschnitt 3. Die Rentierhypothese und die N1a-M46-Variation in Eurasien.	128
3.1. Einleitung.	128
3.2. Domestizierung von Rentieren und Reproduktionserfolg.	128
3.3. Anthropologische und klimatische Perspektiven und Rentier-DNA.	129
3.4. Domestizierung von Rentieren und die N1a-M46-Mutation.	131
Abschnitt 4. Bedeutung von N-M231 für Linguisten.	132
4.1. Das Uralische und die frühe landwirtschaftliche Ausbreitung.	132
4.2. Linguistische Beziehungen innerhalb des Uralischen.	133
4.3. Kammkeramik-Kultur.	133
4.4. Das Ungarische.	136
4.5. Das Nordgermanische.	136
4.6. Die Ostsee.	137
4.7. Ostslawisch.	137
4.8. Die Altaischen Sprachen.	137
4.9. Das Altaische und Transeurasische.	138
4.10. Paläosibirische Sprachen.	138
Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe N-M231.	139
Kapitel 16: Haplogruppe O-M175.	141
Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe O-M175.	141
Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe O-M175.	141
2.1. Einleitung.	141
2.2. Marine Isotopenstufe 3.	141
2.3. Die 2. Sauerstoff-Isotopenstufe.	142

Inhaltsverzeichnis

2.4. Die Ursprünge des ostasiatischen Reisanbaus.	142
Abschnitt 3. Haplogruppe O-M175 und die Ursprünge der Chinesen.	143
Abschnitt 4. Haplogruppe O-M175 und das Tibeto-Birmanische.	145
4.1. Einleitung.	145
4.2. Das Tibeto-Birmanische von anderen Perspektiven.	145
4.3. Südliche Ausbreitung des Tibeto-Birmanischen.	146
4.4. Trans-Himalaya.	146
Abschnitt 5. O-M175 und das Austronesische.	147
5.1. Einleitung.	147
5.2. Die kulturelle Expansion von Lapita.	147
5.3. Östliche Ausbreitung des Austronesischen nach Ozeanien.	147
5.4. Austronesische Ausbreitung nach Westindonesien und Malaysia.	148
5.5. Westliche Ausbreitung des Austronesischen nach Ostafrika.	149
5.6. Der austronesische Vorteil.	150
Abschnitt 6. O-M175 und das Austroasiatische.	151
6.1. Einleitung.	151
6.2. Anthropologische und sprachwissenschaftliche Perspektiven.	151
6.3. Genetische Perspektiven.	153
Abschnitt 7. Die Tai-Kadai-Sprachen und Haplogruppe O-M175.	153
7.1. Einleitung.	153
7.2. Tai-Kadai Heimatland.	154
7.3. Die Tai-Kadai-Sprachen und das Austronesische.	154
Abschnitt 8. Hmong-Mien und Haplogruppe O-M175.	155
8.1. Einleitung.	155
8.2. Makro-Beziehungen und Hmong-Mien.	155
8.3. Hmong-Mien und die ersten Reisbauern Ostasiens.	156
Abschnitt 9. Koreanisch.	156
9.1. Überblick über die linguistischen Daten.	156
9.2. Überblick über den archäologischen Befund.	156
9.3. Überblick über die genetischen Daten.	157
9.4. O2a-002611 unter Koreanern.	157
9.5. O2a-M117 und O2a-F114 bei Koreanern.	157
9.6. Das Koreanische und Austronesische.	158
9.7. Die O1b-SRY465-Mutation bei Koreanern.	158
9.8. Das Transeurasische.	159
Abschnitt 10. Japanisch und Haplogruppe O-M175.	159
10.1. Einleitung.	159
10.2. Linguistische, anthropologische und genetische Perspektiven.	159
10.3. Das Japanische und Austronesische.	160
Abschnitt 11. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe O-M175.	161
Kapitel 17: Haplogruppe Q-M242.	163
Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe Q-M242.	163
Abschnitt 2. Oberpaläolithische Mammutjäger und Q1b-M346-Mutationen.	164
2.1. Einleitung.	164
2.2. Phylogenetische Beziehungen innerhalb von Q-M242.	164
2.3. Ausdehnung der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe 3 in Nordeurasien.	165
2.4. Hiatus während der 2. Sauerstoff- Isotopenstufe.	166
2.5. Die Mammutjäger der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe.	166
2.6. Die Tradition der Mammutjäger in Nordamerika.	168
Abschnitt 3. Ursprung der amerikanischen Ureinwohner	169
Abschnitt 4. Klassifizierung der Sprachen der amerikanischen Ureinwohner.	169

Inhaltsverzeichnis

Abschnitt 5. Die Amerindianer.	170
5.1. Überblick.	170
5.2. Indianer der Pazifikküste.	171
5.3. Das Kulturgebiet der Eastern Woodlands.	173
5.4. Der amerikanische Südwesten.	173
5.5. Mittelamerika.	174
5.6. Zentrale Anden.	176
5.7. Amazonien und die Karibik.	178
Abschnitt 6. Das Athabaskische.	181
Abschnitt 7. Das Eskimo-Aleutische.	184
Abschnitt 8. Beringmeer und der Austausch von Sprache, Genen und Kultur.	185
8.1. Die sprachlichen Daten.	185
8.2. Die anthropologische Sichtweise.	185
8.3. Die genetischen Beweise.	186
8.4. Schlussfolgerungen.	187
Abschnitt 9. Problematische Modelle	187
9.1. Überblick.	187
9.2. Die genetische Abstammung der amerikanischen Ureinwohner.	188
9.3. Beringischer Stillstand.	189
9.4. Menschliche Migrationen in Amerika vor Clovis.	189
9.5. The Polynesians.	190
9.6. Solutreaner.	190
Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe Q-M242.	191
Kapitel 18: Haplogruppe R-M207.	192
Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe R-M207.	192
Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe R-M207	192
Abschnitt 3. Die Erweiterung und Diversifizierung von R1-M173.	193
Abschnitt 4. Diversifizierung von R1b-M343 in der osteuropäischen Tiefebene.	194
Abschnitt 5. Die Ausbreitung von R1b-M269 in Westeuropa.	194
Abschnitt 6. R1b-S116 und das Baskenland.	195
Abschnitt 7. Die R1b-S116-Mutation und die keltischen Sprachen.	195
Abschnitt 8. Ausbreitung von R1b-V88 im mediterranen Europa und Nordafrika.	196
Abschnitt 9. R1b-V88 und die Vorgeschichte der afrikanischen Sprachen.	197
Abschnitt 10. Diversifizierung von R1a-M420-Mutationen.	197
Abschnitt 11. Die Mutation R1a-Z282 und die slawischen Sprachen.	197
Abschnitt 12. R1a-Z93 und südasiatische Sprachen.	198
Abschnitt 13. Die R2-M479-Mutation und südasiatische Sprachen.	198
Abschnitt 14. Problematische Modellierung des Indoeuropäischen.	199
Abschnitt 15. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe R-M207.	199
Kapitel 19: Empfehlungen, Beobachtungen und zukünftige Forschung.	201
Abschnitt 1. Empfehlungen.	201
Abschnitt 2. Verschiedene Beobachtungen.	201
2.1. Überblick.	201
2.2. Sprachverschiebung und Y-Chromosomvielfalt.	201
2.3. Linguistisch aufschlussreiche Mutationen.	202
2.4. Prähistorische Bevölkerungsexpansion und Klimawandel.	202
2.5. Fortpflanzungserfolg und Sprache.	202
2.6. Evolutionäre Anpassungen des Menschen und Sprache.	203
2.7. Sprachkontakttheorie.	203
2.8. Trajektorien der prähistorischen Sprachevolution.	203

Inhaltsverzeichnis

Abschnitt 3. Forschungsfragen für die Zukunft.	204
3.1. Einleitung.	204
3.2. Die vergleichende Methode und die Vorgeschichte der Sprache.	204
3.3. Nicht-linguistische Daten und Sprachklassifikation.	204
3.4. Die neolithische Revolution und sprachliche Vielfalt.	204
Abschnitt 4. Abschließende Überlegungen.	205
Index der Sprachen und Kulturen	206
Abbildungen und Urheberrechtsinformationen.	210
Bibliographie.	214
Über Dr. St. Clair.	248

Abbildungverzeichnis

	Seite
Abbildung 1.1. Die Struktur der DNA. Quelle:	6
Abbildung 2.1. Sprachliche Karte von Afrika.	16
Abbildung 2.2: Buschmann-Jäger.	17
Abbildung 3.1. Vereinfachter Überblick über die Niger-Kongo Sprachfamilie.	20
Abbildung 3.2. Biodiversität in West- und Zentralafrika.	23
Abbildung 4.1. Die Urheimat der nicht-afrikanischen Y-Chromosom-Diversifizierung	30
Abbildung 4.2. Menschliche Wanderungen aus der Levante.	34
Abbildung 4.3. Zwei Ainu Männer.	36
Abbildung 4.4. Andamanen Inselbewohner.	37
Abbildung 4.5: Das tibetische Plateau und der Gelbe Fluss.	37
Abbildung 5.1. Der Fruchtbare Halbmond 7.500 v. Chr.	44
Abbildung 5.2. Überblick über das Afroasiatische und seine Hauptzweige.	45
Abbildung 5.3. Ausbreitung der Viehzucht im südlichen Afrika.	49
Abbildung 5.4: Die Bantu-Expansion.	52
Abbildung 6.1. Sunda und Sahul.	56
Abbildung 6.2. Insel-Südostasien, Australien und Ozeanien.	58
Abbildung 7.1: Die Mongolei und der Baikalsee.	63
Abbildung 7.2. Eisschilde, Tundra und Steppe vor 20.000 Jahren.	68
Abbildung 7.3: Der Fluss Amur und die Sachalin und Hokkaido Inseln.	69
Abbildung 8.1. Das Indo-Europäische.	73
Abbildung 8.2: Europäisches Neolithikum.	75
Abbildung 8.3: Die Flüsse Indus und Ganges.	77
Abbildung 8.4: Jeitun.	78
Abbildung 8.5: Der Kaukasus.	80
Abbildung 9.1. Sprachfamilien in Südasien.	84
Abbildung 9.2. Hethitische Keilschrift-Inschrift.	87
Abbildung 10.1: Europa und der Mittelmeerraum.	91
Abbildung 10.2. Foto eines norwegischen Rentieres.	93
Abbildung 10.3. Tundra.	94
Abbildung 10.4: Europa und die Ostsee.	95
Abbildung 11.1. Obelisk von Manishtusu und akkadische Inschrift.	101
Abbildung 11.2. Das Afroasiatische und seine wichtigsten Zweige vor 1.000-2.000 Jahren.	102
Abbildung 11.3. Innerasiatischer Bergkorridor.	108
Abbildung 12.1: Ostafrika und Südasien.	114
Abbildung 13.1. Uluru (Ayers Rock), Nordterritorium, Australien.	117
Abbildung 14.1: Reliefkarte des zentralen Hochlands von Neuguinea.	121
Abbildung 15.1: Die Halbinsel Taymry und der Fluss Jenissei.	130
Abbildung 15.2. Traditionelles binäres Baummodell des Uralischen.	134
Abbildung 15.3. Das zeitgenössische „Kamm-Modell“ der uralischen Familie.	135
Abbildung 16.1: Flüsse in Ost- und Südasien.	143
Abbildung 16.2. Korea, Japan, Kyushu, Okinawa, Ryukyu-Inseln, Taiwan und China.	161
Abbildung 17.1: Altai- und Sajangebirge, Fluss Jenissei und Baikalsee.	167
Abbildung 17.2. Bølling-Allerød Interstadial.	168
Abbildung 17.3. Eingeborenenkulturen entlang der nordamerikanischen Pazifikküste.	172
Abbildung 17.4. Teosinte, Teosinte-Mais-Hybrid und Mais.	175
Abbildung 17.5: Lamas.	177
Abbildung 17.6. Peru und die Anden.	177
Abbildung 17.7. Amazonas-Einzugsgebiet.	179
Abbildung 17.8. Die Karibik.	180

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 17.9. Verbreitung der athabaskischen Sprachen.	182
Abbildung 17.10. Japan, Russland und Alaska.	186
Abbildung 18.1. Osteuropäische Ebene.	193
Abbildung 18.2. Nordeuropäische Ebene und die R1b-L51-Mutationen.	194

Tabellenverzeichnis

	Seite
Tabelle 4.1. Übersicht der Zeitstandards.	27
Tabelle 4.2. Entwicklung der nicht-afrikanischen Y-Chromosomvielfalt.	32
Tabelle 9.1: Südasiatische Sprachen und H1a-M69.	85

Das Vorwort

Ich bin Linguist. Diese Monografie wurde für meine Fachkollegen erstellt. Dennoch hoffe ich, dass andere akademische Forscher sich für diese Arbeit interessieren werden, insbesondere Genetiker, Archäologen, Anthropologen und Geowissenschaftler. Diejenigen, die ein allgemeines Interesse an Sprache und Genetik haben, sind ebenfalls herzlich eingeladen, meine Monografie zu lesen.

In den letzten vierzig Jahren haben Forscher dank der Sequenzierungstechnologie die molekulargenetische Variation genutzt, um die menschliche Evolutionsgeschichte zu erforschen. Einige haben versucht, diese neue Forschungsrichtung noch weiter auszudehnen mit der Idee, dass genetische Werkzeuge die Vorgeschichte der Sprache erklären können. Da wir unsere Gene und unsere Muttersprache von unseren Eltern geerbt haben, sollten genetische und sprachliche Variationen gut miteinander korrelieren. Die Entschlüsselung der sprachlichen Vorgeschichte anhand genetischer Daten erfordert jedoch die Klärung mehrerer Fragen. Sollen wir die heutige DNA oder die alte DNA oder beides verwenden? Sollen wir mitochondriale, Y-Chromosomen- oder autosomale Marker verwenden? Sollten wir Modelle der Sprachvorgeschichte mit statistischen Methoden erstellen? Oder sollten wir Modelle mit einer Synthese aus archäologischen und paläoklimatologischen Daten erstellen? Ich schlage vor, dass wir eine triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung als methodische Lösung für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der Sprache mit genetischen Werkzeugen verwenden.

In meiner Forschung wurden mindestens 110 sprachlich informative Y-Chromosom-Mutationen identifiziert. Die Evolutionsgeschichte dieser Mutationen deutet darauf hin, dass die Geschichte der Sprache vor etwa 100 000 Jahren begann, als der Homo sapiens aus Afrika auswanderte. Nachfolgende Migrationen sowie kulturelle und evolutionäre Anpassungen erklären dann die Ausbreitung der Sprache in alle Teile der Welt. Zu dieser Ausbreitung gehören der Mungo-See-Mensch in Australien, die Mammutsteppen Eurasiens, die feuchte Phase der Sahara-Wüste, die bidirektionale Migration von Rentierzüchtern entlang des Polarkreises, der Ackerbau entlang der Flüsse des Amazonas-Regenwaldes, die Einführung des Reisanbaus in Südasien, Malaria in den Tropen und Hypoxie auf dem tibetischen Plateau.

WICHTIG - BITTE LESEN

Diese Monographie verfügt über ergänzende Abbildungen und Tabellen, die von der Website Genetic-Linguistic Interface heruntergeladen werden können: <https://genlinginterface.com>. Alle ergänzenden Abbildungen wurden in einem einzigen herunterladbaren PDF-Dokument zusammengefasst. Ebenso wurden alle ergänzenden Tabellen in einem einzigen herunterladbaren PDF-Dokument zusammengefasst.

In der Monografie sind ergänzende Tabellen und Abbildungen in blauem Text hervorgehoben, um diese Ressourcen von den im Text enthaltenen Tabellen und Abbildungen zu unterscheiden.

Kapitel 1: Überblick.

Abschnitt 1. Einleitung.

Die Korrelation zwischen sprachlicher und genetischer Vielfalt ist recht einfach: Wir erben unsere Gene und die Muttersprache von unseren Eltern (z. B. Cavalli-Sforza 2000). Um über die theoretische Korrelation hinauszugehen, müssen jedoch einige methodische Fragen geklärt werden. Sollen wir die heutige DNA oder die alte DNA (aDNA) oder beides verwenden? Sollen wir mitochondriale, Y-Chromosom- oder autosomale Marker verwenden? Sollten wir Modelle der Sprachvorgeschichte mit statistischen Methoden (z. B. Bayes'sche Analyse) erstellen? Oder sollten wir Modelle mit einer Synthese aus archäologischen und paläoklimatologischen Daten erstellen? In dieser Monografie wird die triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung als methodische Lösung für die Erforschung der Vorgeschichte der Sprache mit genetischen Werkzeugen vorgestellt.

Abschnitt 2. Überblick über den Forschungsprozess.

Der Forschungsprozess, der für diese Monografie verwendet wurde, wurde stark von Peter Bellwood und seiner 2005 erschienenen Monographie *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies (Die Ursprünge landwirtschaftlicher Gesellschaften)* beeinflusst. Er integriert erfolgreich eine Synthese aus archäologischen, klimatologischen und linguistischen Perspektiven, um die Entwicklung der frühen Landwirtschaft zu erklären, eine kulturelle Anpassung, die unabhängig voneinander in verschiedenen Regionen der Welt entstanden ist. Diese Arbeit unterstreicht die Vorteile der Verwendung eines großen Datensatzes, der aus einem großen Querschnitt der menschlichen kulturellen Vielfalt stammt. Durch die Analyse werden deutliche Muster der menschlichen kulturellen Evolution sichtbar. Eine auffällige Beobachtung aus Bellwoods Monografie ist, dass die heutige Verbreitung mehrerer Sprachfamilien mit der Ausbreitung der frühen Landwirtschaft zusammenhängt. Diese Beobachtung ist ein wichtiger Bestandteil seiner *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung (early farming dispersal hypothesis)*, ein Thema, das in dieser Monografie mehrmals auftaucht.

Wie bereits erwähnt, wird in dieser Monografie die *triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung* als methodische Lösung für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der Sprache untersucht. „Y-Chromosom-basiert“ beschreibt den ersten Schritt im Modellbildungsprozess, nämlich die Identifizierung informativer Y-Chromosom-Mutationen in zeitgenössischen Populationen, bei denen die Sprache eine starke ethnische Komponente aufweist. Der nächste Schritt im Modellbildungsprozess ist die Anwendung der „Triangulation“, um zu erklären, warum eine Mutation eine signifikante Häufigkeit unter den Sprechern einer Sprachfamilie erreicht. Das Konzept der Triangulation stammt aus dem Bereich der Navigation und beschreibt eine Technik, bei der die eigene Position an einem Punkt bestimmt wird, an dem drei Linien auf einer Landkarte zusammenlaufen. In ähnlicher Weise versucht meine Forschung Schlussfolgerungen an einem Punkt zu ziehen, an dem mehrere unabhängige Beweislinien konvergieren: die zeitgenössische Verteilung von Y-Chromosom-Mutationen, phylogenetische Beziehungen, die Klassifizierung von Sprachen, die archäologischen Aufzeichnungen, die paläoklimatologischen Aufzeichnungen, alte Y-Chromosom-DNA und andere Marker wie mitochondriale DNA.

Die triangulierte Modellierung auf der Grundlage von Y-Chromosom ähnelt sehr der Vorgehensweise eines Staatsanwalts, der einen Strafprozess anhand von Indizienbeweisen aufbaut. In einem Strafverfahren werden die besten Beweise von Augenzeugen geliefert. Nun, niemand hat den Autounfall gesehen. Dennoch wird Herr Smith verdächtigt, den Unfallort verlassen zu haben. Den Polizeiprotokollen zufolge wurde der Telefonmast zwischen 0100 und 0300 beschädigt. Die forensische Untersuchung seines Wagens deutet darauf hin, dass Mr. Smith mit dem Objekt kollidiert ist. Schließlich berichtet der Besitzer der Kneipe, dass Herr Smith um 02.00 Uhr nach Hause fuhr und betrunken war. Auch in der Sprachwissenschaft stammen die besten Daten aus den historischen Aufzeichnungen. Natürlich können wir mit dieser Datenquelle nicht die Vorgeschichte der Sprache erforschen. Mit Hilfe von Y-Chromosom-Mutationen kann jedoch ein guter "Indizienbeweis" erbracht werden. Wir erben Sprache und Gene von unseren Eltern. Die Vorgeschichte der Sprache hängt also von den Y-Chromosom-Mutationen und ihrer Entwicklungsgeschichte ab.

Die für meine Forschung verwendeten Daten stammen aus von Fachleuten geprüften Studien und Berichten, die über einen Zeitraum von fünfzehn Jahren veröffentlicht wurden. Meine Analyse dieser Daten wird durch den Aufbau von Datenbanken erheblich erleichtert. Darüber hinaus folgt die Darstellung meiner Forschung im Allgemeinen dem Nomenklatursystem, das von der Y-Chromosom-Kommission im Jahr 2002 angenommen wurde. Der Begriff Haplogruppe beschreibt ein einzigartiges Segment der menschlichen Y-Chromosom-Variation und ist mit den Bänden einer Enzyklopädie vergleichbar. Dies erklärt, warum in Kapitel 2 zwei meiner Monografie die Haplogruppe A und in Kapitel 18 die Haplogruppe R behandelt wird. Die Diskussion in den Kapiteln wird durch zusätzliche Abbildungen und Datentabellen unterstützt. Ergänzende Materialien können über die Webseite Genetic-Linguistic Interface abgerufen werden. <https://genlinginterface.com/>

Abschnitt 3. Die Suche nach informativen molekularen Markern.

Die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen Genetikern und Linguisten hat eine lange Vorgeschichte. Die Entwicklung der genetischen Theorie begann 1859 mit der Veröffentlichung des Buches *On the Origins of Species* von Charles Darwin. Er setzte die Variation in der Natur mit dem Fortpflanzungserfolg in Beziehung. 1863 veröffentlichte August Schleicher, ein Gigant auf dem Gebiet der historischen Sprachwissenschaft, einen offenen Brief an einen Professor in Jena, Deutschland. In diesem Brief betonte Schleicher, dass die Linguistik und die Darwinsche Theorie komplementäre Methoden darstellen. Eine Idee, die immer wieder auftauchte, waren taxonomische Beziehungen, d. h., dass sich Sprachen und Organismen im Laufe der Zeit aus einem gemeinsamen Vorfahren entwickeln. Diese Sichtweise der Sprachenvielfalt ist heute in der historischen Linguistik vorherrschend, die Instrumente wie die vergleichende Methode einsetzt, um zu zeigen, wie sich mehrere Sprachen von einer gemeinsamen Vorgängersprache entwickelt haben (z. B. Trask 1996). Ein weiterer interessanter Gedanke aus Schleichers Arbeit ist, dass Faktoren, die die genetische Variation beeinflussen, auch die sprachliche Variation beeinflussen. Ein einfaches zeitgenössisches Beispiel sind die Khoi im südlichen Afrika und die Waorani im Amazonas-Regenwald, die aufgrund ihrer geografischen Isolation erhebliche sprachliche und genetische Unterschiede aufweisen. Portugiesen und Spanier hingegen weisen aufgrund ihrer geografischen Nähe weit weniger genetische und sprachliche Unterschiede auf.

Der Begriff „Marker“ bezieht sich auf einen Abschnitt der DNA. Genetiker haben mehrere verschiedene polymorphe (englisch: polymorphic) Marker gefunden, mit denen sich die genetische Variation zwischen menschlichen Populationen messen lässt. Der Begriff „polymorphisch“ bedeutet, dass ein DNA-Abschnitt von einer Person zur nächsten variieren kann. Polymorphe Proteinmarker, die zur Bewertung der genetischen Variation beim Menschen verwendet werden, werden in der Literatur allgemein als „klassische Marker“ bezeichnet. 1919 veröffentlichten Ludwik und Hanka Hirschenfeld, zwei Forscher an einem Lazarett, eine Studie, in der sie die Verwendung von ABO-Blutgruppen, einem der klassischen Marker, vorschlugen, um Variationsmuster zwischen verschiedenen Nationalitäten und ethnischen Gruppen zu ermitteln. 1994 veröffentlichten Cavalli-Sforza, Menozzi und Piazza die umfassendste Studie zur Variation der klassischen Marker beim

Menschen. In der Studie wurde jedoch eingeräumt (9-10), dass eine andere Art von Marker, die mitochondriale DNA (mtDNA), eine bessere Wahl für Bevölkerungsstudien wäre, aber zu diesem Zeitpunkt war noch keine ausreichende Anzahl von Haplogruppen entdeckt worden.

In den 1980er Jahren ermöglichte eine verbesserte Sequenzierungstechnologie den Genetikern, sich auf die Nukleotidbasen zu konzentrieren, die die Sprossen der molekularen DNA-Leiter bilden. Diese Entwicklung ermöglichte es den Genetikern, Populationsunterschiede auf molekularer Ebene zu analysieren, eine Technik, die ein genaueres Bild der menschlichen genetischen Variation liefert. Auf der Grundlage dieser Entwicklung identifizierte Brown (1980) die mitochondriale DNA als einen polymorphen molekularen Marker. Etwa fünf Jahre später, im Jahr 1985, tauchte ein weiterer molekularer Marker auf. Casanova und andere identifizierten die nicht-rekombinante Region des Y-Chromosoms als einen polymorphen Marker in menschlichen Populationen. Im selben Jahr veröffentlichten Hill und andere (1985) die erste Studie über autosomale Marker. Seit etwa 1985 haben Genetiker Hunderte von Berichten veröffentlicht, in denen sie die autosomale, mtDNA- und Y-Chromosom-DNA-Variation beim Menschen in der ganzen Welt detailliert beschreiben. Aus der Makroperspektive betrachtet, liegen die Ursprünge des *Homo sapiens* nach molekulargenetischen Erkenntnissen in Afrika. Cann, Stoneking und Wilson veröffentlichten beispielsweise 1987 eine Arbeit, in der sie behaupteten, dass weibliche Menschen ihre genetische Geschichte auf eine Frau zurückführen, die vor etwa 200.000 Jahren in Afrika lebte, die so genannte „mitochondriale Eva“. Afrikanische Ursprünge für den so genannten „Y-Chromosom-Adam“ wurden einige Jahre später anhand von Daten aus der nicht-rekombinierenden Region des Y-Chromosoms festgestellt (Underhill et al. 2000).

Abschnitt 4. Wichtige Schlüsselkonzepte.

4.1. Überblick.

Anthropologen, Archäologen und Genetiker haben das Potenzial von Y-Chromosom-Daten als Instrument zur Entschlüsselung der menschlichen Vergangenheit erkannt. Unter Sprachwissenschaftlern ist das Potenzial dieser Perspektive jedoch noch weitgehend unerforscht. In diesem Abschnitt werden daher einige wichtige Konzepte im Zusammenhang mit dem menschlichen Y-Chromosom vorgestellt, um die Linguisten davon zu überzeugen, dass Y-Chromosom-Daten ein leistungsfähiges Instrument zur Erforschung der Vorgeschichte der Sprache sind. Darüber hinaus stellt die Möglichkeit, die Vorgeschichte der Sprache mit genetischen Methoden zu erforschen, eine neue Entwicklung dar. Ich verwende eine triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung. Die paläogenomische Modellierung ist eine alternative Methode, die am Max-Planck-Institut in Deutschland, am David Reich Lab an der Harvard University und anderswo entwickelt wird. Akademische Forscher sollten sich überlegen, ob ich eine zuverlässigere Alternative anbiete, eine Schlussfolgerung, die sich aus dieser Monografie ziehen lässt.

4.2. Rekombination.

Jobling und Tyler-Smith veröffentlichten 2003 eine interessante Arbeit, in der das Y-Chromosom als ein nicht konformer Marker dargestellt wird, der sich nicht an die genetischen Regeln hält. Um zu verstehen, warum sich das Y-Chromosom anders verhält als andere genetische Marker, ist es notwendig, kurz auf die Mendelsche Genetik einzugehen, die häufig Teil des Biologieunterrichts in der Schule und der Einführungsphase an der Universität ist. Nach der Mendelschen Genetik erben wir unsere Gene von beiden Elternteilen. Für das Y-Chromosom gelten jedoch eigene genetische Regeln, da es nur von einem Mann an seinen Sohn weitergegeben wird. Das Y-Chromosom ist eines der beiden Geschlechtschromosomen im menschlichen Erbgut, dem Genom. Das andere Geschlechtschromosom ist das X-Chromosom. Bei der Fortpflanzung führen zwei X-Chromosomen zu weiblichen Nachkommen und ein X-Chromosom und ein Y-Chromosom zu männlichen Nachkommen. Eine weitere „Regel“ der Mendelschen Genetik ist die Rekombination. Bei der menschlichen Fortpflanzung werden die genetischen Karten im Wesentlichen „neu gemischt“, genauer gesagt, es findet eine

Rekombination statt. Das erklärt zum Beispiel, warum ich blaue Augen habe und mein Sohn braune. Das im Y-Chromosom enthaltene genetische Material entgeht jedoch größtenteils der Rekombination.

Um zu erklären, wie das Y-Chromosom die Rekombination vermeidet, ist es notwendig, kurz auf die Evolutionsgeschichte dieses Chromosoms einzugehen. Die geschlechtsbestimmende Region des Y-Chromosoms codiert nicht nur beim Menschen, sondern bei allen Säugetieren für das männliche Geschlecht. Dieser Abschnitt des Y-Chromosoms macht jedoch nur einen Bruchteil seiner Gesamtlänge aus. Im Laufe der Evolutionsgeschichte der Säugetiere, d.h. in etwa 300 Millionen Jahren, ist das Y-Chromosom langsam „degeneriert“ oder abgebaut worden (z.B. Lahn et al. 2001). Als sich die Säugetiere erstmals entwickelten, verhielt sich das Y-Chromosom „normal“, da das gesamte Chromosom mit dem X-Chromosom rekombinierte. Als Ergebnis eines sich langsam entwickelnden strukturellen Verfalls sind nun etwa 95 Prozent der gesamten Länge des Y-Chromosoms geschädigt, was die Genetiker eine „nicht rekombinierende Region“ nennen. Diese große nicht-rekombinierende Region bedeutet, dass während der Fortpflanzung nur sehr wenig genetischer Austausch zwischen dem X- und dem Y-Chromosom stattfindet. Folglich wurde das Y-Chromosom in den letzten 300.000 Jahren weitgehend intakt von einem männlichen Menschen an den nächsten weitergegeben.

4.3. Mutation.

Das Y-Chromosom ist aufgrund der uniparentalen Vererbung und des Fehlens von Rekombinationen einzigartig. Folglich erben Männer einen großen Teil des menschlichen Genoms, der unverändert bleibt, wenn die genetischen Karten neu gemischt werden. Der nicht rekombinierende Bereich des Y-Chromosoms kann jedoch von einem Y-Chromosom zum anderen variieren und wird auch häufig verändert. Genetiker bezeichnen diese Variation als Mutation. In Bevölkerungsstudien, in denen die Variation des Y-Chromosoms untersucht wird, wird eine Art von besonders informativen Mutationen durch Einzelnukleotid-Polymorphismen definiert.

Um das Konzept der Einzelnukleotid-Polymorphismen (oder „Snips“ oder „single nucleotide polymorphisms“) besser verstehen zu können, muss man sich mit der molekularen Struktur der Desoxyribonukleinsäure (DNS) befassen. Die molekulare „Leiter“ der DNA besteht aus „Schienen“, die abwechselnd aus Zucker- und Phosphatmolekülen bestehen. Die „Sprossen“ dieser Leiter, die so genannten Nukleotide, werden durch die Verbindung zweier Moleküle mit einer stickstoffhaltigen Base gebildet, die entweder aus Adenin und Thymin oder aus Guanin und Cytosin besteht. Da die nicht-rekombinierende Region des Y-Chromosoms etwa 60 Millionen molekulare „Sprossen“ oder Basenpaare aufweist, steht den Genetikern ein riesiger Bereich genetischer Informationen zur Verfügung, um die Evolutionsgeschichte des *Homo sapiens* zu erforschen.

Die Struktur der Basenpaare, die die molekulare Leiter des Y-Chromosoms bilden, treten in einer von vier verschiedenen Kombinationen auf: Adenin/Thymin, Thymin/Adenin, Guanin/Cytosin und Cytosin/Guanin. Ein Einzelnukleotid-Polymorphismus liegt vor, wenn sich eine der Sprossen dieser molekularen Leiter verändert oder mutiert. Mutationen treten zum Beispiel auf, wenn ein Nukleotid durch ein anderes ersetzt wird oder wenn Nukleotide hinzugefügt oder entfernt werden. Bei der R1b-DF27-Mutation wird beispielsweise ein Guanin/Cytosin-Bindung durch eine Adenin/Thymin-Bindung an Position 21380200 ersetzt. Allerdings sind solche Mutationen äußerst selten. Tatsächlich bezeichneten einige frühe Y-Chromosom-Studien (z. B. Underhill et al. 2001) diese Y-Chromosom-Mutationen zunächst als „unique event polymorphisms“, da ein Basenpaar während der menschlichen Evolution nur einmal mutiert.

An dieser Stelle ist es wichtig, ein Konzept hervorzuheben, das als neutrale Selektion bekannt ist. Diejenigen, die einen Einführungskurs in Biologie oder Anthropologie belegt haben, sind wahrscheinlich auf den Begriff „natürliche Selektion“ gestoßen, der ursprünglich von dem Naturforscher Charles Darwin vorgeschlagen wurde. Diese Theorie erklärt die unterschiedlichen Tier- und Pflanzenarten auf der Grundlage der Fitness oder des Überlebens des Stärkeren. Nach dieser

Theorie entstand die Differenzierung zwischen den Arten durch eine Mutation, die es der Pflanze oder dem Tier ermöglichte, in einer bestimmten Umgebung lange genug zu überleben, um ihre Gene an die nächste Generation weiterzugeben. Y-Chromosom-Mutationen werden jedoch als selektiv neutral eingestuft, was bedeutet, dass sie keinen Fortpflanzungsvorteil bringen. Ebenso wenig sind diese Mutationen nachteilig. In Einführungskursen in die Biologie wird häufig betont, dass genetische Mutationen für lebende Organismen schädlich oder tödlich sein können. Eine der bekanntesten schädlichen Genmutationen beim Menschen ist zum Beispiel die Sichelzellenanämie. Im Gegensatz zur Sichelzellenanämie und anderen schädlichen Genmutationen sind Y-Chromosom-Mutationen gutartig. Dies erklärt zum Teil, warum Y-Chromosom-Mutationen überleben, während viele genetische Mutationen den Fortpflanzungserfolg beeinträchtigen und folglich aus dem Genpool eliminiert werden.

4.4 Nomenklatur und phylogenetische Zusammenhänge.

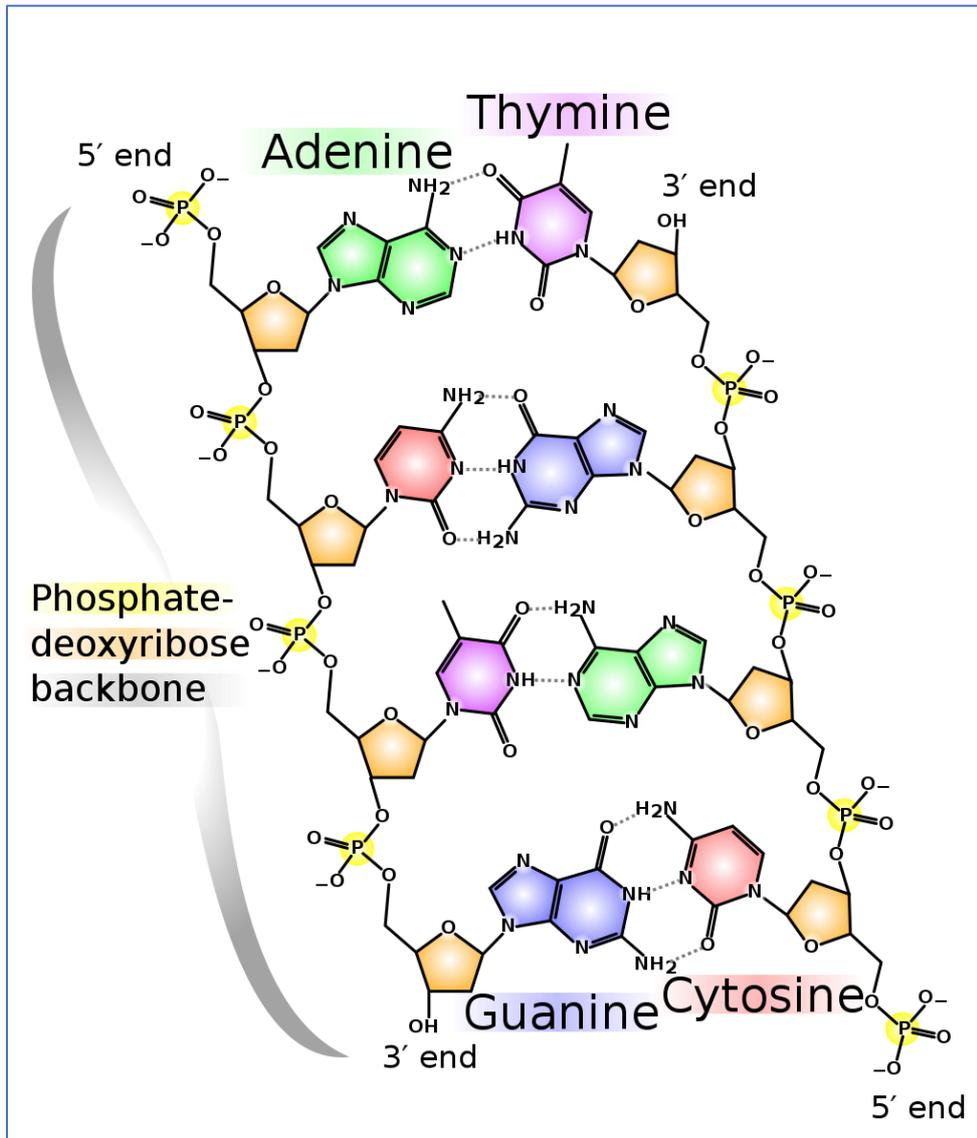
Wie im obigen Absatz erläutert, handelt es sich bei Einzelnukleotid-Polymorphismen um Mutationen, die in der nicht-kombinierenden Region des Y-Chromosoms gefunden werden. Genetiker durchkämmen die nichtkombinierende Region des Y-Chromosoms, um diese Mutationen zu identifizieren. Das Vorhandensein oder Fehlen von Mutationen oder Einzelnukleotid-Polymorphismen kann die genetische Geschichte einer Population von der einer anderen unterscheiden. Die Einzelnukleotid-Polymorphismen des Y-Chromosoms werden grob als Haplogruppen, Sub-Haplogruppen oder Paragruppen klassifiziert. Die zur Kennzeichnung von Haplogruppen, Sub-Haplogruppen oder Paragruppen verwendete Nomenklatur wurde 2002 vom Y-Chromosom-Konsortium (YCC 2002) standardisiert. Die Einzelnukleotid-Polymorphismen des Y-Chromosoms sind in einer baumartigen hierarchischen Struktur angeordnet. Das theoretische Y-Chromosom Adam stellt die Wurzel eines Baumes dar, der sich schließlich in zwanzig Haplogruppen verzweigt, wie z. B. J-M304. Die Haplogruppen wiederum verzweigen sich in Unterkladen (z. B. J1-M267 und J2-M172). Zwischen Adam und den Haplogruppen liegen wichtige Mutationsstufen (z. B. IJ-M429), die im YCC 2002 als "Paragruppen" bezeichnet werden.

Der Begriff „Haplogruppe“ bezeichnet eine große Unterteilung innerhalb der Vielfalt der menschlichen Y-Chromosom-Variation. Sie sind vergleichbar mit den Bänden einer Enzyklopädie. Das YCC 2002 stellte in seiner Diskussion der Standardnomenklatur fest, dass die Bezeichnung „Haplogruppe“ „willkürlich“ ist. In der Praxis funktioniert die Nomenklatur des YCC 2002 jedoch erstaunlich gut. Mit Ausnahme von C-M130 unterteilen die YCC 2002-Haplogruppen die Entwicklung der heutigen menschlichen Y-Chromosomvielfalt auf elegante Weise. Die Position, die diese Haplogruppen auf der globalen „Landkarte“ der Y-Chromosom-Vielfalt einnehmen, wird weitgehend durch die heutige geografische Verbreitung einer Haplogruppe und ihre Entwicklungsgeschichte bestimmt. Die Haplogruppe Q-M242 beispielsweise entwickelte sich vor etwa 30.000 Jahren in Sibirien und repräsentiert fast die gesamte einheimische Y-Chromosom-Variation unter den amerikanischen Ureinwohnern. Die Haplogruppe I-M170 hingegen entwickelte sich vor etwa 40.000 Jahren, wahrscheinlich im mediterranen Europa, und ist heute in den heutigen skandinavischen Bevölkerungen sehr häufig.

Das Nomenklatorsystem des YCC 2002 identifiziert Haplogruppen durch kladistische Namen. Der kladistische Name basiert auf der Mengenlehre und weist einen Großbuchstaben zur Identifizierung einer von zwanzig verschiedenen Haplogruppen zu. Um die Varianten einer Haplogruppe zu identifizieren, folgt auf den Großbuchstaben eine Kombination aus Zahlen und Kleinbuchstaben. YCC 2002 empfahl außerdem, der kladistischen Bezeichnung des Einzelnukleotid-Polymorphismus eine Mutationsnummer hinzuzufügen. Dieser Nummer wird ein Buchstabe wie „M“, „P“ oder „V“ vorangestellt. Diese Buchstaben bezeichnen im Allgemeinen das Labor, das die Mutation entdeckt hat. Die „M“-Mutationen, wie z. B. E-M96, wurden von Peter Underhill, ehemals Forscher an der Stanford University, identifiziert, der zusammen mit Luca Cavalli-Sforza eine wichtige Rolle bei der

Entwicklung dieses Forschungsinstruments spielte.

Abbildung 1.1. Die Struktur der DNA. Quelle: Wikipedia und Madprime.



An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 1.1 verwiesen](#), in der die Mutationsschritte vom Y-Chromosom Adam zu den wichtigsten Haplogruppen dargestellt sind. In der Abbildung sind die hierarchischen Beziehungen zwischen den Y-Chromosom-Mutationen dargestellt. Das Y-Chromosom Adam im oberen Teil des Diagramms steht für die Entwicklung des *Homo sapiens*. Die sprachlich informativen Haplogruppen, die sich aus Adam entwickelten, sind B-M181, D-M174, E-M96, C1-F3393, C2-M217, G-M201, H-M2713, I-M170, J-M304, L-M20, T-M184, M-P256, S-B254, N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207. Wie bereits erwähnt, stellen diese Haplogruppen einzigartige Segmente der heutigen Y-Chromosomvielfalt dar. Zwischen dem Y-Chromosom Adam und den Haplogruppen gibt es mehrere wichtige „Paragruppen“, die wichtige evolutionäre Meilensteine zwischen Adam und den Haplogruppen darstellen. Die DR-M168-Paragruppe beispielsweise ist der genetische Vorfahre aller Haplogruppen, die sich außerhalb Afrikas entwickelt haben.

Wie bereits erwähnt, wurden die ersten Bemühungen zur Standardisierung der Y-Chromosom-Nomenklatur in einem 2002 von der Y-Chromosom-Kommission veröffentlichten Bericht dargelegt. Seitdem wurden wichtige Aktualisierungen der Nomenklatur von Karafet et al. (2008), Oven et al. (2014), Karmin et al. (2015), Karafet et al. (2015) und Poznik et al. (2016) vorgenommen. Darüber hinaus

haben Genetiker seit 2002 Tausende von Sub-Haplogruppen (z. B. R1b-DF27) identifiziert, die zu unserem aktuellen Bild der globalen Y-Chromosom-Variation beitragen. Eine aktualisierte Liste dieser Sub-Haplogruppen wird von der International Society for Genetic Genealogy (ISOGG) und ihrer Website <https://isogg.org/> geführt.

Die Sub-Haplogruppen liefern die nützlichsten Mutationen für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der Sprache. Der Begriff „Sub-Haplogruppe“ bezeichnet die Diversifizierung von Y-Chromosom-Haplogruppen. Eine in Europa sehr häufig vorkommende Haplogruppe ist beispielsweise I-M170. Das „I“ steht für die Haplogruppe I, und M170 bezieht sich auf die Mutation Nummer 170, die von Peter Underhill an der Stanford University entdeckt wurde (daher das „M“). Ein Beispiel für eine Sub-Haplogruppe ist die Mutation I1-M253, die vor allem in Skandinavien vorkommt. Die „1“ wird verwendet, um I1-M253 als eine Sub-Haplogruppe der Haplogruppe I-M170 zu klassifizieren. Es ist anzumerken, dass in veröffentlichten Studien oft keine formale Unterscheidung zwischen Haplogruppen und Sub-Haplogruppen vorgenommen wird. I-M170 und I1-M253 werden dann einfach als „Haplogruppen“ bezeichnet. Da die Methode zur Erstellung dieser hierarchischen Beziehungen als Kladistik bezeichnet wird, werden die Begriffe „Klade“ und „Subklade“ manchmal zur Bezeichnung von Haplogruppen und Sub-Haplogruppen verwendet. Seit 2002 ist der Y-Chromosom-Baum ziemlich groß geworden, und die kladistischen Bezeichnungen der Sub-Haplogruppen sind ziemlich lang und umständlich geworden. So beschreibt beispielsweise die Mutation R1b1a1a2a1a2a-DF27 eine Sub-Haplogruppe, die auf der Iberischen Halbinsel vorkommt. Daher sollte die Nomenklatur in der Praxis bei der Meldung von Daten auf R-DF27 oder vielleicht R1b-DF27 verkürzt werden.

Wie bereits erwähnt, ist die ISOGG-Website zur Fundgrube für phylogenetische Aktualisierungen von Y-Chromosom-Mutationen geworden. Der Schwerpunkt dieser Organisation liegt jedoch auf der Ahnenforschung, und daher sind viele der von der Organisation aufgelisteten Polymorphismen keine informativen Marker für die linguistische Forschung. Die Aufgabe der Linguisten besteht also darin, sprachlich informative Mutationen zu identifizieren. So ist beispielsweise die O1b-M95-Mutation ein nützlicher Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der austroasiatischen Sprachen. Sprachwissenschaftler müssen die auf der ISOGG-Website veröffentlichten phylogenetischen Aktualisierungen im Auge behalten, damit alte Daten mit neuen verglichen werden können. So wurde beispielsweise die Mutation O3-M122 im Jahr 2015 in O2-M122 umbenannt.

Der Leser wird nun gebeten, einige verschiedene Punkte zu beachten, die das Verständnis der Y-Chromosom-Daten und ihrer Darstellung erleichtern:

- **Die ergänzende Abbildung 1.1** weicht *leicht* vom Standard des YCC 2002 und der ISOGG 2017 ab. Die Mutationen F-M89, K-M9 und P-P295 sind als Paragruppen auf höherer Ebene und nicht als Haplogruppen gekennzeichnet. Die Mutation C-M130 ist nun eine Paragruppe, und C1-F3393 und C2-M217 werden zu Haplogruppen.
- Ich vermeide strikt die Verwendung des Begriffs „Haplogruppe“ zur Beschreibung einer „Paragruppe“ oder „Sub-Haplogruppe“. Diese Begriffe stellen sehr wichtige Unterscheidungen dar, die in einigen genetischen Studien nicht gemacht werden.
- Linguistisch informative Mutationen finden sich in der Regel stromabwärts von den Haupthaplogruppen. So ist beispielsweise die A1b-M13-Mutation ein nützlicher Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der nilo-saharanischen Sprachen. Um die Diskussion dieser Daten zu erleichtern, wird die interne Phylogenie der einzelnen Haplogruppen in zusätzlichen Abbildungen zu den Kapiteln 2 bis 18 dargestellt. Diese Abbildungen sind „ergänzend“, so dass sie auf einem zweiten Computermonitor betrachtet oder im Voraus ausgedruckt werden können.

- Einige Studien tragen nur die kladistische Kennung (z. B. R1b für die Mutation M343), was die Umstellung von der alten Nomenklatur auf die neue Nomenklatur äußerst schwierig macht. In dieser Monografie wird ein kladistischer Identifikator mit einer Mutationsnummer verwendet (z. B. R1b-M343). Außerdem reicht die kladistische Kennung in der Monografie nicht über die zweite Subklade hinaus. In den ergänzenden Abbildungen erscheint jedoch der gesamte Identifikator. Zum Beispiel ist R1b-DF27 die Kurzform und R1b1a1a2a1a2a-DF27 die Langform.
- Für die Navigation der hierarchischen Beziehungen werden die Begriffe „stromabwärtig“ und „stromaufwärtig“ verwendet. Zum Beispiel ist die Mutation R1b-M343 der Haplogruppe R-M207 stromabwärtig nachgelagert. Stromaufwärtig von der R-M207-Haplogruppe befindet sich die P-P295-Paragruppe.

Sprachwissenschaftler sollten beachten, dass die phylogenetische Zuordnung von Y-Chromosom-Beziehungen der Zuordnung von sprachlichen Beziehungen mit baumartigen Sprachfamilien-Diagrammen ähnelt. Das Englische zum Beispiel gehört zum westgermanischen Unterzweig des germanischen Zweigs der indoeuropäischen Sprachfamilie.

4.5. Die Datierung von Mutationen.

Die Entschlüsselung hierarchischer Beziehungen innerhalb der nicht rekombinanten Region des Y-Chromosoms wird durch die Möglichkeit unterstützt, zumindest grob zu bestimmen, wann die Mutationen des Y-Chromosoms entstanden sind. So haben sich beispielsweise die Haplogruppen D-M174 und E-M96 vor etwa 70.000 Jahren von der DR-M168-Paragruppe abgespalten (Poznik et al. 2016). Die von Genetikern für diese Schätzungen verwendeten Datierungsmethoden sind in der Tat sehr komplex und beinhalten Versuche, eine durchschnittliche Mutationsrate für Y-Chromosom-Polymorphismen zu bestimmen (z. B. Balanovsky 2017a). Frühe Studien (z. B. Zhivotovsky et al. 2004) versuchten, eine Datierungsmethodik zu entwickeln, indem sie eine Art von Mutation, die sogenannten kurzen Tandemwiederholungen, verwendeten. Heute stellen Karmin et al. (2015) und Poznik et al. (2016) die neuesten Entwicklungen in diesem laufenden Projekt vor. Sie sind in der Lage, robustere Schätzungen vorzulegen, indem sie die Sequenzierung des gesamten Genoms und Schätzungen verwenden, die anhand der archäologischen Aufzeichnungen und alter DNA kalibriert werden.

4.6. Phylogeografie.

Der Leser wird gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 1.1 anzusehen](#), die eine kurze Zusammenfassung der Fundorte der verschiedenen Y-Chromosom-Haplogruppen enthält. So ist beispielsweise die Haplogruppe D-M174 in Ostasien und die Haplogruppe S-B254 in Australien zu finden. Im Gegensatz zu autosomalen Markern ist es außerdem möglich, phylogeografische Karten von Y-Chromosom-Mutationen zu erstellen. Solche Karten zeigen die Häufigkeit einer bestimmten Mutation über geografische Entfernungen hinweg. Die E1b-M81-Mutation weist beispielsweise ein klines Häufigkeitsmuster auf, das mit zunehmender Entfernung nach Westen über Nordafrika zunimmt. Die Fähigkeit, Daten auf diese Weise zu analysieren und abzuschätzen, wann eine Mutation entstanden ist, hilft den Forschern, die prähistorische Ausbreitung von Menschen und Sprachen zu erklären. E1b-M81 deutet zum Beispiel darauf hin, dass afroasiatische Sprachen und Bauern während des Neolithikums über Nordafrika verbreitet haben (siehe Kapitel 5).

Die prähistorische menschliche Expansion bestand oft aus einem geografischen Ausgangspunkt und einem geografischen Endpunkt. Manchmal ist am Ursprungsort die Häufigkeit einer bestimmten Mutation am größten, und mit zunehmender Entfernung nimmt die Häufigkeit dieser Mutation ab. Die J2a-M67-Mutation trat beispielsweise im Nahen Osten während des Mesolithikums auf. Während des Neolithikums breitete sich diese Mutation mit den Bauern nach Westeuropa aus, und auf diesem Weg nahm die Häufigkeit der Mutation aufgrund der Vermischung mit Jägern und Sammlern, die bereits in dem neuen Gebiet lebten, ab (siehe Kapitel 11). Einige prähistorische

Migrationen zeigen jedoch ein entgegengesetztes Muster oder einen Verlauf der Haplogruppenhäufigkeit, bei dem der Ausgangspunkt die niedrigste Häufigkeit einer bestimmten Haplogruppe aufweist und das Endziel der Migration die höchste aufweist. Die oben beschriebenen E1b-M81-Mutationen sind ein Beispiel dafür. Die Mutation I1-M253, ein weiteres Beispiel, steht möglicherweise für eine prähistorische Wanderung von den Pyrenäen nach Skandinavien vor etwa 14.000 Jahren. Entlang dieses Weges nimmt die Häufigkeit von I1-M253 zu, vielleicht weil eine prähistorische Gruppe in ein unbesetztes Gebiet gezogen ist oder weil sie eine neue Überlebensstrategie entwickelt hat, die ihr einen Reproduktionsvorteil verschafft (siehe Kapitel 10).

4.7. Geschichte der Bevölkerung.

Archäologischen und genetischen Daten zufolge hat der Mensch seinen Ursprung in Afrika vor etwa 30.0000 Jahren (siehe Kapitel 2). Vor etwa 100.000 Jahren verließen die Menschen Afrika. Vor 60.000 bis 50.000 Jahren besiedelten die Menschen Europa, Südasien, Ostasien, Papua-Neuguinea und Australien (siehe Kapitel 4). Vor etwa 15.000 Jahren überquerten die Menschen die Bering-Landbrücke von Asien nach Nordamerika (siehe Kapitel 17).

Aus einer sehr klinischen Sichtweise bezieht sich der Begriff „Population“ auf eine Gruppe von Individuen, die sich möglicherweise untereinander fortpflanzen. In der Praxis beeinflussen mehrere Faktoren die Wahl des Partners, mit dem man schließlich Kinder haben möchte. Zu diesen Faktoren können ethnische Zugehörigkeit, Religion oder sozioökonomischer Status gehören. Der wichtigste Faktor für diese Diskussion ist jedoch die geografische Entfernung. Das südliche Afrika und der Amazonas-Regenwald sind beispielsweise durch eine riesige geografische Entfernung von mehreren tausend Kilometern getrennt. Folglich sind die Khoisan Volk im südlichen Afrika und das Waorani-Volk im Amazonas-Regenwald aufgrund der geografischen Isolation genetische Unterschiede aufweisen. Aus der Perspektive des Y-Chromosoms erklärt dieses Modell der Isolation durch Entfernung, warum die Khoisan im südlichen Afrika die A1b-V50-Mutation und die Yanomami in Südamerika die Q1b-M3-Mutation aufweisen und warum die Khoisan nicht die Q1b-M3-Mutation und die Yanomami nicht die A1b-V50-Mutation aufweisen.

Die obige Erörterung des Modells der Isolation durch Entfernung hilft bei der Erklärung eines demografischen Modells namens „genetische Drift“. Dieses Konzept geht von einer Nivellierung der genetischen Vielfalt zwischen kleinen, isolierten Populationen aus, ein demografisches Szenario, das den größten Teil der menschlichen Vorgeschichte kennzeichnet. *Wikipedia* bietet eine nützliche Analogie zur Erläuterung dieses Konzepts. Ein Glas wird mit 10 roten und 10 blauen Murmeln gefüllt. Einer Person werden die Augen verbunden und sie wird gebeten, eine Murmel nach der anderen aus dem Glas zu nehmen. Irgendwann enthält das Glas entweder blaue Murmeln oder rote Murmeln, aber nicht beide. Aus der Sicht des Y-Chromosoms sind die Völker des Kaukasus ein gutes Beispiel für genetische Drift. Viele dieser Völker praktizieren Endogamie, also die Sitte, innerhalb der Gruppe zu heiraten. Dies erklärt die erstaunlichen Häufigkeiten der Haplogruppen G-M201 und J-M304, die in der Region zu beobachten sind (siehe Kapitel 8 und 11).

Der Begriff „Gründereffekt“ ist ein weiteres nützliches Konzept, das die Entwicklung der genetischen Differenzierung zwischen Populationen erklärt. Der Gründereffekt beschreibt eine Situation, in der sich die Häufigkeit von Mutationen verändert, wenn sich eine Gruppe von Menschen von einer größeren Population trennt. Austronesische-Sprecher auf Papua Guinea zum Beispiel haben eine gemischte Abstammung aus ostasiatischen und melanesischen Y-Chromosom-Mutationen. Eine Teilpopulation hat dann vor etwa zweitausend Jahren die austronesischen Sprachen über Ozeanien verbreitet. Infolge zahlreicher Gründereffekte waren die ostasiatischen Mutationen verschwunden, als die Expansion auf Rapa Nui (oder der Osterinsel) endete. Siehe Kapitel 16 für weitere Informationen.

Das Konzept des „Flaschenhalses“ hilft ebenfalls, die genetische Differenzierung zwischen

Populationen zu erklären. Dieser Begriff beschreibt eine Situation, in der vielleicht eine Krankheit oder eine Naturkatastrophe die Größe einer isolierten und relativ kleinen Population plötzlich verringert. Diese plötzliche Verkleinerung der Population führt zu einer Verringerung der Haplogruppenvariation und beschleunigt, wie der Gründereffekt, die Drift. Die Y-Chromosom-Daten deuten beispielsweise darauf hin, dass die Explosion des Toba-Vulkans vor etwa 70.000 Jahren zu einem Flaschenhalseffekt bei den menschlichen Populationen geführt haben könnte (siehe Kapitel 4). Außerdem deuten die Daten darauf hin, dass die genetische Variation im paläolithischen Europa durch die Haplogruppen I-M170 und C1-F3393 gekennzeichnet war. Heute ist die einzige verbliebene paläolithische Gründermutation unter den heutigen Europäern Variante der Haplogruppe I-M170. Es hat den Anschein, dass das letzte glaziale Maximum vor etwa 20.000 Jahren in Europa einen Flaschenhalseffekt verursachte, der die Größe der menschlichen Populationen in Westeuropa reduzierte. Möglicherweise wurde der Engpass durch einen Rückgang der Rentierbestände und damit durch eine Verknappung der Nahrung für die Jäger und Sammler verursacht (siehe Kapitel 18).

Konzepte wie Isolation durch Entfernung, genetische Drift, Gründereffekt und Flaschenhalseffekt stellen traditionelle Modelle der genetischen Differenzierung zwischen Populationen dar. Diese Konzepte helfen zwar bei der Diskussion der Y-Chromosom-Daten, bieten aber nur eine teilweise Erklärung für die menschliche Y-Chromosom-Vielfalt. Wie bereits erwähnt, hat die nicht rekombinante Region des Y-Chromosoms keinen Einfluss auf den Reproduktionserfolg des Menschen. Merkwürdigerweise ist die Verteilung der Y-Chromosom-Variation jedoch eng mit kulturellen und evolutionären Anpassungen verbunden, die den Fortpflanzungserfolg unserer Spezies drastisch verbessert haben. So ist die Y-Chromosom-Mutation N1a-M46 eine wichtige Komponente, die die Domestizierung des Rentiers mit der heutigen Verbreitung der uralischen Sprachen verbindet. Die D1a-P47-Mutation hingegen trägt dazu bei, die Ursprünge der tibeto-birmanischen Sprachen mit evolutionären Anpassungen zu verbinden, die es den Menschen ermöglichen, in großen Höhen zu gedeihen.

4.8. Vorteile des Y-Chromosoms.

Auch hier bezieht sich der Begriff „Marker“ auf einen Abschnitt der DNA. Gängige molekulare Marker, die für die menschliche Bevölkerungsgeschichte verwendet werden, sind autosomale DNA, mitochondriale DNA (mtDNA) und die nicht rekombinante Region des Y-Chromosoms. Ein möglicher Kritikpunkt an dieser Monografie ist daher, dass sie sich fast ausschließlich auf die Variation des Y-Chromosoms konzentriert und die autosomale und mtDNA-Perspektive ausklammert. Das Gegenargument ist, dass das Y-Chromosom eine gut aufgelöste und hochtransparente Perspektive auf die menschliche Genetik bietet. Den mitochondrialen DNA-Daten hingegen fehlt es an Auflösung und den autosomalen Markern an Transparenz. Die mitochondriale DNA weist viele der wünschenswerten Merkmale der nicht rekombinanten Region des Y-Chromosoms auf, wie z. B. das Fehlen von Rekombination und die Möglichkeit, Mutationen in einem phylogenetischen Baum anzuordnen. Die mtDNA-Daten werden jedoch aus einem kleinen Abschnitt des menschlichen Genoms gewonnen, der nur 16.000 Basenpaare umfasst. Die nicht rekombinante Region des Y-Chromosoms hingegen umfasst 60 Millionen Basenpaare. Daher bietet das Y-Chromosom ein viel genaueres Bild der menschlichen Vorgeschichte. So fehlen beispielsweise in den mtDNA-Haplogruppen die Gegenstücke zu den Mutationen R1a-M420 und R1b-M343 des Y-Chromosoms sowie zur Haplogruppe N-M241. Der Vergleich zwischen Y-Chromosom- und mtDNA-Daten ist vergleichbar mit der Bildqualität einer Zwei-Megapixel-Kamera gegenüber einer Zehn-Megapixel-Kamera.

Ein potenzieller Vorteil autosomalen Markers ist die Möglichkeit, eine genetische Perspektive für beide Geschlechter zu erhalten, während die Perspektive der mitochondrialen DNA wohl eher weiblich und die des Y-Chromosoms wohl eher männlich ist. Die Daten aus autosomalen Markern werden jedoch durch Rekombination beeinflusst und erfordern daher eine unglaublich komplexe statistische Analyse. Dagegen können die beiden uniparentalen Marker, die mitochondriale DNA und

das Y-Chromosom, ohne komplizierte statistische Methoden analysiert werden. Da sich autosomale Daten in erster Linie auf die Häufigkeit von Allelen und nicht auf das Vorhandensein oder Fehlen von Mutationen konzentrieren, können autosomale Daten nicht mit Hilfe von phylogenetischen Bäumen analysiert werden, während dies bei der mtDNA und dem Y-Chromosom möglich ist (vgl. Oven und Kayser 2008; Oven et al. 2014).

Wie bereits erwähnt, wird ein Problem mit Y-Chromosom-Daten darin gesehen, dass sie nur ein Bild der menschlichen Vorgeschichte für das männliche Geschlecht liefern. In der Praxis hat die Anwendung dieses Instruments für die linguistische Forschung eine solche Voreingenommenheit nicht bestätigt. Vielmehr fungiert dieser Abschnitt des menschlichen Genoms einfach als wirksame „Falle“, die wichtige demografische Meilensteine der Menschheit erfasst, die die Sprachvorgeschichte für beide Geschlechter entschlüsseln. Die mtDNA- und Y-Chromosom-Perspektive beispielsweise verortet die menschlichen Ursprünge in Afrika (z. B. Oppenheimer 2012).

Der große Nachteil, der mit Y-Chromosom-Daten verbunden ist (z. B. Jobling und Tyler-Smith 2003), ist die „Erhebungsverzerrung“. Wenn Forscher Proben aus einer Population sammeln, kann eine kleine Anzahl von Proben die tatsächliche Häufigkeit einer Mutation innerhalb der Population verzerren. Eine größere Anzahl von Proben hingegen ergibt ein realistischeres Bild der genetischen Vielfalt. Wenn man dieses Argument weiter ausführt, ergibt eine größere Anzahl von Proben ein besser aufgelöstes Modell der Vorgeschichte der Sprache. So liegt zum Beispiel für die Indoeuropäischen Sprachen ein gut aufgelöstes Bild der Sprachvorgeschichte zur Verfügung vor, während das Bild für Das Eskimo-Aleutische und Eyak-Athabaskische (vgl. Kapitel 11 und 17) unklar ist.

Wie bereits erwähnt, wurde das Y-Chromosom 1985 als polymorpher Marker identifiziert. Die vorliegende Monografie, die die Vorgeschichte der Sprache aus der Perspektive des Y-Chromosoms untersucht, erscheint fast vierzig Jahre später. Die Überwindung des Problems der Erhebungsfehler erforderte zunächst technologische Fortschritte, die die Kosten der genetischen Sequenzierung reduzierten. Die kostengünstigere Sequenzierung führte schließlich zu einem ausreichenden Wissensstand, der meiner Meinung nach Ende 2020 erreicht wurde.

4.9. Alte DNA.

Moderne DNA wird von Personen sequenziert, die zum Zeitpunkt der Entnahme einer Probe für die Sequenzierung noch am Leben waren. Alte DNA-Proben (aDNA oder eng. *ancient DNA*) hingegen werden von Verstorbenen entnommen. Im Allgemeinen nimmt die Fähigkeit, alte DNA-Proben zu amplifizieren, mit der Zeit ab. Das bedeutet zum Beispiel, dass es einfacher ist, eine Probe von jemandem zu sequenzieren, der vor kurzem gestorben ist, als von jemandem, der vor 40.000 Jahren in der Altsteinzeit gestorben ist. Außerdem spielen die Umweltbedingungen eine große Rolle dabei, wie schnell sich die DNA im Laufe der Zeit abbaut. So bleibt beispielsweise die DNA von jemandem, der im sibirischen Permafrost begraben wurde, viel länger erhalten als die DNA von jemandem, der im heißen und feuchten tropischen Dschungel von Neuguinea begraben wurde. Dementsprechend kann die Amplifikation ein sehr kostspieliges und zeitaufwändiges Verfahren sein. Wenn die Amplifikation und die Radiokohlenstoffdatierung jedoch erfolgreich sind, können die Forscher das Vorhandensein von Mutationen an einem bestimmten Ort und zu einem bestimmten Zeitpunkt in der Vergangenheit bestätigen. So bestätigen beispielsweise die Überreste von Villabruna in Italien, dass Mutationen des Y-Chromosoms R1b-M343 bei den paläolithischen Jägern und Sammlern in Europa Teil des Genoms waren (siehe Fu et al. 2016).

Über den Versuch, alte DNA zu gewinnen, wurde erstmals im Jahr 1985 berichtet. Svante Pääbo veröffentlichte eine bahnbrechende Studie, in der er über einen neuartigen Versuch berichtete, die DNA einer 2.400 Jahre alten ägyptischen Mumie. Seitdem hat die Nutzung alter DNA als Forschungsinstrument von den Bemühungen profitiert, den postmortalen Zerfall zu überwinden. Um

dieses Problem zu überwinden, haben Genetiker ausgefeilte Techniken wie die Shotgun-Sequenzierung entwickelt, um beschädigte Abschnitte alter DNA-Proben zu amplifizieren und zu rekonstruieren (siehe Kivisild 2017 für weitere Einzelheiten).

Neben dem postmortalen Zerfall besteht ein weiteres technisches Problem bei der Untersuchung alter DNA in der Vermeidung von Verunreinigungen, entweder durch moderne Forscher oder Mikroben. So stammte die „Dinosaurier-DNA“, über die in einer Studie aus den 1990er Jahren berichtet wurde, in Wirklichkeit von menschlicher DNA (siehe Cooper und Poinar 2000 für eine ausführlichere Diskussion). Ein weiteres Beispiel ist eine Studie aus dem Jahr 2001 (Adcock et al.), in der unter großem Medieninteresse über die Sequenzierung einer 60.000 Jahre alten Probe eines alten Australiers berichtet wurde - dem so genannten Lake Mungo Man. Sie behaupteten, dass die mitochondriale DNA dieses Individuums außerhalb der Variationsbreite des modernen Menschen lag und dass es daher möglicherweise mehr als eine Migration aus Afrika herausgegeben hat. In der Studie wurde außerdem behauptet, dass ihre Probe authentisch gewesen sei und die Forscher die notwendigen Schritte unternommen haben, um eine Kontamination zu vermeiden. Fünfzehn Jahre später überprüften Heupink et al. (2016) die Studie von 2001 erneut. In der Studie von 2016 wurde festgestellt, dass die von Adcock verwendete Probe durch europäische DNA kontaminiert worden war, die wahrscheinlich von modernen Forschern stammte.

Mehrere Studien haben Protokolle zur Vermeidung von Kontaminationen alter DNA-Proben definiert (z. B. Hofreiter 2001; Pääbo et al. 2004; Gilbert et al. 2005; Knapp et al. 2015; Slatkin et al. 2016). Zu diesen Verfahren gehören die Art und Weise, wie Proben aus Knochen entnommen werden, die Nutzung von Labors, die speziell für die Erforschung antiker DNA eingerichtet wurden, die Verwendung von Schutzkleidung und die Dekontaminierung von Arbeitsflächen und Geräten durch Bleichmittel oder Bestrahlung. Heute befolgen die Forscher diese Verfahren, um Kontaminationen zu vermeiden, und das Problem scheint verschwunden zu sein.

4.10. Paläogenomik.

Die Bemühungen, die Auswirkungen von postmortalem Zerfall und Kontamination zu überwinden, haben eine neue Forschungsrichtung namens „Paläogenomik“ oder „paleogenomics“ ermöglicht. Die wichtigste Datenquelle für die paläogenomische Forschung sind alte autosomale Marker. Die erste paläogenomische Studie erschien 2010 (Rasmussen et al.), in der das Genom von Saqqaq, einem in Grönland gefundenen Paläo-Eskimo, beschrieben wurde. Seitdem hat sich die paläogenomische Modellierung zu einer potenziellen Methodik für die Erforschung der Vorgeschichte der Sprache entwickelt. Zu den Anwendungen dieser Methode zur Erforschung der Vorgeschichte der Sprache gehört eine Studie von Haak et al. aus dem Jahr 2015, in der die Forscher das sogenannte Kurgan-Modell der indoeuropäischen Sprachursprünge auf der Grundlage von Vermischungsanalysen von 69 alten DNA-Proben. Ein weiteres Beispiel stammt aus einer Studie von 2019 (Flegontov et al.). Sprachhypothese auf der Grundlage einer statistischen Analyse eines kleinen Datensatzes von autosomalen Markern. Ein weiteres Beispiel stammt aus einer Studie aus dem Jahr 2020 (Cui et al.), in der die Hypothese des Transeurasischen auf der Grundlage einer statistischen Analyse von vier alten DNA-Proben bestätigt wurde.

Das große Problem bei paläogenomischen Studien besteht darin, dass technische Errungenschaften oft als Freibrief für grandiose Schlussfolgerungen auf der Grundlage von sehr wenigen Daten dienen. So kommen Hofmanova et al. (2016) auf der Grundlage von sieben alten DNA-Proben zu dem Schluss, dass die neolithischen Ägäer der Ursprung des mitteleuropäischen Neolithikums waren. Cassidy et al. (2016) vermuten, dass bronzezeitliche Steppennomaden die Vorfahren der heutigen Iren sind. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf nur vier alte DNA-Proben. Brandt et al. (2015) behaupten eine groß angelegte neolithische Invasion Skandinaviens durch die Sarden auf der Grundlage der Analyse einer alten Probe. Kivisild (2017) behauptet auf der Grundlage einer einzigen alten DNA-Probe aus Ungarn, dass neolithische Bauern die Quelle der Variation der Haplogruppe I-M253 in Skandinavien gewesen sein könnten. Raghavan et al. (2014) behaupten, dass

Westeurasier und amerikanische Ureinwohner auf der Grundlage einer einzigen Probe einen gemeinsamen genetischen Vorfahren haben. Egfjord et al. (2021) vermuten auf der Grundlage von zwei Proben, dass Dänemark während der Bronzezeit von Steppennomaden erobert wurde.

Einige Anthropologen und Archäologen haben die paläogenomische Modellierung als Instrument zur Erforschung der Vorgeschichte von Sprachen enthusiastisch befürwortet (Anthony 2017; Booth 2019; Mallory, Dybob, Balanovsky 2019; Friedlaender und Tucci 2020). Aus deren Befürwortungen ergibt sich eine interessante Frage. Wenn es einen Konflikt zwischen alter DNA und archäologischen Daten gibt, welche Datenquelle ist dann überzeugender? Ist zum Beispiel ein solides Radiokarbondatum zuverlässiger als eine statistische Berechnung? Vielleicht sollten sich die Linguisten die gleiche Frage stellen. Die triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung, eine alternative Methode zur Erforschung der Vorgeschichte der Sprache, verwendet einen nicht-rekombinierenden Marker, der zusammen mit archäologischen, klimatologischen und anderen harten Daten analysiert werden kann. Autosomale Marker hingegen erfordern eine statistische Analyse. Darüber hinaus werden bei der auf dem Y-Chromosom basierenden Triangulationsmethode eher zeitgenössische genetische Daten als alte DNA als Hauptdatenquelle verwendet. Ein signifikanter Unterschied zwischen der paläogenomischen und der triangulierten Y-Chromosom-basierten Modellierung besteht also in der Verwendung alter DNA zur Entschlüsselung der Vorgeschichte der Sprache. Bei der triangulierten Y-Chromosom-basierten Modellierung spielt die alte DNA eine weniger wichtige Rolle im Modellbildungsprozess. Sie ist nicht die Hauptdatenquelle. Vielmehr wird sie zusammen mit anderen Datenquellen genutzt, um die zeitgenössische Verteilung der genetischen Mutationen zu interpretieren.

Um die potenziellen Vorteile einer triangulierten Y-Chromosom-basierten Modellierung gegenüber dem paläogenomischen Modell zu veranschaulichen, ist es notwendig, die Studie von Haak et al. (2015) erneut zu betrachten. Auf der Grundlage eines kleinen Datensatzes alter autosomaler DNA und statistischer Analysen verbindet die Studie die indoeuropäischen Sprachen in Europa mit einer massiven bronzezeitlichen Invasion von Steppennomaden aus Zentralasien. St. Clair (2017) und seine triangulierte Y-Chromosom-Perspektive der indoeuropäischen Ursprünge nutzt eine Synthese von Y-Chromosom, linguistischen und archäologischen Perspektiven. Diese Daten zeigen, dass das Neolithikum eine gemeinsame Ausbreitung von Landwirtschaft und Sprache in mehreren Regionen der Welt auslöste. Diese gemeinsame Ausbreitung erklärt die heutige Verbreitung von sprachlichen „Schwergewichten“ wie das Afroasiatische, Uralische, Sinotibetische, Austroasiatische, Niger-Kongo, Trans-Neuguineische und Austronesische. Er geht noch einen Schritt weiter und fragt, warum das Indoeuropäische eine Ausnahme von der Regel sein sollte.

Abschnitt 5. Kapitel Schlussfolgerungen.

Der Zusammenhang zwischen sprachlicher und genetischer Vielfalt ist recht einfach: Wir erben unsere Gene und die Muttersprache von unseren Eltern. Weitaus problematischer ist es meiner Meinung nach, einen genetischen Marker zu finden, der diese Beziehung ohne komplizierte statistische Analysen erklärt. Das menschliche Y-Chromosom überwindet dieses Handicap, weil es keiner Rekombination unterliegt. Dies wiederum erleichtert eine gut aufgelöste Darstellung der menschlichen genetischen Geschichte, auf der wir empirische, transparente und zuverlässige Modelle der Sprachvorgeschichte aufbauen können. Die gute Auflösung ergibt sich aus der Fähigkeit des Y-Chromosoms, 110 linguistisch informative Mutationen zu liefern, die die Vorgeschichte der Sprache aufklären. Empirisch und transparent bedeutet, dass die Y-Chromosom-Daten mit anderen Datenquellen, wie z. B. der archäologischen Aufzeichnung, der klimatologischen Aufzeichnung und der Sprachvariation, abgeglichen werden können. Eine *triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung* wiederum führt zu weitaus zuverlässigeren Modellen der Sprachvorgeschichte, da sie auf einer Konvergenz mehrerer unabhängiger Beweislinien beruht.

Kapitel 2: Haplogruppe A.

Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe A.

Der Leser wird gebeten, die A1b-V50-, A1b-M51- und A1b-M13-Mutationen in der [ergänzenden Abbildung 2.1](#) zu lokalisieren, in der die phylogenetischen Beziehungen innerhalb der Haplogruppe A grafisch dargestellt sind. Die Mutationen A1b-V50 und A1b-M51 sind in Südwestafrika konzentriert. A1b-M13 hingegen ist in Ostafrika konzentriert (siehe auch die [ergänzenden Tabellen 2.1, 2.2 und 2.3](#)). Was nun die sprachliche Vielfalt in Afrika betrifft, so sind A1b-V50 und A1b-M51 in Populationen zu finden, die Sprachen der Khoisan-Makro-Sprachfamilie sprechen. Die A1b-M13-Mutation hingegen hilft bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der nilo-saharanischen, Niger-Kongo und afroasiatischen Sprachfamilien.

Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe A.

Im Gegensatz zu den anderen Haupt-Haplogruppen wird die Haplogruppe A durch einen Mann und nicht durch eine Mutation definiert. Er wird Y-Chromosom Adam genannt. Ein Bericht aus dem Jahr 2013 (Mendez et al.) legt nahe, dass sich das Y-Chromosom Adam in einer Population von *Homo sapiens* entwickelte, die vor etwa 338.000 Jahren in West-Zentralafrika lebte. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf genetische Daten eines Afroamerikaners, der die älteste bekannte Linie der Haplogruppe A besitzt, die durch die Mutation A00-AF6/L1284 definiert ist. Außerdem wurden in der Studie Varianten dieser Mutation beim Volk der Mbo in Westkamerun untersucht. Es muss betont werden, dass zum Zeitpunkt der Geburt von „Adam“ andere Y-Chromosom-Mutationen bei den Menschen in Nordwestafrika durchaus vorhanden gewesen sein können. Seine Y-Chromosom-Linie hat es jedoch geschafft, 300.000 Jahre Dürre, Hunger, Krankheiten und Gewalt zu überleben. Andere Linien, die bei seinen Zeitgenossen vorhanden gewesen sein könnten, sind schließlich ausgestorben.

Die Entwicklung des Y-Chromosoms Adam im Nordwesten Afrikas wird durch die archäologischen Aufzeichnungen unterstützt. Hublin et al. (2017) berichten über die ältesten derzeit bekannten fossilen Überreste des *Homo sapiens*. Diese Überreste wurden am Jebel Irhoud in Marokko gefunden und datieren auf etwa 300.000 Jahre vor heute. Der Bericht von Hublin et al. ist besonders bedeutsam, da frühere fossile Belege (z. B. White et al. 2003) den Ursprung des Menschen in Ostafrika vor etwa 200.000 Jahren verortet hatten. Die genetischen Daten stimmen nun besser mit dem Fossilnachweis überein.

An dieser Stelle wird der Leser auf den oberen Teil der [ergänzenden Abbildung 2.1 verwiesen](#), die einen phylogenetischen Überblick über wichtige Mutationen innerhalb der Haplogruppe A bietet. Nach Poznik et al. (2016) spalteten sich A0-V148 und A1-V168 vor etwa 190.000 Jahren von A00-AF6/L1284 ab, und A1a-M31 und BR-M42 trennten sich vor etwa 160.000 Jahren von A1-V168. Wie bereits erwähnt, repräsentieren A1b-V50, A1b-M51 und A1b-M13 fast alle veröffentlichten Häufigkeitsdaten der Haplogruppe A. Datierungsschätzungen von D'Atanasio et al. (2018) für die phylogenetisch äquivalente A1b-M32-Mutation deuten darauf hin, dass A1b-V50 vor etwa 100.000 Jahren entstanden ist. Naidoo et al. (2020) gehen davon aus, dass sich A1b-M51 und A1b-M13 vor etwa 50.000 Jahren entwickelt haben.

Abschnitt 3. Frühe kognitive Belege für die Evolution der Sprache.

Die A1b-V50-, A1b-M51- und A1b-M13-Mutationen gelten als genetische Relikte der afrikanischen Mittelsteinzeit, die vor etwa 300.000 Jahren begann und vor etwa 20.000 Jahren endete. Lombard (2012) gibt einen nützlichen Überblick über diese Periode der menschlichen Vorgeschichte in Afrika südlich der Sahara. Bei der archäologischen Erforschung des afrikanischen Mittelsteins wird versucht, das Aufkommen der für den *Homo sapiens* charakteristischen kognitiven und verhaltensmäßigen Komplexität zu bewerten. Zu den Belegen gehören häufig technologische Entwicklungen wie Werkzeuge oder Klebstoffe. Darüber hinaus können auch Belege für Symbolik und Rituale die Entstehung von kognitiver und verhaltensbezogener Komplexität unterstützen.

Wilkins et al. (2020) haben kürzlich eine Studie veröffentlicht, die Beweise für die menschliche Besiedlung des Ga-Mohana Hill North Rock Shelter (eines Felsüberhang) in Südafrika vor etwa 105.000 Jahren liefert. Diese Stätte liegt etwa 665 Kilometer von der nächsten Küstenlinie entfernt. Dieser Fundort widerlegt frühere Ansichten in der Archäologie, wonach die menschlichen Aktivitäten in der Mittelsteinzeit auf die Küstenregionen Afrikas beschränkt waren. Außerdem wurden an dem Fundort Kalzitkristalle gefunden. Diejenigen, die den Felsenunterstand bewohnten, hatten diese nicht-utilitaristischen Gegenstände an einem anderen Ort gesammelt. Wilkins et al. (2020) vermuten, dass die Kristalle für diese Menschen eine spirituelle Bedeutung gehabt haben könnten. Dieser Nachweis der Symbolik wiederum könnte die Entstehung der für den Menschen typischen kognitiven und verhaltensmäßigen Komplexität unterstützen.

Belege für Bestattungsrituale deuten auch auf die Entstehung von kognitiver und verhaltensbezogener Komplexität hin. Alles, was lebt, wird sterben, und wir Menschen fragen uns, was danach geschieht. Martinon-Torres et al. (2021) haben kürzlich eine Studie veröffentlicht, die über die früheste bekannte menschliche Bestattung in Afrika berichtet. Die Beweise stammen von der archäologischen Stätte Panga ya Saida an der Küste Kenias. Die Forscher gruben die teilweisen Skelettreste eines dreijährigen Kindes aus, das sie Mtoto nennen, was auf Suaheli „Kind“ bedeutet. Den Forschern zufolge starb das Kind vor etwa 78.000 Jahren. Diejenigen, die Mtoto begraben haben, wickelten es in eine Art von Kleidung. Der Körper wurde dann in einer Weise ins Grab gelegt, die auf ein Bestattungsritual hindeutet. Dies wiederum deutet auf eine starke emotionale Bindung an das verstorbene Kind und vielleicht auf einen Glauben an ein Leben nach dem Tod hin.

Abschnitt 4. Zeitgenössische sprachliche Vielfalt in Afrika.

Sprache ist ein Ausdruck menschlicher kognitiver und verhaltensbezogener Komplexität, die in der mittleren Steinzeit in Afrika entstanden ist. Die heutige Sprachenvielfalt auf dem Kontinent wird in diesem Kapitel sowie in den Kapiteln 3, 5, 11, 16 und 18 behandelt. Wie in Abbildung 2.1 (unten) dargestellt, besteht diese Vielfalt aus der Khoisan-Makro-Sprachfamilie sowie der nilo-saharanischen, Niger-Kongo-, afroasiatischen, und austronesischen Sprachfamilien. Das Khoisan, Niger-Kongo und Nilo-Saharanische stehen für Sprachen, die sich in Afrika entwickelt haben. Das Afroasiatische und Austronesische hingegen haben sich anderswo entwickelt und sich dann auf dem afrikanischen Kontinent ausgebreitet.

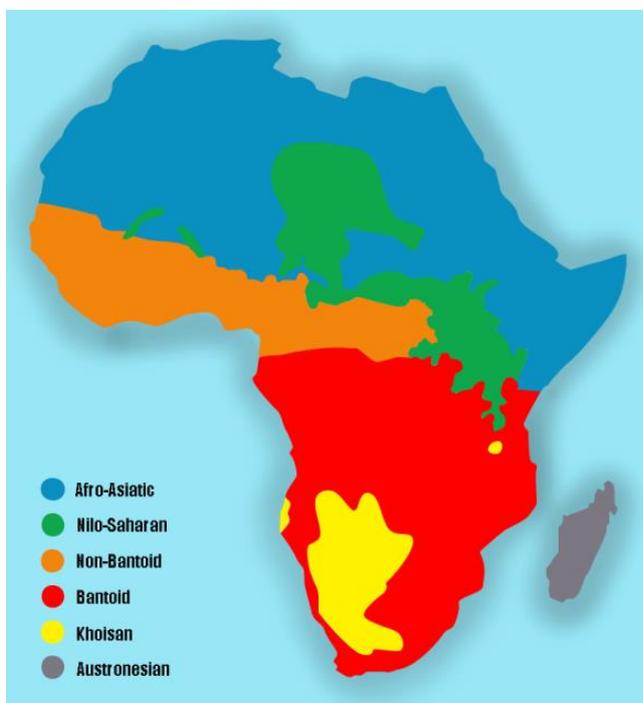
Abschnitt 5. Das Khoisan im südlichen Afrika.

Die Haplogruppe A entwickelte sich vor etwa 300.000 Jahren in Afrika. Heute ist die Haplogruppe fast ausschließlich in Populationen zu finden, die auf dem afrikanischen Kontinent leben. Zwei stromabwärtige Varianten der Haplogruppe A, die A1b-V50- und A1b-M51-Mutationen, sind die genetischen Überbleibsel von vorlandwirtschaftlichen Populationen im südlichen Afrika, deren heutige Vertreter die so genannten Khoisan Volk sind (z.B. Rosa et al. 2007; Batini et al. 2011). Der Leser wird nun auf die [ergänzenden Tabellen 2.1](#) und [2.2 verwiesen](#). Bei den Khoisan erreicht die A1b-V50-

Mutation eine Häufigkeit von bis zu fünfzig Prozent. Ein ähnlicher Prozentsatz wird für die A1b-M51-Mutation angegeben.

Es sollte auch betont werden, dass der Begriff „Khoisan“ sowohl eine kulturelle als auch eine sprachliche Komponente hat. Wie bereits erwähnt, sind die Khoisan aus kultureller Sicht die Nachkommen von vorlandwirtschaftlichen Jägern und Sammlern, die sich auf dem afrikanischen Kontinent entwickelten und dortblieben. Darüber hinaus blieben sie Jäger und Sammler und widersetzten sich der Assimilierung mit den Bantu-Bauern, die vor etwa 15.000 Jahren aus dem westlichen Zentralafrika nach Südafrika einwanderten (weitere Informationen siehe Kapitel 5). Was nun die sprachliche Komponente des Begriffs „Khoisan“ betrifft, so sprechen diese Bevölkerungsgruppen Sprachen, die zu einer der drei Sprachfamilien gehören: Khoe-Kwadi, Kx'a und Tuu. Dies ist aus sprachlicher Sicht von großer Bedeutung, da sich die Khoisan nicht nur gegen die Übernahme der Bantu-Ackerbaukultur wehrten, sondern auch gegen den Übergang zu den Niger-Kongo-Sprachen, die von den Bantus gesprochen werden.

Abbildung 2.1. Sprachliche Karte von Afrika. Quelle: Wikipedia und Mark Dingemans.



Die obige Erklärung des Begriffs „Khoisan“ erleichtert eine wichtige Diskussion über zwei wichtige Punkte, die Linguisten wissen müssen. Erstens verwenden Genetiker den Begriff „Khoisan“ allgegenwärtig in veröffentlichten Berichten, die genetische Variation in Afrika beschreiben (z. B. Underhill et al. 2000; Tishkoff et al. 2007; Barbieri et al. 2016). Zweitens scheint der Begriff Khoisan, wie von Mitchell (2010) festgestellt, zu viele Gruppen in einen Topf zu werfen. Jede Gruppe hat eine eigene kulturelle, sprachliche und genetische Geschichte, die unabhängig voneinander bewertet werden sollte.

Abschnitt 6. Das Nilo-Saharanische, Afroasiatische, und Niger-Kongo.

Wie im vorangegangenen Abschnitt erwähnt, sind Populationen mit einer signifikanten Häufigkeit von Haplogruppe A sind entweder im südwestlichen Afrika oder im östlichen Afrika konzentriert. Die Populationen im südwestlichen Afrika haben die Mutationen A1b-V50 und A1b-M51. Die ostafrikanischen Populationen weisen jedoch die Mutation A1b-M13 auf. Diese Mutation tritt besonders häufig (fünfzig Prozent oder mehr) bei den nilo-saharanischen Populationen in dieser Region. Neben den nilo-saharanischen sprechenden Populationen kommt die A1b-M13-Mutation auch bei einigen afroasiatischen sprechenden Populationen in Ostafrika, wie den Amhara, Oromo und Welayta. Schließlich erreicht die A-M13-Mutation eine mäßige Häufigkeit bei einigen Niger-Kongo sprechenden Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 2.3](#) für weitere Einzelheiten).

Die afrikanische Sahelzone ist eine Übergangszone, die sich von Westen nach Osten durch Afrika zieht, zwischen der Sahara und dem zentralafrikanischen Regenwald. Besonders interessant an den A1b-M13-Daten ist, dass sie über die gesamte Länge der Sahelzone ein klines Muster aufweisen, mit der höchsten Häufigkeit in Ostafrika. Diese Beobachtung unterstützt die Position, dass die geografischen Ursprünge der nilo-saharanischen Sprachen in dieser Region liegt. Eine weitere

Unterstützung für diese Position ergibt sich aus einer 2010 von Gomes und anderen veröffentlichten Studie. In dieser Studie analysierten die Forscher A1b-M13-Daten und schätzten, dass die nilo-saharanischen Populationen vor etwa 15.000 Jahren entstanden sind. Darüber hinaus wurde in derselben Studie festgestellt, dass sich innerhalb der nilo-saharanischen Sprachfamilie der östlich- nilotische und der westlich- nilotische Zweig vor 4.000 bis 6.000 Jahren auseinanderentwickelten und ausbreiteten. Diese Datierungen sind wichtig, um die Sahelzone als geografischen Ursprungsort der nilo-saharanischen Sprachen zu definieren, da sie gut mit den Klimaveränderungen korrelieren, die in der Sahelzone während des frühen Holozäns zwischen 10.500 und 7.300 Jahren stattfanden.

Während des Holozäns, das vor etwa 12.000 Jahren begann, führten wärmere Temperaturen zum Rückzug der Eisgletscher auf der gesamten Nordhalbkugel. Weiter südlich löste der Beginn des Holozäns eine vorübergehende, aber dramatische Veränderung in der Wüste Sahara in Nordafrika aus, die 3.000 Jahre andauerte. Normalerweise ist dieses Gebiet eine der unwirtlichsten Regionen der Welt, mit kilometerlangen Sanddünen, Temperaturen von fast 50 Grad Celsius und ohne Niederschläge. Vor etwa 10.000 Jahren kam es jedoch infolge des globalen Klimawandels zu Monsunregenfällen in der Region. Während dieser „feuchten Phase“ verwandelte der Regen die Wüste in ein Savannen-Ökosystem, das durch Grasland und weit auseinander stehende Bäume gekennzeichnet war. Außerdem entstanden durch den Monsunregen Flüsse und Seen, die Jäger und Sammler in die Region lockten.

Abbildung 2.2: Buschmann-Jäger. Quelle: Wikipedia und Andy Maano.



Eine faszinierende Studie von Drake et al. (2011) stellt die Ergebnisse von Satellitenbildern vor. Ihre Daten bestätigten das Vorhandensein eines komplexen Systems von Flüssen und Seen, das während des frühen Holozäns in der Sahara-Wüste entstand, was Forscher aufgrund der archäologischen Aufzeichnungen schon lange vermutet hatten. Die Studie befasst sich auch mit Artefakten aus der feuchten Phase, nämlich zahlreichen mit Widerhaken versehenen Knochenspitzen, die von den Jägern und Sammlern zurückgelassen wurden, die einst in diesem komplexen System von Flüssen und Seen Nahrungsressourcen sammelten. Während der letzten feuchten Phase in der heutigen Saharawüste nutzten die Steinzeitmenschen diese Knochenspitzen, um Harpunen herzustellen. Diese technologische Anpassung ermöglichte es ihnen, sich die Nilpferde, Krokodile und Fische zu beschaffen, die hier gediehen. Drake und seine Kollegen stellen eine Karte zur Verfügung, die die Verbreitung dieser Spitzen zeigt und die gesamte Sahelzone umfasst. Die Studie legt nahe, dass die Lage dieser Artefakte eine gute Korrelation mit der

Verbreitung der nilo-saharanischen Sprachen. Um diese These zu untermauern, legen Drake und andere eine Liste von Kognaten für „Krokodil“ und „Nilpferd“ vor, die in mehreren nilo-saharanischen Sprachen vorkommen.

Kuper und Kröpelin konzentrieren sich in ihrer Studie von 2006 auf die Ostsahara und die Auswirkungen der Klimaveränderungen, die während der letzten feuchten Phase in dieser Region stattgefunden haben. Die östliche Sahara umfasst die westliche Wüste Ägyptens, den nordwestlichen Sudan und Teile von Libyen und Tschad. Interessanterweise wurde das Niltal während der feuchten Phase nicht von Menschen besiedelt, da diese Region zu „sumpfig“ war. Der Studie zufolge lebten die

Menschen westlich des Nils, in der Savanne, die vor 7.000 bis 10.000 Jahren existierte, zunächst vom Jagen und Sammeln. Später übernahmen die Menschen in dieser Region die Weidewirtschaft, das Hüten von Ziegen und Schafen, die aus dem Nahen Osten stammten, und von Rindern, die möglicherweise ihren Ursprung in Afrika haben. Vor etwa 7.300 Jahren hörte der Regen plötzlich auf, und die Region wurde fast über Nacht wieder zur Wüste. Infolge der Wüstenbildung wanderten einige Völker in das Niltal ab, wo die Region inzwischen aufgrund des trockeneren Klimas bewohnbarer geworden war. Diejenigen, die sich entlang des Nils niederließen, übernahmen später den Getreideanbau und wurden zur Gründungsbevölkerung des pharaonischen Ägyptens. Andere Völker ließen sich nicht am Nil nieder, sondern entkamen der Wüstenbildung in der Sahara, indem sie in den Sudan und später nach Ostafrika auswanderten.

Die obige Erörterung der Studie von Kuper und Kröpelin aus dem Jahr 2006 unterstützt die Idee, dass die derzeitige Verbreitung der nilo-saharanischen Sprachen möglicherweise ein Produkt des Klimawandels ist, der in der Sahara-Wüste vor etwa 7.000 Jahren stattfand, als sich dieses Gebiet von einem Savannen-Ökosystem in eine trockene Wüste verwandelte. Die Ursprünge dieser Sprachfamilie scheinen mit den Ursprüngen der ostafrikanischen Viehzucht verbunden zu sein. Diese Subsistenzstrategie ist die traditionelle Ernährungsweise, die bei vielen nilo-saharanischen sprechenden Völkern wie den Dinka und Maasai dokumentiert ist.

Die A1b-M13-Daten könnten auch die Position unterstützen, dass Niger-Kongo- und nilo-saharanische Sprachen aus einer gemeinsamen Proto-Sprache hervorgegangen sind. Dieses Thema wurde von dem Forscher Roger Blench in einer unveröffentlichten Arbeit von 2006 mit dem Titel *The Niger-Saharan Macrophylum* untersucht. Alternativ dazu unterstützen die Daten einfach eine unabhängige Entwicklung von Niger-Kongo- und nilo-saharanischen Sprachen zu einem Zeitpunkt, der zufällig nach der Wüstenbildung in Nordafrika liegt. Was nun A1b-M13 und die afroasiatischen Sprachen, könnten die Daten die These stützen, dass einige nilo-saharanische Populationen nach der Ankunft des südwestasiatischen Agrarpakets zum Afroasiatischen wechselten. Diese Diskussion wird in Kapitel 5 fortgesetzt.

Abschnitt 7. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe A.

Die Ursprünge der Haplogruppe A reichen bis zum Y-Chromosom Adam zurück. Die Mutationen A1b-V50 und A1b-M51 geben Aufschluss über die Vorgeschichte der sogenannten Khoisan-Sprachfamilien. Die Khoe-Kwadi, Kx'a, und Tuu sind sprachliche Relikte der afrikanischen Mittelsteinzeit und der Entstehung des modernen menschlichen Verhaltens und Erkennens. Die A1b-M13-Daten hingegen helfen bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der nilo-saharanischen, Niger-Kongon und afroasiatischen Sprachfamilien. Diese Mutation deutet zusammen mit archäologischen und klimatologischen Daten darauf hin, dass sich das Nilo-Saharanische und Niger-Kongo in der Sahelzone am Ende der letzten feuchten Phase entwickelt haben könnten. Schließlich legen die A1b-M13-Daten nahe, dass die afroasiatischen Sprachen Afrikas ein neolithischer „Import“ aus Südwestasien sind (siehe Kapitel 5 und 11 für weitere Einzelheiten).

Kapitel 3: Haplogruppe B-M60.

Abschnitt 1. Die Evolutionsgeschichte der B-M60-Mutation.

Nach Poznik et al. (2016) entwickelte sich die Haplogruppe B-M60 vor etwa 100.000 Jahren. Wie die Haplogruppe A (siehe Kapitel 2) entwickelte sich die Haplogruppe B-M60 und blieb in Afrika. Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 3.1 verwiesen](#), die einen phylogenetischen Überblick über diese Haplogruppe und ihre informativen nachgeschalteten Varianten, die B1a-M150- und B1b-M112-Mutationen, gibt. Beide Marker haben sich vor etwa 50.000 Jahren entwickelt (siehe Barbieri et al. 2016).

Abschnitt 2. Aktuelle Verteilung von B-M60-Mutationen.

2.1. Überblick.

Sprachliche Variationen und traditionelle Subsistenzstrategien innerhalb Afrikas helfen bei der Darstellung der Daten der Haplogruppe B-M60. In diesem Abschnitt werden daher Daten für die folgenden Gruppen vorgestellt: nicht-bantoide Bauern, Bantoiden-Bauern, Pygmäen-Jäger und -Sammler, Khoisan-Jäger und -Sammler, Hadza-Jäger und -Sammler, Sandawe-Jäger und -Sammler, nilo-saharanische Bauern und afroasiatische Bauern. Um sich nun auf die sprachliche Vielfalt in Afrika zu konzentrieren, wird der Leser auf die Sprachkarte von Afrika in Kapitel 2 und Abbildung 2.1 verwiesen. Wie aus der Karte hervorgeht, umfasst die sprachliche Vielfalt in Afrika die afroasiatischen, nilo-saharanischen und Niger-Kongo Sprachfamilien sowie die Makrofamilie der Khoisan-Sprachen. Die sprachliche Vielfalt in Afrika umfasst auch die Hadza und Sandawe, zwei isolierte Sprachen, die in Tansania vorkommen. Zusammen mit den Khoisan haben sie Klickkonsonanten, einen einzigartigen Sprachlaut innerhalb des phonemischen Inventars.

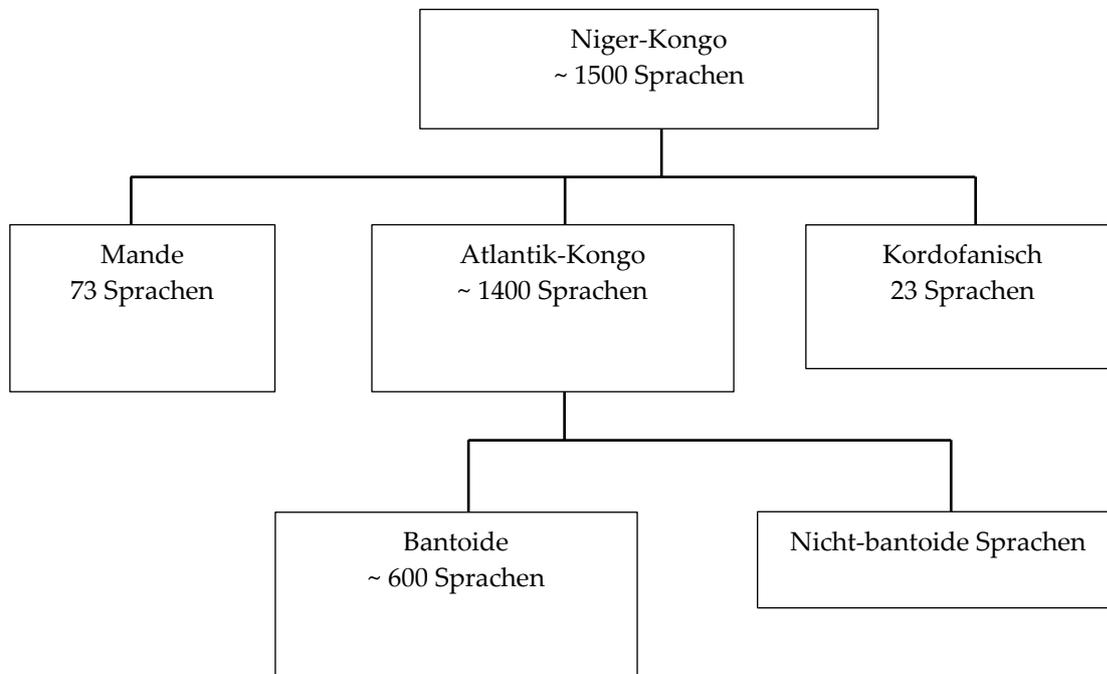
Was nun die traditionellen Subsistenzstrategien in Afrika betrifft, so bestehen diese aus Weidewirtschaft, Jagen und Sammeln oder sesshaftem Getreideanbau. Das Hüten von Ziegen und Schafen ist ein wichtiges kulturelles Überbleibsel der afroasiatischen Sprachen im nördlichen Afrika dar. Viehwirtschaft wird von vielen nilo-saharanischen sprechenden Populationen im östlichen Afrika praktiziert. Bei den Hadza und Sandawe in Tansania, den Khoisan des südlichen Afrikas und den Pygmäen des zentralafrikanischen Regenwaldes ist das Jagen und Sammeln die traditionelle Subsistenzstrategie. Schließlich sind die Ursprünge und die Ausbreitung der Niger-Kongo Sprachen im subsaharischen Afrika auf den Anbau von Hirse und Sorghum zurückzuführen.

2.2. Nicht-bantoide Landwirte.

Innerhalb der Niger-Kongo-Sprachfamilie wird eine Diskussion der Daten der Haplogruppe B-M60 durch eine Unterscheidung zwischen bantoiden und nicht-bantoiden Sprachen aufgeklärt. Die Niger-Kongo-Sprachfamilie umfasst etwa 1.500 Sprachen, die in drei Hauptzweige unterteilt sind: das Mande, Kordofanische und Atlantik-Kongo. Laut *Ethnologue* (2016) sind die 73 Sprachen des Mande-Zweigs im zentralen Westafrika konzentriert. Dieselbe Quelle verortet die 23 kordofanische Sprache im Südsudan, und als solche nehmen sie eindeutig eine „Ausreißer-Position“ innerhalb der geografischen Verteilung der Niger-Kongo-Sprachfamilie ein. Die übrigen Niger-Kongo-Sprachen (laut *Ethnologue* etwa 1.400) gehören zum Atlantik-Kongo-Zweig. Diese Sprachen erstrecken sich von Nigeria bis

Südafrika. In den zahlreichen und komplexen Unterzweigen von Atlantisch-Kongo sind etwa 600 Sprachen eingebettet, die von *Ethnologue* (2016) als „Bantoide“ klassifiziert werden. Die übrigen 800 Atlantisch-Kongo-Sprachen werden in dieser Diskussion als „Nicht-Bantoide“ bezeichnet.

Abbildung 3.1. Vereinfachter Überblick über die Niger-Kongo Sprachfamilie. Quelle: *Ethnologue* 2018.



Jetzt konzentrieren wir uns nun auf nicht-bantoide Bauern, wie das Yoruba in Benin und die Fali in Kamerun. Das Vorhandensein der B2a-M150-Mutation in diesen Populationen stellt eine wichtige Beobachtung dar, die linguistische und anthropologische Sichtweisen unterstützt, die West-Zentralafrika als Urheimat der Niger-Kongo Sprachen identifizieren. Die B2a-M150-Mutation war in West-Zentralafrika unter den Atlantik-Kongo-Sprechern vor der Ausbreitung der Bantu-Bauern vorhanden. Siehe auch Scozzari et al. (2012) und Abschnitt 3 (unten) für weitere Einzelheiten. Was nun den B2b-M112-Marker angeht, so erreicht diese Mutation keine signifikante Häufigkeit unter nicht-bantoiden Sprechern. Weitere Einzelheiten sind den [ergänzenden Tabellen 3.1 und 3.2 zu entnehmen](#).

2.3. Bantu-Bauern.

Wie die [ergänzende Tabelle 3.1](#) zeigt, ist die B2a-M150-Mutation eindeutig ein signifikanter Marker bei den Bantu. Außerdem ist sie im gesamten geografischen Bereich der bantoiden Sprachen zu finden, vom Ngumba-Volk in Kamerun bis zu den Zulu in Südafrika. Die B2b-M112-Mutation hingegen ist kein signifikanter Marker bei den Bantu-Bauern (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)).

2.4. Pygmäen-Jäger-Sammler.

Wie die [ergänzende Tabelle 3.2](#) zeigt, erreicht die B2b-M112-Mutation eine signifikante Häufigkeit bei den Pygmäen-Jägern und -Sammlern. Bei den Baka-Populationen in Gabun und Kamerun zum Beispiel liegt die gemeldete Häufigkeit bei 60 Prozent oder mehr. Eine ähnliche Zahl wird bei den Mbuti in der Kongo-Region. Eine signifikante Häufigkeit der B2b-M112-Mutation findet sich auch bei den Aka in der Zentralafrikanischen Republik und den Gyele in Kamerun. Noch einmal zur [ergänzenden Tabelle 3.1](#): Die B2a-M150-Mutation scheint bei den Pygmäen kein signifikanter

Marker zu sein.

2.5. Khoisan Jäger und Sammler.

Wie bereits in Kapitel 2 erwähnt, sind die Khoisan die Nachkommen von vorlandwirtschaftlichen Jägern und Sammlern, die sich auf dem afrikanischen Kontinent entwickelt haben und dort geblieben sind. Die B2a-M112-Mutation erreicht bei den Khoisan eine signifikante Häufigkeit (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)). Die B2a-M150-Mutation hingegen scheint kein signifikanter Marker für die Khoisan zu sein, außer für das $||$ Gana Volk von Botswana (siehe [ergänzende Tabelle 3.1](#)). Bei den $||$ Gana erreicht die Mutation eine verblüffende Häufigkeit von 79 Prozent. Dies ist ein Thema für zukünftige Untersuchungen. Vielleicht ist es bei den Damara in Namibia eine Bantu-Gruppe, die zu einer Khoisan-Sprache wechselte (siehe Rocha und Fehn 2016). Unter den anderen Khoisan-Populationen, für die Daten verfügbar sind, erreicht das B2a-M150 eine niedrige bis mittlere Häufigkeit. Eine mögliche Quelle für diese Mutationen bei diesen Khoisan-Gruppen ist der Genfluss von Bantu-Männern, die Teil der Khoisan-Gruppen wurden.

2.6. Hadza und Sandawe Jäger und Sammler.

Die Hadza und die Sandawe in Tansania zählen, wie bereits erwähnt, zu den afrikanischen Populationen, die eine isolierte Sprache sprechen. In beiden Populationen erreicht die B2b-M112-Mutation ebenfalls eine signifikante Häufigkeit und ist bei etwa der Hälfte der Hadza und einem Drittel der Sandawe vorhanden (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)). Die B2a-M150-Mutation erreicht jedoch in beiden Populationen keine signifikante Häufigkeit (siehe [ergänzende Tabelle 3.1](#)).

2.7. Nilo-Sahara Landwirte.

Überraschenderweise erreicht die B2a-M150-Mutation eine signifikante Häufigkeit in einigen nilo-saharanischen Populationen: 50 Prozent der Alur (Kongo-Region), 22 Prozent der Luo (Kenia), 17 Prozent der Ng'arkarimojong in Uganda (siehe [ergänzende Tabelle 3.1](#)). Die B2b-M112-Mutation hingegen erreicht bei den nilo-saharanischen Populationen keine signifikante Häufigkeit (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)).

Es sei darauf hingewiesen, dass eine erneute Sequenzierung der von Hassan et al. (2008) gewonnenen B-M60-Daten möglicherweise mehr B2a-M150- oder B2b-M112-Daten für nilo-saharanische Populationen ergeben könnte.

2.8. Afroasiatische Landwirte.

Mit der möglichen Ausnahme der kuschitischen Sprechern in Tansania stellt die B2b-M112-Mutation keinen signifikanten Marker für die afroasiatischen Populationen in Afrika dar (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)). Was nun B2a-M150 betrifft, so ist diese Mutation bei den afroasiatischen sprechenden Populationen praktisch nicht vorhanden (siehe [ergänzende Tabelle 3.1](#)).

2.9. Erhebungsfehler.

Es sei darauf hingewiesen, dass auch bei den derzeit verfügbaren Y-Chromosom-Daten für Afrika ein Erhebungsfehlerproblem darstellen könnte. Die in den [ergänzenden Tabellen 3.1](#) und [3.2](#) angegebenen Daten wurden aus Populationen extrapoliert, für die in vielen Fällen eine relativ kleine Anzahl von Proben für die Sequenzierung gesammelt wurde. Daher spiegeln die angegebenen Mutationshäufigkeiten möglicherweise nicht die tatsächliche Häufigkeit innerhalb der Gruppe wider. Der Mangel an afrikanischen Daten steht in scharfem Kontrast zu anderen Regionen der Welt, insbesondere Europa oder Ostasien, wo Hunderte von Proben aus einer einzigen Population

sequenziert werden, um Daten zu erhalten. Schließlich ist zu betonen, dass Afrika über eine enorme kulturelle und sprachliche Vielfalt verfügt. Die **ergänzenden Tabellen 3.1 und 3.2 geben** nur einen winzigen Teil dieser Vielfalt wieder. Es bleibt zu hoffen, dass die Zukunft mehr Daten für den Kontinent bringen wird.

Abschnitt 3. Die Ausbreitung der Bantu und die Sprachverschiebung bei den Pygmäen.

Offensichtlich werden mehr genetische Daten aus afrikanischen Populationen benötigt. Trotz dieses Handicaps weisen die verfügbaren Daten der Haplogruppe B-M60 die B2b-M112-Mutation als eine genetische Signatur von Jäger- und Sammlerpopulationen in Afrika aus. Die B2a-M150-Mutation hingegen ist ein genetisches Relikt der Ausbreitung der Bantu durch den zentralafrikanischen Regenwald (für weitere Details siehe Berniell-Lee 2009; Batini et al. 2011).

Die B2a-M150- und B2b-M112-Mutationen helfen bei der Bewertung des männlichen Genflusses zwischen den Bantu-Bauern und den Jäger-Sammler-Populationen Afrikas. Diese Daten zeigen Faktoren auf, die zu einer massiven Sprachverschiebung bei den Pygmäen beigetragen haben. Es ist wichtig zu wissen, dass die Pygmäen als Jäger und Sammler den zentralafrikanischen Regenwald lange vor der Ankunft der Bauern bewohnten. Als sich der Ackerbau schließlich in dieser Region ausbreitete, starben die Sprachen der Pygmäen aus, weil sie zur Sprache der Bauern übergingen, mit denen sie in Kontakt gekommen waren. In den meisten Fällen wechselten sie zu einer bantoiden Sprache. Doch die Mbuti sprechen jedoch nilo-saharanische Sprachen, die vermutlich auf ein unabhängiges Eindringen von nilo-saharanischen Völkern aus dem Sudan in den zentralafrikanischen Regenwald zurückgehen. In ähnlicher Weise sprechen die Baka eine nicht-bantoiden Sprache aus der Niger-Kongo Familie, die vermutlich aus einer Ausbreitung von Ubangi-sprechenden Bauern in den Regenwald.

Das Urheimatland der Niger-Kongo-Sprachfamilie und der Bantu-Bauern erstreckt sich über die heutige Grenze zwischen Nigeria und Kamerun (Grollemund et al. 2015). Wie Abbildung 3.2 (unten) zeigt, beginnt an diesem Ort ein ökologischer Übergang. Die Savanne West-Zentralafrikas geht schließlich in den Regenwald Zentralafrikas über. Die Ausbreitung der Bantu in den Regenwald ist mit klimatischen Veränderungen verbunden, die vor etwa 4.000 Jahren stattfanden. Laut Maley et al. (2018) kam es im Golf von Guinea zu einer plötzlichen Abkühlung der Meeresoberflächentemperatur. Dadurch änderte sich das Muster des Monsunregens, und am nördlichen Rand des Regenwaldes begann Savanne zu entstehen. Bostoen et al. (2015) zufolge veranlasste das Aufkommen der Savanne am nördlichen Rand die Menschen aus der Niger-Kongo-Urheimat nach Süden zu wandern. Wie in derselben Studie beschrieben, tauchte vor etwa 2.500 Jahren in Teilen des Regenwaldes selbst Savanne auf. Dies erleichterte die Ausbreitung in die Region. Innerhalb der Region waren die Bantus in der Lage, entlang des ausgedehnten Flussnetzes durch den Regenwald zu navigieren. Außerdem konnten die Bantu-Bauern die Savannengebiete innerhalb des Waldes für den Getreideanbau nutzen. Die primären afrikanischen Getreidesorten, die von diesen Bauern angebaut wurden, waren Perlhirse, Fingerhirse und Sorghum (z. B. Crowther et al. 2017).

Wie bereits erwähnt, waren die Pygmäen Sammler und Jäger im zentralafrikanischen Regenwald lange vor der Ankunft der Bantu-Bauern. Der Begriff „Pygmäen“ beschreibt 20 verschiedene Gruppen, wie die Aka, Baka und Mbuti. Sie haben ein ungewöhnliches körperliches Merkmal (oder einen Phänotyp), das sich durch eine kurze Statur auszeichnet. Serge Bahuchet (2012) legt eine nützliche anthropologische Studie über Pygmäen und Bantu-Bauern vor. Einigen mündlichen Überlieferungen zufolge führten die Pygmäen die Bantu-Bauern, als diese schließlich in den Regenwald eindringen (vor etwa 3.000 Jahren), zunächst durch die „Waldwelt“. Nachdem die Bauern Gebiete des Regenwaldes kultiviert hatten, trieben sie häufig Handel mit nomadischen oder halbnomadischen Pygmäengruppen, um ein „gemeinsames Ökosystem“ zu nutzen.

Abbildung 3.2. Biodiversität in West- und Zentralafrika. Hinweis: Die Abbildung zeigt die ökologische Vielfalt und die Übergänge von der Sahara-Wüste im Norden zum Regenwald im Süden.



In seinem Bericht aus dem Jahr 2012 untersucht Bahuchet auch den sprachlichen Abstand zwischen den heutigen Pygmäengruppen und ihren engsten landwirtschaftlichen Nachbarn. Dies erklärt, wie die Pygmäen ihre Sprache gewechselt haben. In einigen Fällen ist der sprachliche Abstand sehr gering, was wiederum darauf hindeutet, dass beide Gruppen über einen längeren Zeitraum nebeneinander gelebt haben. Ein intensiver Kontakt über einen längeren Zeitraum scheint also den Sprachwechsel bei einigen Pygmäengruppen zu erklären. In anderen Fällen jedoch ist die sprachliche Distanz zwischen den heutigen Bauern- und Pygmäengruppen groß, obwohl beide Gruppen nebeneinander leben. Darüber hinaus wird der zeitgenössische Austausch zwischen diesen benachbarten Pygmäen- und Bantu-Bauerngruppen häufig eher durch Zweisprachigkeit als durch einen Sprachwechsel auf Seiten der Pygmäen begünstigt. Um diese Beobachtung zu erklären, führt Bahuchet Beispiele von sprachlich nahen Pygmäen- und Bantu-Bauerngruppen an, die heute in beträchtlicher geografischer Entfernung - manchmal mehrere hundert Kilometer - voneinander getrennt sind. Bahuchet zufolge deutet dies darauf hin, dass die beiden Gruppen irgendwann in der Vergangenheit gemeinsam gewandert sind, vielleicht entlang eines Flusses, und sich dann getrennt haben. Der Kontakt mag zwar intensiv gewesen sein, doch die Dauer des Kontakts war möglicherweise relativ kurz.

Wie bereits erwähnt, wechselten die Pygmäen zur Sprache der Bantu-Gruppen, auf die sie gestoßen waren. Häufig geht dem Sprachwechsel eine Periode intensiven Kontakts zwischen zwei Gruppen voraus, in der die soziale Stellung der einen Gruppe als prestigeträchtiger wahrgenommen wird als die der anderen Gruppe. Die Y-Chromosom-Beweise ([ergänzende Tabellen 3.1](#) und [3.2](#)) deuten darauf hin, dass der männliche Genfluss zwischen Bantu-Bauern und Pygmäen begrenzt gewesen zu sein scheint. Der weibliche Genfluss zwischen beiden Gruppen wurde jedoch anhand der mitochondrialen DNA gemessen, und die Ergebnisse dieses Markers sind recht interessant. Nach den verfügbaren mitochondrialen DNA-Daten (Quintana-Murci et al. 2008) hat es keinen weiblichen Genfluss von den Bantus zu den Pygmäen gegeben. Zwischen Pygmäen und Bantu-Bauern fand jedoch ein signifikanter weiblicher Genfluss statt. Dies stimmt mit den anthropologischen Aufzeichnungen überein, wie sie von Bahuchet (2012) vorgelegt wurden, wonach eine „Ware“ des Handels zwischen Bantu und Pygmäen Pygmäenbräute waren. Vielleicht hilft das Konzept der Hypergamie, den Sprachwechsel bei den Pygmäen zu erklären. Hypergamie beschreibt Situationen, in denen Frauen

Männer mit höherem sozioökonomischem Rang heiraten. Bei den Bantus und Pygmäen erklärt dies, warum Pygmäen-Frauen Bantu-Männer heirateten, während es zwischen Bantu-Frauen und Pygmäen-Männern keine Ehen gab. Noch einen Schritt weitergedacht, könnten die Pygmäen zur Sprache ihrer nächsten Bantu-Nachbarn gewechselt haben, da die Sprachen der Bauern als prestigeträchtiger galten. Dies wiederum lädt zu weiteren Forschungen ein, um Faktoren oder Aspekte von Bauernkulturen zu ermitteln, die bei Jägern und Sammlern Prestige schaffen.

Die durch Prestige motivierte Sprachverschiebung bei den Pygmäen stellt lediglich eine Arbeitshypothese dar, die wiederum Forscher dazu anregen soll, die Landwirtschaft als Mittel zur Sprachverschiebung weiter zu erforschen, ein komplexes Thema, das nicht nur in Afrika, sondern auch anderswo auf der Welt zu finden ist. An dieser Stelle sind einige wichtige Vorbehalte angebracht. Erstens ist die Menge der verfügbaren genetischen Daten, insbesondere für Pygmäen, sehr begrenzt. Außerdem hat sich die E1b-M180-Mutation als genetische Signatur der Bantu-Expansion herausgestellt (siehe Kapitel 5). Die Häufigkeit dieser Mutation bei den Pygmäengruppen bleibt jedoch ein Rätsel. Berniell-Lee et al. (2009) berichten von 20 Prozent, basierend auf kleinen Stichproben aus drei Populationen. Es werden eindeutig mehr Daten benötigt, und mehr E1b-M180-Daten für die Pygmäen könnten einen größeren Genfluss von männlichen Bantu zu Pygmäen aufzeigen, als es die B2b-M150-Mutation vermuten lässt. Dies wiederum könnte auf einen intensiveren Kontakt zwischen Bantus und Pygmäen hindeuten, ein zusätzlicher Faktor neben dem Prestige, der zu einer Sprachverschiebung geführt haben könnte.

Abschnitt 4. Sprache mit Klickkonsonanten.

Klickkonsonanten sind eine äußerst seltene Gruppe von Phonemen. Dennoch gehören sie zu den sehr produktiven Sprachlauten der sogenannten Khoisan-Sprachen des südwestlichen Afrikas. Sandawe und Hadza, zwei der isolierten Sprachen Afrikas, verwenden ebenfalls Klickkonsonanten. Dies wirft die interessante Frage auf, ob Khoisan, Sandawe und Hadza angesichts der Tatsache, dass Klickkonsonanten ein seltenes Phonem sind, eine gemeinsame linguistische Geschichte haben. Da die Hadza und Sandawe in Tansania leben und mehr als 2.000 Kilometer von den Khoisan entfernt sind, könnten sich die Klicklaute in mehreren afrikanischen Sprachen unabhängig voneinander entwickelt haben.

Die B2b-M112-Mutation hat sich zu einer informativen Haplogruppe für die Erforschung der Geschichte der afrikanischen Klicksprachen entwickelt, da sie sowohl in Khoisan Populationen als auch bei den Hadza und Sandawe (siehe [ergänzende Tabelle 3.2](#)). Knight et al. (2003) konzentrierten sich zunächst auf die B2b-M112-Variation, wie sie bei den Hadza und gemischten Khoisan-Proben gefunden wurde. Ausgehend von ihrer Analyse der B2b-M112-Mutation und der STR-Variation (Short Tandem Repeat) legt die Studie nahe, dass sich die beiden Populationen vor etwa 120.000 Jahren getrennt haben. Diese Schätzung weist jedoch eine enorme Fehlerspanne von plus/minus 40.000 Jahren auf. Tishkoff et al. (2007) haben die Untersuchung der afrikanischen Klicksprachen erweitert, indem sie die Sandawe zusammen mit einer gemischten Khoisan-Stichprobe und einer Stichprobe der Hadza einbezogen haben. Auf der Grundlage der Analyse der B2b-M112-Mutation und der Variation der kurzen STR-Variation schätzten sie, dass sich Khoisan, Sandawe und Hadza vor etwa 35.000 Jahren von einer Stammpopulation getrennt haben. Mit einer Fehlermarge von plus/minus 4.000 Jahren ist ihre Schätzung genauer als die von Knight et al. (2003).

Die Bedeutung der Studien von Knight et al. (2003) und Tishkoff et al. (2007) besteht darin, dass Klickkonsonanten eine erhebliche zeitliche Tiefe aufweisen. Diese Konsonanten könnten ein sprachliches Relikt aus der mittleren Steinzeit in Afrika sein. Beide Studien kamen zu dem Schluss, dass sich dieser Sprachlaut nicht unabhängig von den Hadza, Sandawe, und Khoisan entwickelt hat, da Klickkonsonanten ein besonders seltenes Phonem sind. Klickkonsonanten sind vielmehr ein linguistisches Artefakt einer alten Vorfahrenpopulation, von der alle drei Populationen abstammten.

Beide Studien deuten darauf hin, dass sich die Klicklaute ursprünglich zur Unterstützung der Jäger bei der Jagd auf Wild entwickelt haben und später zu den ersten kontrastiven Konsonanten wurden.

Güldemann und Stoneking veröffentlichten 2008 einen Bericht, der die von Tishkoff et al. (2007) vorgelegten Ergebnisse in Frage stellt. Sie behaupten, dass die Forscher ihre Schlussfolgerungen auf der Grundlage unzureichender Informationen gezogen haben und dass andere Faktoren für die Klickkonsonanten in afrikanischen Sprachen verantwortlich sein könnten, z. B. unabhängige Innovationen oder Sprachkontakt. Das Argument des Sprachkontakts wird sicherlich von Xhosa unterstützt, einer Niger-Kongo-Sprache Südafrikas, die Klickkonsonanten in ihrem phonemischen Inventar aufweist, was ungewöhnlich ist, da diese Konsonanten in dieser Sprachfamilie im Allgemeinen fehlen. In einer interessanten Studie aus dem Jahr 2016 (Rocha und Fehn) fanden Forscher eine hohe Häufigkeit von einheimischen Khoisan mtDNA-Haplogruppen unter dem Xhosa. Dies deutet darauf hin, dass eine beträchtliche Anzahl von Khoisan-Frauen durch Heirat mit Xhosa-Männern Mitglieder von Xhosa-Gemeinschaften wurden. Die mitochondrialen DNA-Daten belegen darüber hinaus, dass der Sprachkontakt die Quelle der Klickkonsonanten in der Xhosa-Sprache ist.

Die geografische Entfernung zwischen Tansania und Südafrika entkräftet jedoch den Sprachkontakt als Erklärung für das Vorhandensein von Klicks bei den Sandawe, Hadza und Khoisan. Außerdem ist die Annahme unplausibel, dass sich die Klicklaute unabhängig voneinander bei den Khoisan, Sandawe und Hadza entstanden sind. Kontrastive Klickkonsonanten sind extrem selten und kommen nur in afrikanischen Sprachen vor. Einige mögen Damin, eine spezielle Registersprache in Australien, als Beweis für die Möglichkeit einer unabhängigen Entwicklung von Klickkonsonanten anführen. Damin wird jedoch von *Ethnologue* nicht als Sprache klassifiziert, und selbst wenn dies der Fall wäre, sind Klicklaute immer noch extrem selten. Ob es sich um eine gemeinsame Vorgängersprache, Sprachkontakt oder eine unabhängige Innovation handelt, ist es daher am wahrscheinlichsten, dass Sandawe, Hadza und Khoisan eine gemeinsame Vorgängersprache haben, deren Wurzeln tief in die Vorgeschichte der Sprache reichen.

Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe B-M60.

Die Mutationen B2a-M150 und B2b-M112 machen den Großteil der veröffentlichten Daten für die Haplogruppe B-M60 aus. Diese Mutationen finden sich in Afrika südlich der Sahara. Linguistisch gesehen sind die Mutationen nützliche Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der Khoisan-Makro-Sprachfamilie, der Niger-Kongo-Sprachfamilie sowie der Hadza- und Sandawe- Sprachisolate. Kulturell gesehen ist die B2a-M150-Mutation ein genetisches Relikt der Bantu-Bauern, die vor etwa 5.000 Jahren aus dem zentralen Westafrika expandierten. B2b-M112 hingegen ist die genetische Signatur der afrikanischen Jäger und Sammler. Für Linguisten bieten die Marker B2a-M150 und B2b-M112 die Möglichkeit, die Theorie des Sprachkontakts und insbesondere die Landwirtschaft als ein Faktor für Sprachverschiebungen zu untersuchen. Schließlich bietet der Marker B2b-M112 die Möglichkeit, die Geschichte der so genannten Klicksprachen zu erforschen. Sind Klick-Konsonanten das älteste Phonem?

Kapitel 4: Haplogruppe D-M174.

Abschnitt 1. Die Evolutionsgeschichte der Mutation D-M174.

1.1. Überblick.

Der Leser wird gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel anzusehen. Sowohl die Haplogruppe E-M96 als auch die Haplogruppe D-M174 divergieren von der DE-M145-Paragruppe. Poznik et al. (2016) vermuten, dass dies vor etwa 67.000 Jahren geschah. Interessanterweise war die DE-M145-Mutation einer der ersten Y-Chromosom-Polymorphismen, die entdeckt wurden (Hammer 1994). Eines der Unterscheidungsmerkmale dieser Mutation und ihrer nachgeschalteten Varianten, der Haplogruppen D-M174 und E-M96, ist das Vorhandensein eines einzigartigen Alu-Insertionspolymorphismus. Dies erklärt, warum DE-M145, D-M174 und E-M96 in der Literatur manchmal als positiv für den Y Alu Polymorphismus (oder YAP+) bezeichnet werden.

Aus der [ergänzenden Abbildung 1.1](#) geht auch hervor, dass sich die Paragruppe DE-M145 aus der Paragruppe DR-M168 entwickelt hat, der Vorläufermutation aller Haplogruppen, die außerhalb Afrikas entstanden sind. Neben den Haplogruppen D-M174 und E-M96 entstanden außerhalb Afrikas Haplogruppen C1-F3393, C2-M217, G-M201, H-M2713, I-M170, J-M304, L-M20, T-M184, M-P256, S-B254, N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207. Der Begriff „außerhalb Afrikas“ impliziert natürlich, dass sich diese Haplogruppen von den Haplogruppen A und B-M60 unterscheiden, die sich in Afrika entwickelt haben und dort verblieben sind. Als solche vermitteln die Haplogruppen A und B-M60 die Geschichte der menschlichen Evolution in Afrika (siehe Kapitel 2 und 3), während die außerhalb Afrikas entstanden Haplogruppen die genetischen Überbleibsel der menschlichen Kolonisierung Eurasiens, Australiens, Amerikas und Ozeaniens sind, die vor etwa 60.000 Jahren begann.

1.2. Überblick über die Zeitstandards.

Eine Erörterung der Evolutionsgeschichte der Mutation D-M174 erfordert eine Diskussion über den Exodus aus Afrika, der vor etwa 130.000 Jahren stattfand. Der Leser wird nun gebeten, sich Tabelle 4.1 (unten) anzusehen, die einen Überblick über die Zeitstandards gibt, die zur Erörterung der Entwicklung der Y-Chromosomvielfalt außerhalb Afrikas verwendet werden. Der Begriff „Sauerstoff-Isotopenstufe“ ist von den Geowissenschaftlern entlehnt und hilft bei der Diskussion von Klimadaten. So erleichterten beispielsweise die verbesserten klimatischen Bedingungen zu Beginn des 5. Sauerstoff-Isotopenstufe vor etwa 130.000 Jahren den Exodus aus Afrika. Der Begriff Holozän stammt aus der Geologie und ist nützlich, um Daten über das Ende der letzten Eiszeit vor etwa 12.000 Jahren zu präsentieren. Begriffe wie Paläolithikum, Mesolithikum und Neolithikum stammen aus dem Bereich der Archäologie und sind nützlich für Daten, die sich auf technische Errungenschaften beziehen. Im Neolithikum kam zum Beispiel der Ackerbau auf, und viele der großen Sprachfamilien breiteten sich aus, weil diese kulturelle Anpassung den Fortpflanzungserfolg erheblich verbesserte.

1.3. Überblick über paläoklimatologische Konzepte.

Die folgende Erörterung der letzten Eiszeit und des gegenwärtigen Holozäns liefert notwendige Hintergrundinformationen, die eine Diskussion über die heutige Y-Chromosomvielfalt erleichtern. So ist beispielsweise die kulturelle Tradition der amerikanischen Ureinwohner mit dem

Aussterben der großen Pflanzenfresser zu Beginn des Holozäns verbunden (siehe Kapitel 17).

Tabelle 4.1. Übersicht der Zeitstandards, die eine Diskussion der prähistorischen Daten tragen.

Datum	Geowissenschaft	Geologie	Archäologie	Kommentare
Vor 130.000 Jahren.	Die 5. Sauerstoff-Isotopenstufe beginnt.	Das Pleistozän beginnt vor 2,6 Millionen Jahren.	Das Paläolithikum setzt sich vor 2,6 Millionen Jahren fort.	Der Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe fällt mit dem Beginn der letzten Eiszeit zusammen. Der Menschenstamm wandert aus Afrika in die Levante aus.
Vor 71.000 Jahren.	Die 4. Sauerstoff-Isotopenstufe beginnt.	Das Pleistozän geht weiter.	Das Paläolithikum geht weiter.	Der Beginn der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe fällt mit dem Ausbruch des Toba in Indonesien zusammen. Der menschliche Stamm gerät in einen genetischen Engpass.
Vor 57.000 Jahren.	Die 3. Sauerstoff-Isotopenstufe beginnt.	Das Pleistozän geht weiter.	Das Paläolithikum geht weiter.	Günstige Wetterbedingungen treiben die Ausbreitung der Menschen in ganz Eurasien voran.
Vor 29.000 Jahren.	Die 2. Sauerstoff-Isotopenstufe beginnt.	Das Pleistozän geht weiter.	Das Paläolithikum geht weiter.	Der Beginn der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe fällt mit dem letzten glazialen Maximum zusammen. Der Klimawandel im späten Pleistozän treibt die menschliche Ausbreitung nach Amerika voran.
Vor 12.000 Jahren.	Die 1. Sauerstoff-Isotopenstufe beginnt.	Das Holozän beginnt.	Das Mesolithikum beginnt. Das Neolithikum beginnt mit der Einführung der Landwirtschaft.	Mit dem Beginn der ersten Sauerstoff-Isotopenstufe fallen das Holozän und Mesolithikum mit dem Ende der letzten Eiszeit zusammen. Das Mesolithikum ist die Zeit zwischen dem Paläolithikum und dem Neolithikum. Das Neolithikum markiert die Einführung der Landwirtschaft, deren Beginn von Region zu Region unterschiedlich ist.

Der Begriff „Eiszeit“ bezeichnet eine Periode, in der sich das Gletschereis über Nordeurasien ausdehnt und der Meeresspiegel weltweit sinkt, weil das Wasser im Eis eingeschlossen ist. Eiszeiten werden durch Schwankungen der Neigung und des Taumelns der Erde im Verhältnis zu ihrer Achse sowie durch eine vorübergehende Vergrößerung des Abstands zwischen der Sonne und der Erde verursacht. So sind Neigung, Taumelbewegung und Erdumlaufbahn während so genannter „Zwischeneiszeiten“ wie der aktuellen Holozän-Epoche, die vor 12 000 Jahren begann, stabil. Umgekehrt sind sie während der Eiszeiten instabiler, so auch während der letzten Eiszeit, die zwischen 130.000 und 12.000 Jahren dauerte. Schwankungen in der Neigung, dem Taumel und der Umlaufbahn der Erde führten nicht nur zu plötzlichen Schwankungen beim Vorstoß und Rückzug des Gletschereises während der letzten Eiszeit, sondern auch zu Niederschlags- und Dürreperioden, die in verschiedenen

Regionen der Welt auftraten und wieder verschwanden. Dies steht in krassem Gegensatz zu den relativ stabilen klimatischen Bedingungen im gegenwärtigen Holozän, da die Neigung der Erde, ihr Wackeln und ihre Umlaufbahn jetzt stabil sind. Folglich haben sich die Gletscher in den letzten 12.000 Jahren zurückgezogen. Als das Gletschereis schmolz, stieg der Meeresspiegel an.

1.4. Der Exodus aus Afrika.

Nach der Erörterung der prähistorischen Zeitstandards sowie der Glazial- und Interglazialperioden folgt nun eine Erörterung der menschlichen Wanderung aus Afrika. Aus klimatologischer, genetischer und archäologischer Sicht wird eine *erfolgreiche* Ausdehnung aus Afrika auf den Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe vor etwa 130.000 Jahren datiert. Die Verwendung des Begriffs „*erfolgreich*“ hilft dabei, archäologische Beweise für *erfolglose* Expansionen aus Afrika, die möglicherweise früher stattgefunden haben, zu berücksichtigen. Hershkovitz et al. (2018) berichten zum Beispiel über die Entdeckung eines menschlichen Oberkiefers in Israel, der auf die Zeit zwischen 177.000 und 194.000 Jahren datiert wird. Eine andere Studie (Harvati et al. 2019) datiert einen in Griechenland gefundenen Schädel des modernen Menschen auf etwa 210.000 Jahre vor heute. Diese frühen Ausbreitungen waren *erfolglos*, da diese Individuen nach den vorliegenden Erkenntnissen nicht zur heutigen genetischen Vielfalt des modernen Menschen beigetragen haben.

Was nun die Klimadaten angeht, so fällt der Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe mit dem Beginn der letzten Eiszeit zusammen. Dies signalisiert den Beginn instabiler Wetterbedingungen, die möglicherweise der Grund für die Migration aus Afrika waren. Daten aus einer Studie aus dem Jahr 2011 (Frumkin et al. (2011) berichten, dass es zu Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe (vor etwa 130.000 Jahren) in der Levante mehr Niederschläge gab. Diese Periode größerer Niederschläge erstreckte sich bis zum Beginn des Holozäns, also vor etwa 12.000 Jahren. Dies erklärt nicht nur, warum der *Homo sapiens* aus Afrika auswanderte, sondern auch, warum er in dieser Region während der letzten Eiszeit gedieh und überlebte.

Blome et al. liefern in ihrer Arbeit von 2012 weitere Beweise für eine Migration aus Afrika heraus während der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe. Ihre Studie ist eine Synthese aus einer enormen Menge paläoklimatologischer und archäologischer Daten aus ganz Afrika. In der Studie wird der Kontinent zu Vergleichszwecken in vier verschiedene Regionen unterteilt: Südliches Afrika, tropisches Afrika, Ostafrika und Nordafrika. Abbildung 15 der Studie veranschaulicht die Dichte der archäologischen Stätten in diesen vier Regionen im Zeitraum von vor 150.000 bis 30.000 Jahren sowie die Perioden mit trockenen und feuchten Bedingungen in diesem Zeitraum. Diese Abbildung legt nahe, dass der Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe einen dramatischen Klimawandel in Afrika auslöste. In Nordafrika gab es mehr Niederschläge, während in anderen Regionen Trockenheit herrschte. Dürre hätte die Jäger und Sammler in den afrikanischen Ländern südlich der Sahara unter einen außerordentlichen Druck gesetzt, auf der Suche nach Nahrung nach Norden zu wandern.

In einer kürzlich erschienenen Arbeit (Beyer et al. 2021) wird die Ausbreitung außerhalb Afrikas weiter beleuchtet. Die Studie enthält Computersimulationen von ökologischen und anthropologischen Daten. Eine interessante Beobachtung ist, dass der Zeitpunkt einer erfolgreichen Ausbreitung außerhalb Afrikas mit ausreichenden Niederschlägen zusammenhängen muss. Jäger und Sammler benötigen mindestens 90 Millimeter Regen pro Jahr, um zu überleben. Auf der Grundlage der klimatologischen Daten spricht die Studie für eine Ausdehnung aus Afrika heraus über die Sinai-Halbinsel zu Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe. Die Studie berichtet auch von zwei Ausbreitungsfenstern während dieses Zeitraums, in denen die klimatischen Bedingungen für die Wanderung aus Afrika heraus optimal gewesen wären: eines vor etwa 130.000 Jahren und ein weiteres vor etwa 110.000 Jahren.

Fossile Beweise sprechen auch für eine Wanderung aus Afrika in die Levante während der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe. Seit den 1930er Jahren haben Archäologen in den Höhlen von Qafzeh und

Skhul in der Nähe des Sees Genezareth in Israel mehrere Überreste von Neandertalern und frühen modernen Menschen entdeckt. Laut Oppenheimer (2012) sind diese Überreste zwischen 90.000 und 120.000 Jahre alt. Es ist zu betonen, dass einige Forscher (z. B. Mellars 2006; Oppenheimer 2012) die Überreste aus Qafzeh und Skhul als Beweis für eine *erfolglose* Wanderung aus Afrika während der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe ansehen. Jüngste paläoklimatologische Daten, die oben vorgestellt wurden (Beyer et al. 2021; Blome et al. 2012; und Frumkin et al. 2011), bieten jedoch besonders überzeugende Argumente, die die Qafzeh- und Skhul-Überreste als Beweis für eine erfolgreiche Ausreise aus Afrika zu Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe neu definieren, die mit dem Beginn der letzten Eiszeit und größeren Niederschlägen in der Levante zusammenfällt.

Wie bereits erwähnt, ist die DR-M168-Paragruppe die Vorläufermutation für alle außerhalb Afrikas entstandenen Y-Chromosom-Haplogruppen. Datierungsschätzungen von Poznik et al. (2016) legen nahe, dass sich die DR-M168-Mutation vor etwa 100.000 Jahren entwickelt hat. Diese Schätzung korreliert gut mit einer Wanderung aus Afrika heraus zu Beginn der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe und damit dem Beginn der Y-Chromosom-Diversifizierung in der Levante.

1.5. Hiatus in der Levante während der 4 Sauerstoff-Isotopenstufe.

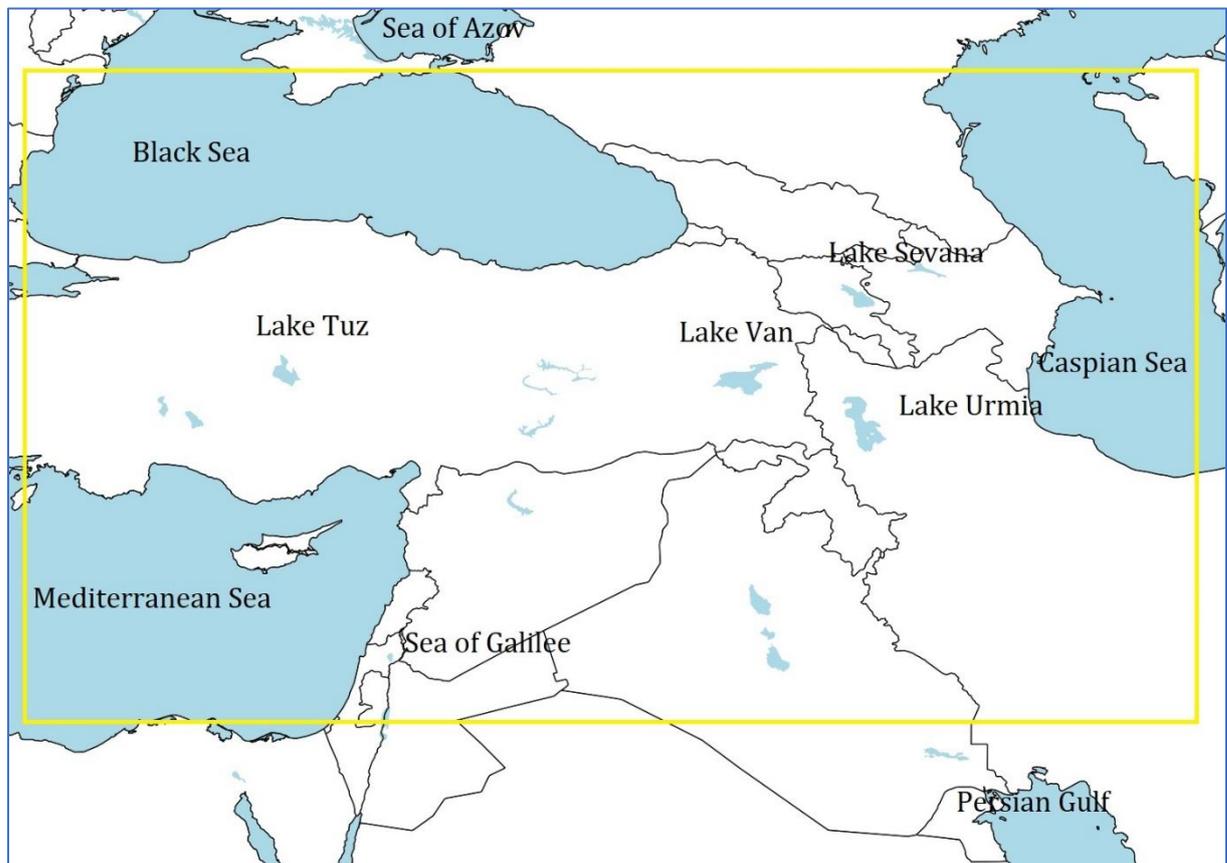
Der Leser wird gebeten, sich Abbildung 4.1 (unten) anzusehen, in der die Urheimat der nicht-afrikanischen Y-Chromosom-Diversifizierung dargestellt ist. Dieses Gebiet, das in der Abbildung unten gelb umrandet ist, beginnt am See Genezareth und erstreckt sich nach Norden bis zur Südküste des Schwarzen Meeres und der südlichen Kaukasusregion zwischen dem Schwarzen und dem Kaspischen Meer. Die anfängliche Diversifizierung der nicht-afrikanischen Y-Chromosom-Mutation in dieser Region folgt den archäologischen, genetischen und klimatischen Daten. Diese Daten stützen die Idee, dass der menschliche Stamm in dieser Region gedieh und überlebte, weil es dort reichlich Süßwasser gab.

Der Leser ist eingeladen, die Entwicklung der Y-Chromosomvielfalt von Adam bis zu den Haplogruppen D-M174 und E-M96 zu verfolgen, wie in der [ergänzenden Abbildung 1.1](#) des ersten Kapitels dargestellt. Datierungsschätzungen von Poznik et al. (2016) legen nahe, dass sich DE-M145 vor etwa 70.000 Jahren aus DR-M168 entwickelt hat. Später, vor etwa 67.000 Jahren, entwickelten sich die Haplogruppen D-M174 und E-M96 aus DE-M145. Die Evolution von DE-M145, D-M174 und E-M96 fand wahrscheinlich in der Levante statt, wie eine Synthese paläoklimatologischer, archäologischer und genetischer Daten zeigt. Wie bereits erwähnt, weisen Frumkin et al. (2011) darauf hin, dass die klimatischen Bedingungen in dieser Region für das Bevölkerungswachstum während der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe förderlich waren. Was die Fossilien betrifft, so wurde in der Manot-Höhle in Israel ein Schädelteil eines modernen Menschen gefunden, der auf mindestens 55.000 Jahre datiert wird. Dieser Schädel weist einzigartige Neandertaler-Merkmale auf, die bei den Überresten in Qafzeh und Skhul in Israel fehlen, die, wie bereits erwähnt, von Menschen stammen, die zwischen 90.000 und 120.000 Jahren gestorben sind (siehe Hershkovitz et al. 2015 für weitere Einzelheiten).

Um die Bedeutung der Neandertaler-Merkmale zu verstehen, die in den Überresten aus der Manot-Höhle gefunden wurden, sei darauf hingewiesen, dass Green et al. (2010) berichten, dass zwischen einem und vier Prozent des menschlichen Genoms aus DNA besteht, die von den Neandertalern geerbt wurde, archaischen Hominiden, die vor etwa 30.000 Jahren ausgestorben sind. Offenbar kam es zu einer gewissen Vermischung zwischen ihnen und einer kleinen Anzahl von frühen modernen Menschen (z. B. Currat et al. 2011). Außerdem berichten Green et al. (2010), dass Neandertaler-DNA nur bei Nicht-Afrikanern zu finden ist. Sie vermuten daher, dass es in der Levante zu einer Vermischung zwischen Neandertalern und Homo sapiens gekommen ist, eine Schlussfolgerung, die durch den Fossilnachweis und das bekannte Verbreitungsgebiet der Neandertaler gestützt wird. Schließlich vermuten Green et al. (2010), dass die Vermischung von Menschen und Neandertalern vor der Trennung der

Stammpopulation der Eurasier und der australischen Ureinwohner stattfand. Dies ergibt sich aus der Beobachtung, dass alle nicht-afrikanischen Populationen „statistisch ununterscheidbare“ Mengen an Neandertaler-DNA aufweisen (Reich et al. 2011).

Abbildung 4.1. Die Urheimat der nicht-afrikanischen Y-Chromosom-Diversifizierung (das von dem gelben Rechteck umschlossene Gebiet).



Beweise für eine Vermischung von Neandertalern und Menschen in der Levante während der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe untergraben eine neuere Studie (Hallast et al. 2021), die Ostasien als Ursprung der nicht-afrikanischen Y-Chromosomvielfalt identifiziert, zu der auch die Haplogruppe D-M174 gehört. Der Fairness halber sollte angemerkt werden, dass ihre Position möglicherweise durch die archäologischen Aufzeichnungen gestützt wird. Liu et al. berichten in ihrer Veröffentlichung von 2015 über die Entdeckung von 47 menschlichen Zähnen, die sie mit Sicherheit auf die Zeit zwischen 80.000 und 120.000 Jahren datieren. Diese Überreste wurden in der Fuyan-Höhle in Südchina gefunden. Westaway et al. (2017) berichten über fossile menschliche Zähne, die in der Lida-Ajer-Höhle auf Sumatra gefunden wurden und auf ein Alter zwischen 73.000 und 63.000 Jahren datiert werden. Die von Hallast et al. (2021) vertretene Position ist jedoch problematisch, da Ostasien außerhalb des bekannten Verbreitungsgebiets der Neandertaler liegt. Aus diesem Grund können sich zeitgenössische nicht-afrikanische Y-Chromosom-Mutationen nicht in dieser Region der Welt entwickelt haben. Vielmehr gehörten die Überreste aus der Fuyan-Höhle und Sumatra zu Individuen, die nicht zur genetischen Vielfalt des heutigen Menschen beigetragen haben. Möglicherweise lässt sich dies durch Engpässe und das Aussterben von Populationen erklären, die nach der katastrophalen Explosion des Toba-Vulkans in Indonesien vor etwa 75.000 Jahren auftraten (für weitere Einzelheiten siehe Rampino et al. 2000; Wei und Li 2017).

Interessanterweise deuten die Y-Chromosom-Daten in Tabelle 4.2 (unten) darauf hin, dass die menschlichen Populationen in der Levante aufgrund des Toba-Ausbruchs einen Flaschenhals erlebten. Engpässe beschreiben eine Neugestaltung der genetischen Variation, die nach einem Beinahe-

Aussterbeereignis auftritt. Die große Lücke zwischen der Entwicklung der BR-M42- und der DR-M168-Mutation, die etwa 50.000 Jahre beträgt, sowie die Lücke zwischen DR-M168 und der darauffolgenden Entwicklung der nicht-afrikanischen Y-Chromosom-Vielfalt, die etwa 30.000 Jahre beträgt, lässt darauf schließen, dass die genetische Spur, die Afrikaner und Eurasier verbindet, teilweise ausgelöscht wurde. Darüber hinaus lässt die rasche Diversifizierung nicht-afrikanischer Mutationen, die vor etwa 67.000 Jahren stattfand, auf Folgendes schließen, dass die Populationen in der Levante sich innerhalb eines Zeitraums von etwa 10.000 Jahren von der Beinahe-Auslöschung erholten.

1.6. Ausbreitung des *Homo sapiens* durch Eurasien über eine südliche Route.

Pope und Terrell liefern in ihrer Arbeit von 2008 den ökologischen Kontext für eine südliche Küstenwanderung von der Levante nach Ostasien und darüber hinaus während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Dem Papier zufolge herrschten auf dem indischen Subkontinent während der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe kalte und trockene Bedingungen, die auch zu starken Schwankungen des Meeresspiegels führten. Solche Bedingungen hätten nicht genügend Meeresressourcen geboten, um eine menschliche Wanderung entlang der südasiatischen Küste zu ermöglichen. Während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe kehrten jedoch wärmeres Wetter und der Monsunregen zurück, und der Meeresspiegel wurde stabil. Nach Pope und Terrell (2008) erleichterten die verbesserten klimatischen Bedingungen schließlich diese Ausbreitung.

Eine Frage, die sich bei der Hypothese der südlichen Ausbreitung stellt, ist, wie der menschliche Stamm den Golf von Oman erreichte, um seine Küstenwanderung zu beginnen. Traditionell sind die Forscher davon ausgegangen, dass die Migrationen aus Afrika über das Rote Meer und das schmale Tor der Tränen, das Ostafrika und Jemen trennt, auf die Arabische Halbinsel gelangten. Dann folgte die Wanderung der Südküste der Arabischen Halbinsel und setzte an der Straße von Hormuz, einem weiteren engen Übergang, nach Südasien über. (z. B. Mellars 2006; Oppenheimer 2012). Ein Problem dieses traditionellen Modells ist, dass die fossilen und archäologischen Aufzeichnungen die menschliche Besiedlung der südlichen Arabischen Halbinsel während der letzten Eiszeit nicht belegen. (z. B. Bailey et al. 2007). Darüber hinaus steht das Modell der Ausbreitung von der Arabischen Halbinsel aus im Widerspruch zu den paläoklimatologischen Daten. Während der letzten Eiszeit hätte der Mangel an Niederschlägen die menschliche Besiedlung der Region behindert (siehe Beyer et al. 2021; Parton et al. 2015). Ein vielleicht einfacheres Szenario ist, dass der moderne Mensch während der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe zum Schwarzen und Kaspischen Meer gezogen wurde. Mit dem Beginn des wärmeren Wetters zu Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe wanderten Gruppen moderner Menschen entlang der Flüsse Euphrat und Tigris zum Persischen Golf und dann entlang der Küstenlinie Südasiens bis zu anderen Orten.

Wie bereits erwähnt, deuten die Y-Chromosom-Daten darauf hin, dass sich die Jäger und Sammler in der Levante vor etwa 65.000 Jahren von der Toba-Katastrophe erholt haben. Aus anthropologischer Sicht scheint es plausibel, dass einige dieser Jäger und Sammler in Richtung des heutigen Schwarzen Meeres gezogen sein könnten. Nach Yanchilina et al. (2019) war das Schwarze Meer zu Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe ein großer Süßwassersee. Wenn man noch einen Schritt weiter geht, könnte dieser Wasserkörper die von den Jägern und Sammlern benötigten Nahrungsressourcen geliefert haben. Darüber hinaus hätten diese Ressourcen das rasche Bevölkerungswachstum nach dem Toba-Ausbruch begünstigt, eine Beobachtung, die durch die Y-Chromosom-Daten bestätigt wird (siehe Tabelle 4.2 unten).

Kernprobandaten aus dem Schwarzen Meer könnten erklären, warum der moderne Mensch während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe aus dieser Region nach Ostasien und anderswohin abwanderte. Nach Wegwerth et al. (2021) deuten Klimadaten darauf hin, dass sich die klimatischen Bedingungen im nördlichen Anatolien vor etwa 60.000 Jahren, zu Beginn des dritten marinen Isotopenstadiums, stark veränderten. Ein Erwärmungszyklus führte dazu, dass sich die Eisgletscher in

ganz Eurasien zurückzogen. Mehr Niederschläge und das Schmelzwasser der sich zurückziehenden Gletscher ließen das Schwarze Meer anschwellen. Die Steppen in Nordanatolien wurden zu Wäldern. Es ist denkbar, dass diese Klimaveränderung einige von ihnen dazu veranlasste, sich aus Nordanatolien auszudehnen. Vielleicht führte der Klimawandel zu einem raschen Bevölkerungswachstum, und vielleicht zwang der Bevölkerungsdruck die Jäger und Sammler, anderswo Nahrung zu finden. Oder aber der Klimawandel führte zu einer Verknappung der Nahrungsressourcen und der Notwendigkeit, in eine andere Region mit reichhaltigeren Ressourcen auszuwandern; oder vielleicht wanderten die Jäger und Sammler vom Schwarzen Meer weg, um Überschwemmungen zu entgehen.

Tabelle 4.2. Entwicklung der nicht-afrikanischen Y-Chromosomvielfalt. Grün hervorgehobene Mutationen sind Haplogruppen. Quellen: Mit Ausnahme der Haplogruppen S-B254 und M-P256 stammen die Zeitschätzungen aus Poznik et al. (2016: Supplementary Table 10). Die Schätzungen für die Haplogruppen S-B254 und M-P256 stammen von Karmin et al. (2015). Hinweis: Stammbaumzeiten für die Entwicklung der Y-Chromosom-Diversität stellen immer eine grobe Schätzung dar. Sie helfen zu entschlüsseln, was plausibel ist und was nicht. Die Region, in der sich eine Y-Chromosom-Mutation entwickelt hat, basiert auf meiner Analyse der Daten.

Mutation	Durchschnittliche Stammbaumzeit aus Poznik et al. 2016 (Jahre)	Sauerstoff-Isotopenstufe (MIS)	Wo?
BR-M42	147.550	MIS 6	Afrika
DR-M168	98.150	MIS 5	Naher Osten
DE-M145	70.500	MIS 4	Naher Osten
CR-P143	70.500	MIS 4	Naher Osten
C-M130	70.050	MIS 4	Naher Osten
FR-M89	70.050	MIS 4	Naher Osten
E-M96	67.450	MIS 4	Naher Osten
D-M174	67.450	MIS 4	Naher Osten
G-M201	50.300	MIS 3	Naher Osten
H-M2713	50.100	MIS 3	Naher Osten
IJ-M429	49.250	MIS 3	Naher Osten
LR-M9	49.250	MIS 3	Naher Osten
C1-F3393	48.700	MIS 3	Naher Osten
C2-M217	48.700	MIS 3	Naher Osten
KR-M526	47.250	MIS 3	Naher Osten
LT-L298	47.250	MIS 3	Naher Osten
NO-M214	47.150	MIS 3	Zentralasien
P-M45	47.150	MIS 3	Nordeurasien
S-B254	46.750	MIS 3	Insel Südostasien
M-P256	46.750	MIS 3	Insel Südostasien
T-M184	44.650	MIS 3	Naher Osten
L-M20	44.650	MIS 3	Naher Osten
J-M304	44.150	MIS 3	Naher Osten
I-M170	44.150	MIS 3	Europa
N-M231	41.500	MIS 3	Ostasien
O-M175	41.500	MIS 3	Ostasien
Q-M242	32.500	MIS 3	Nordeurasien
R-M207	32.500	MIS 3	Nordeurasien

Die 3. Sauerstoff-Isotopenstufe begann vor 57.000 Jahren und endete vor etwa 29.000 Jahren. Während dieses Zeitraums blieb ein Teil des menschlichen Stammes in der Levante. Ein Teil wanderte jedoch ostwärts, ein anderer westwärts. Die Ausbreitung nach Osten während dieser Phase führte zur

Besiedlung Südasien, Ostasien und Australiens durch den Menschen. Zu den Ausbreitungen nach Westen gehören die Besiedlung Europas und eine Rückwanderung nach Afrika. Es ist anzumerken, dass Forscher traditionell eine einzige „südliche Ausbreitungsroute“ an der Küste favorisiert haben, die die menschliche Expansion nach Ostasien und Australien definiert (z. B. Mellars 2006; Stoneking und Delfin 2010; Oppenheimer 2012). Jüngste genetische und archäologische Beweise deuten jedoch auf eine zweite „nördliche Route“ hin, ein Thema, das in Kapitel 6 ausführlicher behandelt wird.

Was nun die südliche Ausbreitungsroute betrifft, so vermuten Pope und Terrell (2008), dass sich diese Wanderung zunächst entlang der südasiatischen Küste nach Osten ausbreitete. Wichtige archäologische Belege für diese Position stammen von Artefakten und menschlichen Überresten, die in der Fa-Hien Lena-Höhle in Sri Lanka entdeckt wurden (Wedage et al. 2019). Diese Daten belegen die Anwesenheit des *Homo sapiens* in Südasien bis vor mindestens 45.000 Jahren. Pope und Terrell (2008) vermuten außerdem, dass die südliche Ausbreitungsmigration in Südostasien am Pazifischen Ozean in eine geografische Sackgasse geriet. Archäologische Untersuchungen in der Ta Pa Ling-Höhle im Norden von Laos belegen diese These. Laut Demeter et al. (2012) stammen diese Überreste von einem Individuum, das vor etwa 45.000 Jahren starb.

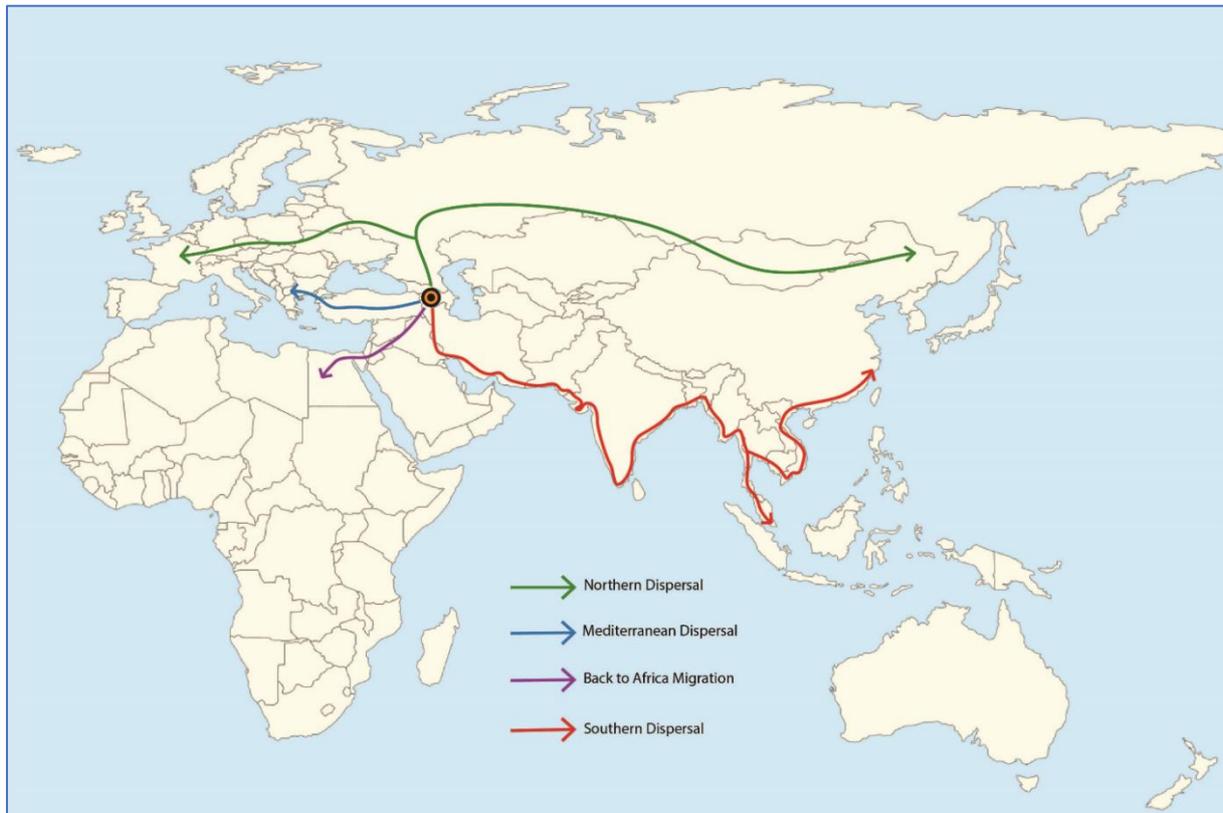
Nachdem Menschen die geografische Sackgasse in Südostasien erreicht hatten, wanderten einige von ihnen südwärts nach Sunda und Sahul und dann nach Australien. Wichtige archäologische Belege für diese Ausbreitung stammen vom Mungo-See in Australien und von modernen menschlichen Überresten, die auf mindestens 46.000 Jahre vor heute datiert werden (siehe Bowler et al. 2003). Genetische Relikte der Ausbreitung nach Sahul sind die stromabwärts gelegenen Varianten der Haplogruppen C1-F3393 (siehe Kapitel 6) sowie die Haplogruppen M-P256 und S-B254 (siehe Kapitel 14). Im Gegensatz zu den Haplogruppen C1-F3393, M-P256 und S-B254 haben sich Populationen mit der Mutation D-M174 jedoch auch von Südostasien entlang der Pazifikküste nach Norden ausgebreitet.

1.7. Ausbreitung von D-M174 und *Homo sapiens* nach Ostasien.

Die archäologischen Aufzeichnungen und die alten Y-Chromosomdaten weisen die Haplogruppe D-M174 als ein genetisches Relikt der Ausbreitung des modernen Menschen nach Ostasien über die südliche Route aus. Die verfügbaren alten Y-Chromosom-Daten sind in der [ergänzenden Tabelle 4.1](#) zusammengefasst. Ein Teil der Daten in der Tabelle wurde von McColl et al. (2018) berichtet. Die Forscher sequenzierten die Haplogruppe D-M174 aus den Überresten eines Menschen, der vor etwa 4.000 Jahren in Malaysia starb. Kulturell werden die Überreste mit der Hoabinhian-Tradition in Verbindung gebracht. Higham (2013) bietet einen nützlichen Überblick über diese Tradition. Der Begriff *Hoabinhian* stellt eine allgemeine Beschreibung von Jägern und Sammlern in Südostasien dar, die in dieser Region vor dem Beginn des Neolithikums lebten. Darüber hinaus finden sich archäologische Belege für die Hoabinhian-Tradition häufig in Felsunterkünften, die in dieser Region gefunden wurden. In einer Studie aus dem Jahr 2016 (Ji et al.) heißt es weiter, dass der Begriff vor etwa hundert Jahren von französischen Archäologen entwickelt wurde, die zunächst Beweise für diese Tradition in der Provinz Hoa Binh in Nordvietnam entdeckten. Der Studie zufolge gehören zu den Artefakten, die mit dieser Tradition in Verbindung gebracht werden, einzigartige Steinwerkzeuge, die mit Pflastersteinen geformt wurden.

In ihrer Studie von 2016 berichten Ji et al. über Daten aus der archäologischen Stätte Xiadong in der südchinesischen Provinz Yunnan. Diese Stätte liegt in der Nähe des Mekong-Flusses, wo China, Myanmar, Thailand und Laos auf einer Karte zusammenlaufen. Auf der Grundlage der Ergebnisse der Radiokohlenstoffdatierung und der an der Fundstelle gesammelten Artefakte behaupten die Forscher, dass die Hoabinhian-Jäger und -Sammler vor etwa 40.000 Jahren in Südchina lebten. Außerdem wird in der Studie behauptet, dass die archäologische Stätte von Xiadong die früheste Präsenz der Hoabinhian-Tradition in Südostasien belegt.

Abbildung 4.2. Menschliche Wanderungen aus der Levante während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe.



Neben der Hoabinhian-Tradition deuten die alten (aDNA) Y-Chromosom-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 4.1](#)) darauf hin, dass die Haplogruppe D-M174 ein genetisches Relikt der Jäger und Sammler ist, die den japanischen Archipel besiedelten. Wie bereits erwähnt, stieß die südliche Ausbreitung vor etwa 45.000 Jahren in Südostasien auf eine geografische Sackgasse. Nach Pope und Terrell (2008) erreichten diejenigen, die sich entlang des Pazifischen Ozeans nach Norden ausbreiteten, schließlich die koreanische Halbinsel vor etwa 38.000 Jahren. In einer Studie aus dem Jahr 2012 liefert Takashi Ergebnisse von Radiokarbondatierungen an archäologischen Stätten in Japan. Er beschreibt auch die Verbreitung von Steinäxten und anderen Werkzeugen. Dem Forscher zufolge deuten diese Daten darauf hin, dass sich Jäger und Sammler vor etwa 35.000 Jahren von Korea auf die japanische Insel Kyushu ausbreiteten - eine bemerkenswerte Leistung, denn dazu war eine Meeresüberquerung mit primitiven Wasserfahrzeugen erforderlich. Kurz darauf expandierten diese paläolithischen Jäger und Sammler von Kyushu nach Honshu, der größten der japanischen Inseln.

Hudson (2009 und 2017a) gibt einen nützlichen Überblick über die prähistorische Jomon-Kultur in Japan. Diese kulturelle Tradition der Jäger und Sammler entwickelte sich vor etwa 16.000 Jahren. Diese Epoche der japanischen Vorgeschichte umfasst die Verwendung von Töpferwaren, eine größere Abhängigkeit von Meeresressourcen für die Ernährung und dauerhaftere Siedlungsmuster, was für paläolithische Jäger und Sammler ungewöhnlich ist. Populationen, die auf Nahrungssuche gehen, sind im Allgemeinen mobil. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 4.1](#) hervorgeht, haben Forscher die Haplogruppe D-M174 aus Jomon-Überresten sequenziert, die auf der Insel Kyushu und auf Hokkaido gefunden wurden. Diese Überreste bringen die Haplogruppe D-M174 mit der Ankunft des modernen Menschen in Japan vor etwa 35.000 Jahren in Verbindung.

Abschnitt 2. Heutige Verbreitung der Haplogruppe D-M174.

2.1. Überblick.

Wie die [ergänzende Tabelle 4.2](#) zeigt, ist die Haplogruppe D-M174 fast ausschließlich in ostasiatischen Populationen zu finden. In dieser Region liegt die Gesamthäufigkeit von D-M174 bei etwa 11 Prozent (z. B. Zhong et al. 2011). Darüber hinaus weist die Verteilung von D-M174 ein ungewöhnliches Häufigkeitsmuster auf, da hohe Frequenzen in Tibet und Japan konzentriert sind, die die westliche und östliche Grenze Ostasiens darstellen. Außerhalb Ostasiens erreicht die Haplogruppe D-M174 eine signifikante Häufigkeit unter den Bewohnern der Andamanen-Inseln.

Der Leser wird auf die [ergänzende Abbildung 4.1 verwiesen](#), die ein phylogenetisches Diagramm der Haplogruppe D-M174 zeigt. Was nun die linguistisch informativen Varianten von D-M174 betrifft, so helfen Mutationen stromabwärts von D1a-F6251 bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der tibeto-birmanischen Sprachen zu entschlüsseln (siehe auch die [ergänzende Tabelle 4.3](#)). D1b-M55-Mutationen helfen bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte des Japanischen und der Ainu-Sprachisolat zu entschlüsseln (siehe [ergänzende Tabelle 4.4](#)). Schließlich hilft die D1c-Y34638-Mutation bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der andamanischen Sprachen (siehe [ergänzende Tabelle 4.5](#)).

2.2. Haplogruppe D-M174 und Japonier.

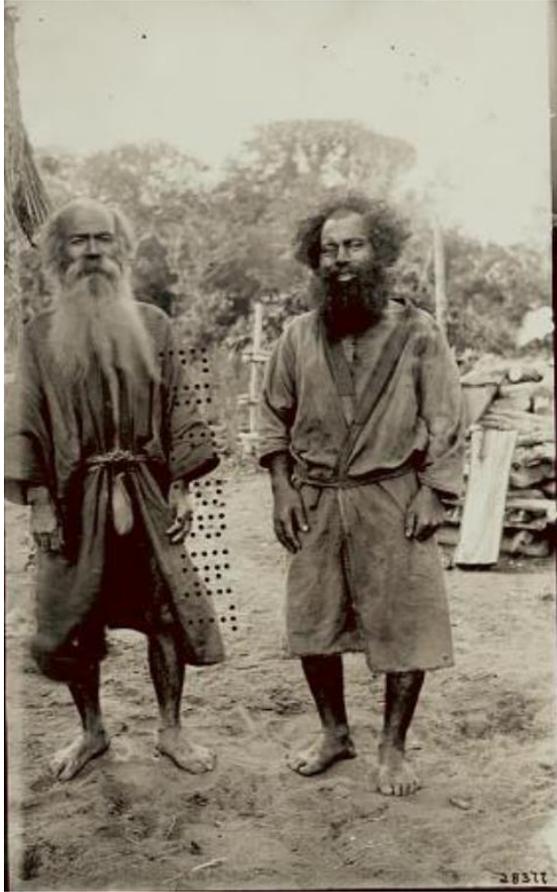
Wie bereits erwähnt, kamen paläolithische Jäger und Sammler vor etwa 35 000 Jahren auf die japanischen Inseln. Unter Genetikern wurde die Haplogruppe D-M174 als paläolithische Komponente unter den heutigen Japanern identifiziert (z. B. Hammer et al. 2006). Außerdem ist dieser paläolithische Beitrag zum heutigen japanischen Genpool erheblich. Sato et al. (2014) führten eine groß angelegte Studie mit über 2.000 japanischen Männern durchgeführt und festgestellt, dass 32 Prozent die Mutation D-M174 aufweisen. Innerhalb der Haupthaplogruppe D-M174 besteht fast die gesamte genetische Variation unter den heutigen Japanern aus dem stromabwärtigen Marker D1b-M55. Dieser Marker scheint sich in Japan entwickelt zu haben, da die Mutation anderswo auf der Welt nicht vorkommt und in Proben aus archäologischen Stätten nachgewiesen wurde (siehe [ergänzende Tabellen 4.1 und 4.4](#)).

Neben D1b-M55 ist auch die Mutation C1a1-M8 ein paläolithischer Bestandteil des heutigen japanischen Genpools dar. Dementsprechend wird diese Diskussion in Kapitel 6 fortgesetzt.

2.3. Haplogruppe D-M174 und die Ainu-Sprachisolat.

Die Ainu sind eine indigene Jäger- und Sammlerkultur auf der nordjapanischen Insel Hokkaido, der russischen Insel Sachalin und dem Kurilen-Archipel, das heute unter russischer Verwaltung steht. Sie sprechen die Ainu-Sprache, die als eine isolierte Sprache eingestuft wird. Laut De Graaf und Shiraishi (2013) tauchten die Ainu vor etwa 300 Jahren in den historischen Aufzeichnungen auf, als holländische Entdecker den Norden Japans kartierten. Infolge der nachfolgenden japanischen Ausbreitung nach Hokkaido und der Kriege zwischen Japan und Russland im 20. Jahrhundert ist die Zahl der Ainu auf etwa 25.000 Menschen auf Hokkaido geschrumpft. Außerdem wurde die Ainu-Kultur vor etwa 20 Jahren in Japan endlich rechtlich geschützt. Ihre Sprache steht also vor einer ungewissen Zukunft, da auf Hokkaido weitgehend Japanisch gesprochen wird.

Abbildung 4.3. Zwei Ainu Männer, Dorf Tokoro, Insel Hokkaido, Japan, zwischen 1885 und 1895. Quelle: Smithsonian Institution.



Y-Chromosom-Daten für die Ainu wurden von Tajima et al. (2004) und Hammer et al. (2006) berichtet, und leider muss die Y-Chromosom-Geschichte dieser Bevölkerung aus nur 20 Proben gezogen werden. Die meisten Ainu haben die D1b-M55-Mutation, die eine paläolithische Komponente des heutigen japanischen Genpools darstellt (**siehe ergänzende Tabelle 4.4**). Im Gegensatz zu den Japanern deuten die verfügbaren Daten jedoch auch auf ein signifikantes Vorkommen der C2-M217-Mutation bei den Ainu hin. Dementsprechend wird die Diskussion über die Ainu in Kapitel 7 fortgesetzt.

2.4. Haplogruppe D-M174 und die Andamanen Inseln.

Der Begriff „Negrito“ taucht in veröffentlichten Studien auf, um mehrere kleine, isolierte Populationen im heutigen Asien zu beschreiben. Ihr Aussehen ähnelt offenbar dem der afrikanischen Pygmäen; daher auch das spanische Wort für „schwarz“ mit dem Diminutivzusatz. Zu den Negrito-Populationen in Asien gehören die Jarawa und Onge auf den Andamanen Inseln, die Semang in

Malaysia, die Maniq in Thailand und die Aeta auf den Philippinen. Aufgrund ihres einzigartigen Aussehens (oder Phänotyps) haben sich einige Forscher für die Negritos interessiert, um festzustellen, ob sie eine Reliktpopulation aus der Ausbreitung aus Afrika während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe sind (siehe Higham 2013 für weitere Einzelheiten).

Die Andamanen-Inseln liegen im Golf von Bengalen, der Teil des Indischen Ozeans ist. Dieser Ort ist Teil der südlichen Ausbreitungsroute, der die östliche Ausbreitung aus Afrika folgte. Die Negritos dieses Archipels oder die Andamanesen bestehen aus vier Stämmen: den Great Andamanese, Onge, Jarawa und Sentinelese. Venkateswar (1999) liefert eine nützliche anthropologische Erörterung dieser Kulturen. Sie vermutet, dass die Ankunft des modernen Menschen auf den Andamanen-Inseln während der letzten Eiszeit erfolgte, als der Meeresspiegel niedriger war. Die Andamanen tauchen in den historischen Aufzeichnungen jedoch erst Mitte des 19. Jahrhunderts auf, als die Briten in den Andamanen-Archipel kamen, um ein Gefängnis zu errichten. Seitdem haben Krankheiten und Gebietsverluste die Bevölkerung der Andamanen von 5.000 im Jahr 1850 auf etwa 500 Menschen im Jahr 1999 reduziert.

Eine Studie aus dem Jahr 2003 (Thangaraj et al.) untersuchte 23 Onge-Proben und vier Jarawa-Proben und stellte fest, dass alle Proben eine nicht spezifizierte Variante der Haplogruppe D-M174 enthielten. Die International Society for Genetic Genealogy (2018 und 2019/2020) definierte diese nicht spezifizierte Variante später als die D1c-Y34638-Mutation (siehe auch **ergänzende Tabelle 4.5**). Im Jahr 2017 berichteten Mondal et al. über Daten für die Onge und Jarawa, die auf der Sequenzierung des gesamten Genoms basieren. Der Studie zufolge hat zeitgenössische japanische und andamanische Inselbewohner von einer gemeinsamen Vorfahrenpopulation vor etwa 53.000 Jahren getrennt. Für die Anthropologen bestätigen diese Daten, dass der menschliche Stamm der südlichen Ausbreitungsroute

folgte, als er vor etwa 50.000 Jahren nach Ostasien einwanderte. Für die Linguisten ist die Mutation D1c-Y34638 natürlich ein nützlicher Marker für die Erforschung der Vorgeschichte der andamanischen Sprachen.

Abbildung 4.4. Andamanen Inselbewohner um 1911. Quelle: Smithsonian Institution.



2.5. Tibeto-birmanische Sprachen und Haplogruppe D-M174.

Das tibetische Plateau umfasst den größten Teil der historischen Region Tibets. Hier liegt die durchschnittliche Höhe rund 4.000 Meter über dem Meeresspiegel. Einem Bericht aus dem Jahr 2016 zufolge (Zhang et al.) verfügen die Bewohner dieser Region über eine einzigartige evolutionäre Anpassung, die es ihnen ermöglicht, in einer solch extremen Höhe

zu überleben. Dieselbe Studie legt auf der Grundlage archäologischer Funde nahe, dass nomadische Jäger und Sammler das Plateau vor etwa 30.000 Jahren erstmals saisonal besiedelten. Der Übergang zu einer dauerhaften Besiedlung der Region begann vor etwa 7.000 Jahren, als die Bauern in der Region des mittleren Gelben Flusses in China mit dem Anbau von Hirse begannen. Tausend Jahre später dehnte sich der Hirseanbau nach Westen bis an den nordöstlichen Rand des tibetischen Plateaus aus. Laut Zhang et al. (2016) wurde das Innere der Region jedoch bis vor etwa 3.600 Jahren den Jägern und Sammlern überlassen. Zu diesem Zeitpunkt begannen die Bauern, auf dem tibetischen Plateau Gerste anzubauen, eine Kulturpflanze, die dem kalten und trockenen Klima der Region besser standhält. Der Erfolg der Landwirtschaft in dieser Region lässt sich auch durch die Domestizierung des Yaks, einer Rinderart, erklären. Genetischen Beweisen zufolge geschah dies vor etwa 7.000 Jahren (Qiu et al. 2015). Bei den Tibetern wurde dieses Tier zu einer wichtigen Quelle für Fleisch, Kleidung, Brennstoff und Transportmittel.

Abbildung 4.5: Das tibetische Plateau und der Gelbe Fluss.



Qi et al. berichten in ihrer Studie aus dem Jahr 2013 über Daten, die von über 2.000 tibetischen Männern gesammelt wurden. Der Studie zufolge gehören rund 54 Prozent der Sequenzen zur Haplogruppe D-M174 und 33 Prozent zu O-M175. Haplogruppe O-M175 repräsentiert eine neolithische Komponente unter den Tibetern, ein genetisches Relikt der westlichen

Ausbreitung der Landwirtschaft von China in die Region (siehe Kapitel 16). Haplogruppe D-M174 hingegen spiegelt eine viel frühere Jäger- und Sammlerkomponente wider, ein Überbleibsel der menschlichen Kolonisierung Ostasiens. Wie bereits erwähnt, ist die Mutation D1b-M55 eine einzigartige japanische Variante der Haplogruppe D-M174. Die D1c-Y34638-Mutation hingegen stellt die genetische Signatur der Andamanen- Inselbewohner. In ähnlicher Weise haben auch die Tibeter ihre eigene Variante der Haplogruppe D-M174, die D1a-P99-Mutation. Nach Qi et al. (2013) entwickelte sich die D1a-P99-Mutation vor etwa 19.000 Jahren gegen Ende der letzten Eiszeit. Bei den Tibetern ist die häufigste Variante von D1a-P99 die D1a-P47-Mutation. Die Daten von Qi et al. (2013) deuten darauf

hin, dass sich die D1a-P47-Mutation vor etwa 10.000 Jahren entwickelt hat, was gut mit der Entwicklung der Landwirtschaft in Ostasien korreliert.

2.6. D1a-F6251, Hmong-Mien und Tai-Kadai.

Wie die [ergänzende Abbildung 4.1](#) zeigt, bilden die Mutationen D1a-F6251, D1b-M55 und D1c-Y34638 linguistisch informative Linien innerhalb der Haplogruppe D-M174. Die am meisten aufgelösten Mutationen nach D1a-F6251 werden für tibeto-birmanische Sprecher, die Mutationen D1a-P99 und D1a-P47. D1a-F6251-Daten für Hmong-Mien und Tai-Kadai Sprecher sind dagegen nur unzureichend geklärt. Obwohl die D1a-F6251-Mutation in diesen Populationen häufig beobachtet wird, liegt die Häufigkeit in der Regel unter 10 Prozent, so dass die Forscher wenig Anreiz haben, informative stromabwärtige Varianten zu finden (siehe auch [ergänzende Tabelle 4.3](#)). Dennoch basierend auf den verfügbaren Daten, ist die D1a-F6251-Mutation eine paläolithische Komponente ostasiatischer Populationen, die das Neolithikum und damit eine massive Ausbreitung der O-M175-Mutationen überleben konnten. Forschern zufolge (Qi et al. 2013; Wang et al. 2013b) hatten die neolithischen Bauern in Ostasien vor etwa 8.000 Jahren überwiegend die Haplogruppe O-M175, während die Jäger und Sammler überwiegend der Haplogruppe D-M174 angehörten. Eine massive Ausbreitung der Bauern während des Neolithikums hat dann die Haplogruppe D-M174 an die Peripherie Ostasiens geschoben (siehe Kapitel 16 für weitere Details).

Abschnitt 3. Angebliche afrikanische Ursprünge von D-M174.

Shang et al. (2007) berichten über die Entdeckung des so genannten Tianyuan-Menschen, dessen Überreste in einer Höhle bei Peking gefunden wurden. Den Ergebnissen der Radiokarbondatierung zufolge starb er vor etwa 40.000 Jahren. Darüber hinaus berichtet die Studie, dass die Überreste aus 34 Knochenfragmenten bestehen, die eine bemerkenswerte Menge an fossilen Daten von einem paläolithischen Individuum darstellen. Die Zahnmorphologie deutet zum Beispiel darauf hin, dass er zum Zeitpunkt seines Todes etwa fünfzig Jahre alt war. Darüber hinaus vertreten Shang et al. (2007) die Ansicht, dass seine Skelettmorphologie nicht auf eine schnelle und direkte Besiedlung Ostasiens durch moderne Menschen aus Afrika schließen lässt. Vielmehr deutet die Morphologie darauf hin, dass die Populationen des modernen Menschen nach dem Verlassen Afrikas eine lange Zeit der genetischen Diversifizierung durchliefen. Alte autosomale Daten aus Tianyuan unterstützen ebenfalls diese Interpretation der Skelettmorphologie (siehe Yang, Melinda et al. 2017). Diese Daten stützen die bereits früher vertretene Position, dass vor der erfolgreichen menschlichen Kolonisierung Ostasiens (vor etwa 50.000 Jahren) eine genetische Diversifizierung des modernen Menschen in der Levante stattgefunden hat.

Der von Tianyuan erbrachte Nachweis einer langen Periode genetischer Diversifizierung in Südwestasien während der 4. Sauerstoff-Isotopenstufe untergräbt eine Studie aus dem Jahr 2019 (Haber et al.), die die Evolution der Haplogruppe D-M174 in Afrika postuliert. Ihre Ergebnisse beruhen auf dem Vorhandensein einer äußerst seltenen D0-Mutation, die bei fünf Männern aus Nigeria nachgewiesen wurde. Dieses Modell ist problematisch, weil die Forscher davon ausgehen müssten, dass die erfolgreiche Migration aus Afrika vor 50.000 bis 59.000 Jahren stattfand. Dies wiederum würde voraussetzen, dass die Ausbreitung von Afrika nach Ostasien schnell erfolgte, eine Schlussfolgerung, die mit der Skelettmorphologie von Tianyuan eindeutig unvereinbar ist. Darüber hinaus ist die von Haber et al. (2019) vertretene Position problematisch, da sie den Unterschied in der Neandertaler-DNA, der in nicht-afrikanischen und afrikanischen Populationen gefunden wurde, nicht berücksichtigt. Eine neuere Computersimulationsstudie (Chen et al. 2020) berichtet, dass die geringe Menge an Neandertaler-DNA, die in afrikanischen Populationen nachgewiesen wurde, am besten durch Rückwanderung auf den Kontinent erklärt werden kann. Das Y-Chromosom-Relikt dieser Rückwanderung ist die Haplogruppe E-M96 (siehe Kapitel 5).

Abschnitt 4. Die Evolution der Sprache, der Klimawandel und die natürliche Selektion.

Das Überleben der Tier- und Pflanzenwelt auf unserem Planeten ist in der Regel an eine sehr begrenzte ökologische Nische gebunden, die Möglichkeiten bietet und Zwänge auferlegt. Daher reagiert das Überleben von Flora und Fauna empfindlich auf den Klimawandel. So ist zum Beispiel ein Alligator in den Everglades von Florida schlecht gerüstet, um auf dem gefrorenen arktischen Packeis zu überleben. In ähnlicher Weise ist ein Eisbär vom Polarkreis schlecht gerüstet, um in den Everglades zu überleben. Diese Diskussion über den allgemeinen Trend in der Ökologie führt zu einer interessanten Beobachtung. Im Gegensatz zu den meisten anderen Tieren oder sogar zu den archaischen Arten unserer Gattung, wie dem *Homo erectus* oder dem Neandertaler, kann der *Homo sapiens* eine vergleichsweise breite ökologische Nische besetzen.

Die klimabedingte Wanderung aus Afrika vor etwa 130.000 Jahren drängte uns in neue Biome. Unsere kognitiven Fähigkeiten führten zu kulturellen Anpassungen, mit denen wir die neuen Möglichkeiten, die sie boten, nutzten und die Einschränkungen, die sie mit sich brachten, überwand. Klimatologische und archäologische Belege für diese Position finden sich in einer 2018 veröffentlichten Arbeit von Roberts und Stewart. Die Forscher beschreiben die erfolgreiche Anpassung des Menschen an extreme Klimazonen wie Wüsten, Regenwälder, große Höhen und die arktische Tundra. Die paläolithischen Mammutjäger in Nordeurasien beispielsweise perfektionierten die Jagd auf große Pflanzenfresser. Auf diese Weise nutzten sie erfolgreich die Nahrungsressourcen der Tundrasteppen. Außerdem nutzten sie Mammutknochen als Brennmaterial und überwand damit eine Einschränkung dieser Region, nämlich die kalten klimatischen Bedingungen.

Roberts und Stewart (2018) erklären weiter, dass die „ökologische Plastizität“ der Menschen durch hochentwickelte kollaborative Problemlösungsfähigkeiten erleichtert wurde. Den Forschern zufolge konnte, als der menschliche Stamm aus Afrika in neue ökologische Umgebungen ausgewanderte, keine einzelne Person über das gesamte erforderliche Wissen zur Anpassung an den Klimawandel verfügen. Der Stamm konnte jedoch gemeinsam eine Anpassungsstrategie entwickeln und dieses Wissen dann an die nächste Generation weitergeben. Um noch einen Schritt weiterzugehen, spielt die Sprache eine große Rolle für den evolutionären Erfolg des *Homo sapiens*.

Wie bereits in Kapitel 2 erwähnt, stützen neuere archäologische Studien die Idee, dass der *Homo sapiens* die kognitive Fähigkeit zur Sprachbildung besaß, als er aus Afrika auswanderte. Aufbauend auf dieser Beobachtung hat die Fähigkeit, Sprache zu formulieren, auch eine anatomische Komponente. Im Gegensatz zu den kognitiven Meilensteinen lässt sich die Entwicklung der Sprachanatomie jedoch nicht anhand archäologischer Aufzeichnungen messen, da Weichgewebe nach dem Tod schnell zerfällt.

Die DNA-Methylierung ist ein biochemischer Prozess, der die vollständige Expression eines Gens verzögern kann, ohne die Sequenz des Gens zu verändern. Eine nützliche Analogie ist vielleicht ein Nutzfahrzeug, das mit einem Geschwindigkeitsbegrenzer nachgerüstet wurde. Motor und Getriebe können das Fahrzeug auf 140 km/h beschleunigen, aber der Regler begrenzt die Geschwindigkeit auf 90 km/h, um Kraftstoff zu sparen. In einer neueren Studie (Gokhman et al. 2020) wurde ein neuartiger Ansatz verwendet, um die Evolutionsgeschichte der menschlichen Sprachanatomie zu untersuchen. Die Studie baut auf Forschungsergebnissen auf, die die Gene SOX9, ACAN, COL2A1, NFIX und XYLT1 als diejenigen identifizieren, die die Anatomie des Gesichts und des Kehlkopfs steuern. Gokhman et al. (2020) waren in der Lage, die Methylierungsmuster dieser Gene in zeitgenössischen und alten Proben von modernen Menschen sowie in Proben eines Neandertalers, eines Denisovan (einer alten Menschenart) und von Schimpansen zu vergleichen. Die Studie ergab, dass der *Homo sapiens* die umfangreichsten Veränderungen im Zusammenhang mit der DNA-Methylierung aufweist. Beim modernen Menschen haben diese Veränderungen dazu geführt, dass sich das Gesicht zurückzieht und der Kehlkopf sich so weit absenkt, dass wir eine breite Palette kontrastiver Phoneme bilden können, die in den Sprachen der Welt belegt sind.

Die Daten von Gokhman et al. (2020) stützen das folgende Argument: Sprache erfordert die anatomische Infrastruktur, die die Evolution nur dem modernen Menschen gegeben hat. Ihre Daten sowie klimatologische, archäologische und andere genetische Erkenntnisse deuten eindeutig darauf hin, dass der menschliche Stamm, als er aus Afrika auswanderte, mit einem fortschrittlichen Kommunikationsmittel ausgestattet war. Dieses „Werkzeug“ ermöglichte neuartige Anpassungen an den Klimawandel.

Abschnitt 5. Archaische Menschen und das Y-Chromosom des *Homo Sapiens*.

Da das Gewicht der genetischen und archäologischen Meinungen gegenwärtig für eine Vermischung zwischen Menschen und Neandertalern spricht, wird diese Hypothese für das in Abschnitt 1 dieses Kapitels vorgestellte Modell der menschlichen Ausbreitung aus Afrika herangezogen. Es sei jedoch darauf hingewiesen, dass William Amos, ein Forscher an der Universität Cambridge in England, kürzlich die Zuverlässigkeit dieser Hypothese in Frage gestellt hat. Die Vermischungshypothese basiert auf komplexen statistischen Modellen, die afrikanische und nicht-afrikanische Mutationsraten untersuchen (siehe Sankararaman 2020 für einen Überblick). Laut Amos (2020) und Amos (2021) haben die Forscher das falsche statistische Modell verwendet, um diese Daten zu generieren.

Die Vermischung zwischen Neandertalern und modernen Menschen wird auch durch uniparentale Marker nicht bestätigt. Krings et al. (1997) berichten auf der Grundlage eines Vergleichs der mtDNA des modernen Menschen und des Neandertalers, dass beide Populationen eine reproduktive Isolation durchliefen. Zu einer ähnlichen Schlussfolgerung gelangten Mendez et al. (2016) durch den Vergleich des Y-Chromosoms von Neandertalern mit dem des modernen Menschen. Eine Erklärung für die Ergebnisse der mitochondrialen und Y-Chromosom-DNA ist, dass die uniparentalen Marker der Neandertaler durch genetische Drift aus dem menschlichen Genom entfernt wurden. Die autosomale DNA des Neandertalers hingegen könnte das Immunsystem des modernen Menschen gestärkt haben und wurde daher nicht durch Rekombination aus dem Genom entfernt (siehe Abi-Rached et al. 2011). Ein ähnliches Argument brachten Sankararaman et al. (2014) mit der Vermutung vor, dass die autosomale DNA des Neandertalers es dem modernen Menschen ermöglicht, Vitamin D in höheren Breitengraden zu synthetisieren.

Abschnitt 6. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe D.

Eine Diskussion nicht-afrikanischer Y-Chromosom-Daten, zu denen auch die Haplogruppe D-M174 gehört, erfordert ein Arbeitsmodell für den außerafrikanischen Raum. Der Begriff „Arbeitsmodell“ räumt ein, dass das Modell Änderungen unterworfen ist. Ein zukünftiges Modell könnte beispielsweise die Daten über die Vermischung von Menschen und Neandertaler als unzuverlässig einstufen. Dieses Arbeitsmodell verwendet Zeitstandards aus den Geowissenschaften, der Geologie und der Archäologie, um eine Diskussion über die Entwicklung der nicht-afrikanischen Y-Chromosomvielfalt zu führen. Nach den derzeit verfügbaren Daten breitete sich der menschliche Stamm vor etwa 130.000 Jahren in der Levante aus. Die Haplogruppe D-M174 entwickelte sich in dieser Region wahrscheinlich vor etwa 67.000 Jahren. Vor etwa 50.000 Jahren trugen Jäger und Sammler diese Mutation nach Süd- und Ostasien. Zu diesen Jägern und Sammlern gehören die prähistorische Hoabinhian-Tradition in Südostasien und die Jomon-Kultur in Japan. Heute liefert die heutige Verbreitung von Mutationen der Haplogruppe D-M174 nützliche Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der andamanischen, japanischen und tibeto-birmanischen Sprachen sowie der Ainu-Sprachisolat. Diese Sprachen haben tiefe Wurzeln, die bis in das Paläolithikum reichen.

Die Erörterung der Expansion außerhalb Afrikas in diesem Kapitel bietet die Gelegenheit, die Entwicklung der Sprache als Verhaltensanpassung beim *Homo sapiens* zu untersuchen. Diese Anpassung

erfolgte wahrscheinlich in Afrika. Als wir uns über Eurasien und darüber hinaus ausbreiteten, verlieh die Sprache dem Menschenstamm „ökologische Plastizität“. Unsere hochentwickelten Fähigkeiten zur kooperativen Problemlösung ermöglichten uns das Überleben in einem breiten Spektrum von Umweltbedingungen. Schließlich bietet die Diskussion über die Ausbreitung außerhalb Afrikas die Gelegenheit, die Vermischung zwischen Menschen und Neandertalern anzusprechen. Handelt es sich hier um ein Täuschungsmanöver, wie William Amos in den sozialen Medien behauptet?

Kapitel 5: Haplogruppe E-M96.

Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe E-M96.

Trotz der phylogenetischen Nähe ist die geografische Verbreitung von E-M96 und D-M174 sehr unterschiedlich. Wie im vorherigen Kapitel (Kapitel 4) erläutert, spielt die Haplogruppe D-M174 eine eher bescheidene Rolle bei der Darstellung der genetischen Vielfalt Ostasiens. Die Haplogruppe E-M96 hingegen stellt einen bedeutenden genetischen Marker für die Entschlüsselung der Evolutionsgeschichte von Populationen im mediterranen Europa, Südosteuropa, dem Nahen Osten und Nordafrika dar. Darüber hinaus repräsentiert die Haplogruppe E-M96 fast die gesamte genetische Vielfalt des Y-Chromosoms in Afrika südlich der Sahara, wo über 92 Prozent der Männer eine Variante dieser Haplogruppe aufweisen (Luis et al. 2004).

Für Sprachwissenschaftler helfen E-M96-Mutationen bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der afroasiatischen, nilo-saharanischen und Niger-Kongo-Sprachfamilien. Zur Erleichterung der Diskussion über sprachlich bedeutsame E-M96-Mutationen wurde die Darstellung der stromabwärtigen Variationen innerhalb dieser Haplogruppe in vier verschiedene "Cluster" unterteilt, die jeweils mit einer Farbbezeichnung versehen sind: orange, gelb, blau, rot und grün. Dieser Schritt wurde unternommen, weil die interne Phylogenie der Haplogruppe E-M96 im Vergleich zu den anderen Y-Chromosom-Haplogruppen außerordentlich komplex ist. Der Leser wird nun gebeten, sich die [ergänzenden Abbildungen 5.1, 5.2, 5.3 und 5.4 anzusehen](#), in denen die phylogenetischen Beziehungen zwischen den linguistisch informativen E-M96-Clustern dargestellt sind.

Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe E-M96.

Der Leser wird gebeten, die [ergänzende Abbildung 1.1](#) des ersten Kapitels zu lesen. Die Haplogruppen E-M96 und D-M174 entwickelten sich aus der Paragruppe DE-M145. Nach Poznik et al. (2016) geschah dies vor etwa 67.000 Jahren. Wie bereits in Kapitel 4 erläutert, weisen die DE-M145-Mutation und ihre nachgeschalteten Varianten, D-M174 und E-M96, einen einzigartigen Alu-Insertionspolymorphismus (YAP) auf.

Unter den Genetikern (z. B. Abu-Amero et al. 2009) vertreten einige die Position, dass sich die Haplogruppen E-M96 und D-M174 außerhalb Afrikas im Nahen Osten entwickelten. Die Haplogruppe D-M174 breitete sich dann vor etwa 50.000 Jahren nach Ostasien aus (siehe Kapitel 4 für weitere Einzelheiten). Die Haplogruppe E-M96 hingegen „wanderte“ vor etwa 56.000 Jahren nach Afrika zurück (Poznik et al. 2016), was gut mit dem Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe korreliert. Interessanterweise argumentieren einige (z. B. ISOGG 2017), dass sich die Haplogruppe E-M96 in Afrika entwickelt hat, weil sich die meisten E-M96-Sub-Haplogruppen auf dem afrikanischen Kontinent entwickelt haben. Wie Poznik et al. (2016) jedoch vorschlagen, führt eine „vernünftiger Interpretation“ der Daten die Ursprünge von E-M96 in den Nahen Osten, da andernfalls die Haplogruppe D-M174 sowie die Paragruppen C-M130 und FR-M89 Teil der Migration aus Afrika gewesen wären, was mit den genetischen Beweisen und den archäologischen Aufzeichnungen nicht vereinbar ist (siehe auch die Diskussion über die Wanderung aus Afrika, die zuvor in Kapitel 4 ausführlich beschrieben wurde).

Wie bereits erwähnt, ist die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe E-M96 unglaublich komplex. Die Entschlüsselung der evolutionären Beziehungen innerhalb der Haplogruppe ist eine

Herausforderung, da in den letzten 50.000 Jahren ein umfangreicher Genfluss zwischen Nordafrika und dem Nahen Osten stattgefunden hat. So steht beispielsweise die Haplogruppe E-M96 für „zurück nach Afrika“, E1b-M123 für „wieder raus aus Afrika“ und E1b-M34 für „wieder zurück nach Afrika“.

Der Genfluss zwischen Nordafrika und dem Nahen Osten in den letzten 50.000 Jahren wird durch die archäologischen Aufzeichnungen bestätigt. Bar-Yosef (1987) verglich Ähnlichkeiten zwischen der Steinwerkzeugindustrie der Emiran-Kultur in der Levante und der Dabban-Kultur in der Cyrenaika im Nordosten Libyens. Auf der Grundlage dieser Daten schlug er den Austausch von Menschen und Technologien zwischen Nordafrika und der Levante während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe vor. Diese Schlussfolgerung wird durch zwei Studien zusätzlich gestützt. Im Jahr 2011 berichteten Rebollo et al., dass sich die Emiran-Kultur vor etwa 45.000 Jahren in der Levante entwickelte. Diese Schätzung wurde aus Radiokarbonaten abgeleitet, die aus organischem Material aus der Kebara-Höhle am Berg Karmel in Israel gewonnen wurden. Eine ähnliche Schätzung wurde für die Dabban-Kultur anhand von Daten aus der Haua-Fteah-Höhle in der Cyrenaika ermittelt (Douka et al. 2014). Interessanterweise entwickelten sich die Dabban- und Emiran-Kulturen an einem Übergangspunkt in den archäologischen Aufzeichnungen, der das Ende der mittleren Steinzeit in Afrika und den Beginn der späten Steinzeit markiert.

Neben den archäologischen Aufzeichnungen können genetische Beweise für eine Vermischung zwischen Neandertalern und modernen Menschen den Zeitpunkt einer Rückwanderung nach Afrika während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe bestimmen (siehe Garcea 2016 für weitere Einzelheiten). Diese Idee wird von Chen et al. (2020) unterstützt. In dieser Studie vertreten die Forscher den Standpunkt, dass die Rückwanderung nach Afrika die geringere Menge an Neandertaler-Genen erklärt, die in den heutigen Populationen des Kontinents gefunden wurde. Nach Sankararaman et al. (2012) fand die Kreuzung zwischen Neandertalern und modernen Menschen „höchstwahrscheinlich“ vor 47.000 bis 65.000 Jahren statt. Die geringere Menge an Neandertaler-DNA unter den heutigen Afrikanern ist also das Ergebnis einer Vermischung zwischen denjenigen, die während der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe in Afrika geblieben sind, und denjenigen, die zu Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe auf den Kontinent zurückgewandert sind.

Wie bereits in Kapitel 4 erwähnt, hat der moderne Mensch autosomale DNA von den Neandertalern geerbt, nicht aber deren Y-Chromosom. Dennoch sind die Haplogruppen A und B-M60 aus Sicht des Y-Chromosoms genetische Relikte des menschlichen Stammes, der in Afrika verblieb, und die Haplogruppe E-M96 ist ein Relikt der Rückwanderung auf den Kontinent. Nach der Rückwanderung begann die erste Diversifizierung der Haplogruppe E-M96 mit der Entwicklung der Mutationen E1-P147 und E2-M75 vor etwa 50.000 Jahren (Poznik et al. 2016).

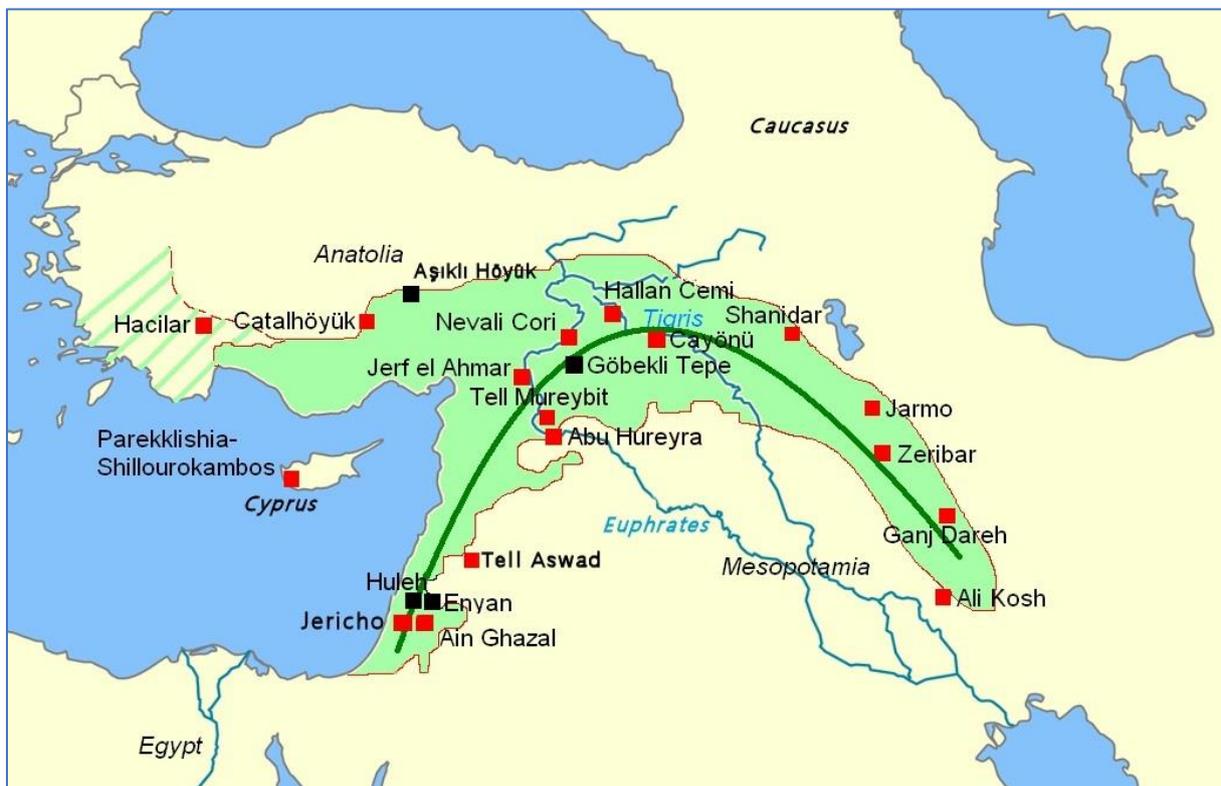
Abschnitt 3. Die Ursprünge der Landwirtschaft in Südwestasien.

Das 2005 erschienene Buch *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies* von Peter Bellwood ist eine hervorragende Quelle für Sprachwissenschaftler, die den weltweiten Zusammenhang zwischen den Ursprüngen der Landwirtschaft und der Ausbreitung der Sprachen erforschen wollen. Im dritten Kapitel des Buches (S. 44-66) untersucht er die Ursprünge der Landwirtschaft in Südwestasien und konzentriert sich dabei auf eine Region, die in der Literatur oft als „Fruchtbarer Halbmond“ bezeichnet wird. Diese Region umfasst Teile des heutigen Ägyptens, Israels, Jordaniens, des Libanons, der Türkei, Syriens, des Iraks und des Irans. Der Übergang zur Landwirtschaft im Fruchtbaren Halbmond wurde durch die Domestizierung von Getreide wie Weizen und Gerste sowie von Hülsenfrüchten wie Kichererbsen und Linsen erleichtert. Der Übergang zur Landwirtschaft im Fruchtbaren Halbmond war außerdem mit der Domestizierung von Ziegen und Schafen verbunden.

Vor der Einführung der Landwirtschaft in Südwestasien und anderswo auf der Welt überlebten die menschlichen Stämme als Jäger und Sammler. Die Entwicklung der Landwirtschaft in Südwestasien

folgt im Allgemeinen einer Reihe kultureller Übergänge, die mit der Natufien-Kultur begannen, gefolgt von den Traditionen des Präkeramischen Neolithikums A und des Präkeramischen Neolithikums B und schließlich der Entwicklung der Töpferei selbst. Das Natufien stellen einen wichtigen kulturellen Übergang dar, da sie die letzten Jäger und Sammler im Nahen Osten waren. Nach Bellwood (2005) tauchten das Natufien vor etwa 14.500 Jahren in der Nähe des Sees Genezareth im heutigen Israel auf. Nach Bar-Josef (1998) jagten die Natufianer Gazellen und andere Tiere. Darüber hinaus berichtet er, dass sie „intensiv und ausgiebig Wildgetreide erntete“, das zu dieser Zeit in der Region reichlich wuchs. Bellwood (2005) zufolge konnten die Natufianer aufgrund dieses reichhaltigen Nahrungsangebots semi-permanente Siedlungen errichten, was für Jäger und Sammler ungewöhnlich war. Solche Kulturen sind im Allgemeinen nomadisch. Die Natufianer lebten bis vor etwa 13.000 Jahren, als plötzlich die Jüngere Dryas-Kältewelle einsetzte. Während eines Zeitraums von etwa 700 Jahren sanken die globalen Temperaturen erheblich. Die Wetterbedingungen in Südwestasien wurden kalt und trocken, und das reichhaltige Angebot an Wildgetreide verschwand. Die Natufianer wurden erneut zu Nomaden und verschwanden schließlich aus den archäologischen Aufzeichnungen (siehe Blockley und Pinhasi 2011).

Abbildung 5.1. Der Fruchtbare Halbmond 7.500 v. Chr. Quelle: Wikipedia und Bjoertvedt. Anmerkungen: Die roten Quadrate stellen neolithische Stätten dar, die vorneolithischen Stätten werden durch schwarze Quadrate repräsentiert.



Dann endete die Jüngere Dryas fast so plötzlich wie sie begonnen hatte, und es wurde wieder wärmer. Dies schuf ideale klimatische Bedingungen, die erneut einen scheinbar unerschöpflichen Reichtum an Wildgetreide hervorbrachten (Bar-Yosef 1998; Bellwood 2005). Inmitten dieses Überflusses kam es aus nicht ganz geklärten Gründen zu einer bedeutenden menschlichen Innovation. Die Menschen begannen, die wilden Getreide und Hülsenfrüchte zu domestizieren, die ihre Vorfahren, die Natufianer, zuvor gesammelt hatten. Die präkeramische Kultur des Neolithikums A gilt als die erste südwestasiatische Kultur, die sich diese neue Entwicklung zu eigen machte. Sie und ihre Nachkommen blühten auf, und vor etwa 10.500 Jahren entstanden große landwirtschaftliche Siedlungen wie die von Abu Hureyra in Nordsyrien. Diese Entwicklung leitete einen weiteren kulturellen Übergang in der Region ein, die präkeramisch-neolithische B-Kultur. Eine der wichtigsten Neuerungen in dieser Zeit war die Entwicklung der Weidewirtschaft, d. h. das Hüten von Ziegen und Schafen, ehemals wilde

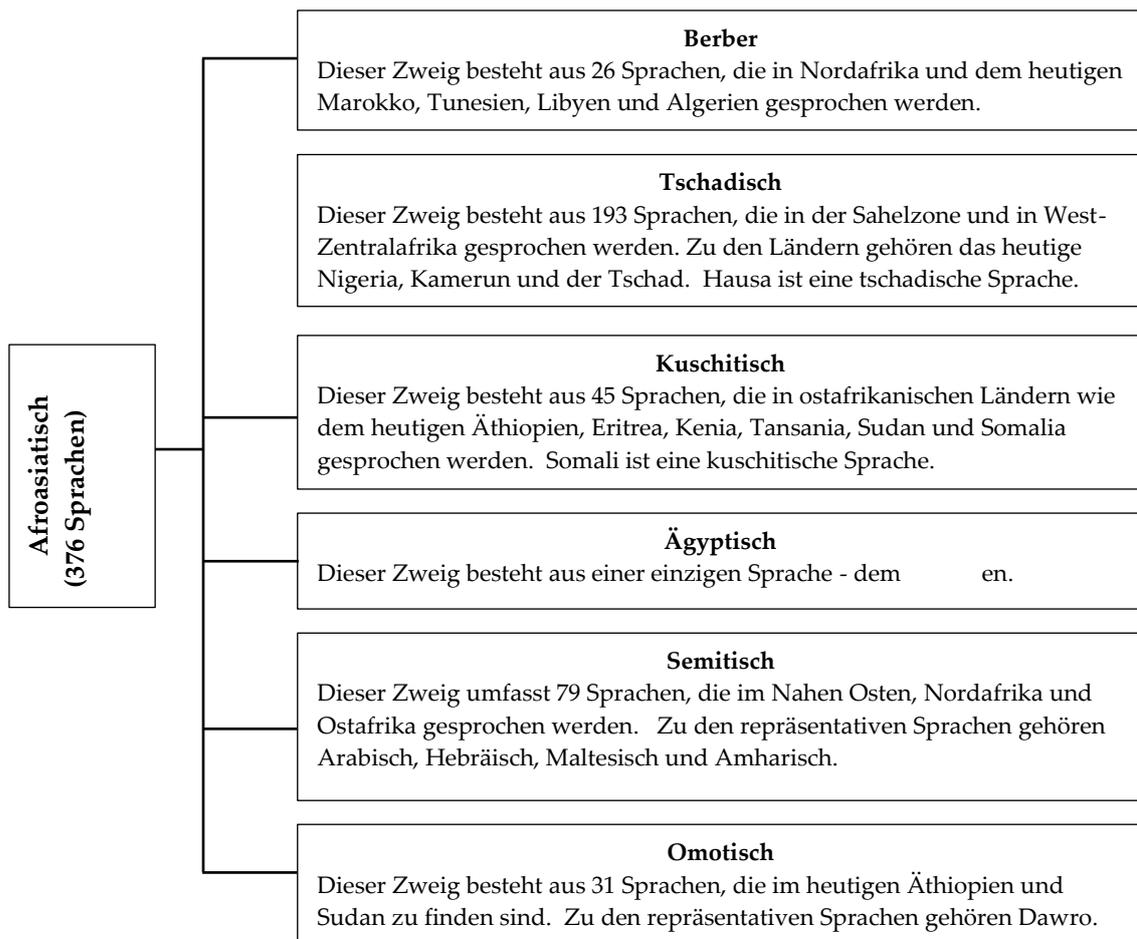
Tiere, die der Mensch zu domestizieren gelernt hatte.

Vor etwa 9.000 Jahren leitete die Entwicklung der Töpferei einen neuen kulturellen Wandel in Südwestasien ein. Diese Entwicklung ermöglichte es den Menschen, ihr Essen effizienter zu kochen, und erleichterte die Lagerung von Getreide nach der Ernte. Zu dieser Zeit wurde auch das Klima in Südwestasien trockener. Bellwood (2005) zufolge ging diese Klimaveränderung mit der Abholzung der Wälder und der Verringerung der Produktivität der Böden aufgrund von Überbewirtschaftung einher. Diese Bedingungen veranlassten viele Menschen in Südwestasien, den sesshaften Ackerbau aufzugeben. Statt Ackerbau zu betreiben, wandten sich einige der Schaf- und Ziegenhaltung als Nahrungsquelle zu. Vor etwa 6.400 Jahren trieben einige dieser südwestasiatischen Hirten ihre Ziegen und Schafe aus der Region nach Ägypten (siehe Kuper und Kroepelin 2006).

Abschnitt 4. Die Ursprünge des Afroasiatischen.

Die afroasiatische Sprachfamilie umfasst 376 Sprachen (Ethnologue 2017). Diese Sprachen sind über den gesamten Nahen Osten sowie über Nordafrika, Ostafrika und die Sahelzone verteilt. An dieser Stelle wird der Leser auf Abbildung 2.1 aus Kapitel 2 verwiesen, die die Verteilung der afroasiatischen Sprachen in Afrika zeigt. Außerdem sind in Abbildung 5.2 (unten) die Sprachzweige

Abbildung 5.2. Überblick über das Afroasiatische und seine Hauptzweige. Quelle: Ethnologue 2017.



der afroasiatischen Familie und ihre heutige geografische Verbreitung aufgeführt. Wie die Abbildung (oben) zeigt, ist das Afroasiatische in sechs Hauptzweige unterteilt: Ägyptisch, Semitisch, Tschadisch, Kuschitisch, Omotisch und Berber. Die heutige Verteilung dieser sechs Hauptzweige zeigt, dass sich

das Semitische in Südwestasien entwickelt hat, während das Ägyptische, Tschadische, Kuschitische, Omotische und Berberische in Afrika entstanden sind.

Nach langjähriger Meinung von Sprachwissenschaftlern (z. B. Ehret 2004) liegen die prähistorischen Ursprünge der afroasiatischen Sprachen irgendwo in Ostafrika. Diese Meinung folgt der Vorstellung, dass die vermeintliche Heimat einer Sprache dort liegt, wo ihre größte Diversifizierung zu finden ist (z. B. Hetzron 2009). Bellwood (2005: 207-210) geht jedoch aufgrund seiner Interpretation der archäologischen Daten davon aus, dass sich die afroasiatischen Sprachen ursprünglich in Südwestasien entwickelten und sich mit der Ausbreitung der Landwirtschaft aus dieser Region ausbreiteten. Interessanterweise können auch linguistische Daten dieses Modell der afroasiatischen Ursprünge unterstützen. Anhand linguistischer Rekonstruktionen stellt Militarev (2002) ein proto-afroasiatisches Lexikon mit landwirtschaftlichen Begriffen vor. Auf der Grundlage der Rekonstruktionen schlägt er vor, dass sich die Natufianer, die Landwirtschaft und das Afroasiatische in Südwestasien gemeinsam entwickelt haben.

Abschnitt 5. Die Mutationen des Grünen Clusters.

5.1. Überblick.

Auch hier wird der Leser daran erinnert, dass die Evolutionsgeschichte von E-M96 aufgrund des prähistorischen pendelartigen Genflusses zwischen Nordafrika und dem Nahen Osten kompliziert geworden ist. Außerdem sollte beachtet werden, dass *E1b-M35* stromaufwärts und *E1b-M34* stromabwärts liegt. An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 5.1 verwiesen](#). Die E1b-M35-Mutation entwickelte sich vor etwa 44.000 Jahren (Poznik et al. 2016). Dies geschah wahrscheinlich in Afrika. Später entwickelten sich die grünen und roten Cluster-Mutationen aus der E1b-M35-Mutation. Die grüne Clustermutation wird durch die E1b-Z827-Mutation definiert. Linguistisch informative E1b-Z827-Mutationen sind E1b-M34, E1b-M81 und E1b-M293.

5.2. E1b-M34 und das Afroasiatische.

Die E1b-M34-Mutation ist weit verbreitet und findet sich derzeit in den Populationen des mediterranen Europas, Südosteuropas, des Nahen Ostens, Nordafrikas und Ostafrikas (siehe [ergänzende Tabelle 5.1](#)). Für Sprachwissenschaftler ist die E1b-M34-Mutation ein wichtiger Marker. Alte und zeitgenössische Y-Chromosom-Daten deuten darauf hin, dass dieser Marker vor etwa 6.000 Jahren von Ziegen- und Schafhirten aus dem Nahen Osten nach Nordafrika getragen wurde. Diese neolithische Migration hat, wie der Leser vielleicht aus Abschnitt 4 (oben) weiß, offenbar afroasiatische Sprachen nach Afrika gebracht zu haben.

Die Analyse zeitgenössischer genetischer Daten legt nahe, dass sich E1b-M34 im Nahen Osten entwickelt hat (Cruciani et al. 2004; Cadenas et al. 2008). Diese Schlussfolgerung wird auch durch alte Y-Chromosom-Daten gestützt (siehe [ergänzende Tabelle 5.2](#)). Was nun die alten Daten betrifft, so befindet sich stromaufwärts des E1b-M34-Markers die E1b-PF1961-Mutation. In einer Studie aus dem Jahr 2016 (Lazaridis et al.) konnten drei alte DNA-Proben aus einer archäologischen Stätte der Natufien-Kultur in Israel gewonnen werden. Wie der Leser vielleicht aus Abschnitt 3 (oben) weiß, waren die Natufianer die letzten Jäger und Sammler in Südwestasien. Zwei der Proben gehören zu E1b-PF1961. Diese alten Y-Chromosom-Daten legen nahe, dass E1b-PF1961 aus Afrika auswanderte und sich im Nahen Osten diversifizierte, bevor es nach Afrika zurückwanderte. Es ist schwierig zu bestimmen, wann die E1b-PF1961-Mutation in den Nahen Osten kam. Trombetta et al. (2015) vermuten, dass sie irgendwann innerhalb der letzten 25.000 Jahre auftrat. Mehrere Studien deuten darauf hin, dass diese Wanderung aus Afrika wahrscheinlich dem Nil folgte, da dieser ein idealer Korridor für menschliche Ausbreitungen war (siehe Cruciani et al. 2004; Luis et al. 2004; Cruciani et al. 2007; Cadenas et al. 2008).

5.3. E1b-M81, das Afroasiatische und die Berber-Sprachen.

Eine weitere sprachlich bedeutsame Mutation des grünen Clusters ist E1b-M81. Seine Position innerhalb der Phylogenie der Haplogruppe E-M96 (siehe [ergänzende Abbildung 5.3](#)) und seine zeitgenössische Verbreitung (siehe [ergänzende Tabelle 5.3](#)) legen nahe, dass E1b-M81 irgendwo in Nordwestafrika entstanden ist. In ihrer 2004 durchgeführten Analyse der zeitgenössischen E1b-M81-Daten identifizieren Arredi et al. die E1b-M81-Mutation als einen neolithischen Marker. Sie vermuten, dass die Ziegen- und Schafweidewirtschaft in Südwestasien zu einer „demischen Diffusion“ dieser Mutation in Nordafrika führte. Der Begriff „demische Diffusion“ beschreibt ein Szenario, bei dem eine Gruppe die Landwirtschaft einführt und sich dann in eine unbewohnte Region ausbreitet. Es kommt zu einem raschen Bevölkerungswachstum, da die Landwirtschaft weit mehr Menschen pro Quadratkilometer ernährt als die Ernährungswirtschaft der Jäger und Sammler. Y-Chromosom-Mutationen sind häufig die Begleiterscheinungen dieser Expansionen und führen zu einem klinalen Häufigkeitsmuster, das mit der Entfernung zunimmt. Dies erklärt, warum die E-M81-Mutation in Ägypten eine geringe und in Marokko eine hohe Häufigkeit aufweist. Es sollte angemerkt werden, dass eine alte DNA-Studie zusätzliche Unterstützung liefert, die E1b-M81 mit dem nordafrikanischen Neolithikum verbindet. Fregel et al. (2018) berichten über die Entdeckung der E1b-M81-Mutation in neolithischen Überresten aus Marokko (siehe auch [ergänzende Tabelle 5.1](#)).

Die E1b-M81-Mutation erreicht durchweg eine hohe Häufigkeit bei Berber Populationen in Nordafrika (z. B. Bosch et al. 2001; Ennafaa et al. 2011; Fadhlou-Zid, et al. 2011; Trombetta et al. 2015; und [ergänzende Tabelle 5.3](#)). Somit ist dieser Marker nicht nur die genetische Signatur des nordafrikanischen Neolithikums, sondern auch die genetische Signatur der Berber-Sprachen, einem Zweig der afroasiatischen Sprachfamilie. Neben den Berbern sprechen auch die Tuareg in der Saharawüste Berber-Sprachen. Die sprachlichen Belege und die erhöhte Häufigkeit von E-M81 bei diesen Menschen deuten darauf hin, dass sie von derselben Urbevölkerung abstammen wie die Berber (für weitere Einzelheiten siehe Pereira et al. 2010; Ottoni et al. 2011).

Der Forscher Roger Blench (2014) hat auf seiner Website einen interessanten Artikel veröffentlicht, der eine anthropologische und linguistische Perspektive der Berber Volkes und der Sprache vorstellt. Dem Papier zufolge legt ein Vergleich der Grammatik nahe, dass das Semitische der dem Berber am nächsten stehende afroasiatische Zweig des Berberischen ist. Blench vermutet außerdem, dass sich der berberische Zweig vor etwa 6.500 Jahren von der afroasiatischen Sprachfamilie abspaltete. Er räumt jedoch ein, dass eine so große zeitliche Tiefe nicht mit den engen sprachlichen Ähnlichkeiten vereinbar ist, die zwischen den 26 heutigen Berber-Sprachen bestehen. Blench argumentiert, dass sich die sprachlichen Unterschiede zwischen den Berber-Sprachen vor etwa 2.000 Jahren nivelliert haben. Nach Ansicht des Forschers wird diese Schlussfolgerung durch neupunische und lateinische lexikalische Entlehnungen in den heutigen Berber-Sprachen gestützt. Blench vermutet außerdem, dass die Ausdehnung des Römischen Reiches nach Nordafrika bei den Berbern den Bedarf nach einer *Lingua franca* weckte. Zu dieser Zeit ritten die Berber auf Kamelen, was ihnen die Möglichkeit bot, mit den Römern Handel zu treiben, insbesondere entlang ihrer südlichen Grenze in Nordafrika, dem so genannten „*limes*“. Eine *lingua franca* unter den Berbern erleichterte also den Handel mit den Römern. Laut Blench hat die Annahme einer gemeinsamen Handelssprache unter den Berbern letztlich die sprachliche Vielfalt dieses Volkes eingeebnet. Blench schreibt weiter, dass der Einfluss der Berber in Nordafrika nach der Ausbreitung des Islam in der Region zurückging.

Die Diskussion über die Ausbreitung der afroasiatischen Sprachen in Nordafrika wird in Kapitel 11 und in der Diskussion über die Haplogruppe J-M304 fortgesetzt. Eine Variante dieser Haplogruppe, die Mutation J1-M267, die ihren Ursprung in Südwestasien hat, breitete sich zusammen mit E-M81 über Nordafrika aus.

5.4. E1b-M293, das Nilo-Saharanische, das Niger-Kongo und Khoisan-Sprachen.

Eine letzte sprachlich bedeutsame Mutation des grünen Clusters ist E1b-M293. Trombetta et al. (2015) schätzen, dass sich diese Mutation vor etwa 3.500 Jahren entwickelt hat. Henn et al. vermuten in ihrer Studie von 2008, dass sich die Mutation in Tansania beim Volk der Datooga entwickelt hat. Diese Bevölkerung spricht eine nilo-saharanische Sprache. Wie die Daten in der [ergänzenden Tabelle 5.4](#) jedoch zeigen, erreicht die E1b-M293-Mutation nicht nur eine signifikante Häufigkeit bei nilo-saharanischen Populationen wie den Datooga, Maasai und Turkana, sondern auch bei Populationen, die afroasiatische, Niger-Kongo-, Khoisan- Sprachen sprechen. Darüber hinaus findet sich E1b-M293 bei den Sandawe und Hadza, zwei Populationen, die eine als isoliert eingestufte Sprache sprechen. Die Studie von Henn et al. (2008) legt nahe, dass dieses Verbreitungsmuster einer südlichen Ausbreitung der ostafrikanischen Viehzucht folgt, die vor etwa 2.000 Jahren begann.

Überraschenderweise berichtet eine Studie aus dem Jahr 2018 (Bajić et al.) von keinem Zusammenhang zwischen Tierhaltung und der E1b-M293-Mutation in zeitgenössischen Populationen. Diese Schlussfolgerung erscheint jedoch aus zwei Gründen problematisch. Erstens ist der in der Studie verwendete Datensatz zu klein, da die Forscher nur E1b-M293-Proben aus Namibia, Botswana und Sambia berücksichtigt haben. Tatsächlich wird die E1b-M293-Mutation in Populationen in einer geografischen Ausdehnung beobachtet, die von Äthiopien bis Südafrika reicht (siehe [ergänzende Tabelle 5.4](#)). Zweitens konzentriert sich die Studie auf die statistische Modellierung und ignoriert die archäologischen und klimatologischen Daten. Aus archäologischer und klimatologischer Sicht ist die Evolutionsgeschichte der E1b-M293-Mutation mit der Ausbreitung ostafrikanischer Rinderhirten und deren Interaktionen mit Bantu-Bauern und Khoisan Jägern und Sammlern. Diese Beobachtung unterstreicht zwei wichtige Punkte für Linguisten: (1) die Sprachvariation in Afrika korreliert gut mit der Subsistenzstrategie; (2) und die Sprachvariation in Afrika wurde zum Teil durch Sprachverschiebung und Spracherhaltung geprägt.

Die archäologische Unterstützung für die Verbindung zwischen der ostafrikanischen Rinderhirtentradition und der zeitgenössischen Verbreitung von E1b-M293-Mutationen beginnt mit einer Diskussion über die archäologischen Stätten Nabta Playa und Bir Kiseiba im Süden Ägyptens. Hier wurde die Rinderhaltung vor etwa 8.000 Jahren Teil der Subsistenzstrategie in Afrika (z. B. Brass 2018). Interessanterweise sind Anthropologen geteilter Meinung über die Ursprünge der domestizierten Rinder in Afrika. Einige Forscher bevorzugen die Domestizierung von wilden afrikanischen Rindern. Andere vermuten, dass sie ursprünglich im Nahen Osten domestiziert und als Teil des südwestasiatischen Agrarpakets nach Afrika gebracht wurden (siehe Brass 2018 für weitere Einzelheiten). Andererseits legt eine Studie aus dem Jahr 2014 (Decker et al.) auf der Grundlage genetischer Daten nahe, dass domestizierte afrikanische Rinder eine Kreuzung aus domestizierten Rindern des Nahen Ostens und wilden afrikanischen Auerochsen sind. Für Sprachwissenschaftler wirft diese Kontroverse eine interessante Frage auf: Wurden domestizierte Rinder von afroasiatischen Sprechern nach Afrika gebracht?

Die Ausbreitung der Rinderhaltung vom nördlichen Afrika ins südliche Afrika hängt mit dem Klimawandel und dem Vorkommen der Tsetsefliege zusammen. Dieses blutsaugende Insekt überträgt beim Fressen die so genannte „Schlafkrankheit“. Domestizierte Rinder sind besonders anfällig. In einer Veröffentlichung aus dem Jahr 1992 (Smith) wird erklärt, dass Tsetsefliegen nur in Regionen gedeihen, die mindestens 500 Millimeter Niederschlag pro Jahr erhalten. Andernfalls können sie sich nicht vermehren. In der gleichen Arbeit wird darauf hingewiesen, dass der südliche Vorstoß der Rinderherden von Nord- nach Ostafrika vor etwa 4.000 Jahren stattfand. Nach Ansicht des Forschers korreliert dies gut mit dem Ende der letzten feuchten Phase der Sahara und dem Rückzug der intertropischen Übergangszone nach Süden. Er erklärt, dass die Rinderweidewirtschaft in Afrika eine Anpassung des Menschen an das Grasland darstellt, das infolge dieses Klimawandels entstanden ist. Mit zunehmender Trockenheit dehnte sich das Grasland aus, und die Tsetse war weit weniger

verbreitet. Das Ausbleiben der Tsetsefliege und die Ausdehnung des Graslandes wiederum machten die Viehzucht für die Menschen in Ostafrika letztlich produktiver.

Vor etwa 2.000 Jahren war die Elmenteitan-Kultur in den westlichen Ebenen Kenias fest etabliert. Dies war ein Zeichen für den Erfolg der Viehzucht in Ostafrika. Zu dieser Zeit schuf der Klimawandel in Afrika einen tsetse-freien Korridor, der eine sekundäre Ausbreitung der Viehwirtschaft im südlichen Afrika ermöglichte (Chritz et al. 2015). Siehe auch Abbildung 5.3 (unten). Während sich die Viehzucht von Ostafrika aus nach Süden ausbreitete, fand weiter westlich einer weiteren unabhängigen landwirtschaftlichen Ausbreitung statt. Bantu-Bauern und der Getreideanbau drangen durch den zentralafrikanischen Regenwald nach Süden vor. Lander und Russell (2018) zufolge erreichte die Viehzucht das südliche Afrika etwas früher als die Bantus. Die Khoisan waren natürlich bereits in der Region. Schließlich kam es zu einer Kollision aller drei kulturellen Traditionen. Nach den von Lander und Russell (2018) zusammengestellten archäologischen Aufzeichnungen war die Interaktion zwischen den drei Traditionen komplex. Rinderhirten handelten mit Fleisch, Bantus mit Getreide und die Khoisan stellten Arbeitskräfte zur Verfügung. Ihre Daten deuten auch darauf hin, dass die Sprachvariation im südlichen Afrika durch Assimilation, Sprachwechsel und Spracherhaltung geprägt wurde. Wenn die Viehhirten eine nilo-saharanische Sprache sprachen, was mit den genetischen und linguistischen Beweisen übereinstimmt, kann das Fehlen dieser Sprachfamilie im südlichen Afrika durch die Assimilation der Viehhirten an die Bantu- und Khoisan-Populationen erklärt werden.

Abbildung 5.3. Ausbreitung der Viehzucht im südlichen Afrika. Das blau schattierte Gebiet stellt das Verbreitungsgebiet der Tsetsefliege im heutigen Afrika dar. Der orangefarbene Pfeil markiert einen „tsetse-freien Korridor“, der sich vor etwa 2.000 Jahren entwickelte. Quelle: Smith 1992: Abbildung 1.



Abschnitt 6. Rote Cluster-Mutationen.

6.1. Überblick.

Wie bereits bei der Diskussion der grünen Clustermutationen erwähnt, entwickelte sich die Haplogruppe E-M35 vor etwa 44.000 Jahren in Afrika. Bei den Mutationen des grünen Clusters handelt es sich um Varianten des Markers E1b-Z827 (siehe [ergänzende Abbildung 5.2](#)) und bei den Mutationen des roten Clusters um Varianten des Markers E1b-M78 (siehe [ergänzende Abbildung 5.3](#)). Innerhalb des roten Clusters sind drei Mutationen linguistisch informativ: E1b-V32, E1b-V13 und E1b-V22. Die zeitgenössische Verteilung dieser Mutationen

und die alten Y-Chromosomdaten deuten auf einen umfangreichen prähistorischen bidirektionalen Genfluss zwischen Nordafrika und den Nahen Osten (siehe [ergänzende Tabellen 5.5, 5.6 und 5.7](#)). Zusätzliche Unterstützung kommt von alten Y-Chromosom-Daten, die von Loosdrecht et al. (2018) berichtet wurden. Die Studie identifizierte die E1b-M78-Mutation bei mehreren Überresten aus einer archäologischen Stätte in Marokko. Diese Überreste wurden auf vor ca. 14.500 Jahren datiert, was bedeutet, dass die E1b-M78-Mutation in Nordafrika während des späten Paläolithikums auftrat (siehe auch [ergänzende Tabelle 5.2](#)).

6.2. E1b-V13, E1b-V22 und das Afroasiatische.

E1b-V13, eine Mutation des roten Clusters, ist die einzige Variante der Haplogruppe E-M96, die in Europa eine signifikante Häufigkeit erreicht. Wie die [ergänzende Tabelle 5.5](#) zeigt, erreicht E1b-V13 eine signifikante Häufigkeit in den Populationen des Balkans und in Griechenland. In anderen Teilen Europas, wie z. B. bei den Italienern und den Ungarn, werden mäßigere Häufigkeiten beobachtet. Mehrere Studien legen nahe, dass E1b-V13 während des Mesolithikums nach Europa kam (Battaglia et al. 2009; Regueiro et al. 2012; Karachanak et al. 2013). Dies würde darauf hindeuten, dass die Ausbreitung von E1b-V13 in Europa dem Zerfall der Natufien-Kultur während der Jüngeren Dryas folgte (siehe Diskussion in Abschnitt 3). Eine andere Studie (Trombetta et al. 2015) legt jedoch nahe, dass sich E-V13 vor etwa 8.000 Jahren entwickelt hat. Hier favorisieren die Forscher eine neolithische oder spätere Ankunft der Mutation in Europa. Darüber hinaus belegt alte DNA aus archäologischen Stätten, dass E1b-V13 in Europa während des Neolithikums auftrat (siehe [ergänzende Tabelle 5.2](#)). Diese Daten aus Europa werfen eine interessante Frage auf. Waren proto-afroasiatische Sprachen Teil des sprachlichen Inventars des prähistorischen Europas? Diese Möglichkeit wurde von Vennemann (2000) und Mailhammer (2007) vorgeschlagen.

Wenn wir uns nun auf die E1b-V22-Mutation konzentrieren, ist es schwierig festzustellen, wo sich dieser Marker entwickelt hat. Nach Cruciani et al. (2007) entwickelte sich die E1b-V22-Mutation vor etwa 10.000 Jahren. Diese Datierung würde die von Hassan et al. (2008) vertretene Position unterstützen, dass E1b-V22 ein mögliches genetisches Relikt der Wüstenbildung in der Sahara ist. Diese Position scheint jedoch im Widerspruch zu den linguistischen Daten zu stehen, da die Mutation in den nilo-saharischen Populationen aufweist (siehe [ergänzende Tabelle 5.6](#)). Vielmehr ist die Mutation sehr häufig bei semitischen und kuschitischen Bevölkerung in Nord- und Ostafrika auf. Auf der Grundlage der Häufigkeit und der linguistischen Daten könnte E1b-V22 also durchaus eine neolithische Rückwanderung von Bauern oder Viehzüchtern nach Afrika darstellen, die eine proto-afroasiatische Sprache sprachen. Diese Position wird durch die enge phylogenetische Verwandtschaft mit der E1b-V13-Mutation gestützt (siehe [ergänzende Abbildung 5.3](#)). Wenn sich E1b-V13 im Nahen Osten entwickelt hat, kann auch E1b-V22 seinen Ursprung in derselben Region haben. Geht man noch einen Schritt weiter, könnte E1b-V22 durchaus mit der in Abschnitt 5.2 beschriebenen E1b-M34-Mutation aus dem grünen Cluster nach Nordafrika eingewandert sein.

6.3. E1b-V32, das Nilo-Saharanische und Afroasiatische.

Wie der Leser sich vielleicht aus Kapitel 2 und der Diskussion über die A1b-M13-Mutation erinnert, verwandelte der Klimawandel im Holozän vor etwa 10.000 Jahren die Sahara-Wüste in ein savannenartiges Ökosystem mit Flüssen und Seen. Dann, vor etwa 7.000 Jahren, hörte der Regen auf, und plötzlich wurde die Sahara wieder zur Wüste. Infolge der so genannten „Wüstenbildung“ in der Sahara siedelten sich die Menschen entweder entlang des Nils in Ägypten an oder zogen mit ihren Rinder-, Ziegen- und Schafherden in den Sudan und nach Ostafrika (z. B. Kuper und Kröpelin 2006). Diejenigen, die sich entlang des Nils niederließen, übernahmen schließlich die sesshafte Landwirtschaft und bauten Nutzpflanzen an, die aus der Levante stammten. Die Viehzüchter hingegen hüteten Schafe, Ziegen und Rinder.

Der E1b-V32-Marker ist ein wichtiges genetisches Relikt der „Wüstenbildung“ in der Sahara. Cruciani et al. (2007) vermuten, dass sich die Mutation vor etwa 8.000 Jahren in Nordostafrika entwickelt hat. Derselben Studie zufolge macht E1b-V32 derzeit 82 Prozent der E-M78-Variation (oder des roten Clusters) in Ostafrika aus. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 5.7](#) hervorgeht, erreicht die E1b-V32-Mutation eine signifikante Häufigkeit bei nilo-saharanischen und afroasiatischen Populationen in Ostafrika. Somit repräsentiert der Marker möglicherweise eine Bevölkerungsexpansion unter nilo-saharanischen Rinderhirten in Ostafrika am Ende der letzten feuchten Phase. Assimilation und Sprachverschiebung erklären dann das Vorhandensein der Mutation bei den afroasiatischen

Populationen der Region.

Abschnitt 7. Nilo-Sahara und die E2a-M41-Mutation des Gelben Clusters.

Der Leser wird auf die [ergänzende Abbildung 5.1](#) und die gelbe Cluster-Mutation E2a-M41 verwiesen. Über diese Mutation ist wenig bekannt, auch nicht, wann sie sich von E2-M75 abspaltete. Die meisten Häufigkeitsdaten stammen aus einer Studie aus dem Jahr 2010 (Gomes et al.) und 118 Proben, die aus drei verschiedenen Populationen in Uganda stammen: den Dodoth, Jie und Karimojong. Diese Gruppen sprechen Ng'arkarimojong, eine nilo-saharanische Sprache. Insgesamt erreicht die E2a-M41-Mutation eine bescheidene Häufigkeit von 11 Prozent. In ihrer Studie aus dem Jahr 2005 berichten Wood et al., dass diese Mutation bei den Alur in der Demokratischen Republik Kongo eine Häufigkeit von 67 Prozent erreicht. Diese Bevölkerung spricht auch eine nilo-saharanische Sprache. Die Stichprobengröße war jedoch gering (neun Männer), und die tatsächliche Häufigkeit könnte durch Erhebungsfehler verzerrt worden sein. Die einzige andere afrikanische Population, in der E-M41 eine signifikante Häufigkeit erreicht, ist die ethnische Gruppe der Hema in der Demokratischen Republik Kongo, in der die Mutation bei 39 Prozent der Männer vorkommt (Wood et al. 2005). Diese Bevölkerung spricht eine bantoide Sprache.

Gomes et al. (2010) schlagen vor, dass die Mutation E2a-M41 einen potenziellen Marker für das Verständnis der genetischen Geschichte der nilo-saharanischen sprechenden Populationen in Ostafrika darstellt. In der Tat deuten die Daten darauf hin, dass zu den potenziellen genetischen Relikten der vor der Landwirtschaft lebenden nilo-saharanischen sprechenden Populationen in Afrika nicht nur die E2a-M41-Mutation des „gelben Clusters“ gehört, sondern auch die E1a-M33-Mutation des „orangenen Clusters“ (siehe Abschnitt 8).

Abschnitt 8. das Nilo-Saharanische, Afroasiatische, Niger-Kongo und die Mutation des E1a-M33 orangenen Clusters.

Nach Angaben von Poznik et al. (2016) hat sich E1-P147 vor etwa 50.000 Jahren von der Haplogruppe E-M96 getrennt. Kurz danach, vor etwa 48.000 Jahren, teilte sich E1a-M33 von E1-P147. Diese Datierungen und die Position innerhalb der E-M96-Haplogruppe (siehe [ergänzende Abbildung 5.1](#)) zeigen, dass sich die orangefarbene Clustermutation E1a-M33 kurz nach der anfänglichen Rückwanderung nach Afrika entwickelt hat, die vor etwa 50.000 Jahren stattfand. Somit stellt E1a-M33 eine vergleichsweise alte Mutation dar, die ihren Ursprung in der Nähe der ersten Diversifizierung der E-M96-Variante in Afrika hat. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 5.8](#) hervorgeht, ist die geografische Verteilung der E1a-M33-Populationen sehr interessant, da diese Populationen in der Sahelzone Afrikas zu finden sind, einer Übergangsregion zwischen dem südlichen Rand der Sahara und dem zentralafrikanischen Regenwald. Außerdem stellt diese Region die Urheimat der nilo-saharanischen Sprachen (siehe Diskussion in Kapitel 2).

In der Sahelzone zeigt die [ergänzende Tabelle 5.8](#), dass E1a-M33 eine mäßige Häufigkeit unter den nilo-saharanischen, Niger-Kongo- und afroasiatischen Populationen erreicht. Interessanterweise ist das Vorkommen von E1a-M33 bei Mande-Sprechern und nicht-bantoiden Atlantik-Kongo-Sprechern bestätigt, was die linguistischen Beweise nahelegen: Mande und nicht-bantoide Atlantik-Congo-Populationen liegen geografisch näher an der vermuteten Niger-Kongo Urheimatland in West-Zentralafrika. In ihrer Untersuchung von Populationen in West-Zentralafrika analysierten Filippo et al. (2011) und Barbieri et al. (2012) die genetische Vielfalt zwischen Mande und nicht-bantoiden Atlantik-Kongo-Sprechern und kamen zu einem ähnlichen Ergebnis. Dies erklärt, warum Mande und nicht-bantoide Atlantik-Kongo-Populationen dazu neigen, die E1a-M33-Mutation des orangenen Clusters sowie undefinierte ältere Mutationen des blauen Clusters zu haben, die stromabwärts von E1b-M2 sind. Bei den Bantus hingegen kommen fast ausschließlich die E1b-U174- und E1b-U175-Varianten des blauen Clusters vor. Wenn man einen Schritt weiter geht, entspricht die Bantu-Expansion einem demischen

Diffusionsmodell, das auch die Expansion der Berbersprachen Sprachen in Nordafrika erklärt (siehe Abschnitt 5.3 oben).

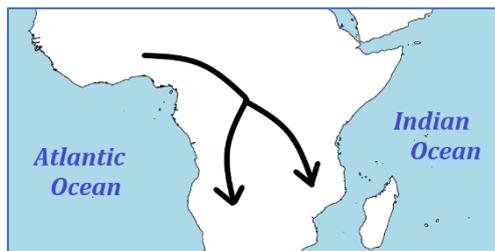
Wenden wir uns nun dem Afroasiatischen zu das Vorhandensein der E1a-M33-Mutation bei tschadisch sprechenden Populationen, wie den Kotoko und Masa in Kamerun (siehe Bučková et al. 2013) und den Hausa im Sudan (siehe Hassan et al. 2008), scheint ebenfalls signifikant zu sein, dass die tschadischen Populationen ebenfalls eine signifikante Häufigkeit der Mutation R1b-V88 aufweisen (siehe Kapitel 18). Diese Daten legen nahe, dass Sprachverschiebungen die heutige Verbreitung der afroasiatischen Sprache in Afrika erklären könnten.

Abschnitt 9. Bantu-Bauern, Pygmäen, Khoisan und Mutationen des blauen Clusters.

Wie bereits in Kapitel 3 erläutert, ist die sprachliche Vorgeschichte der bantoiden Sprachen mit einer südlichen Expansion von Bauern aus West-Zentralafrika vor etwa 4.000 Jahren verbunden. Wie in Kapitel 3 erwähnt, stellt die B2a-M150-Mutation ein genetisches Relikt dieser Ausbreitung dar. Wie die B2a-M150-Mutation wurden auch die Mutationen E1b-U174 und E1b-U175 als besonders starke genetische Relikte der Bantu-Expansion identifiziert (z. B. Filippo et al. 2011; Montano et al. 2011; Barbieri et al. 2012; Rowold J. et al. 2016). Die Häufigkeitsdaten für beide Mutationen stützen diese Position (siehe [Ergänzende Tabelle 5.9](#) und [Ergänzende Tabelle 5.10](#)). Zusätzliche Unterstützung kommt von Datierungsschätzungen. Nach Filippo et al. (2011) entwickelte sich die E1b-U175-Mutation in West-Zentralafrika vor etwa 5.000 Jahren und E1b-U174 in der gleichen Region vor etwa 4.000 Jahren. Diese Datierungen stimmen mit dem Zeitpunkt der Bantu-Expansion überein, wie er sich aus klimatologischer und anthropologischer Sicht ergibt (siehe Diskussion in Kapitel 3).

Die Position der Mutationen E1b-U174 und E1b-U175 innerhalb der Haplogruppe E-M96 ist in den [ergänzenden Abbildungen 5.1](#) und [5.4](#) dargestellt. Wie die [ergänzende Abbildung 5.1](#) zeigt, vereint die E1b-P2-Mutation die blauen, roten und grünen Cluster. Das blaue Cluster wird durch die E1b-V38-Mutation definiert. Wie aus der [ergänzenden Abbildung 5.4](#) hervorgeht, sind die linguistisch informativen Varianten der E1b-V38-Mutation des „blauen Clusters“ E1b-U174 und E1b-U175.

Abbildung 5.4: Die Bantu-Expansion.



Die Erörterung der B2a-M150- und B2b-M112-Mutationen in Kapitel 3 deutet darauf hin, dass diese Mutationen möglicherweise den männlichen Genfluss zwischen Bantu-Bauern und afrikanischen Sammlern messen können. Diese Daten wiederum deuten auf Faktoren hin, die zu einer Sprachverschiebung bei den Pygmäen und zur Spracherhaltung bei den Khoisan. Die Mutationen E1b-U174 und E1b-U175 sind ebenfalls eine potenzielle Datenquelle für die Untersuchung dieser Frage. Wie aus den [ergänzenden Tabellen 5.11](#) und [5.12](#) hervorgeht, deuten die verfügbaren Y-Chromosom-Daten auf einen erheblichen unidirektionalen Genfluss von den Bantus zu den Khoisan- und Pygmäengruppen hin. Allerdings ist Vorsicht geboten, wenn es darum geht, aus wenigen Daten große Schlüsse zu ziehen. Die Menge der Y-Chromosom-Daten für Subsahara-Afrika ist immer noch begrenzt.

Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe E-M96.

Mehrere stromabwärtige Varianten der Haplogruppe E-M96 tragen dazu bei, die Ursprünge und die Ausbreitung der Sprachen auf dem afrikanischen Kontinent zu entschlüsseln. Die Mutationen E1b-V22 des roten Clusters und E1b-M34 des grünen Clusters repräsentieren afroasiatische Ackerbauern, die während des Neolithikums nach Nord- und Ostafrika kamen. Proto-Berber und die

E1b-M81 Mutation des grünen Clusters verbreiteten sich gemeinsam in Nord-Afrika. Die Mutationen E1a-M33 des orangen Clusters und E2a-M41 des gelben Clusters sind genetische Relikte von vor der Landwirtschaft lebenden afrikanischen Populationen, die vor der Entwicklung der Niger-Kongo- und nilo-saharanischen Sprachfamilien. E1b-V32 aus dem roten Cluster ist ein genetisches Relikt der Viehzucht bei den Nilo-Sahara-Populationen in Ostafrika. Die Mutation E1b-M293 des grünen Clusters steht für eine spätere Ausbreitung der Tierhaltung von Ostafrika nach Süden. Die Mutationen E1b-U174 und E1b-U175 stehen für die südliche Ausbreitung der Bantu aus West- und Zentralafrika. Aus der Perspektive des Y-Chromosoms erklären diese sprachlich informativen Mutationen die Entstehung der heutigen Sprachvariation in Afrika. Die sprachliche Vielfalt wurde durch den Klimawandel, landwirtschaftliche Expansionen, Sprachverschiebungen und Spracherhaltung geprägt.

Kapitel 6: Haplogruppe C1-F3393.

Abschnitt 1. Zeitgenössische Verbreitung von C1-F3393.

Die Bezeichnung von C1-F3393 als Haplogruppe ist nicht standardisiert (siehe den Y-Chromosom-Baum, der von der International Society of Genetic Genealogy veröffentlicht wird). Eine Erklärung folgt in Abschnitt 2.1 (unten).

Der Leser wird nun gebeten, die [ergänzende Tabelle 6.1](#) zu betrachten, die Häufigkeitsdaten für die Haplogruppe C1-F3393 aus regionaler Sicht enthält. Wie aus der Tabelle hervorgeht, erreicht die Haplogruppe C1-F3393 eine signifikante Häufigkeit unter den heutigen Bevölkerungen der Insel Südostasien und Ozeaniens. Außerdem ist die Haplogruppe eine signifikante Mutation bei den australischen Ureinwohnern. Schließlich wird die Haplogruppe auch bei den Bevölkerungen Süd- und Ostasiens beobachtet, wo sie im Allgemeinen eine Häufigkeit von weniger als 10 Prozent erreicht.

Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte von C1-F3393.

Die Nomenklatur für Y-Chromosom-Mutationen wurde erstmals 2002 von der Y-Chromosom-Kommission vereinheitlicht (siehe Kapitel 1 für weitere Einzelheiten). Zu den von der Kommission ergriffenen Maßnahmen gehört die Verwendung des Begriffs "Haplogruppe" zur Definition eines einzigartigen Segments der menschlichen Y-Chromosom-Variation. Eine der Haplogruppen, die aus dieser Standardisierung hervorging, war C-M130. Auf der Grundlage der in den letzten zwanzig Jahren gesammelten Daten sollten die Forscher jedoch die M130-Mutation als eine höhere Paragruppe bezeichnen und die Mutationen C1-F3393 und C2-M217 als Y-Chromosom-Haplogruppen identifizieren. Wie in diesem Kapitel und in Kapitel 7 dargelegt, haben beide Mutationen eine ganz eigene Evolutionsgeschichte. Das heutige Muster der C1-F3393-Mutation ist das Ergebnis der menschlichen Expansion während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe, die vor etwa 50.000 Jahren begann. Die heutige Verbreitung von C2-M217 hingegen ist eine wichtige Haplogruppe für die Definition der menschlichen Expansion nach dem letzten glazialen Maximum vor etwa 20.000 Jahren.

An dieser Stelle sollte der Leser die Position der DR-M168-Mutation innerhalb des Y-Chromosom-Baums bestimmen (siehe [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel). Wie in Kapitel 4 erörtert, stellt die DR-M168-Mutation die Vorläufermutation für alle nicht-afrikanischen Haplogruppen dar. Datierungsschätzungen von Poznik et al. (2016) deuten darauf hin, dass sich diese Paragruppe vor etwa 100.000 Jahren in der Levante entwickelt hat. In dieser Region entwickelte sich die C-M130-Paragruppe vor etwa 70.000 Jahren aus der DR-M168-Mutation. Von C-M130 unterscheiden sich die Haplogruppen C1-F3393 und C2-M217. Diese Spaltung fand vor etwa 49.000 Jahren statt. Wie aus der [ergänzenden Abbildung 6.1](#) hervorgeht, bilden C1a-CTS11043 und C1b-F1370 die beiden wichtigsten phylogenetischen Abspaltungen mit der Haplogruppe C1-F3393. Mutationen stromabwärts von C1b-F1370 repräsentieren die menschliche Ausbreitung über die „südliche Route“ während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Mutationen stromabwärts von C1a-CTS11043 stehen für die Ausbreitung über die „nördliche Route“ während desselben Zeitraums.

Abschnitt 3. Ausbreitung der C1b-F1370-Mutationen über die südliche Route.

3.1. Überblick über die genetischen Daten.

Wie bereits in Kapitel 4 erläutert, erklärt die menschliche Ausbreitung über die „südliche Route“ die erfolgreiche menschliche Besiedlung Südasiens, Ostasiens, der Insel Südostasien und Australiens während der 3. Sauerstoff Isotopenstufe vor etwa 50.000 Jahren. Die verfügbaren Daten deuten auch darauf hin, dass die südliche Wanderung irgendwo in der Nähe des Schwarzen Meeres begann. Der Menschenstamm wanderte dann südwärts entlang der Flüsse Tigris und Euphrat. Vom Persischen Golf aus folgte die Wanderung der westlichen Küste Indiens bis nach Sri Lanka und wandte sich dann nach Norden entlang des Golfs von Bengalen nach Südostasien. Dort breiteten sich die C1b-F1370-Mutationen dann über die malaysische Halbinsel nach Süden bis nach Sunda und Sahul aus.

Wie die [ergänzende Abbildung 6.1](#) zeigt, spaltet sich C1b-F1370 in C1b-K281 und C1b-B477 auf. Stromabwärts von C1b-K281 liegen die Mutationen C1b-M356 (gelber Rand) und C1b-AM00847 (oranger Rand). Poznik et al. (2016) vermuten, dass diese Spaltung vor etwa 44.000 Jahren stattfand. Die C1b-M356-Mutation entwickelte sich wahrscheinlich in Südasiens, der Region, in der die Mutation ihre höchste Häufigkeit in den heutigen Populationen erreicht. C1b-AM00847, die phylogenetische „Schwester-Mutation“ von C1b-M356, entwickelte sich wahrscheinlich in Ostasien, wo sie gelegentlich unter den heutigen Populationen der Region auftaucht (siehe Macholdt et al. 2020; Kutanan et al. 2020).

Stromabwärts von C1b-B477 (siehe [ergänzende Abbildung 6.1](#)) liegen die Mutationen C1b-M38 (grüner Rand) und C1b-M347 (blauer Rand). Karmin et al. (2015) vermuten, dass sich C1b-M38 vor etwa 24.000 Jahren aus C1b-B477 entwickelt hat. Nach Mona et al. (2007) geschah dies im nordwestlichen Teil von Neuguinea. C1b-M347 hingegen entwickelte sich wahrscheinlich in Australien vor etwa 44.000 Jahren (siehe Nagle et al. 2016a).

In veröffentlichten Studien wurde nur eine einzige informative stromabwärtige Variante des C1b-P38-Markers gefunden, die C1b-M208-Mutation. Dieser Marker entwickelte sich vor etwa 12.000 Jahren im Hochland von West-Neuguinea (siehe Delfin et al. 2012; Karmin et al. 2015).

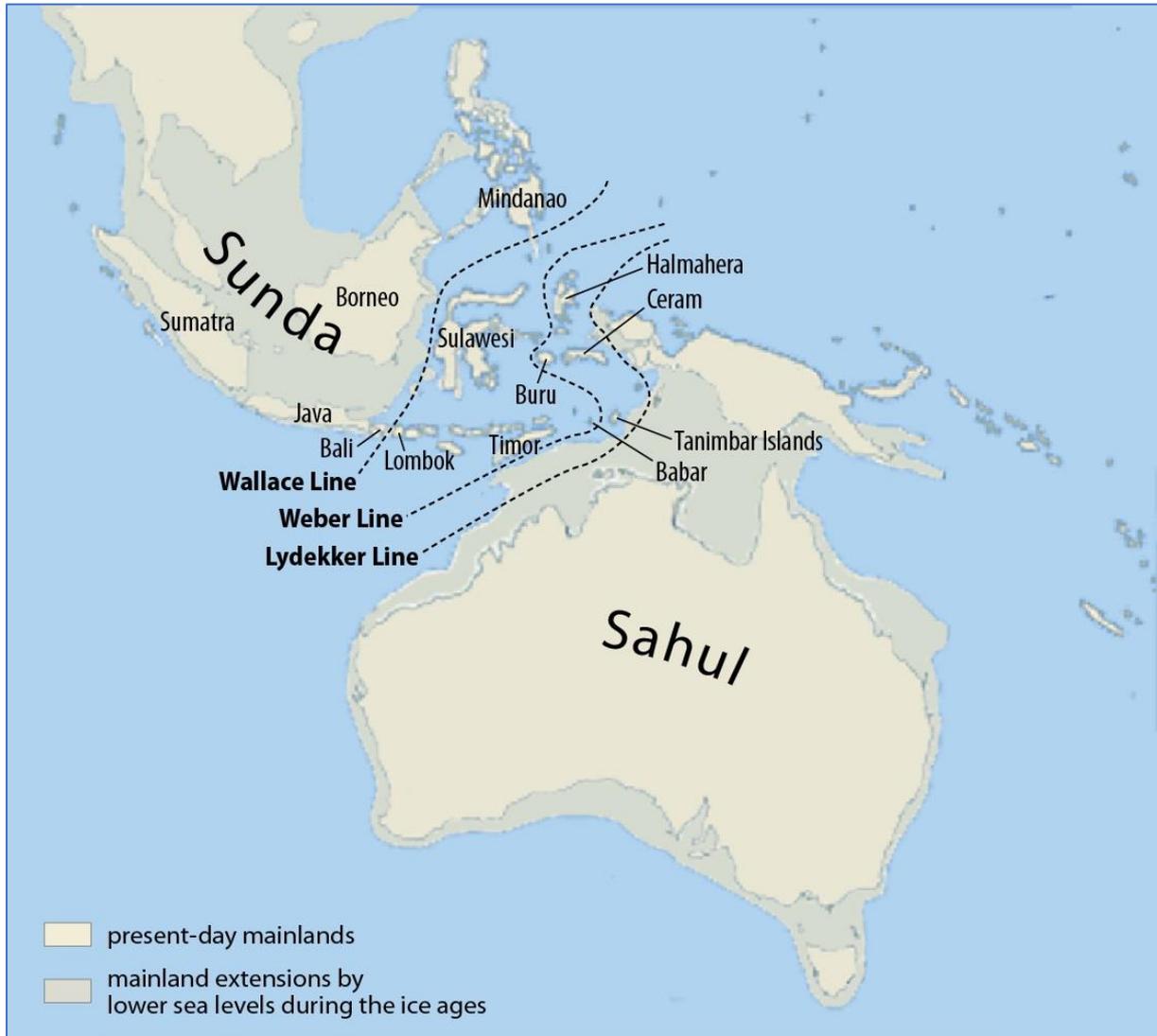
3.2. Archäologische und klimatologische Perspektiven.

Wie bereits in Kapitel 4 angedeutet, führte das stabilere Wetter zu Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe zu reichhaltigeren Meeresressourcen, die die menschliche Expansion entlang der südasiatischen Küste begünstigten. Diese Migration wiederum erleichterte die menschliche Besiedlung Südasiens. Die heutige Verbreitung der Mutationen C1b-AM00847 und C1b-M356 unterstützt dieses Expansionsmodell.

Die Einwanderung von Menschen aus Südostasien in die Sunda- und Sahul-Inseln wurde durch den niedrigeren Meeresspiegel während der Sauerstoff-Isotopenstufe begünstigt, das als Folge der Vergletscherung entstand (siehe Clark et al. 2009 für weitere Einzelheiten). Infolgedessen verband eine große Landmasse namens „Sunda“ die heutige malaysische Halbinsel mit vielen der heutigen indonesischen Inseln, darunter Sumatra, Java, Borneo und Bali. Zur gleichen Zeit verband die Sahul-Landmasse Papua-Neuguinea und Australien (siehe [Abbildung 6.1](#) unten für weitere Einzelheiten). Da die Entfernung zwischen Sunda und Sahul bis zu neunzig Kilometer betragen haben könnte, wurde die Besiedlung Australiens durch den Menschen möglicherweise mit Hilfe primitiver Wasserfahrzeuge durchgeführt (siehe Allen und O'Connell 2008). Dies wiederum erklärt die zeitgenössische Verbreitung von C1b-M38-Mutationen in Südostasien und von C1b-M347-Mutationen in Australien, wobei die Idee besteht, dass beide Mutationen eine Diversifizierung der C1b-B477-Mutation unter geografisch isolierten Populationen darstellen.

Zu den wichtigen fossilen Überresten der menschlichen Besiedlung von Sunda und Sahul während der 3. Isotopenstufe gehört der Mungo-See-Mensch aus Australien. Diese Überreste stammen aus der Zeit vor mindestens 46.000 Jahren (siehe Bowler et al. 2003). Ein weiterer wichtiger Fund ist der so genannte „tiefe Schädel“ in der Niah-Höhle auf der indonesischen Insel Borneo, der mindestens 35.000 Jahre alt ist (Barker et al. 2007). Weitere archäologische Belege stammen aus einer kürzlich erschienenen Veröffentlichung (Florin et al. 2020). Die Daten bestehen aus verkohlten Nahrungsresten aus Madjedbebe, einer archäologischen Stätte in Australien. Diese Überreste zeigen, dass moderne Menschen an diesem Ort vor etwa 53.000 Jahren Nahrung verarbeiteten.

Abbildung 6.1. Sunda und Sahul. Quelle: Wikipedia und Maximilian Dörrbecker (Chumwa).



Abschnitt 4. C1b-M356 und sprachliche Vielfalt in Südasien.

Nach Poznik et al. (2016) entwickelte sich die C1b-M356-Mutation vor etwa 48.000 Jahren. Trotz der niedrigen Häufigkeitszahlen in den heutigen Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 6.2](#)) ist die Mutation immer noch ein wichtiger Marker für die Untersuchung der Bevölkerungsgeschichte der Südasien. In dieser Region stellt sie das genetische Relikt der südlichen Migrationsroute und der Gründungspopulation der Region dar (z. B. Sengupta et al. 2006; Arunkumar et al. 2012; Khurana et al. 2014).

Das heutige Südasien besteht aus Indien und Pakistan und wird von über 1,5 Milliarden Menschen bewohnt (*CIA World Factbook* 2017). Die sprachliche Vielfalt innerhalb der Region ist unglaublich komplex: Drawidisch; Indoarische, Munda und Tibeto-Birmanisch. Die Mutation C1b-M356 ist ein Ausgangspunkt für das Verständnis dieser Vielfalt. Innerhalb des Genoms dieser Region stellen einige Mutationen, wie der C1-M356-Marker, eine paläolithische Komponente dar. Andere Mutationen stehen für jüngere Migrationen während des Mesolithikums oder Neolithikums. Dementsprechend wird die Erörterung der sprachlichen Vielfalt in Südasien in Kapitel 8 mit der Vorstellung der Haplogruppe H-M2713 fortgesetzt, einer weiteren paläolithischen Komponente der südasiatischen Bevölkerungen.

Abschnitt 5. C1b-M38, C1b-M208, die Papuasprachen und das Austronesische.

5.1. Überblick.

An dieser Stelle muss erklärt werden, warum die [ergänzende Tabelle 6.3](#) Daten für C1b-M38 ohne die C1b-M208-Mutation (C1b-M38 xM208) und die [ergänzende Tabelle 6.4](#) Daten für die C1b-M208-Mutation [enthält](#). Die C1b-M208-Mutation ist die einzige informative C1b-M38-Downstream-Variante, die in veröffentlichten Quellen identifiziert wurde. C1b-M38 xM208 hingegen bedeutet, dass C1b-M38 weitere informative stromabwärtige Mutationen aufweist, die noch entdeckt werden müssen. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 6.3](#) hervorgeht, erreicht C1b-M38 ohne C1b-M208 eine signifikante Häufigkeit im Insel Südostasienreich und ist in Ozeanien praktisch nicht vorhanden. C1b-M208 hingegen erreicht eine signifikante Häufigkeit in Ozeanien und ist in der Insel Südostasienwelt im Wesentlichen nicht vorhanden.

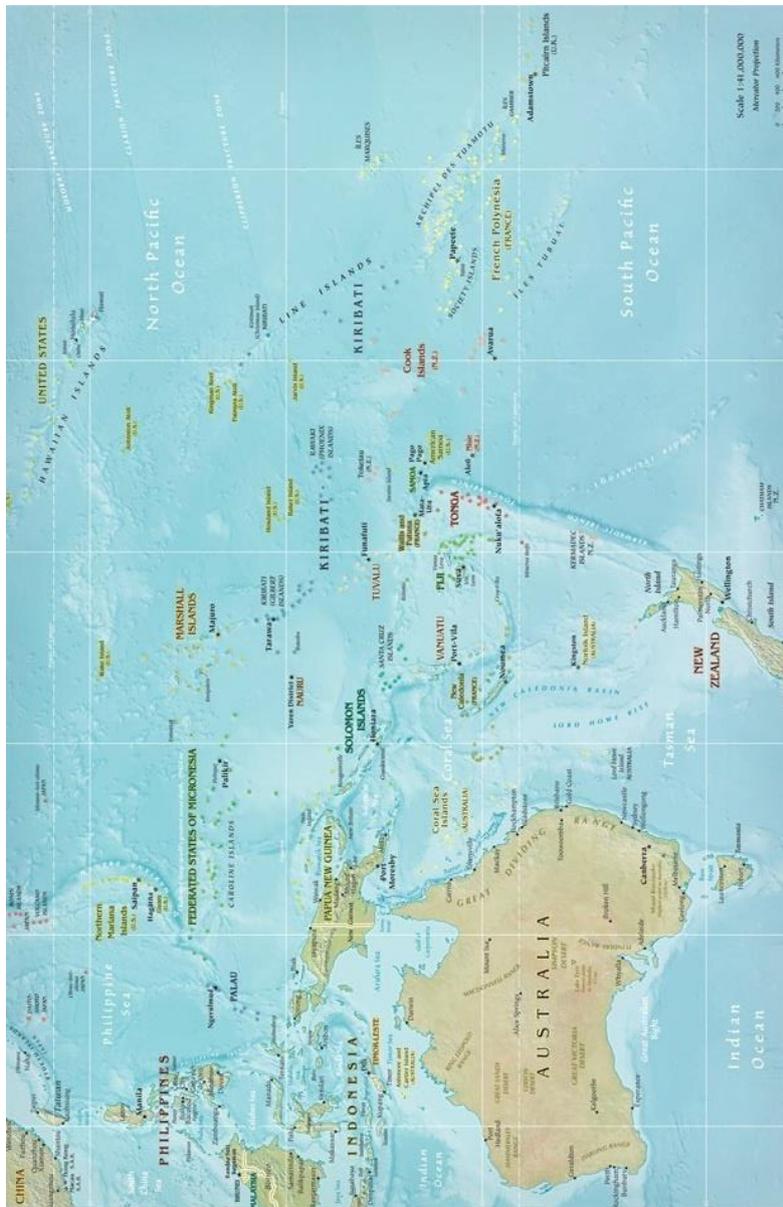
5.2. Geografie.

Um die Vorgeschichte der papuanischen und austronesischen Sprachen zu erörtern, ist es an dieser Stelle notwendig, geografische Begriffe zu definieren. Meiner Ansicht nach gehören zu der Region „Insel-Südostasien“ die Philippinen, Indonesien östlich der Wallace-Linie, Osttimor und Papua-Neuguinea. Ozeanien hingegen besteht aus einer weiten Inselwelt im Pazifischen Ozean, die sich im Osten von den Salomon-Inseln bis Rapa Nui und im Norden von den Hawaii-Inseln bis Neuseeland erstreckt. Es ist anzumerken, dass diese Beschreibung der Geografie etwas uneinheitlich ist und dass Begriffe wie Mikronesien, Melanesien und Polynesien gebräuchlicher sind. Außerdem wird die Geografie in der Literatur manchmal als Nahes Ozeanien, Fernes Ozeanien und Australasien bezeichnet. Schließlich betrachten einige die Philippinen als Teil Ostasiens. Auch wenn die in diesem Kapitel verwendeten geografischen Bezeichnungen nicht dem Standard entsprechen, sind die regionalen Beschreibungen notwendig, um eine effiziente Bereitstellung der sprachlichen und genetischen Daten zu ermöglichen. Weitere Informationen sind in Abbildung 6.2 (unten) zu finden.

5.3. C1b-M38 ohne die C1b-M208-Mutation (C1b-M38 xM208).

Die C1b-M38 xM208-Mutation ist in den Bevölkerungen Ostindonesiens und Papua-Neuguineas weit verbreitet (z. B. Mona et al. 2007; Mona et al. 2009; Karafet et al. 2010; Tumonggor et al. 2014). Karmin et al. (2015) vermuten, dass sich C1b-M38 vor etwa 24.000 Jahren entwickelt hat. Aufgrund ihrer Interpretation der Daten vermuten Mona et al. (2007), dass dies im nordwestlichen Teil von Neuguinea geschah und sich die Mutation schließlich sowohl auf den östlichen Teil der Insel (Papua-Neuguinea) als auch nach Westen bis nach Indonesien ausbreitete. Für Genetiker stellen nicht identifizierte C1b-M38-Mutationen, die sich später entwickelten, eine einheimische Komponente im genetischen Gewebe der Insel Südostasien dar. Für Linguisten sind sie aufschlussreiche Marker für die Entschlüsselung der Evolution der so genannten Papuan-Makro-Sprachfamilie, ein Thema, das in Kapitel 14 ausführlicher behandelt wird.

Abbildung 6.2. Insel-Südostasien, Australien und Ozeanien. Quelle: Bundesregierung der Vereinigten Staaten von Amerika und Central Intelligence Agency.



5.4. C1b-M208 und das Austronesische.

Die C1b-M208-Mutation ist eine stromabwärtige Variante von C1b-M38, die sich vor etwa 12.000 Jahren im Hochland von West-Neuguinea entwickelt hat (Delfin et al. 2012; Karmin et al. 2015). C1b-M208 wird in Indonesien nur selten gefunden (z. B. Mona et al. 2009; Karafet et al. 2010), was auf eine minimale westliche Ausbreitung der Mutation schließen lässt. Mirabel et al. (2012) berichten jedoch, dass die C1b-M208-Mutation eine zunehmende Häufigkeitskurve von Neuguinea bis Rapa Nui aufweist. Siehe auch die [ergänzenden Tabellen 6.3](#) und [6.4](#)).

Die austronesische Sprachfamilie wird in den Kapiteln 14 und 16 behandelt. An dieser Stelle ist es wichtig, darauf hinzuweisen, dass die C1b-M208-Mutation ein wichtiger Marker für Linguisten ist, weil sie dazu beiträgt, die Ausbreitung der austronesischen Sprachen über eine riesige, zehntausend Kilometer lange Ozeanausdehnung von Neuguinea bis Rapa Nui (Osterinsel) zu erklären. Darüber hinaus ist die C1b-M208-Mutation Teil des Beweisbildes, das das folgende Argument stützt: Die Kontinuität der Sprache kann den Austausch der Bevölkerung überleben.

Abschnitt 6. C1b-M347 und die australischen Sprachen.

Nagle et al. (2016a) stellen die umfassendste Y-Chromosom-Studie von australischen Ureinwohnern vor. Der Studie zufolge macht die C1b-M347-Mutation etwa 42 Prozent der indigenen Y-Chromosom-Variation in dieser Bevölkerung aus. Die Entdeckung der australischen-spezifischen C1b-M347-Mutation wurde erstmals in Hudjashov et al. (2007) berichtet. Die Forscher nutzten die verbesserte Auflösung der stromabwärtigen Variation innerhalb der Paragruppe C-M130, um sich mit einer früheren Studie (Redd et al. 2002) auseinanderzusetzen, in der von einem Genfluss zwischen Indien und Australien im Holozän vor etwa 10.000 Jahren berichtet wurde. Die Studie aus dem Jahr 2002 stützte ihre Ergebnisse auf eine Art genetischer Marker, die so genannten Short Tandem Repeats (STRs). Hudjashov et al. (2007) widersprachen der Studie von 2002 und behaupteten, dass die australischen Ureinwohner über einen Zeitraum von etwa 45.000 Jahren, also von der ersten Besiedlung des Kontinents durch moderne Menschen bis zur Ankunft der Europäer in den späten 18. Jahrhundert, keinen Genfluss von außen erfahren haben. Zu einer ähnlichen Schlussfolgerung kamen auch Nagle et al. (2016a).

Die Beobachtung, dass die australischen Ureinwohner über einen Zeitraum von etwa 45.000 Jahren keinen Genfluss von außen erfahren haben, und die Feststellung, dass sie die Nachkommen der menschlichen Besiedlung Australiens sind, ist für Sprachwissenschaftler ein wichtiger Punkt. Die australische Sprachfamilie hat Wurzeln, die bis zum Exodus aus Afrika reichen. Geht man einen Schritt weiter, so muss sich die Sprache vor mindestens 100.000 Jahren in Afrika entwickelt haben. Dies ist eine plausiblere Annahme als die, dass der Stamm, der aus Afrika ausgewandert ist, bereits eine Sprache hatte, im Gegensatz zu der weniger plausiblen Erklärung, dass sich die Sprache unabhängig in verschiedenen Regionen der Welt entwickelt hat.

Eine vollständige Erörterung der einheimischen Y-Chromosom-Variation bei den australischen Aborigines erfordert eine Diskussion der unbekanntesten KR-M526-Mutationen sowie der Haplogruppen M-P256 und S-B254. Dementsprechend wird dieses Thema in den Kapiteln 13 und 14 fortgesetzt.

Abschnitt 7. C1a-CTS11043-Mutationen und die Hypothese der nördlichen Ausbreitung.

7.1. Überblick über die archäologischen Funde.

Die verfügbaren archäologischen und genetischen Daten deuten darauf hin, dass sich der Menschenstamm vor etwa 50.000 Jahren irgendwo in der Nähe des Schwarzen Meeres aufspaltete. Wie in Abschnitt 3 (oben) beschrieben, wanderte eine Gruppe nach Süden und besiedelte schließlich Südasien, die südostasiatische Inselwelt und Australien. Diese Ausbreitung folgte dem, was in der Literatur gemeinhin als „südliche Route“ bezeichnet wird (z. B. Mellars 2006; Stoneking und Delfin 2010; Oppenheimer 2012). Es gab jedoch auch Ausbreitungen entlang einer nördlichen Route. Die Daten deuten darauf hin, dass eine Gruppe von Jägern und Sammlern aus dem Kaukasus nach Norden in Richtung Osteuropa oder Zentralasien gewandert ist. Von Osteuropa oder Zentralasien aus trennte sich die Gruppe dann, wobei einige nach Westeuropa, andere nach Ostasien und wieder andere in den Polarkreis wanderten.

Die Ausbreitung nach Osten und Westen über die Nordroute wurde durch die sogenannte „Mammutsteppe“ erleichtert, ein einzigartiges Ökosystem, das sich bis zum Beginn des Holozäns über ganz Eurasien erstreckte (z. B. Ricankova et al. 2014). Der moderne Mensch wurde vor etwa 45.000 bis 50.000 Jahren von diesem Ökosystem angezogen, weil es ihm hochwertige Nahrung bot. Wie der Name schon sagt, lebte in diesem riesigen Ökosystem eine Vielzahl großer Pflanzenfresser, darunter nicht nur Mammuts, sondern auch Rentiere, Wollnashörner, Wildpferde und Bisons (z. B. Dolukhanov 2003; Gordon 2003). Die archäologischen Aufzeichnungen datieren die Jagd auf große Pflanzenfresser in der

Mammutsteppe auf mindestens 45.000 Jahre vor heute. Die Daten stammen von den Überresten eines Wollmammuts, das Menschen in der Nähe von Sopochnaya Karga, einer meteorologischen Station in Sibirien, getötet und geschlachtet hatten (siehe Pitulko et al. 2016).

Eine solide archäologische Unterstützung für die menschliche Expansion über den Norden bieten auch die menschlichen Überreste mit den Mutationen C1-F3393 und C1a-V20 (siehe [ergänzende Tabelle 6.5](#) und insbesondere die Daten für die 3. Sauerstoff-Isotopenstufe). Aus archäologischer Sicht ist eine wichtige Beobachtung über diese Individuen die Nahrungsreste, die an archäologischen Stätten gefunden wurden. Diese Daten zeigen durchweg, dass große Pflanzenfresser auf dem Speiseplan standen. Noch einen Schritt weitergedacht, könnte die Möglichkeit, mit vergleichsweise geringem Zeit- und Arbeitsaufwand einen enormen Nährwert zu ernten, durchaus erklären, warum diese Jäger und Sammler vom Schwarzen Meer weg expandierten. Wie die [ergänzende Tabelle 6.5](#) zeigt, liefert die Bacho-Kiro-Höhle in Bulgarien wichtige archäologische Belege für diese Position (Hublin et al. 2020). Die Ernährung der paläolithischen Völker, die hier lebten, umfasste Bison und Pferde. Daten stammen auch von der archäologischen Stätte Sunghir, die sich etwa 190 km nordöstlich von Moskau befindet. Hier wurden die Überreste von fünf Männern gefunden. Sie starben vor 32.000 bis 34.000 Jahren. Grabbeigaben deuten darauf hin, dass sie Mammuts gejagt haben (Sikora et al. 2017: S1). Zusätzliche Unterstützung kommt von Kostenki 14, einem Individuum, das an den Ufern des Flusses Don in der Oblast Woronesch in Russland entdeckt wurde. Er starb vor etwa 37.000 Jahren. Tierische Überreste aus der archäologischen Stätte von Kostenki deuten darauf hin, dass er sich von Rentieren und Pferden ernährte (Anikovich et al. 2007). Die Überreste von Vestonice 16 wurden in der archäologischen Stätte Dolni Vestonice in der Tschechischen Republik entdeckt. Er starb vor etwa 30.000 Jahren. Tierische Überreste deuten darauf hin, dass er sich unter anderem von Mammut und Rentier ernährte (Svoboda et al. 2009). Die Überreste von Goyet Q116-1 schließlich wurden an einer archäologischen Stätte in Belgien gefunden. Er starb vor etwa 35.000 Jahren. Tierische Überreste deuten darauf hin, dass er sich unter anderem von Pferd und Rentier ernährte (Stevens et al. 2009).

In einer kürzlich erschienenen Arbeit (Bocherens und Drucker 2021) wurde ein neuartiger Ansatz verwendet, um die Ernährung von Neandertalern und modernen Menschen zu bestimmen, die während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe in Europa lebten. Die Daten stammen aus der Analyse stabiler Isotope von Überresten von Neandertalern, modernen Menschen, großen Pflanzenfressern und Fleischfressern, die vor etwa 30.000 bis 45.000 Jahren starben. Die Analyse zeigt, dass während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe die Ernährung des modernen Menschen hauptsächlich aus Pflanzenfressern bestand, darunter Rentier, Moschusochse, Bison, Wollnashorn, Pferd und Mammut. Unter diesen Pflanzenfressern stellte das Mammut die größte Proteinquelle dar (siehe Abbildung 13.3 der Studie für eine informative Zusammenfassung der Ergebnisse).

7.2. Genetische Unterstützung für die Hypothese der „nördlichen Ausbreitung“.

Es sei darauf hingewiesen, dass die C1a-V20-Mutation bis zum Ende des Neolithikums Teil des europäischen Genoms war (siehe [ergänzende Tabelle 6.5](#)). Seitdem ist sie von diesem Kontinent verschwunden. Unter den heutigen globalen Populationen werden C1a-CTS11043-Mutationen nur bei den Japanern beobachtet und insbesondere bei der stromabwärtigen C1a-M8-Variante. Es ist anzumerken, dass C1a-M8 eine phylogenetisch äquivalente Position zu C1a-V20 innerhalb des Y-Chromosombaums einnimmt.

An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 6.1 verwiesen](#). Wie die Abbildung zeigt, weichen die C1a-M8-Mutation (roter Rand) und die C1a-V20-Mutation (brauner Rand) von C1a-CTS11043 ab. Nach Poznik et al.) entwickelten sich beide Mutationen vor etwa 48.000 Jahren, eine Zahl, die gut mit archäologischen Belegen für die Ausbreitung entlang der nördlichen Route übereinstimmt.

Wie aus der **ergänzenden Tabelle 6.5** hervorgeht, wurde die C1a-V20-Mutation in den Überresten von Sunghir, Goyet Q116-1 und Vestonice 16 gefunden, die aus der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe stammen. Das Individuum Kostenki 14, ein wichtiger Überrest aus dieser Zeit, weist jedoch die phylogenetisch entfernte Mutation C1b-F1370 auf. Dies ist unerwartet, da C1b-F1370 die genetische Signatur menschlicher Expansionen über die südliche Route während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe ist und die Überreste von Kostenki 14 in der Nähe des Schwarzen Meeres gefunden wurden. Die plausibelste Erklärung ist, dass die Levante den geografischen Ausgangspunkt für die menschlichen Wanderungen während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe bildet. C1a-CTS11043 und C1b-F1370 entwickelten sich in diesem Gebiet vor etwa 50.000 Jahren. Zwei- oder dreitausend Jahre später breiteten sich Populationen mit diesen Mutationen aufgrund des Klimawandels rasch vom Schwarzen Meer aus.

Abschnitt 8. C1a-M8 und das Japanische.

Die C1a-M8-Mutation wird bei etwa sechs Prozent der heutigen Japaner beobachtet (Sato et al. 2014). Wie in Kapitel 4 und bei der Diskussion der Haplogruppe D-M174 erläutert, stellt die D1b-M55-Mutation eine paläolithische Komponente des heutigen Genoms in Japan dar. Diese Mutation ist ein genetisches Relikt der menschlichen Besiedlung der japanischen Inseln vor etwa 30.000 Jahren. Eine ähnliche Schlussfolgerung lässt sich für die C1a-M8-Mutationen ziehen. Allerdings deuten die genetischen und archäologischen Daten darauf hin, dass D1b-M55 über die südliche Route auf die japanischen Inseln gelangte. C1a-M8 hingegen gelangte wahrscheinlich über die nördliche Route nach Japan.

Für Linguisten ist hier der springende Punkt, dass die prähistorische Jomon-Kultur zur Entwicklung der japanischen Sprachen beigetragen haben könnte. Eine ausführlichere Diskussion wird in Kapitel 16 fortgesetzt. Die C1a-M8-Mutation wurde auch bei einem mesolithischen Individuum aus Laos beobachtet (siehe **ergänzende Tabelle 6.5**). Dies deutet darauf hin, dass C1a-CTS1103-Mutationen vor dem Beginn des Neolithikums einen größeren Teil des ostasiatischen Genoms ausmachten.

Abschnitt 9. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe C1-F3393.

Y-Chromosom-Haplogruppen sind einzigartige Segmente der menschlichen genetischen Vielfalt. Die Daten, die sich in den letzten zwanzig Jahren angesammelt haben, erfordern eine Überarbeitung der Y-Chromosom-Phylogenie und insbesondere die Schaffung einer C1-F3393-Haplogruppe. Die Haplogruppe C1-F3393 besteht aus zwei Hauptgruppen: C1a-CTS11043 und C1b-F1370. Die Mutation C1b-F1370 breitete sich während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe aus der Levante aus. Heute repräsentieren diese Mutationen eine paläolithische Komponente in den Bevölkerungen Südasiens, Ostasiens, Südostasiens und Australiens und eine neolithische Komponente in Ozeanien. Für Linguisten bietet C1b-F1370 besonders aufschlussreiche Mutationen für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der australischen, austronesischen und Papua-Sprachen. C1a-CTS11043-Mutationen hingegen verbreiteten sich während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe über die nördliche Route Eurasiens. Diese Mutationen besetzten bis zum Neolithikum einen bedeutenden Teil des eurasischen Genoms. Heute erreicht C1a-CTS11043 nur noch bei den Japanern eine signifikante Häufigkeit.

Kapitel 7: Haplogruppe C2-M217.

Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe C2-M217.

Wie die Haplogruppe C1-F3393 stellt auch die Bezeichnung von C2-M217 als Haplogruppe eine Abweichung von der Standard-Nomenklatur für Y-Chromosom dar (siehe Y-Chromosom-Kommission 2002 und Internationale Gesellschaft für genetische Genealogie).

Der Leser wird nun auf die [ergänzende Tabelle 7.1 verwiesen](#). Wie die Tabelle zeigt, erreicht die C2-M217-Haplogruppe eine hohe Häufigkeit unter den sogenannten altaischen-sprechenden Populationen Zentralasiens, Ostasiens und Nordeurasiens. Mäßige Häufigkeiten der Haplogruppe werden bei den chinesisch-sprechenden Populationen in Ostasien. Geringe Häufigkeiten werden bei Koreanern, Japanern und amerikanischen Ureinwohnern.

Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte der Haplogruppe C2-M217.

2.1 Überblick.

Wie die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel zeigt, divergieren die Haplogruppen C1-F3393 und C2-M217 von der C-M130-Paragruppe. Wie bereits in Kapitel 6 erläutert, geschah dies vor etwa 49.000 Jahren. Dennoch haben die Haplogruppen C1-F3393 und C2-M217 eine recht unterschiedliche Entwicklungsgeschichte. Dies erklärt, warum die heutige Verteilung der beiden Mutationen sehr unterschiedlich ist. Dies erklärt auch, warum C1-F3393-Mutationen für die Entschlüsselung der Vorgeschichte das Japanische und die Papuan-, austronesische und australische Sprachen sind, und warum C2-M217-Mutationen bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der altaischen Sprachen und der amerikanischen Ureinwohnersprachen.

Wie in Kapitel 6 beschrieben, ist die Haplogruppe C1-F3393 das genetische Überbleibsel der menschlichen Wanderungen während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe vor etwa 50.000 Jahren. Die Ausbreitung der C1-F3390-Mutationen folgte zwei verschiedenen Migrationspfaden, einer südlichen und einer nördlichen Route. Diese Ausbreitungen deuten auf die erste menschliche Besiedlung Südasiens, der Insel Südostasienwelt, Australiens, Japans und Europas hin. Die geografische Ausbreitung der Haplogruppe C2-M217 während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe war jedoch stärker eingeschränkt. Die verfügbaren Daten deuten darauf hin, dass Jäger und Sammler mit dieser Mutation vor etwa 50.000 Jahren vom Schwarzen Meer nach Ostasien eingewandert sind. Irgendwo in der Nähe der nördlichen Mongolei „nisteten“ Populationen mit dieser Mutation bis zum Übergang vom Pleistozän zum Holozän, der vor etwa 20.000 Jahren begann.

2.2. Genetische Perspektiven.

Wie bereits in Kapitel 4 erörtert, steht die Mutation DR-M168 für den Exodus des modernen Menschen aus Afrika nach Südwestasien vor etwa 100.000 Jahren. In dieser Region teilten sich vor etwa 70.000 Jahren D-M174, E-M96 und C-M130 von DR-M168. Wie bereits erwähnt, haben sich die Haplogruppen C1-F3393 und C2-M217 vor etwa 49.000 Jahren von der C-M130-Paragruppe abgespalten.

Der Leser wird nun gebeten, sich die **ergänzende Abbildung 7.1** anzusehen. Wie die Abbildung zeigt, bilden die Mutationen C2b-L1373 und C2c-F1067 die beiden Hauptabteilungen der Haplogruppe C2-M217 in der stromabwärtigen Phylogenie. Nach Wu et al. (2020) haben sich C2b-L1373 und C2c-F1067 vor etwa 34.000 Jahren von C2-M217 abgespalten. Diese Daten stützen die archäologische Diskussion (siehe unten) mit der Vorstellung, dass C2-M217 und paläolithische Jäger und Sammler in der Nähe der nördlichen Mongolei gediehen und überlebten. Der Zeitpunkt der Abspaltung von C2b-L1373 und C2c-F1067 definiert die nördliche Mongolei und den Baikalsee als geografischen Ort, an dem die erste Diversifizierung von C2-M217 stattfand. Darüber hinaus unterstützen die alten C2-M217-Daten, obwohl sie begrenzt sind, diese Position. Dies ergibt sich aus dem Verteilungsmuster der alten C2-M217-Mutationen in Eurasien (siehe **ergänzende Tabelle 7.2**). Schließlich wird diese Position durch die heutige Verteilung der Haplogruppe C2-M217 in Eurasien gestützt (siehe **ergänzende Tabelle 7.1**).

Abbildung 7.1: Die Mongolei und der Baikalsee.



2.3. Klimatologische und archäologische Perspektiven.

Archäologische und klimatische Belege für die Ausbreitung der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe über die nördliche Route wurden bereits in Kapitel 6 erläutert. Diese Daten lassen auf eine menschliche Expansion vom Schwarzen Meer aus vor etwa 50.000 Jahren schließen. Irgendwo in Osteuropa oder vielleicht in Zentralasien trennten sich die menschlichen Stämme. Einige wanderten nach Westeuropa, andere nach Ostasien und wieder andere in Richtung Polarkreis. Jäger und Sammler mit der C2-M217-Mutation scheinen sich vor etwa 45.000 Jahren in der Umgebung der nördlichen Mongolei und des Baikalsees in Russland niedergelassen zu haben. Archäologische Belege für diese Schlussfolgerung stammen aus einer kürzlich erschienenen Veröffentlichung (Zwyns et al. 2019), die die zahlreichen archäologischen Stätten in dieser Region beschreibt. Die Veröffentlichung enthält auch Datierungsergebnisse, die darauf hindeuten, dass Jäger und Sammler vor etwa 45.000 Jahren in diese Region kamen.

Der archäologische Komplex, der von Zwyns et al. (2019) diskutiert wird, scheint zu Beginn des 2. Sauerstoff-Isotopenstufe und des letzten glazialen Maximums, vor etwa 27.000 Jahren, zusammengebrochen zu sein. Die Daten von Rybin et al. (2016) deuten darauf hin, dass zu diesem Zeitpunkt in der Klimaaufzeichnung auch Jäger und Sammler sowie C2-M17-Mutationen nach Süden in den Norden Chinas gedrängt worden sein könnten. Darüber hinaus ist anzumerken, dass die Deglazialisierung zu Beginn des Holozäns C2-M217-Mutationen in den russischen Fernen Osten und

das Amur-Flussbecken gebracht haben könnte. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf archäologische Daten von Buvit und Terry (2011).

Abschnitt 3. Die altaischen Sprachen.

3.1. Überblick.

Die Turksprachen, das Tungusische und das Mongolische werden derzeit von *Ethnologue* und *Glottolog* als Sprachfamilien anerkannt. Wie Campbell und Poser (2008: 235-241) zusammenfassen, ist die sogenannte „altaische Hypothese“ seit mindestens 150 Jahren unter Sprachwissenschaftlern im Umlauf. Diese Hypothese besagt, dass sich die Turksprachen sowie die tungusischen und mongolischen Sprachfamilien aus einer gemeinsamen Vorgängersprache entwickelt haben. Befürworter der altaischen Klassifizierung nennen gemeinsame Merkmale wie Vokalharmonie, SOV-Wortfolge, agglutinative Morphologie, das Fehlen des Verbs haben und das Fehlen des grammatischen Geschlechts. Gegen die altaische Hypothese spricht unter anderem, dass es keine Kognaten für den Grundwortschatz gibt, wie zum Beispiel Kognaten für Körperteile. So könnten die im Türkischen, Tungusischen und Mongolischen gefundenen Ähnlichkeiten potenzielle Relikte eines intensiven Sprachkontakts über einen längeren Zeitraum sein, und damit wird das Altaische zu einem ostasiatischen Sprachbund.

3.2. Linguistische Perspektiven und die Turksprachen.

Glottolog (4.4) listet 44 Sprachen innerhalb der türkischen Sprachfamilie auf. Darüber hinaus sind die turksprachigen Bevölkerungen über ein weites geografisches Gebiet verteilt, das sich von Osteuropa bis Ostasien erstreckt. Beispiele für Turksprachen sind die folgenden: Gagauz in Osteuropa; Türkisch in Südwestasien; Aserbaidschanisch im Kaukasus; Kasachisch, Kirgisisch, Turkmenisch und Usbekisch in Zentralasien; Änyu in Ostasien; Jakutisch und Dolganisch in Sibirien. Interessanterweise ist es immer noch ein Rätsel, wo und wann die Turksprachen entstanden sind (z. B. Kornfilt 2009). Die frühesten Belege werden auf das achte oder neunte Jahrhundert datiert und bestehen aus Orkun-Inschriften aus der Mongolei und alt-uirgischen Manuskripten aus Xinjiang, China. Somit könnte die Urheimat der Turksprachen irgendwo in Ostasien liegen.

3.3. Linguistische Perspektiven und Mongolisch.

Ethnologue (2017) ordnet dreizehn Sprachen in die mongolische Sprachfamilie ein. Zwölf der Sprachen werden entweder in China, Russland oder der Mongolei gesprochen. Die andere mongolische Sprache, Mogholi, ist in Afghanistan zu finden. Der früheste Nachweis mongolischer Sprachen sind die so genannten „para-mongolischen“ Khitan-Schriften, die etwa auf das zehnte Jahrhundert datiert werden (Kane 1989: 11-37; Janhunen 2003a: 394-396) und während der Liao-Dynastie entstanden sind. Die vorklassischen mongolischen Texte entstanden später während der Herrschaft von Dschingis Khan im 13. Jahrhundert (Janhunen 2003b: 32-33).

3.4. Linguistische Perspektiven und Tungusisch.

Laut *Ethnologue* (2017) besteht die tungusische Sprachfamilie aus elf Sprachen, die von rund 55.000 Sprechern entweder in Nordostchina oder Ostsibirien gesprochen werden. Die Bestimmung des Urheimatlandes des Tungusischen wird durch die heutige und historische Verbreitung dieser Sprachfamilie erschwert. Zu den tungusischen sprechenden Populationen gehören kleine Völker in Sibirien, wie die Ewen und Ewenken, zu deren Überlebensstrategie einst die Domestizierung von Rentieren gehörte. Im Gegensatz dazu ist eine andere tungusische Sprache, Mandschu, ein ehemaliges sprachliches Schwergewicht, ein Überbleibsel der chinesischen Qing-Dynastie. Als die Dynastie 1912 zusammenbrach, starb die mandschurische Sprache rasch aus.

Das früheste Zeugnis des Tungusischen stammt aus Texten, die im 12. Jahrhundert während der chinesischen Jin-Dynastie erschienen. Diese Texte waren in der Sprache der Jurchen verfasst und verwendeten Schriftzeichen, die dem Khitan (einer mongolischen Sprache) und dem Chinesischen entlehnt waren (Kane 1989:1-10).

3.5. Die Genetik und das Altaische.

Was nun die sprachlich informativen Mutationen betrifft, so hebt die **ergänzende Abbildung 7.1** die signifikanten C2-M217-Mutationen hervor (rot umrandet), die in den altaischen sprachigen Populationen besonders häufig vorkommen: C2b-M48, C2b-F1918, C2c-CTS2657 und C2c-F8465. Die Häufigkeitsdaten für C2b-M48, C2b-F1918 und C2c-CTS2657 sind in den **ergänzenden Tabellen 7.3, 7.4 und 7.5 zu** finden.) Diese Daten deuten auf eine signifikante Vermischung zwischen turksprachigen, tungusischen und mongolischen Populationen über einen längeren Zeitraum hinweg. Geht man noch einen Schritt weiter, so sprechen die Daten eindeutig für eine Evolution der altaischen Sprachen nach einem Sprachbundmodell. Dies ergibt sich aus der großen Häufigkeit der Mutationen, die bei den altaisch sprechenden Populationen beobachtet wurden, während sie bei den nicht-altaischen Populationen fehlen. Bemerkenswerte Ausnahmen von diesem Muster sind die unerwartete Häufigkeit von C2b-M48 bei den Jukagirischen und C2b-F1918 bei den Hazaran. Das Jukagirische ist eine Sprachfamilie, und die Hazara-Sprache gehört zu der indoeuropäischen Sprachefamilien.

3.6. Die Genetik und das Tungusische.

In einer neueren Y-Chromosom-Studie (Liu et al. 2020) wurde die Phylogenie der C2b-M48-Mutation untersucht. Den Forschern zufolge repräsentieren die Mutationen C2b-F7171 die C2b-M48-Variation bei türkischen und mongolischen sprachigen Populationen. C2b-F5484 repräsentiert die C2b-M48-Variation unter tungusisch-sprachigen Populationen. Auf der Grundlage ihrer Analyse der genetischen Daten legt die Studie ferner nahe, dass sich die tungusischen Sprachen im Amur-Flussbecken des russischen Fernen Ostens entwickelten und sich vor etwa 3.000 Jahren aus dieser Region ausbreiteten.

Die Haplogruppe N-M231 wird auch häufig bei tungusisch sprechenden Populationen beobachtet. Daher wird diese Diskussion in Kapitel 15 fortgesetzt.

3.7. Die Genetik und das Mongolische.

In einer Studie aus dem Jahr 2017 (Huang et al.) wurden C2-M217-Mutationen stromabwärts von C2c-CTS2657 untersucht. Der Studie zufolge stellt C2c-F8465, eine stromabwärtige Variante von C2c-CTS2657, die genetische Signatur der mongolischen Sprachen dar. Die Studie berichtet weiter, dass sich diese Mutation vor etwa 4.000 Jahren in Nordostasien entwickelt hat.

3.8. Die Genetik und die Turksprachen.

Nach der Y-Chromosom-Perspektive bietet die Sprachkontakttheorie ein besonders robustes Modell zur Erklärung der Ausbreitung der Turksprachen in Eurasien. So leben beispielsweise rund 30 Prozent der Turksprachen-Sprecher in der Türkei (Kornfilt 2009). Interessanterweise berichtet eine Y-Chromosom-Studie aus dem Jahr 2004 (Cinnioglu et al.), dass die Haplogruppe C2-M217 bei türkischen Männern eine Häufigkeit von weniger als ein Prozent erreicht. Dies deutet darauf hin, dass die Sprachverschiebung in Anatolien ohne nennenswerte Vermischung mit turksprachigen Völkern aus Zentralasien oder Nordeurasien stattfand. Diese Schlussfolgerung steht im Einklang mit den historischen Aufzeichnungen und dem Untergang des Byzantinischen Reiches. Dies unterstreicht die Idee, dass Sprachverschiebung ohne Bevölkerungsaustausch erfolgen kann. Ein weiteres Beispiel sind die Jakuten, eine turksprachige Bevölkerung in Sibirien. Ihre Abhängigkeit von der Rentierzucht und

die hohe Häufigkeit von Mutationen der Haplogruppe N-M231 legen nahe, dass sie ursprünglich eine uralische Sprache sprachen (z. B. Pakendorf et al. 2006). Ein weiteres Beispiel sind die Gagausen, eine turksprachige Bevölkerung in Osteuropa. Ihr Y-Chromosom-Profil ähnelt die anderen Populationen in der Balkanregion (siehe Varzari et al. 2009).

3.9. Klima und archäologische Perspektiven.

In mehreren Studien wurde die nachgelagerte Phylogenie informativer Y-Chromosom-Mutationen in altaisch sprechenden Populationen untersucht. Datierungsschätzungen aus diesen Studien legen nahe, dass die Entwicklung der altaischen Sprachen eng mit der Entwicklung der Landwirtschaft in den osteurasischen Steppen verbunden ist. Siehe Huang et al. (2017) und die Diskussion von C2c-CTS2657; Wei et al. 2018(b) und die Diskussion von C2b-F1918; Liu et al. (2020) und die Diskussion von C2b-M48. Es hat den Anschein, dass die Landwirtschaft den Fortpflanzungserfolg begünstigt hat, was die rasche Diversifizierung der altaischen C2-M217-Linien begünstigt hat. Eine kürzlich durchgeführte paläogenomische Studie (Cui et al. 2020) baut auf dieser Idee auf und legt nahe, dass die Entwicklung der altaischen Sprachen mit dem Anbau von Hirse zusammenhängt, der sich vor etwa 8.000 Jahren in Nordchina entwickelte. Die archäologischen Aufzeichnungen belegen jedoch nicht, dass der Anbau von Hirse eine bedeutende Nahrungsquelle für diese Region darstellte (z. B. Stevens und Fuller 2017). Vielmehr lieferten Jagen und Sammeln bis zur Domestizierung des Pferdes den Großteil der Kalorien.

Der Übergang zur Landwirtschaft in den ost-eurasischen Steppen war ein allmählicher Prozess, der drei wichtige Entwicklungen umfasste. Die erste Entwicklung war die Domestizierung des Pferdes, die vor etwa 5.500 Jahren in Nord-Zentral-Kasachstan begann (Frachetti 2012). Es sei darauf hingewiesen, dass das Pferd während des Pleistozäns eines von mehreren großen Säugetieren war, die von den Kulturen der Mammutsteppe gejagt wurden. Die Domestizierung des Pferdes könnte also als Versuch gesehen werden, seine weitere Verfügbarkeit als Nahrungsquelle zu sichern. Die zweite Entwicklung (siehe wiederum Frachetti 2012) fand vor etwa 4 500 Jahren statt, als Rinder, Ziegen und Schafe Teil der Subsistenzstrategie dieser Ökoregion wurden. Die letzte Entwicklung fand vor 3.200 Jahren statt (siehe Taylor et al. 2020). Zu diesem Zeitpunkt hatten die Kulturen der Region das Reiten perfektioniert. Diese Entwicklung ermöglichte es den Viehzüchtern, ihre Herden auf der Suche nach Wasser und Futter über eine viel größere geografische Ausdehnung zu bewegen. Infolgedessen wurde die Weidewirtschaft zu einer effizienteren Subsistenzstrategie.

Herdentiere versorgten die neolithischen und späteren Kulturen der osteurasischen Steppen mit Fleisch, Wolle und Fellen. Außerdem lieferten diese Tiere Milchprodukte wie Milch, Quark und *Airag*, ein fermentiertes alkoholisches Getränk, das aus Stutenmilch hergestellt wird. Eine neuere Studie (Wilken et al. 2020) liefert nützliche Informationen über die Entwicklung der Milchviehhaltung in den osteurasischen Steppen. Die Studie liefert zusätzliche archäologische Beweise, die den Abschluss des landwirtschaftlichen Übergangs in der Region auf etwa 3.000 Jahre vor heute datieren.

3.10. Schlussfolgerungen für Abschnitt 3.

Die Verwendung von „Altaisch“ in der obigen Diskussion sollte nicht als Wunsch interpretiert werden, die frühere Klassifizierung der altaischen Sprachfamilie wieder aufleben zu lassen. In diesem Forschungsleitfaden wird im Allgemeinen der Konsens unter den Sprachwissenschaftlern in Bezug auf die Klassifizierung verteidigt, und es scheint, dass es an Begeisterung für die Unterstützung dieser Idee mangelt. Vielmehr ermöglicht die Verwendung des Altaischen eine elegante Darstellung der Daten, die letztlich für einen osteurasischen *Sprachbund* sprechen. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass eine Synthese der linguistischen, archäologischen, genetischen und klimatologischen Perspektiven stark darauf hindeutet, dass die Turksprachen, das Tungusische und das Mongolische in den osteurasischen

Steppen entstanden sind. Darüber hinaus deuten diese Daten stark auf eine Periode intensiven Kontakts zwischen den Sprechern dieser Sprachen in der „allgemeinen Umgebung“ der Mongolei hin.

Abschnitt 4. C2-M217 und die nicht-altaischen Sprachen Ostasiens.

Während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe zogen sich die Eisgletscher zurück. Dies ermöglichte eine rasche Ausbreitung des menschlichen Stammes in ganz Eurasien. Mit dem Beginn des 2. Sauerstoff-Isotopenstufe vor etwa 29.000 Jahren verschlechterte sich jedoch das Wetter. Die Eisgletscher erreichten schließlich vor etwa 27.000 Jahren ihre maximale südliche Ausdehnung in der nördlichen Hemisphäre, an einem Punkt, der in weiten Teilen Zentral- und Ostasiens etwa 50 Grad nördlicher Breite entspricht. Das Vordringen der Eisgletscher bremste die menschlichen Wanderungen und die Ausbreitung der Bevölkerungen. Stattdessen ließen sich die Menschen in verschiedenen Refugien auf der eurasischen Landmasse nieder, wo sie auf besseres Wetter warteten.

Vor etwa 19.000 Jahren begann der Rückzug der Gletscher. Einige Populationen, wie die im heutigen Japan und Australien, blieben an Ort und Stelle. Populationen in anderen Refugien expandierten. Für die Genetiker stellt die Isolierung der Populationen während des Letzteiszeitlichen Maximums und ihrer anschließenden postglazialen Ausbreitung am Ende des Pleistozäns bzw. an ihrer fortgesetzten Isolierung im Holozän eine teilweise Erklärung für die heutige globale genetische Vielfalt dar. Für die Sprachwissenschaftler ist dies eine Teilerklärung für die globale sprachliche Vielfalt.

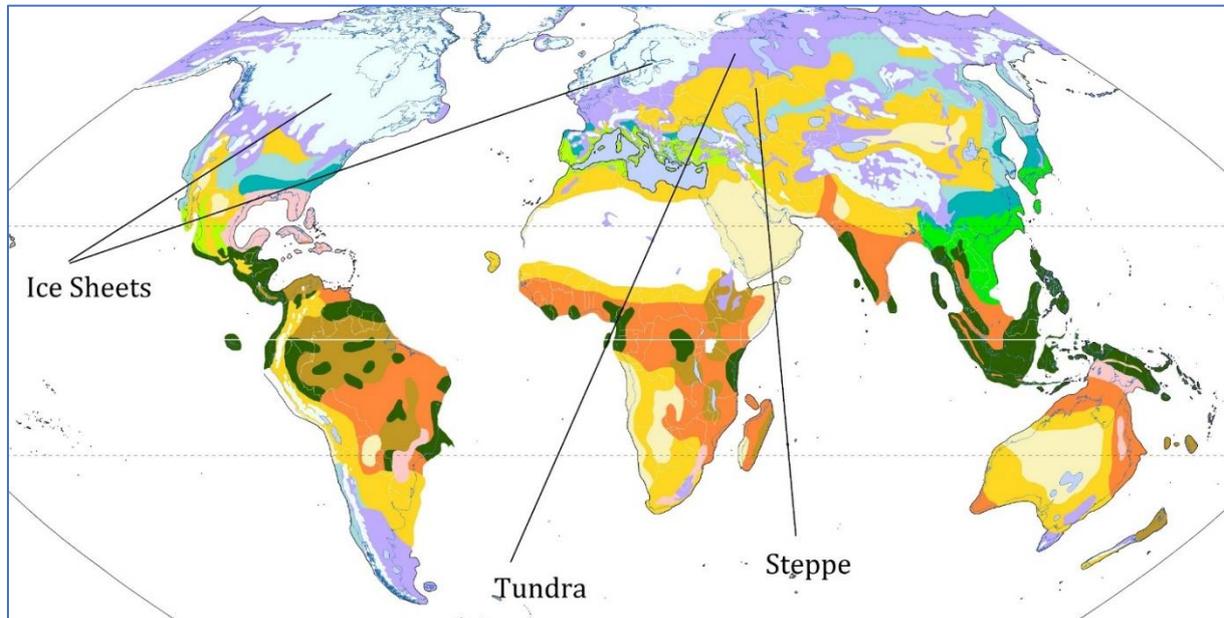
Eine interessante Studie aus dem Jahr 2016 (Gavashelishvili und Tarkhnishvili) nutzte Computersimulationen, um die Refugien zu ermitteln, in denen der Mensch während des letzten glazialen Maximums überlebte. Außerdem identifizierten sie die menschlichen Y-Chromosom-Haplogruppen, die sich mit Beginn des Holozäns aus diesen Refugien ausbreiteten. Ihr Modell wurde auf der Grundlage einer Synthese von Klima-, Gelände- und hydrografischen Daten sowie von Daten aus fossilen Pollen und Pflanzenresten erstellt. Die Analyse der Daten zeigt, dass viele der eurasischen Refugien im Tundra- und Steppengürtel direkt südlich der Gletschereisdecke liegen. Die Anpassung an das kalte Wetter (oder Kälteanpassung) ermöglichte es dem menschlichen Stamm, während dieser Zeit zu gedeihen und zu überleben.

Dolukhanov (2003) geht davon aus, dass die Kälteanpassung in den ost-eurasischen Steppen erfolgreich war, weil die trockenen Bedingungen im schlimmsten Fall eine dünne Schnee- und Eisschicht auf dem Boden erzeugten. Folglich boten die Steppen weiterhin einen idealen Lebensraum für eine Vielzahl großer Pflanzenfresser wie Mammuts, Wollnashörner, Wildpferde und Bisons. Selbst in den Wintermonaten konnten diese Tiere problemlos auf Nahrungssuche gehen, da sie lediglich eine dünne Schneeschicht abkratzen mussten, um an das darunter liegende Gras zu gelangen. Dies erklärt den anhaltenden Erfolg der eiszeitlichen Jäger und Sammler während der 2. Isotopenstufe. Die großen Pflanzenfresser gediehen weiter, und die Jäger konnten sich weiterhin an einer reichhaltigen Proteinquelle laben, die mit einem vergleichsweise geringen Energieaufwand geerntet werden konnte. Natürlich endete die Tradition der Mammutjäger schließlich mit dem Beginn des Holozäns, sowohl in Eurasien als auch in Nordamerika, und wieder einmal war der menschliche Stamm gezwungen, sich anzupassen.

Die obige Erörterung des letzten glazialen Maximums und des darauffolgenden holozänen Übergangs erklärt möglicherweise die mäßige Häufigkeit von C2-M217-Mutationen, die bei den nicht-altaischen Populationen Ostasiens. Diese Mutationen stellen ein genetisches Relikt der eiszeitlichen Refugien in Ostasien dar. Da dieses Thema eine Erörterung der Haplogruppe N-M231 erfordert, werden weitere Einzelheiten in Kapitel 15 gegeben. In der Zwischenzeit ist anzumerken, dass die C2-M217-Mutationen bei den altaischen Populationen anders sind als bei den Chinesen, Koreanern, Japanern und Vietnamesen. Wie die [ergänzende Abbildung 7.1](#) zeigt, deuten die derzeit verfügbaren Daten darauf

hin, dass die C2-M217-Mutationen bei den altaischen Bevölkerungen in einer einzigartigen Region der „Y-Chromosom-Landkarte“ besetzen.

Abbildung 7.2. Eisschilde, Tundra und Steppe vor 20.000 Jahren. Quelle: Wikipedia und Fährtenleser.



Abschnitt 5. C2-M217 und die Transeurasische Hypothese.

Wie bereits erwähnt, geht die Idee einer altaischen Sprachfamilie von der Entwicklung des Tungusischen, des Mongolischen und der Turksprachen aus einer gemeinsamen Ursprache. Es ist schwierig, Kontroversen über die Klassifizierung von Sprachen anhand von nichtlinguistischen Daten zu lösen. Traditionell erfordert die Klassifizierung einen Konsens unter den Linguisten, und viele Linguisten lehnen die altaische Klassifizierung aufgrund fehlender linguistischer Beweise ab. Dennoch unterstützt, wie bereits erwähnt, eine Synthese verschiedener Datenquellen das Konzept des altaischen *Sprachbundes*. Viele Linguisten sind wahrscheinlich mit dieser Idee einverstanden.

Am Max-Planck-Institut für die Erforschung der Menschheitsgeschichte erforscht eine Forschungsgruppe derzeit die Transeurasische Hypothese. In diesem Projekt wird eine gemeinsame transeurasische Protosprache vorgeschlagen, die die Ursprünge der altaischen Sprachen mit denen des Japanischen und Koreanischen vereint (siehe Robbeets 2017a für einen Überblick). Aus einer Y-Chromosom-Perspektive unterstützen die C2-M217-Daten diese Position nicht. Darüber hinaus gelingt es den C2-M217-Daten nicht, ein alternatives Sprachkontaktmodell zu erstellen, das das Japanische und Koreanische mit dem Altaischen verbinden würde.

Die Bewertung der transeurasischen Hypothese erfordert auch eine Analyse der Mutationen der Haplogruppe N-M231 bei Koreanern und Japanern. Dementsprechend wird diese Diskussion in Kapitel 15 fortgesetzt.

Abschnitt 6. C2-M217, Ainu, Japaner und das Flussgebiet des Amur.

Die Haplogruppe C2-M217 wurde in mesolithischen Überresten aus der Teufelstorchhöhle im russischen Fernen Osten nachgewiesen (siehe [ergänzende Tabelle 7.2](#)). Die Haplogruppe wird auch bei etwa sechs Prozent der Japaner beobachtet (Sato et al. 2014). Ebenso wird die Mutation bei den Ainu Menschen auf der japanischen Insel Hokkaido beobachtet. Laut Tajima et al. (2004b) liegt die Häufigkeit

von C2-M217 in dieser Bevölkerung bei etwa 17 Prozent. Aufgrund der geringen Stichprobengröße von 16 Ainu spiegelt dies jedoch möglicherweise nicht die tatsächliche Häufigkeit wider.

Die C2-M217-Daten für den russischen Fernen Osten und Hokkaido könnten auf einen prähistorischen Genfluss zwischen beiden Gebieten hindeuten. Archäologische Belege für diese Schlussfolgerung finden sich in der Verbreitung von sogenannten Mikroklingenwerkzeugen. Ein Bericht aus dem Jahr 2015 (Yi et al.) bietet eine nützliche Diskussion über diese Tradition der Werkzeugherstellung. Den Forschern zufolge tauchten Mikroklingenwerkzeuge plötzlich in Nordchina, auf der koreanischen Halbinsel, dem russischen Fernen Osten und dem nördlichen Japan um den Beginn des letzten glazialen Maximums auf. Yi et al. (2015) zufolge war diese Technologie ideal für die Bedürfnisse der kälteangepassten Jäger und Sammler dieser Zeit geeignet. Bei der früheren Technologie zur Herstellung eines Messers wurde eine große Steinklinge verwendet, die aus einem größeren Stein gehauen wurde. Mikroklingen hingegen wurden aus einer Reihe kleiner scharfer Keile gefertigt, die in einen Holz- oder Knochenschaft eingesetzt wurden. Diese Messer hatten gegenüber den aus Stein gehauenen Messern mehrere Vorteile: Sie waren leichter, konnten bei extremer Kälte nicht zerbrechen und konnten leichter verfügbaren Stein von geringerer Qualität verwenden.

Takahura (2012) geht davon aus, dass sich die Tradition der Mikroklingen vor etwa 20.000 Jahren vom ostasiatischen Festland nach Hokkaido verbreitet hat. In einem Bericht aus dem Jahr 2020 bietet Takahura eine aktualisierte Diskussion über Mikroklingenwerkzeuge, die an archäologischen Fundstellen auf Hokkaido gefunden wurden. Diese Tradition im Norden Japans scheint zu Beginn des Holozäns, also vor etwa 11.000 Jahren, beendet worden zu sein. Dem Bericht von 2020 zufolge könnte der Klimawandel den Bedarf an Mikroklingenwerkzeugen beseitigt haben.

Abbildung 7.3: Der Fluss Amur und die Sachalin und Hokkaido Inseln



Der prähistorische Kulturaustausch zwischen dem russischen Fernen Osten und Hokkaido könnte auch mit dem Handel von Obsidian zu tun gehabt haben. Obsidian oder vulkanisches Glas wurde von prähistorischen Kulturen auf der ganzen Welt als Rohmaterial für die Herstellung von Klingen verwendet. Die Schnitthaltigkeit dieser Klingen ist offenbar mit den modernen chirurgischen Skalpelln vergleichbar. Glascock et al. (2011) präsentierten eine geochemische Analyse von Obsidian-Artefakten, die an archäologischen Stätten im Amur-Tal gefunden wurden. Der Analyse zufolge stammte der Obsidian aus Hokkaido. Die archäologischen Daten der Studie deuten ferner darauf hin, dass dieses Material über eine Entfernung von tausend Kilometern über die Sachalin-Inseln in das

Amur-Flussbecken transportiert wurde. Den archäologischen Daten zufolge geschah dies vor 7.200 bis 8.600 Jahren.

Es sollte betont werden, dass Austauschnetzwerke Genfluss und Sprachexpansion hervorrufen können, aber dies ist sicherlich nicht das einzige mögliche Ergebnis. Nichtsdestotrotz deuten C2-M217-Mutationen in Japan und im russischen Fernen Osten sowie die archäologischen Beweise für prähistorischen Kulturkontakt zwischen beiden Regionen darauf hin, dass die prähistorische Jomon-Kultur Japans weniger isoliert war als von einigen Forschern bisher angenommen. Diese Beobachtung dient einem linguistischen Zweck, der in Kapitel 16 und bei der Diskussion der Haplogruppe O-M175 deutlicher wird.

Abschnitt 7. C2-M217, die Ureinwohner Amerikas und die Korjaken.

Bei den indigenen Völkern Nordamerikas trägt die Haplogruppe Q-M242 etwa 93 Prozent der indigenen genetischen Komponente, während C2-M217 die restlichen sieben Prozent ausmacht (z. B. Zegura et al. 2004). Außerdem repräsentiert Q-M242 fast die gesamte indigene Y-Chromosom-Variation in Südamerika (Geppert et al. 2011; Roewer et al. 2013; Jota et al. 2016). C2-M217 hingegen taucht in den indigenen Populationen des Kontinents nur selten auf. Darüber hinaus berichten Pinotti et al. (2019), dass indigene Südamerikaner eine C2-M217-Variante haben, die evolutionär weit von der Variante entfernt ist, die bei den indigenen Völkern Nordamerikas gefunden wurde. Diese Forscher berichten weiter, dass sich die einzigartige südamerikanische C2-M217-Variante und die einzigartige nordamerikanische C2-M217-Variante vor etwa 22.000 Jahren von einem gemeinsamen Vorfahren ableiteten.

Auf der Grundlage der verfügbaren Daten, sowohl aus der Vergangenheit als auch aus der Gegenwart, sind C2-M217-Mutationen besonders hilfreich für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der eskimo-aleutischen, eyak-athabaskischen und tschuktscho-kamtschadalischen Sprachen. Dies folgt der Vorstellung, dass die Entwicklung dieser Sprachfamilien durch prähistorischen Genfluss über das Beringmeer beeinflusst wurde. Da zu diesem Thema auch die Daten der Haplogruppe Q-M242 analysiert werden mussten, wird die Geschichte der Korjaken und der Ureinwohner Alaskas in Kapitel 17 fortgesetzt. In der Zwischenzeit wird der Leser gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 7.1](#) anzusehen. Die bei den amerikanischen Ureinwohnern gefundene C2b-P39-Mutation ist durch einen blauen Rahmen hervorgehoben. Wie die Abbildung zeigt, ist die C2b-FGC28881.2-Mutation ein phylogenetischer „Schwester“ von Cb2-P39. C2b-FGC28881.2 findet sich bei den Korjaken (siehe Wei et al. 2017b). Die Korjaken gehören zu den paläosibirischen Völkern Asiens und leben seit jeher am Beringmeer in der Nähe der Halbinsel Kamtschatka. Sie sprechen eine Sprache, die zur tschuktscho-kamtschadalischen Sprachfamilie gehört. Darüber hinaus haben sie traditionell eine Jäger- und Sammler-Subsistenzstrategie verfolgt, den Fang von Walen, eine kulturelle Anpassung, die sie mit der Vorgeschichte der Ureinwohner Alaskas verbindet. (siehe Kapitel 17).

Überraschenderweise stammen die ältesten Überreste mit der C2-M217-Mutation nicht aus Asien, sondern von einem amerikanischen Ureinwohner, der vor etwa 10.000 Jahren in Brasilien starb (siehe [ergänzende Tabelle 7.2](#) für weitere Einzelheiten). Es sollte betont werden, dass diese Entdeckung nicht für die Evolution von C2-M217 in Südamerika spricht. Schlussfolgerungen wie diese müssen aus mehreren verschiedenen Datenquellen gezogen werden, und die Daten deuten eindeutig auf die Entwicklung von C2-M217 in Ostasien hin. Sein Vorhandensein in den brasilianischen Überresten lässt sich am besten durch die oberpaläolithischen Migrationen nach Amerika erklären, ein Thema, das in Kapitel 17 behandelt wird. Außerdem zeigen die Daten aus Brasilien, dass es schwierig ist, gut erhaltene DNA aus menschlichen Überresten zu gewinnen. Letztendlich ist es eine Frage des Glücks, ausreichend erhaltene DNA für die Sequenzierung zu finden. Vielleicht wird die Zukunft weitere alte C2-M217-Daten für Eurasien bringen.

Abschnitt 8. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe C2-M217.

Die evolutionäre Geschichte der Mutationen C1-F3393 und C2-M217 ist so unterschiedlich, dass sie als Haplogruppen definiert werden sollten. C2-M217 ist ein genetisches Relikt der menschlichen Besiedlung Ostasiens über die Nordroute. Die Diversifizierung dieser Mutation wird mit der Kälteanpassung, der Ausdehnung und dem Rückzug der Eisgletscher und dem neolithischen Übergang in den osteurasischen Steppen erklärt. Darüber hinaus ist die Regelmäßigkeit und große Häufigkeit von C2-M217-Mutationen in der heutigen altaischen Bevölkerung auffällig. Diese Beobachtung sowie linguistische und archäologische Perspektiven laden Sprachwissenschaftler dazu ein, das Konzept eines altaischen *Sprachbundes* ernsthaft in Betracht zu ziehen.

Kapitel 8: Haplogruppe G-M201.

Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe G-M201.

Die Haplogruppe G-M201 erreicht ihre größte Häufigkeit im Kaukasus und in Zentralasien (siehe [ergänzende Tabelle 8.1](#)). Was nun die interne Phylogenie betrifft, so hat G-M201 zwei Hauptzweige, G1-M285 und G2-P287 ([ergänzende Abbildung 8.1](#)). Wie aus der ergänzenden [Tabelle 8.2](#) hervorgeht, ist die heutige Verbreitung von G1-M285 ziemlich begrenzt und beschränkt sich fast ausschließlich auf Populationen in Asien. Die [ergänzende Tabelle 8.3](#) zeigt dagegen, dass die heutige Verbreitung von G2-P287 viel größer ist und sich von Westeuropa bis nach Zentralasien erstreckt.

Abschnitt 2. Die Entwicklung und Verbreitung der Haplogruppe G-M201.

An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel verwiesen. Die DR-M168-Paragruppe stellt die Vorläufermutation der Y-Chromosom-Haplogruppen dar, die sich außerhalb Afrikas entwickelt haben. Zu diesen Haplogruppen gehören D-M174 und E-M96 sowie die C-M130-Paragruppe. Die Mutation der Schwestergruppe von C-M130, die FR-M89-Mutation, entwickelte sich schließlich vor etwa 50.000 Jahren zu G-M201 und HR-M578 (Poznik et al. 2016). Dies geschah wahrscheinlich direkt südlich des Kaspischen Meeres (Rootsi et al. 2012).

D-M174, E-M96, C1-F3393 und C2-M217 breiteten sich während des Paläolithikums, vor etwa 50.000 Jahren, aus Südwestasien aus. G-M201 hingegen begann seine Ausbreitung aus dieser Region erst viel später, während des Neolithikums, vor etwa 10.000 bis 12.000 Jahren, nachdem sich in Südwestasien die Landwirtschaft entwickelt hatte. Diese Beobachtung wird durch die Analyse zeitgenössischer Y-Chromosom-Daten gestützt (siehe Rootsi et al. 2012). Wie die [ergänzende Tabelle 8.1](#) zeigt, weist die Haplogruppe G-M201 vom Kaukasus aus eine abnehmende Häufigkeitskurve auf, sowohl in Richtung Westen als auch in Richtung Osten. Darüber hinaus tauchen alte G-M201-Daten erstmals in neolithischen Überresten auf, wobei die ältesten in Südwestasien und die jüngsten in Iberien zu finden sind (siehe ergänzende [Tabelle 8.4](#)).

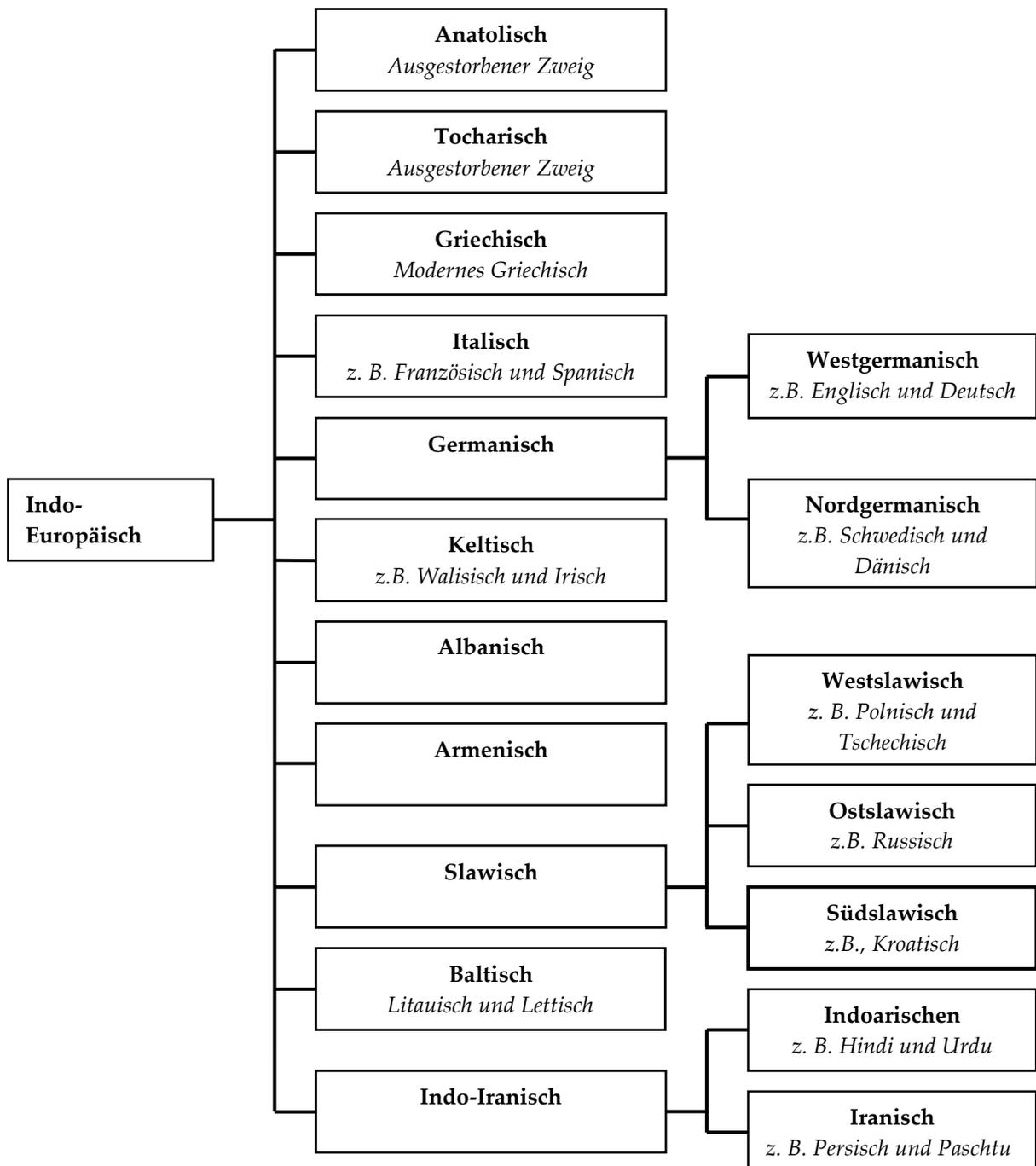
Abschnitt 3. Die Bedeutung des südwestasiatischen Neolithikums für Linguisten.

Die Entwicklung der Landwirtschaft in Südwestasien und im so genannten Fruchtbaren Halbmond wurde bereits in Kapitel 5 vorgestellt. Vor etwa 14.000 Jahren ernteten die Menschen zunächst Wildgetreide. Dies führte zu einer Reihe von Innovationen, darunter die Entwicklung von Töpferwaren, die genetische Veränderung von Getreide und Hülsenfrüchten für den Anbau und die Domestizierung von Ziegen und Schafen. Wie in Kapitel 5 beschrieben, breiteten sich das südwestasiatische Landwirtschaftspaket, E-M96-Mutationen und afroasiatische Sprachen vor etwa 6.400 Jahren gemeinsam nach Nord- und Ostafrika. Wenn wir uns nun Europa, Südasien und Zentralasien zuwenden, so ist die neolithische Transformation in all diesen Regionen ebenfalls auf die Ausbreitung der Landwirtschaft aus Südwestasien zurückzuführen. Im Gegensatz zu Nordafrika sind die archäologischen, genetischen und sprachlichen Überreste der neolithischen Transformation in diesen Regionen jedoch auf eine gemeinsame Ausbreitung von Bauern, Mutationen der Haplogruppe G-M201 und indoeuropäischen Sprachen.

Abschnitt 4. Haplogruppe G-M201, der archäologische Nachweis und das Indoeuropäische.

Die indo-europäische Sprachfamilie ist in der Tat ein sprachliches Schwergewicht mit rund 3,29 Milliarden Sprechern (Ethnologue 2021). Es ist schwierig, die Anzahl der indoeuropäischen Sprachen zu bestimmen. Die Zahlen von *Ethnologue* (2021) und *Glottlog* (Version 4.4) sprechen von 446 bzw. 583 indoeuropäischen Sprachen. Diese Zahlen scheinen jedoch überhöht zu sein, da beide Kataloge dazu neigen, Dialekte (z. B. schottisches Englisch) auf die Ebene der Sprachen zu heben. Was nun die Zweige des Indoeuropäischen betrifft, so sind das Anatolische und das Tocharische ausgestorben, während das Griechische, das Italische, das Keltische, das Germanische, das Albanische, das Armenische, das Slawische, das Baltische und das Indo-Iranische die noch existierenden Zweige bilden. Der Leser wird auf Abbildung 8.1 (unten) verwiesen.

Abbildung 8.1. Das Indo-Europäische: Zweige, ausgewählte Unterzweige und repräsentative Sprachen.



Die meisten Sprachwissenschaftler sind sich einig, dass die anfängliche Verbreitung der indoeuropäischen Sprachen in Europa, Südasien und Zentralasien auf prähistorische Expansionen zurückzuführen ist. Dennoch ist die Entschlüsselung der Urheimat der Indoeuropäer unter den Forschern ein umstrittenes Thema geworden. Die meisten Linguisten befürworten die *Steppennomaden-Hypothese*. Dieses Modell verbindet die Ausbreitung der Indoeuropäer mit einer bronzezeitlichen Expansion von Viehzüchtern aus Osteuropa oder Zentralasien vor etwa viertausend Jahren (z. B. Gimbutas 1997; Anthony 2007; Anthony und Ringe 2015). Die Befürworter dieser Hypothese stützen ihre Schlussfolgerungen weitgehend auf sprachliche Rekonstruktionen, die es den Forschern ihrer Meinung nach ermöglichen, eine proto-indoeuropäische Kultur zu rekonstruieren. Die archäologischen Aufzeichnungen können dieses Modell jedoch nicht stützen. Vielmehr spricht die archäologische Perspektive für eine gemeinsame Ausbreitung der frühen Landwirtschaft und der indoeuropäischen Sprachen vom Fruchtbaren Halbmond aus während des Neolithikums vor etwa 8.000 Jahren (siehe Renfrew 1987 und 1989).

Die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* wurde von dem Archäologen Peter Bellwood in seiner 2005 erschienenen Monografie *First Farmers: The Origins of Agricultural Societies vorgeschlagen*. Eine Idee, die in der Monografie auftaucht, ist, dass die Ausbreitung der frühen Landwirtschaft eine sehr überzeugende Erklärung dafür liefert, wie sich das Indoeuropäische über eine riesige geografische Ausdehnung von Westeuropa bis Ostindien verbreitete. Die frühe Landwirtschaft verbindet Europa und Südasien mit einem gemeinsamen kulturellen Wandel: der Ausbreitung des südwestasiatischen Agrarpakets, die vor etwa 8.500 Jahren begann. Darüber hinaus zeigt Bellwoods Analyse der archäologischen Daten deutlich, dass dieses Modell der indoeuropäischen Ursprünge kein isoliertes Phänomen ist. Vielmehr ist das Indoeuropäische eine von mehreren verschiedenen Sprachfamilien in der ganzen Welt, die sich mit der Ausbreitung der frühen Landwirtschaft ausbreiteten.

Wie bereits in Kapitel 1 ausführlich dargelegt, stellt die triangulierte-Y-Chromosom-basierende Modellierung eine methodische Lösung dar, um die Vorgeschichte der Sprache mit genetischen Werkzeugen zu entschlüsseln. Die Anwendung dieser Methodik unterstützt Bellwood (2005) und seine *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung*. Mit anderen Worten: Das Indoeuropäische ist nicht einfach eine Ausnahme von der Regel. Aus einer triangulierten-Y-Chromosom-basierenden Perspektive betrachtet, gehören zu den anderen Sprachausbreitungen der Landwirtschaft dem Arawakischen (Kapitel 17), dem Niger-Kongo (Kapitel 3 und 5), dem Afroasiatischen (Kapitel 5 und 11), dem Drawidischen (Kapitel 8 und 11), dem Sinotibetischen (Kapitel 4 und 16), dem Austroasiatischen (Kapitel 16), den Trans-Neuguinea-Sprachen (Kapitel 14), dem Uralischen (Kapitel 15) und dem Austronesischen (Kapitel 6, 14 und 16).

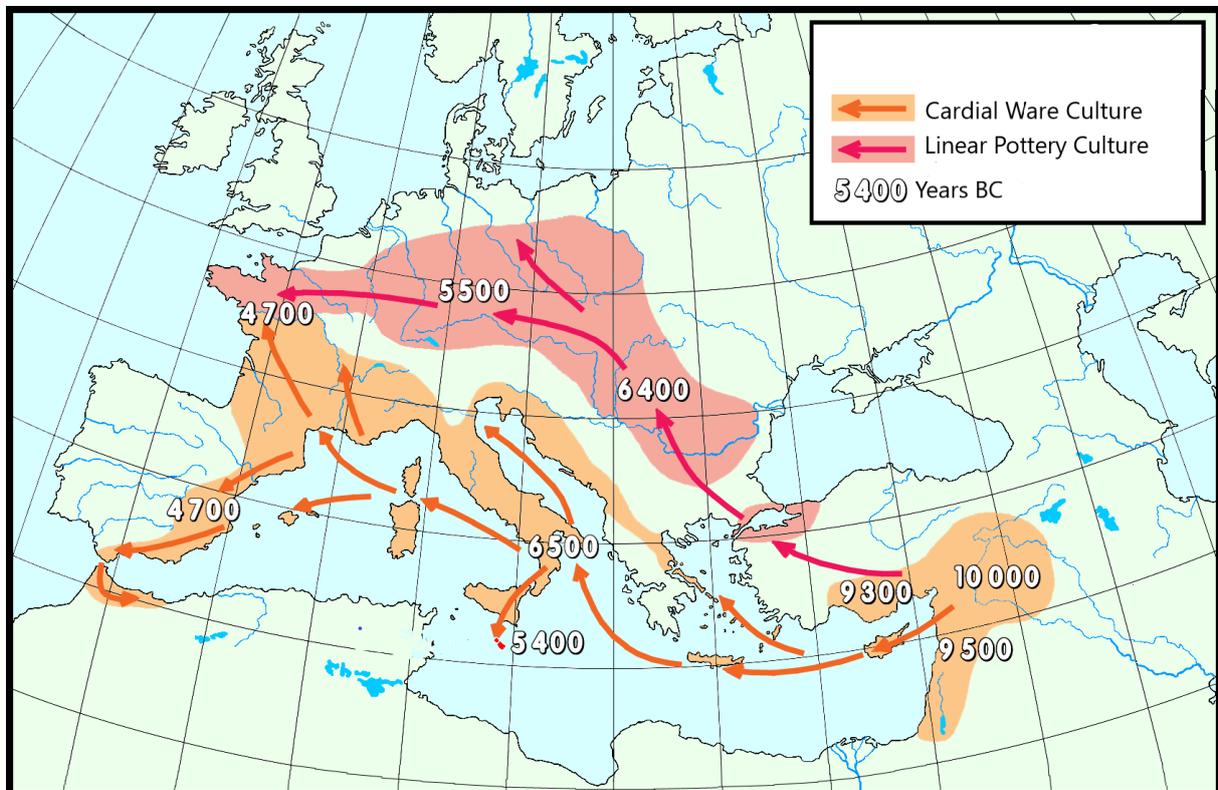
Aus einer triangulierten-Y-Chromosom-basierenden Perspektive wird die gemeinsame Ausbreitung der frühen Landwirtschaft und der indoeuropäischen Sprachen durch die zeitgenössische Verteilung von Mutationen der Haplogruppe G-M201 unterstützt (siehe auch [Tabelle 8.1](#)). Mit anderen Worten: Die heutige Verbreitung der Haplogruppe G-M201 entspricht der geografischen Ausdehnung der ersten Ausbreitung der indoeuropäischen Sprachfamilie. Zusätzliche genetische Unterstützung kommt auch von G-M201-Mutationen, die in neolithischen Überresten an archäologischen Stätten in Europa und dem Nahen Osten gefunden wurden (siehe [ergänzende Tabellen 8.4](#) und [8.9](#)).

Aus archäologischer Sicht (Bellwood 2005: 67-84) folgt die Ausbreitung der Landwirtschaft von Südwestasien nach Europa der Ausbreitung zweier unterschiedlicher kultureller Traditionen, der Cardial-Ware-Kultur und der Linearbandkeramik-Kultur (siehe Abbildung 8.2 unten). Die Ausbreitung der Cardial-Ware-Kultur begann vor etwa 10.000 Jahren, als sich Bauern aus Anatolien auf der Insel Zypern niederließen. Von diesem Ort aus wanderten die Bauern später nach Kreta, Korsika und Sardinien ein. Darüber hinaus verbreitete sich die Kardial-Ware-Tradition auch entlang der südlichen

Mittelmeerküste des europäischen Festlandes, von Anatolien bis Portugal. Die Ausbreitung der Linearbandkeramik begann vor etwa 8.500 Jahren mit einer Expansion von Anatolien in den Balkan. Vor etwa 7.500 Jahren endete die Ausbreitung der linearbandkeramischen Kultur schließlich in der norddeutschen Küstenebene und in den Niederländern. Der Übergang zum Neolithikum auf den Britischen Inseln erfolgte etwa tausend Jahre später, und Skandinavien benötigte einen noch längeren Zeitraum.

Um nun zu den zeitgenössischen genetischen Daten zurückzukehren, wurden mehrere G-M201-Mutationen als besonders starke genetische Relikte der neolithischen Transformation in Europa identifiziert: G2a-L91, G2a-L497, G2a-M406 und G2a-M527 (z. B. Keller et al. 2012; Rootsi et al. 2012; Voskarides et al. 2016; Di Cristofaro et al. 2018). Siehe auch die [ergänzenden Tabellen 8.5 bis 8.8](#). Darüber hinaus helfen die alten Haplogruppe-G-M201-Daten, diese Mutationen mit der neolithischen Transformation auf dem Kontinent in Verbindung zu bringen (siehe [ergänzende Tabellen 8.4 und 8.9](#)).

Abbildung 8.2: Europäisches Neolithikum. Quelle: Wikipedia.



Interessanterweise wurden bei einer Überprüfung der Daten der alten Haplogruppe G-M201 Proben identifiziert, die von Personen stammen, die eines gewaltsamen Todes starben. Zu den Daten gehört Ötzi der Mann aus dem Eis, der am Ende des europäischen Neolithikums starb. Er wurde in den italienischen Alpen ermordet, und kurz darauf wurde sein Körper unter Schnee und Eis begraben. 5.000 Jahre später, im Jahr 1991, wurden seine Überreste von Wanderern entdeckt. Die Kälte und die Höhe hinterließen einen gut erhaltenen Leichnam, der später als Träger der G2a-L91-Mutation identifiziert wurde (siehe Keller et al. 2012). Zu den alten G-M201-Überresten gehören auch die Überreste einer archäologischen Stätte in Halberstadt-Sontagsfeld in Deutschland. Dieser Fundort liefert Beweise für die Kriegsführung unter den Bauern der linearbandkeramischen Tradition (siehe Meyer et al. 2018). Weitere Belege für Kriegsführung aus dieser Zeit stammen aus Schöneck-Kilianstädten in Deutschland (siehe Meyer et al. 2015) sowie aus Talheim in Deutschland und Asparn-Schletz in Österreich (siehe Golitko und Keeley 2007).

Belege für Gewalt unter Bauern während des europäischen Neolithikums unterstreichen einen wichtigen Punkt, den Sprachwissenschaftler berücksichtigen sollten. Das Steppennomadenmodell der indoeuropäischen Sprachen geht auf die Arbeit der litauischen Archäologin Marija Gimbutas zurück, die in einer Reihe von Abhandlungen, die sie über einen Zeitraum von vierzig Jahren verfasste und die schließlich in *The Kurgan Culture and the Indo-Europeanization of Europe: Selected Articles from 1952-1993* zusammengefasst wurden, das Modell der Eroberung durch die Kurganen als Ursprung des Indoeuropäischen vorschlug. Ihre Theorie wird in linguistischen Texten häufig als plausible Erklärung für die Ausbreitung der proto-indoeuropäischen Sprache in Europa angeführt. Trask (1996: 360) zum Beispiel schreibt, dass er die Kurgan-Theorie zwar nicht völlig überzeugend findet, aber „sie ist immer noch die beste Lösung, die wir haben, und sie weigert sich, zu verschwinden.“

Gimbutas schrieb ihre Abschlussarbeit über die Eroberung der Kurganen im Jahre 1993, die 1997 veröffentlicht wurde. Dieser Artikel, „The Fall und Transformation of Old Europe: Recapitulation 1993“ berichtet, dass die Kurgan-Kultur irgendwo im Wolga-Becken zwischen 5000 und 4500 v. Chr. entstanden sei. Ein Erkennungsmerkmal dieser Kultur ist eine einzigartige Bestattungspraxis: Sie begruben ihre Toten in Gruben, die anschließend mit einem Erdhügel bedeckt wurden. In ihrer Abschlussarbeit behauptet Gimbutas (1997: 354), dass die Kurganer in einer patriarchalischen Gesellschaft Pferde geritten und Herdentiere gehalten hätten. Um 4500 v. Chr. seien die Kurganer aggressiver geworden und hätten begonnen, nach Westen zu wandern. Im Gebiet nach Westen, das Gimbutas oft als „Altes Europa“ bezeichnete, habe eine „göttinverehrende“ Kultur gelebt, in deren Mittelpunkt „das immerwährende Funktionieren des Zyklus von Leben, Tod und Regeneration, verkörpert durch eine zentrale weibliche Kraft“ gestanden habe (351). Gimbutas behauptet (358), dass diese Kultur der Invasion von kurganischen Kriegerern aus dem Osten, die auf Pferden geritten hätten und besser bewaffnet gewesen seien, nicht habe widerstehen können. Während der Eroberung des „alten Europas“ hätten die Kurganen den einheimischen Europäern ihre Sprache, das Proto-Indoeuropäische, aufgezwungen (364).

Im Gegensatz zu den Behauptungen von Gimbutas unterstützen die archäologischen Aufzeichnungen nicht die Vorstellung von friedlichen neolithischen Bauern, die besonders anfällig für Angriffe aggressiver Kurganen waren. Ihre Arbeit ähnelt eher dem Konzept des „edlen Wilden“ als einer empirischen Lösung der indoeuropäischen Frage.

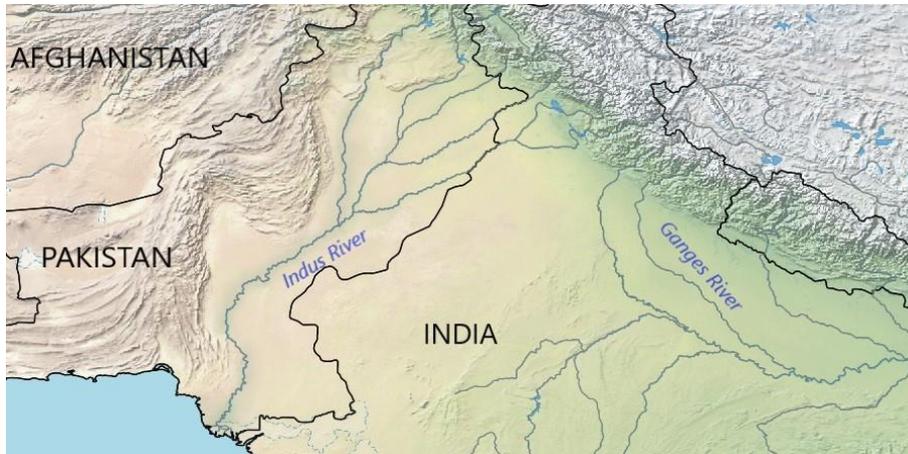
Abschnitt 5. Die Indo-Iranischen Sprachen Südasiens.

Die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* (Bellwood 2005: 86-95) besagt, dass die Ankunft der indo-iranischen Sprachen in Südasien auf die Ausbreitung der Landwirtschaft vom Fruchtbaren Halbmond während des Neolithikums folgt. Aus archäobotanischer Sicht wurden im Neolithikum in Südasien südwestasiatische Feldfrüchte wie Weizen, Gerste, Linsen, Kichererbsen, Flachs und Leinsamen eingeführt (z. B. Fuller 2006: 20). Darüber hinaus wurden während des neolithischen Übergangs in Indien auch Nutzpflanzen aus Afrika, wie Sorghum und Kuhbohnen (z. B. Crowther et al. 2017), sowie Reis aus Ostasien übernommen (siehe Kapitel 16).

Das südwestasiatische Agrarpaket scheint sich über die iranische Hochebene nach Südasien verbreitet zu haben. Den archäologischen Aufzeichnungen zufolge gab es vor etwa 9.000 Jahren zahlreiche landwirtschaftliche Siedlungen in Mehrgarh, einer neolithischen Stätte in der Region Belutschistan in Pakistan. Kurz darauf dehnte sich der Ackerbau aufgrund des Bevölkerungsdrucks weiter nach Osten in das Indus-Tal aus (Misra 2001: 502). Der neolithische Übergang im Indus-Tal wird in der Literatur mit der Harappan-Kultur in Verbindung gebracht. Im Laufe von mehreren tausend Jahren wanderten Elemente des südwestasiatischen Ackerbaupakets schließlich vom Indus-Tal ostwärts ins Ganges-Tal und südwärts nach Südasien und Sri Lanka. Die Ausbreitung der Landwirtschaft aus dem Indus-Tal scheint mit den ariden Bedingungen zusammenzuhängen, die in

dieser Region vor etwa 4.000 Jahren plötzlich auftraten (siehe Pokharia et al. 2017).

Abbildung 8.3: Die Flüsse Indus und Ganges.



Die Haplogruppe G-M201 stellt ein schwaches, aber wichtiges Signal für den Übergang zum Neolithikum in Südasien dar. Sengupta et al. (2006) berichten, dass G-M201 weniger als ein Prozent der Bevölkerung in Indien ausmacht und die Häufigkeit in Pakistan etwa fünf Prozent beträgt. Unter den indoeuropäischen-sprechenden Populationen erreicht G-M201 seine höchste Frequenz bei den iranisch-sprechenden Kalascha und Paschtunen in Pakistan (siehe [ergänzende Tabelle 8.1](#)).

Abschnitt 6. Die drawidischen Sprachen Südasiens.

Die drawidische Sprachfamilie besteht aus 85 Sprachen, die von rund 228 Millionen Menschen gesprochen werden (*Ethnologue* 2017). Beispiele sind Tamil, Malayalam, Kannada und Telugu. Drawidische Sprachen sind vor allem in Südindien verbreitet. Interessanterweise erreichen G-M201-Mutationen eine Häufigkeit von etwa fünf Prozent in der Region Tamil Nadu an der Südspitze Indiens. Dies geht aus einer Studie hervor, in der Daten von mehr als 1.600 Männern vorgelegt wurden, von denen viele drawidische sprechende Bauern sind (Arunkumar et al. 2012). Außerdem erreicht die Haplogruppe G-M201 bei den Brahui eine Häufigkeit von etwa 16 Prozent (Di Cristofaro et al. 2013). Diese Bevölkerung stellt eine weit entfernte Sprachinsel mit zwei Millionen drawidischen Sprechern in Pakistan dar.

Die oben genannten G-M201-Daten sowie archäologische und klimatologische Erkenntnisse legen nahe, dass sich das Drawidische vor etwa 4.000 Jahren von Pakistan nach Südindien ausbreitete. Dieses Modell der drawidischen Expansion sieht das Indus-Tal als Urheimat der drawidischen Sprachen vor. Die Brahui sind möglicherweise Nachkommen von Jägern und Sammlern, die sich während des Neolithikums mit südwestasiatischen Bauern vermischten. Sie übernahmen die Landwirtschaft als Subsistenzstrategie, behielten aber das Drawidische bei. Mit dem Beginn der Trockenheit wanderten die drawidischen Bauern zusammen mit den indoeuropäisch sprechenden Völkern aus dem Indus-Tal aus. Die Indoeuropäer wanderten nach Osten in das Ganges-Tal. Die drawidischen Bauern wanderten nach Süden in Richtung Tamil Nadu.

Die Diskussion der sprachlichen Vielfalt in Südasien wird im nächsten Kapitel (Kapitel 9) mit der Präsentation von Daten der Haplogruppe H-M2713 fortgesetzt. Außerdem liefern Varianten der Mutation J2-M172 ein stärkeres Signal, das die Ursprünge des südasiatischen Neolithikums in die Levante zurückverfolgt (siehe Kapitel 11).

Abschnitt 7. Die iranischen Sprachen Zentralasiens.

Zentralasien besteht aus Afghanistan, Kasachstan, Kirgisistan, Tadschikistan, Turkmenistan und Usbekistan. Eine Synthese aus linguistischen, archäologischen und genetischen Erkenntnissen legt nahe, dass indo-iranische Sprachen und Landwirtschaft während des Neolithikums vom Iran nach Zentralasien expandierten. Zu den sprachlichen Überbleibseln dieser Expansion gehören Farsi, Belutschi, Kurdisch, Tadschiki und Paschtu. Archäologische Belege für diese Position stammen aus Jeitun in Turkmenistan. Diese Stätte steht für die früheste Ausbreitung des Ackerbaus von Südwestasien nach Zentralasien, die vor etwa 8.000 Jahren stattfand (Bellwood 2005: 84-86). Bald darauf kam die Landwirtschaft in der Hissar-Kultur in Tadschikistan, in Kel'teminar in Kasachstan, im Ferganatal in Usbekistan und in Oshkona in Tadschikistan auf (Fuller 2006). Die Ausbreitung der Landwirtschaft nach Zentralasien wurde durch einen sogenannten inneren asiatischen Bergkorridor begünstigt (z. B. Yattoo et al. 2020; Stevens et al. 2016, Spengler et al. 2014). Dieser Korridor verbindet Südwestasien mit Zentralasien über eine Route durch das Himalaya-Gebirge und um das Tarim-Becken.

Die Häufigkeit von G-M201 unter den iranischen sprachigen Paschtunen und Tadschiken in Afghanistan legt nahe, dass dieser Marker die Geschichte der indoeuropäischen Expansionen nach Zentralasien während des Neolithikums aufzeichnet (siehe [ergänzende Tabelle 8.1](#) und Daten für Zentralasien). Es ist anzumerken, dass unter den Paschtunen die G2b-M377-Mutation eine besonders starke G-M201-Variante darstellt (siehe [ergänzende Tabelle 8.10](#)). Darüber hinaus erreicht die Haplogruppe G-M201 im Iran, der einen Transitpunkt für die Expansion indo-iranischer Populationen nach Zentral- und Südasien darstellt, eine Häufigkeit von fast 12 Prozent (Grugni et al. 2012). Diese Daten unterstützen die Position, dass indo-iranische Populationen in Zentralasien von neolithischen Bauern abstammen könnten, die in Jeitun und weiter südlich im Indus-Tal neolithische Ackersiedlungen errichteten. Noch einen Schritt weitergedacht, stellen die iranischen und indoarischen Unterzweige eine spätere regionale Diversifizierung der indo-iranischen Sprachen dar, die von diesen Bauern gesprochenen wurden.

Abbildung 8.4: Jeitun.



Abschnitt 8. Die Turksprachen Zentralasiens.

Die eurasische Steppe, ein riesiges von Grasland und Trockenheit geprägtes Biotop, erstreckt sich über einen Großteil Zentralasiens. Aufgrund der trockenen Bedingungen ist der Getreideanbau nicht die ideale Subsistenzstrategie für diese Region. Vielmehr basiert die nachhaltigere Ernährungswirtschaft auf der Weidewirtschaft. Der Ursprung der domestizierten Rinder, Ziegen und Schafe in dieser Region scheint der Fruchtbare Halbmond zu sein. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf die Analyse von Tierresten, die in der archäologischen Stätte von Jeitun gefunden wurden und auf die Zeit vor etwa 8.000 Jahren datiert werden (Harris 1997). Wie bereits in Kapitel 7 beschrieben, setzt sich der Übergang zur Landwirtschaft in Zentralasien mit der Domestizierung des Pferdes vor etwa 5.500 Tausend Jahren in Nord-Zentral-Kasachstan fort.

In Zentralasien finden sich die höchsten G-M201-Häufigkeiten bei den Kasachen, eines turksprachigen Volkes (siehe [ergänzende Tabelle 8.1](#)). Eine interessante Beobachtung, die sich aus den Daten der Kasachen ergibt, ist die erhöhte Häufigkeit der relativ seltenen Mutation G1-M285 in dieser Bevölkerung (siehe [ergänzende Tabelle 8.2](#)). Das Vorkommen dieser Mutation bei den Kasachen in Zentralasien könnte auf eine Sprachverschiebung bei Populationen hindeuten, die früher indo-iranische Sprachen gesprochen haben. Zu einer solchen Schlussfolgerung kamen Balanovsky et al. (2015) in einer Studie, die sich mit der Verteilung der G1-M285-Variation in Asien befasste. Darüber hinaus legen sie auf der Grundlage einer Analyse der Daten nahe, dass die Ausbreitung der indo-iranischen Sprachen gut mit der Ausbreitung der Landwirtschaft in Südwestasien korreliert.

Wie die [ergänzende Tabelle 8.2](#) zeigt, erreicht die seltene Mutation G1-M285 auch bei Armeniern eine signifikante Häufigkeit. Martirosyan (2013) verglich lexikalische Korrespondenzen des Griechischen, Armenischen und Indo-Iranischen. Er kommt zu einer „vorläufigen“ Schlussfolgerung und schlägt vor, dass zur Zeit der indoeuropäischen Ausbreitung das Armenische, Griechische und Indo-Iranische Teil einer Dialektgruppe gewesen sein könnten. Diese Schlussfolgerung hilft bei der Interpretation der G1-M285-Daten mit der Vorstellung, dass die iranischen Sprachen einst einen viel größeren Teil des sprachlichen Netzes in Zentralasien ausmachten.

Abschnitt 9. Haplogruppe G-M201, der Kaukasus und der Sprachkontakt.

9.1. Überblick.

Dieser Abschnitt befasst sich mit den nordkaukasischen und kartwelischen (oder südkaukasischen) Sprachfamilien sowie mit dem Ossetischen, einer ostiranischen Sprache, weil sie das Potenzial der Daten der Haplogruppe G-M201 für die Erforschung der Sprachvariation im Kaukasus am besten veranschaulichen. Die Kaukasusregion liegt zwischen dem Schwarzen und dem Kaspischen Meer und umfasst Teile Russlands sowie Armenien, Aserbaidschan und Georgien. Innerhalb dieser kompakten Region sind vier verschiedene Sprachfamilien vertreten: Indo-Europäisch, Nordkaukasisch, Kartwelisch und die Turksprachen. Die Entschlüsselung des komplexen Musters der Sprachvariation in dieser Region umfasst die Analyse genetischer, linguistischer, historischer und archäologischer Daten, um Spracherhaltung und Sprachwechsel zu entschlüsseln. Die Region bietet somit die Möglichkeit, die Sprachkontakttheorie zu untersuchen. Für weitere Einzelheiten über diesen Ansatz zur Sprachvariation werden Thomason (2001) und Winford (2003) empfohlen.

9.2. Haplogruppe G-M201 und die neolithische Transformation.

Nach Rootsi et al. (2012) sind die häufigsten G-M201-Varianten, die in den heutigen Populationen des Kaukasus beobachtet werden, die Mutationen G2a-P16 und G2a-U1 (siehe auch [ergänzende Tabellen 8.11 und 8.12](#)). Den archäologischen Aufzeichnungen zufolge gelangte das südwestasiatische Agrarpaket vor etwa 8.000 Jahren in die Kaukasusregion (siehe Kapitel 11 für weitere Einzelheiten). Die Interpretation zeitgenössischer Y-Chromosom-Daten legt nahe, dass die neolithische

Transformation in der Region auch Bauern aus dem Fruchtbaren Halbmond mit der Haplogruppe G-M201-Mutation mit sich brachte (z. B. Herrera et al. 2012; Rootsi et al. 2012; Yunusbayev et al. 2012; Hovhannisyanyan et al. 2014; Karafet et al. 2016). Dieses Modell steht im Einklang mit alten Y-Chromosom-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 8.4](#)). Die ältesten Überreste von G-M201, die auf etwa 10 Tausend Jahre zurückgehen, wurden in Boncuklu in der südlichen Zentraltürkei gefunden (Kilinc et al. 2016). Diese archäologische Stätte befindet sich in der Nähe von Çatalhöyük, einer der frühesten landwirtschaftlichen Siedlungen des Nahen Ostens. Die hohe Häufigkeit von G2a-P16 und G2a-U1 im Kaukasus steht also im Zusammenhang mit der Einführung der Landwirtschaft in der Region und dem damit verbundenen Phänomen des schnellen Bevölkerungswachstums.

9.3. Haplogruppe G-M201 und Endogamie.

Eine Überprüfung der G-M201-Daten zeigt ein interessantes Verteilungsmuster dieser Haplogruppe im Kaukasus. In mehreren verschiedenen Populationen erreicht die Haplogruppe eine erstaunlich hohe Häufigkeit (siehe [ergänzende Tabelle 8.1](#)). Diese Beobachtung gilt auch sprachübergreifend. Zum Beispiel unter iranisch-sprechenden Osseten liegt die Häufigkeit bei etwa 70 Prozent. Bei den kartwelisch sprechenden Georgiern liegt die Häufigkeit bei etwa 50 Prozent. Eine ähnliche Häufigkeit wird für die nordkaukasische sprechende Abchasen berichtet. Unter den turksprachigen Balkaren und Karatschaiern ist die Häufigkeit ebenfalls signifikant und liegt bei fast 30 Prozent.

In einem interessanten Artikel aus dem Jahr 2008 schlägt der Linguist Bernard Comrie vor, dass die Topografie und die strikte Einhaltung der Endogamie (Heirat innerhalb derselben Gruppe) zumindest teilweise die extreme sprachliche Vielfalt im Kaukasus erklären. Aus genetischer Sicht legen Topografie und Endogamie nahe, dass die genetische Drift die Y-Chromosom-Variation in der Region eingeebnet hat, was zu der hohen Häufigkeit von G-M201-Mutationen in mehreren Populationen geführt hat. Geht man noch einen Schritt weiter, so könnte die kulturelle und geografische Isolation die Vorgeschichte mehrerer Sprachfamilien auf der Welt erklären. Darunter sind die nordkaukasischen und kartwelischen Sprachen.

9.4. Das Nordkaukasische und Kartwelische.

Abbildung 8.5: Der Kaukasus.



Das fast oder vollständige Fehlen der nordkaukasischen und kartwelischen Sprachen außerhalb des Kaukasus deutet darauf hin, dass beide Sprachfamilien in der Region beheimatet sind. Außerdem

deuten die Haplogruppe G-M201 Daten darauf hin, dass beide Sprachfamilien für die Erhaltung der Sprache stehen. Das historische Eindringen des Türkischen in den Kaukasus (siehe Johanson 2006) hat nur eine teilweise Sprachverschiebung innerhalb der Region bewirkt. Die Vorstellung, dass das Nordkaukasische und Kartwelische eine autochthone Komponente innerhalb des komplexen Musters der Sprachvariation im Kaukasus bilden, wird durch die Entdeckung von Petroglyphen in der Region Gorbustan in Aserbaidschan unterstützt. Nach Angaben der UNESCO stammen diese Felszeichnungen aus der Zeit vor etwa 12.000 Jahren. Die Menschen bewohnten den Kaukasus also schon lange vor dem Aufkommen der Landwirtschaft. Darüber hinaus ist anzumerken, dass die Daten der Haplogruppe J-M304 die These stützen, dass die nordkaukasischen und kartwelischen Sprachen eine autochthone sprachliche Komponente der Kaukasusregion sind. Dementsprechend wird diese Diskussion in Kapitel 11 fortgesetzt.

9.5. Osseten.

Osseten sind ein Volk, das in der Republik Nordossetien-Alanien in Russland und direkt südlich davon in der Republik Südossetien in Georgien lebt. Eine nützliche englisch sprachige Quelle für sozio-linguistische Informationen über diese Bevölkerung stammt aus Konferenznotizen, die 2003 von Leila Dodykhudo, einer leitenden Forscherin an der Russischen Akademie der Wissenschaften, erstellt wurden. Nach Angaben der Forscherin gehörten die Alanen zu den mittelalterlichen Kulturen der eurasischen Steppe. Im Jahr 372 wurden sie von den Hunnen besiegt und ein Teil der Alanen floh schließlich in den Kaukasus. So erklärt sich aus den historischen Aufzeichnungen eine sprachliche Besonderheit der ossetischen Sprache, die als eine ostiranische Sprache des iranischen Zweigs der indoeuropäischen Sprachfamilie eingestuft wird. Die anderen ostiranischen Sprachen sind zweitausend Kilometer entfernt in Zentralasien angesiedelt, hauptsächlich in Tadschikistan und Afghanistan.

Die hohe Häufigkeit der G2a-P16-Mutation, die bei den Osseten beobachtet wurde, und das Fehlen dieser Mutation außerhalb des Kaukasus (siehe [ergänzende Tabelle 8.11](#)) bringen die Osseten mit dem neolithischen Übergang im Kaukasus in Verbindung. Außerdem sind die Haplogruppen R-M207 und C2-M217 in dieser Bevölkerung im Wesentlichen nicht vorhanden (siehe Yunusbayev et al. 2012). Somit fehlt in der genetischen Geschichte der Osseten ein zentralasiatischer Beitrag von Steppennomaden. Diese Beobachtung sowie die historischen Aufzeichnungen und die linguistischen Daten deuten darauf hin, dass die Präsenz der ossetischen Sprache im Kaukasus durch Sprachkontakt und prestigebedingte Sprachverschiebung zu erklären ist. Die genetischen und sozio-linguistischen Daten der Osseten unterstreichen also ein Phänomen, das auch anderswo auf der Welt zu beobachten ist. Eine Sprachverschiebung erfordert keinen Bevölkerungsaustausch. Das Türkische und das Ungarische liefern ebenfalls Beispiele dafür (siehe Kapitel 7 und 15).

Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe G-M201.

Die heutige Verbreitung der G-M201-Variante ist manchmal rätselhaft. So findet sich die G2a-L30-Variante beispielsweise bei jüdischen Tats, Bagvalal und Nogais in der Kaukasusregion (Karafet et al. 2016). Darüber hinaus findet sich dieselbe Mutation auch viertausend Kilometer entfernt in Flandern (Larmuseau et al. 2014). In Anbetracht der Entfernungen muss sich G-M201 während des Neolithikums sehr schnell ausgebreitet haben, und die Ausbreitung endete dann plötzlich. Interessant ist auch die Verteilung der alten G-M201-Mutationen. Sie werden regelmäßig in neolithischen Überresten nachgewiesen, sowohl in Europa als auch in Südwestasien. In den heutigen Bevölkerungen Eurasiens ist die Häufigkeit von G-M201-Mutationen jedoch generell gering. Eine Ausnahme bildet natürlich die Kaukasusregion, wo die Häufigkeit von G-M201 massiv ist.

Für die Sprachwissenschaftler hilft die Haplogruppe G-M201 bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte der indoeuropäischen, kartwelischen, nordkaukasischen und drawidischen Sprachen. Aus einer triangulierten Y-Chromosom-basierten Perspektive wurde die heutige Verbreitung dieser

Sprachfamilien eindeutig durch landwirtschaftliche Ausbreitungen, Sprachverschiebung und Spracherhaltung geprägt.

Kapitel 9: Haplogruppe H-M2713.

Abschnitt 1. Die Zeitgenössische Verbreitung der Haplogruppe H-M2713.

Die Haplogruppe H-M2713 ist ein wichtiger Marker für die Entschlüsselung der Bevölkerungsgeschichte Südasiens und insbesondere Pakistans und Indiens. Sengupta et al. (2006) gehen davon aus, dass dieser Marker bei Indern eine Häufigkeit von etwa 26 Prozent erreicht. Unter Pakistanern liegt die Häufigkeit bei etwa sechs Prozent. Darüber hinaus erreicht die H-M2713-Mutation eine signifikante Häufigkeit bei mehreren Romani Populationen in Europa. Schließlich werden H-M2713 und seine Varianten auch in einigen Populationen des Nahen Ostens, Zentralasiens und Ostasiens beobachtet, wo die Gesamthäufigkeit gering ist. Für Sprachwissenschaftler ist die Haplogruppe H-M2713 ein aufschlussreicher Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte des Indo-Arianischen, Iranischen, Drawidischen, Austroasiatischen und der Turksprachen. Für weitere Informationen wird der Leser auf die [ergänzende Tabelle 9.1 verwiesen](#).

Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von H-M2713.

Der Leser wird auf die [ergänzende Abbildung 1.1](#) des ersten Kapitels verwiesen. Wie die Abbildung zeigt, sind HR-M578 und G-M201 sogenannte „Schwester-Kladen“. H-M2713 entwickelte sich vor etwa 50.000 Jahren aus HR-M578 (Poznik et al. 2016). Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 9.1 verwiesen](#), die die interne Phylogenie von H-M2713 und seinen informativen stromabwärtigen Varianten skizziert. Die interne Struktur enthält zwei Hauptabteilungen, H1-M3061 und H2-P96.

Um herauszufinden, wo sich die Haplogruppe H-M2713 entwickelt hat, müssen einige Hintergrundinformationen gegeben werden. Zunächst stellt H2-P96 laut International Society for Genetic Genealogy (2017) eine seltene Mutation dar, die im heutigen Europa, vor allem auf Sardinien, gefunden wurde. Eine Studie mit 1.194 Sarden (Francalacci et al. 2015) fand sieben Männer mit dieser Mutation, was einer Häufigkeit von weniger als eins Prozent entspricht. Alte DNA aus neolithischen Stätten in Europa und der Türkei deuten jedoch darauf hin, dass H2-P96 im prähistorischen Europa eine viel größere Verbreitung hatte (siehe [ergänzende Tabelle 9.2](#)). Zweitens bestehen fast alle veröffentlichten Daten zur Haplogruppe H-M2713 aus Daten zur H1a-M69-Mutation in der südasiatischen Bevölkerung. Hier findet man die Mutation häufig. Schließlich ist anzumerken, dass M69 bis Jahre 2014 die Haplogruppe H definierte. Seitdem wurde M69 tiefer in die Phylogenie der Haplogruppe H getrieben, zunächst mit H1-M69 und später mit H1a-M69.

Poznik et al. (2006) vermuten, dass sich H1a-M69 vor etwa 47.000 Jahren entwickelt hat. Angesichts des Alters dieser Mutation und ihrer mäßigen Häufigkeit in südasiatischen Populationen herrscht unter Genetikern ein breiter Konsens darüber, dass H1a-M69 eine „einheimische“ südasiatische Mutation ist (z. B. Sahoo et al. 2006; Sengupta et al. 2006; Trivedi et al. 2008; Debnath et al. 2011; Khurana et al. 2014). Da die Phylogenie von H1a-M69 revidiert wurde, wobei M69 von einer Haupthaplogruppe zu H1a herabgestuft wurde, bleibt die Frage, ob H-M2713 und H1-M3061 ebenfalls einheimische südasiatische Mutationen sind. Ausgehend von der geschätzten Datierung und der Verbreitung der Mutation der Haplogruppe H-M2713, sowohl in der Vergangenheit als auch in der Gegenwart, könnte sich die Haplogruppe H-M2713 in der Levante entwickelt haben. H1a-P96 könnte eine Diversifizierung von H-M2713-Mutationen in Südasien darstellen. Als solches ist H1a-P96 ein

genetisches Relikt einer menschlichen Expansion nach Indien über die südliche Route während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe, was durch die archäologischen Aufzeichnungen und paläoklimatologischen Daten (siehe Kapitel 4) unterstützt wird. H2-P96 hingegen steht als ein Überbleibsel der Diversifizierung der Haplogruppe H-2713 in der Levante unter einer Bevölkerung, die bis zum Neolithikum in der Region blieb, ein Modell, das durch alte Y-Chromosomdaten unterstützt wird (siehe [ergänzende Tabelle 9.2](#)). Eine neuere Studie (Rohrlach et al. 2021) stützt diese Interpretation der H2-P96-Daten durch den Einsatz einer neuen Technik namens Y-mappable capture assay, mit der beschädigte Abschnitte alter DNA-Proben amplifiziert und rekonstruiert werden können.

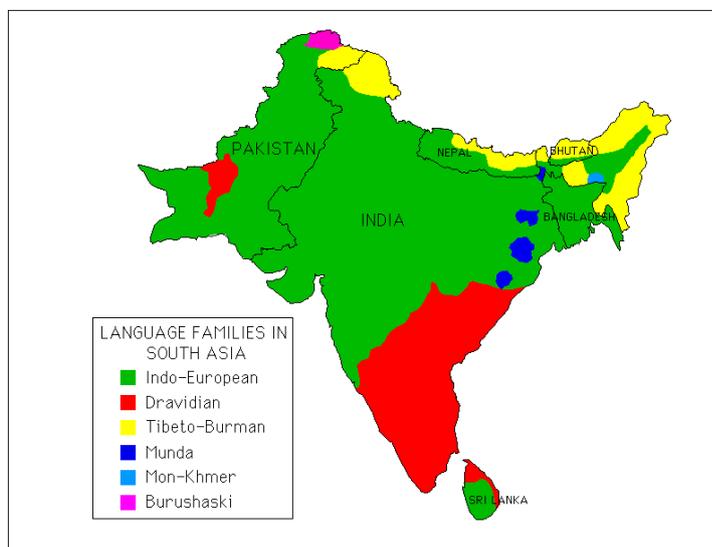
Wie bereits erwähnt, scheint sich H1a-M69 vor etwa 47.000 Jahren entwickelt zu haben. Somit stellt diese Mutation eine paläolithische Komponente des südasiatischen Genpools dar. Was nun die stromabwärtigen Varianten von H1a-M69 betrifft, so werden in den veröffentlichten Berichten häufig drei Mutationen genannt: H1a1-M52, H1a1a-M82 und H1a2a-Apt. Sengupta et al. (2006) und Karmin et al. (2015) vermuten, dass sich H1a1-M52 und H1a1a-M82 während des südasiatischen Neolithikums entwickelt haben. Datierungsschätzungen für H1a2a-Apt deuten hingegen darauf hin, dass sich diese Mutation im südasiatischen Mesolithikum entwickelt hat (Sengupta et al. 2006).

Abschnitt 3. H1a-M69 und Sprachvariation in Südasien.

3.1. Überblick.

Für die Zwecke der vorliegenden Diskussion bietet der Begriff „Südasien“ einen Überblick über die sprachliche Vielfalt in Pakistan und Indien. Die sprachliche Vielfalt in dieser Region ist in der Tat bemerkenswert. In Indien fallen fast alle gesprochenen Sprachen in eine der vier Sprachgruppen: Drawidisch, Indo-Europäisch, Austroasiatisch oder Sinotibetisch. Im benachbarten Pakistan hingegen gibt es keine austroasiatischen Sprachen. Was die indoeuropäische Sprachfamilie betrifft, so besteht ein Hauptunterschied zwischen der indischen und der pakistanischen Sprachenvielfalt darin, dass die indoeuropäischen Sprachen Indiens fast ausschließlich zum indoarischen Zweig gehören. Hindi, eine der indischen Amtssprachen und ein sprachliches Schwergewicht mit über 500 Millionen Sprechern, ist ein Beispiel dafür (*Ethnologue* 2018). Die indoeuropäischen Sprachen Pakistans hingegen sind eine Mischung aus iranischen und indoarischen Sprachen. Zu den bedeutenden indoarischen Sprachen des Landes gehören Urdu, die Amtssprache, und Punjabi, die am weitesten verbreitete Sprache (CIA World Fact Book 2018). Innerhalb des iranischen Zweigs sind Paschtu und Belutschi weit verbreitet.

Abbildung 9.1. Sprachfamilien in Südasien. Quelle: University of Buffalo, Department of Linguistics.



Es gibt 79 drawidischen Sprachen (Glottolog Version 4.4). Brahui ist eine „Ausreißer-Sprache“ des Drawidischen, die in Pakistan vorkommt. Die übrigen drawidischen Sprachen, wie Tamil, Telugu und Kannada, werden in Südindien gesprochen. Interessanterweise ist die räumliche Verteilung der indoeuropäischen und drawidischen Sprachen Indiens im Allgemeinen einem geografischen Muster folgt, wobei das Indoeuropäische im Norden und das Drawidische im Süden liegt.

Die sinotibetischen Sprachen Südasiens gehören zum tibeto-birmanischen Zweig. In Indien ist

die Verbreitung der tibeto-birmanischen Sprachen entlang der gemeinsamen Grenze mit Nepal und China zu finden. Es wurde versucht, die Anzahl der in Indien gesprochenen tibeto-birmanischen Sprachen aus der Ethnologue-Website zu extrapolieren. Dies erwies sich als schwierig, aber die Zahl scheint sich auf etwa 125 Sprachen zu belaufen. Dazu gehört beispielsweise Mizo, eine Sprache, die von rund 675.000 Menschen gesprochen wird (Ethnologue 2018). Interessanterweise ist für Pakistan nur eine einzige tibeto-birmanische Sprache aufgeführt, nämlich Balti mit rund 327.000 Sprechern.

Laut Ethnologue (2018) besteht die austroasiatische Sprachfamilie aus 167 Sprachen. Diese Sprachen erstrecken sich über eine geografische Ausdehnung, die in Ostindien beginnt und in Malaysia endet. Innerhalb dieser Sprachfamilie repräsentiert der Munda Zweig fast alle austroasiatischen Sprachen Ostindiens. Santhali und Mundari gehören zu den bekannteren Munda-Sprachen. Der Mon-Khmer Zweig hingegen repräsentiert die in Ostasien gesprochenen austroasiatischen Sprachen. Zu den bedeutenden Mon-Khmer-Sprachen der Region gehören Khmer und Vietnamesisch.

3.2. Südasiatische H1a-M69-Daten und Erhebungsfehler.

Zwei Studien, Sengupta et al. (2006) und Trivedi et al. (2008), legten Häufigkeitsdaten vor, die eine Analyse des Ausmaßes erleichtern, in dem die Haplogruppe H1a-M69 eine informative Mutation in den vier Hauptsprachfamilien Indiens ist. Das Problem bei diesen Studien ist, dass die Stichprobengrößen klein sind und somit ein Erhebungsfehler ein Problem darstellt. Um dieses Problem zu überwinden, wird in den [ergänzenden Tabellen 9.3 bis 9.6](#) die Korrelation zwischen sprachlicher und genetischer Vielfalt in Südasien anhand eines größeren Datensatzes von über 7.000 Proben untersucht. Die Tabellen wurden erstellt, um die Häufigkeit von H1a-M69 bei Südasiaten genauer nach Sprachfamilien oder Sprachzweigen zu bestimmen. Um Erhebungsfehler zu minimieren, wurden in den Tabellen Daten aus Populationen ausgeschlossen, bei denen die Stichprobengröße weniger als 20 Männer betrug. Die Daten wurden dann mit den Ergebnissen von Sengupta et al. (2006) und Trivedi et al. (2008) verglichen, die in Tabelle 8.1 (unten) zusammengefasst sind.

Tabelle 9.1: Südasiatische Sprachen und H1a-M69.

	Sengupta et al. 2006 n = 709	Trivedi et al. 2007 n = 1.152	Aktueller Bericht n = 7.551
Häufigkeit von H1a-M69 in indoeuropäischen Populationen.	28%	26%	17%
Häufigkeit von H1a-M69 in dravidischen Populationen.	33%	30%	28%
Häufigkeit von H1a-M69 in austroasiatischen Populationen.	23%	6%	25%
Häufigkeit von H1a-M69 in tibeto-birmanischen Populationen.	2%	10%	6%

Die in der obigen Tabelle aufgeführten Daten bestätigen, dass die H1a-M69-Mutation ein signifikanter Marker bei den indoeuropäischen, dravidischen und austroasiatischen sprechenden Populationen in Südasien ist. Bei den tibeto-birmanischen sprechenden Populationen erreicht die Mutation eine geringe Häufigkeit. Es sei darauf hingewiesen, dass die Häufigkeit für Tibeto-Birmanisch wahrscheinlich zu hoch ist, da die H1a-M69-Mutation in mehreren der gemeldeten tibeto-birmanischen

Populationen nicht nachgewiesen wurde und diese Populationen in der Analyse nicht berücksichtigt sind. Die Indoeuropäischen, drawidischen und austroasiatischen Populationen weisen dagegen fast immer die H1a-M69-Mutation auf. Folglich sind die Gesamthäufigkeitsdaten für diese drei Sprachfamilien genauer als die für Tibeto-Birmanisch berichteten.

3.3. H1a-M69, das Neolithikum, das Drawidische und die Indo-Europäer.

Wie bereits in Kapitel 6 erläutert, erfordert die Entschlüsselung der sprachlichen Vorgeschichte Südasiens, dass die Forscher die paläolithischen, mesolithischen und neolithischen Komponenten des Genoms in dieser Region entschlüsseln. Im selben Kapitel wird die C1b-M356-Mutation als paläolithische Komponente definiert. In Kapitel 8 wurde die Haplogruppe G-M201 als neolithische Komponente identifiziert. In diesem Kapitel (Kapitel 9) wird die H1a-M69 als paläolithische Komponente definiert. Diese Erkenntnis wird die Interpretation der Daten anderer in der Region gefundener Mutationen erleichtern, nämlich J2-M172, L-M20, T-M184, O-M175 und R1a-Z93 (siehe Kapitel 11, 12, 16 und 18).

Der Leser wird noch einmal auf die [ergänzende Tabelle 9.1 verwiesen](#). Was an den pakistanischen Daten besonders auffällt, ist, dass die H1a-M69-Mutation bei den indoarischen-sprechenden Kalasha und iranisch-sprechenden Pathans (Paschtu) auftritt. Die Mutation tritt auch bei den drawidischen Sprechenden Brahui-Volk und bei den Burusho (Hunzukur), die eine isolierte Sprache sprechen. Leider ist die Menge der pakistanischen Daten gering, aber sie deuten darauf hin, dass H1a-M69 zum genetischen Inventar von Jägern und Sammlern gehört haben könnte, die in der Region Belutschistan lebten, als indoeuropäische-sprechende Bauern vor etwa 9.000 Jahren ankamen. Dies deutet darauf hin, dass es im Neolithikum in Südasiens zu einer Vermischung von südwestasiatischen Bauern und südasiatischen Jägern und Sammlern kam.

Wie bereits in Kapitel 8 erwähnt, hat die Ausbreitung des Indoeuropäischen und Drawidischen in Südasiens mit Bauern aus Südwestasiens in Verbindung gebracht, die sich vor etwa 9.000 Jahren in Mehrgarh in der Region Belutschistan in Pakistan niederließen. Im Laufe von mehreren tausend Jahren drang diese landwirtschaftliche Entwicklung in das Indus-Tal in Pakistan und Westindien ein. Von dort aus breitete sich die Landwirtschaft schließlich weiter nach Osten ins Ganges-Tal und nach Süden in den Süden Indiens und nach Sri Lanka aus. Allgemein betrachtet sprechen die Bauern, die ins Ganges-Tal vordrangen, heute das Indoarische und diejenigen, die nach Süden expandierten, sprechen heute das Drawidische. Geht man noch einen Schritt weiter, so erklären die landwirtschaftliche Expansion aus einer gemeinsamen Region, die Aufrechterhaltung der Sprache und die Sprachverschiebung gemeinsam, warum H1a-M69-Mutationen in Populationen, die Drawidisch und Indoarisch sprechen, eine signifikante Häufigkeit erreichen.

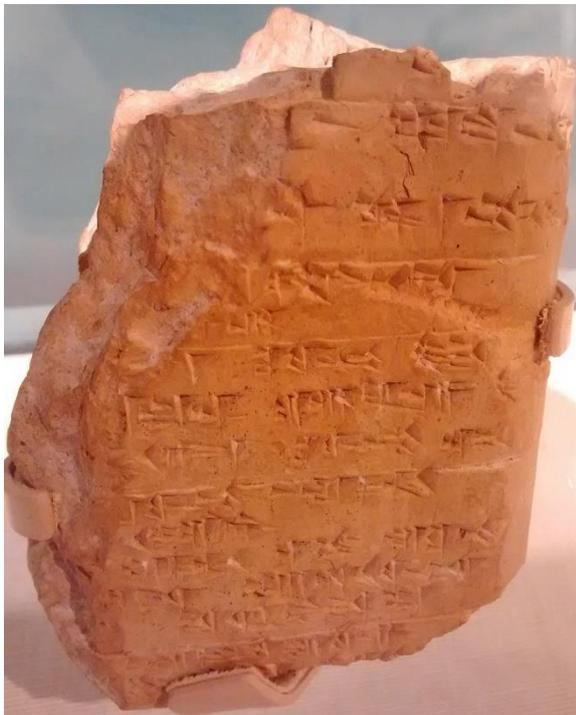
3.4. H1a-M69, das ostasiatische Neolithikum und das Austroasiatische.

Ausgehend von den verfügbaren Daten ist das Drawidische ein Relikt der mesolithischen Jäger und Sammler, die Landwirtschaft betrieben, sich aber dem Sprachwechsel zum Indoarischen oder Iranischen. Die indo-europäischen Sprachen Südasiens sind dagegen ein sprachliches Relikt der mesolithischen Jäger und Sammler, die die südwestasiatische Landwirtschaft übernahmen und die Sprache wechselten. Das Austroasiatische ist schließlich ein Relikt des ostasiatischen Neolithikums und der Ausbreitung des Reisanbaus von China nach Ostindien vor etwa 4.000 Jahren, ein Thema, das in Kapitel 16 ausführlicher behandelt wird. An dieser Stelle ist es wichtig, auf Folgendes hinzuweisen: Die Mutationen der Haplogruppe H1a-M69, die bei austroasiatischen Populationen in Indien beobachtet wurden, stehen für eine Kollision der landwirtschaftlichen Expansion von Südwestasiens und Ostasien und die anschließende Sprachverschiebung vom Drawidischen oder Indoeuropäischen zum Austroasiatischen.

Abschnitt 4. H1a-M69 und Sprachvariation in Zentralasien.

Die H1a-M69-Variation in Südasien bietet potenziell nützliche Daten für die Beurteilung der angeblichen zentralasiatischen Ursprünge der indo-iranischen Sprachen und die Entwicklung der iranischen und indoarischen Zweige. Eine solche Diskussion erfordert die Darstellung wichtiger Hintergrundinformationen über die Ursprünge der sogenannten zentralasiatischen *Steppennomadenhypothese*. Jahrhundert, mit der Entdeckung von Tontafeln in Boğazkale in der heutigen Türkei, wurde das Hethitische zur ältesten bezeugten indoeuropäischen Sprache wurde. Im 19. Jahrhundert hingegen galt Sanskrit als die älteste belegte indoeuropäische Sprache. Aus diesem Grund interessierten sich viele Sprachwissenschaftler, wie z. B. Max Müller, für Sanskrit und die in den liturgischen Texten des Rigveda erwähnten arischen Herrscher (für eine ausführlichere Diskussion siehe Pedersen 1967 und Arvidsson 2006). Aus ihrer Interpretation (oder vielleicht Fehlinterpretation) dieser Texte entwickelte sich die Idee, dass das arische Volk die ursprünglichen Sprecher einer indoeuropäischen Sprache gewesen sei. Im zwanzigsten Jahrhundert überarbeitete Nazi-Deutschland die Arier-Hypothese, um seine rassistische und ethnische Ideologie zu unterstützen (für eine ausführlichere Diskussion siehe Pringle 2006). Die Archäologin Marija Gimbutas überarbeitete die Arier-Hypothese in einer Reihe von Arbeiten, die zwischen 1952 und 1993 veröffentlicht wurden. Anstelle der Arier schlug sie vor, dass die ersten Indoeuropäer das prähistorische Volk der Kurganen in den russischen Steppen waren. Heute ist der Anthropologe David Anthony einer der anerkanntesten zeitgenössischen Verfechter dieses Ansatzes für die indoeuropäischen Ursprünge (weitere Einzelheiten finden Sie in seiner Monografie von 2007).

Abbildung 9.2. Hethitische Keilschrift-Inschrift. Quelle: Wikipedia und Mx. Granger.



Zeitgenössische Diskussionen über indoeuropäische Ursprünge haben die Kurgans-Hypothese von Gimbutas in eine zentralasiatische Steppen-Nomaden-Hypothese umgewandelt. Mehrere Y-Chromosom-Studien haben den möglichen Beitrag von Steppennomaden zum südasiatischen Genpool vorgeschlagen oder verworfen (z. B. Kivisild et al. 2003; Cordaux et al. 2004; Sahoo et al. 2006; Sengupta et al. 2006; Trivedi et al. 2008). Während die endgültige Analyse der Hypothese der zentralasiatischen Steppennomaden bis zu Kapitel 18 und der Diskussion der R1a-Z93-Mutation warten muss, ist es zu diesem Zeitpunkt notwendig, die H1a-M69-Perspektive darzustellen.

Interessanterweise wurde die H1a-M69-Mutation in mehreren zentralasiatischen und sogar ostasiatischen Populationen nachgewiesen (siehe [ergänzende Tabelle 9.1](#) für weitere Informationen). Zu diesen Populationen gehören diejenigen, die iranische Sprachen sprechen, wie z. B. Tadschiken und Paschtunen. Die Mutation wurde auch turksprachige Populationen, wie Uiguren und Usbeken, nachgewiesen. Der Genfluss von Süden nach Norden könnte die Quelle der H1a-M69-Mutationen in Zentral- und Ostasien erklären. Archäologische Belege für diese Position stammen aus dem innerasiatischen Gebirgskorridor, ein Thema, das in Kapitel 11 und in der Diskussion der Haplogruppe J-M304 behandelt wird. Vielleicht waren die prähistorischen tocharischen Menschen des Tarimbeckens in der Xingjian-Region in China auch als ein sprachliches Überbleibsel dieses Handelsnetzes sein. Sie sprachen einen indoeuropäischen Sprachzweig, der vor

etwa ein Tausend Jahren ausgestorben ist.

Abschnitt 5. H1a-M69 und die Romani-Sprachen.

Die H1a-M69-Mutation hat sich auch als nützlicher Marker für die Entschlüsselung der Bevölkerungsgeschichte der Romani die oft als Roma und manchmal auch als Zigeuner bezeichnet werden, ein Begriff, der als abwertend empfunden wird. Diese Bevölkerungsgruppe ist in ganz Europa zu finden. Seit Jahren stellen Wissenschaftler die Frage, ob Indien die Urheimat dieses Volkes ist, eine Schlussfolgerung, die durch die linguistischen Daten gestützt wird. Die Romani-Sprache wird als indoarische Sprache eingestuft. Weitere Unterstützung kommt auch aus den historischen Aufzeichnungen (z. B. Tcherenkov und Laederich 2004). Schließlich weisen die Y-Chromosom-Daten Indien als das Urheimatland der Roma aus. Die H1a-M69-Mutation kommt bei vielen Roma-Gruppen in Europa in signifikanter Häufigkeit vor, z. B. zu 17 Prozent bei den iberischen Roma (Gusmão et al. 2008) und zu 32 Prozent bei den ungarischen Roma (Pamjav et al. 2011). Darüber hinaus wurden in einer 2012 veröffentlichten Studie von Rai et al. (2012) Daten der Haplogruppe H1a-M69 analysiert, die aus 10.000 globalen Proben stammten. Auf der Grundlage ihrer Analyse identifizierten sie Nordostindien als das Urheimatland der Roma, eine Schlussfolgerung, die mit den linguistischen und historischen Daten übereinstimmt.

Abschnitt 6. Die FR-M89-Paragruppe.

Es ist zu beachten, dass die Häufigkeit der Haplogruppe H-M2713 für Südasien in der Literatur möglicherweise zu niedrig angegeben wird. ISOGG 2017 stellt fest, dass, als M69 die Hauptmutation der Haplogruppe H war, potenzielle H-M2713- und H1-M3061-Mutationen für Südasien als unspezifizierte Varianten der FR-M89-Paragruppe identifiziert wurden (z. B. Cordaux et al. 2004; Sengupta et al. 2006; Arunkumar et al. 2012; Khurana et al. 2014). Es ist klar, dass weitere Tests erforderlich sind, um eine genauere Bestimmung der Variation der Haplogruppe H-M2713 in der Region zu erreichen.

Die eigentliche FR-M89-Paragruppe, und nicht H-M2713, wurde bei den Soliga, einem drawidisch-sprachigen Stamm, der an der südlichsten Spitze Indiens lebt (siehe Rowald et al. 2020). Ihr Vorhandensein an diesem Ort sowie ihr negrito-ähnliches Aussehen und ihre traditionelle Jäger- und Sammler-Subsistenzstrategie lassen vermuten, dass sie Nachfahren der Migration aus Afrika sind. Die signifikante Häufigkeit der C1b-M356-Mutation unter diesen Menschen unterstützt diese Schlussfolgerung ebenfalls. Die Mutationen H1a-M82, J2b-M241, R2a-M124 und L1a-M27 sowie die linguistischen Daten deuten jedoch auf eine Vermischung mit drawidischen Völkern hin, die während des Neolithikums nach Südindien kamen.

Rowald et al. (2020) legen auf der Grundlage eines Vergleichs der Short Tandem Repeat (STR)-Daten für Soliga mit denen aus Afrika eine Migration von Südasien nach Afrika irgendwann in der prähistorischen Vergangenheit nahe. Diese Schlussfolgerung ist problematisch, weil sie auf unzureichenden Daten und einem unzuverlässigen Marker beruht. Das genetische Werkzeug der Wahl sind vielmehr Y-Chromosom-Einzelnukleotid-Mutationen. So scheint eine prähistorische Migration von Indien nach Europa auf der Grundlage alter H2-P96-Überreste, die in Europa gefunden wurden, plausibel zu sein. Wie bereits in Abschnitt 2 (oben) erwähnt, deuten die derzeit verfügbaren Daten jedoch darauf hin, dass H2-P96 eine Diversifizierung der Haplogruppe H-2713 unter Populationen darstellt, die bis zum Neolithikum in der Levante blieben.

Abschnitt 7. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe H-M2713.

Die Erörterung der Sprachvariation in Südasien wird in Kapitel 11 und in der Präsentation der J2-M172-Daten für die Region fortgesetzt. Was nun die aktuelle Diskussion der Haplogruppe H-M2713 betrifft, so bestehen fast alle veröffentlichten Häufigkeitsdaten aus der H1a-M69-Mutation und ihren stromabwärtigen Varianten. Die derzeit verfügbaren Daten legen nahe, dass H1a-M69 eine paläolithische Komponente des südasiatischen Genoms ist. Für Linguisten ist dieser Marker eine Hilfe bei der Entschlüsselung der Sprachvariationen in dieser Region. Das Drawidische scheint eine einheimische sprachliche Komponente aus Ostpakistan zu sein. Das Indo-Europäische wurde aus der Levante importiert. Das Austroasiatische und Tibeto-Birmanische kamen aus Ostasien. Somit unterstreicht das Vorkommen von H1a-M69 in indoarischen und austroasiatischen Populationen den Einfluss von Sprachverschiebung und Spracherhaltung als eine Kraft, die den komplexen sprachlichen Bildteppich Südasiens geformt hat.

Kapitel 10: Haplogruppe I-M170.

Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe I-M170.

An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Tabelle 10.1 verwiesen](#), die einen Überblick über die Häufigkeit der Haplogruppe I-M170 in ganz Eurasien gibt. Während die Haplogruppe sporadisch in Populationen des Nahen Ostens, des Kaukasus und Zentralasiens auftritt, stellt I-M170 einen signifikanten Marker in europäischen Populationen dar, wo laut Underhill et al. (2007) etwa 20 Prozent der Männer die Mutation aufweisen. Dieselbe Studie legt auch nahe, dass I-M170 die einzige Y-Chromosom-Haplogruppe ist, die sich auf dem europäischen Kontinent entwickelt hat. Die übrigen europäischen Y-Chromosom (z. B. R1b-343, R1a-M420, J2-M172, E1b-V13, G2a-P15 und N1a-M46) sind aus Haplogruppen hervorgegangen, die sich in Asien entwickelt haben.

Veröffentlichte Studien liefern aktuelle Häufigkeitsdaten für die folgenden I-M170-Varianten: I1-M253, I2a-M423, I2a-M26, und I2a-M223. Die Mutation I1-M253 (siehe [ergänzende Tabelle 10.2](#)) erreicht eine signifikante Häufigkeit unter den germanisch- und uralisch-sprechenden Populationen Skandinaviens. Bei den südslawisch-sprachigen Populationen der Balkanregion Europas erreicht die I2a-M423-Mutation (siehe [ergänzende Tabelle 10.3](#)) eine besonders hohe Häufigkeit. In ähnlicher Weise erreicht I2a-M26 (siehe [ergänzende Tabelle 10.4](#)) eine signifikante Häufigkeit auf der Mittelmeerinsel Sardinien. I2a-M223 ([ergänzende Tabelle 10.5](#)) schließlich erreicht in ganz Europa niedrige Häufigkeitszahlen.

Drei I-M170-Varianten sind sprachlich aufschlussreich: die Mutationen I1-M253, I2a-M423 und I2a-M26. I1-M253 gibt Aufschluss über die Vorgeschichte der germanischen und uralischen Sprachen. Die gleiche Mutation erklärt auch die historische Ausbreitung der Romani Sprachen, die zum indoarischen Sprachzweig gehören. Die Mutation I2a-M423 hingegen hilft bei der Entschlüsselung der historischen Ausbreitung der slawischen Sprachen zu entschlüsseln. Schließlich unterstützt I2a-M26 ein Argument, das das baskische Sprachisolat als sprachliches Relikt des vorneolithischen Europas definiert.

Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von I-M170.

2.1. Überblick.

Die Haplogruppe I-M170 und ihre stromabwärtigen Varianten stellen nützliche Mutationen für die Entschlüsselung der Ankunft des *Homo sapiens* in Europa dar, der so genannten Aurignacien Kulturtradition. Außerdem sind sie genetische Relikte von Bevölkerungsexpansionen aus südeuropäischen Refugien nach dem letzten glazialen Maximum.

2.2. Wichtige phylogenetische Verwandtschaftsbeziehungen.

Der Leser wird auf die [ergänzende Abbildung 1.1 verwiesen](#), in der die wichtigen Evolutionsschritte zwischen dem Y-Chromosom Adam und den wichtigsten Haplogruppen dargestellt sind. Nach Poznik et al. (2016) entwickelte sich die Haplogruppe I-M170 vor etwa 44.000 Jahren aus der IJ-M429-Paragruppe. Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 10.1 verwiesen](#), die die interne Phylogenie der Haplogruppe I-M170 darstellt. Innerhalb dieser Haplogruppe stellen I1-M253 und I2-

M438 die beiden wichtigsten internen Kläden dar. Datierungsschätzungen von Underhill et al. (2007) deuten darauf hin, dass sich beide Mutationen vor etwa 28.000 Jahren von I-M170 abgetrennt haben, ein Zeitpunkt in der Vorgeschichte, der gut mit dem letzten glazialen Maximum und der Idee korreliert, dass die Diversifizierung der Haplogruppe I-M170 in eiszeitlichen Refugien stattfand.

2.3. Der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe.

Eine Erörterung der anfänglichen menschlichen Besiedlung Europas während des Paläolithikums hilft, die heutige Verteilung von Mutationen der Haplogruppe I-M170 zu erklären. Genetische, archäologische und klimatische Daten, die bereits in den Kapiteln 4 und 6 vorgestellt wurden, sprechen für eine Ausbreitung des menschlichen Stammes während der 3. Isotopenstufe. Nach den klimatologischen Daten und wie bereits erwähnt, erleichterte das wärmere Wetter während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe die Ausbreitung des *Homo sapiens* aus dem südwestlichen Asien. Außerdem erleichterte der Klimawandel nicht nur die Erstbesiedlung Süd- und Ostasiens (siehe Kapitel 4), sondern auch Europas (siehe Müller et al. 2011).

Abbildung 10.1: Europa und der Mittelmeerraum



Wichtige archäologische Belege für die anfängliche Besiedlung Europas durch den Menschen stammen von Hoffecker (2009), der über die Entdeckung von Artefakten in Osteuropa und in der Mittelmeerregion des Kontinents berichtet. Zu diesen Artefakten gehören Speerspitzen und Schabemesser aus Stein. Diese Werkzeuge, Artefakte der archäologischen Tradition des Aurignaciens, wurden vor etwa 48.000 Jahren hergestellt. Wichtige Hinweise auf menschliche Fossilien stammen aus der Bacho-Kiro-Höhle in Bulgarien. Zwei Individuen haben die Mutation C1-F3393 und eines die Mutation F-M89. Die Datierungsergebnisse deuten darauf hin, dass sie vor etwa 44.000 Jahren starben (für weitere Einzelheiten siehe Hublin et al. 2020; Hajdinjak et al. 2021). Eine weitere Studie (Prüfer et al. 2021) berichtet über Daten von einem Schädel, der im Höhlensystem von Koněprusy in der Tschechischen Republik gefunden wurde. Diese Überreste stammen von einer erwachsenen Frau, die vor etwa 45.000 Jahren starb. Weitere menschliche Fossilien stammen aus der Höhle Peștera cu Oase in Rumänien. Diese Überreste wurden auf vor etwa 40.000 Jahren datiert (Trinkaus et al. 2003; und Fu et al. 2014).

Hoffecker (2009) legt auf der Grundlage einer Interpretation der archäologischen Aufzeichnungen nahe, dass die menschliche Besiedlung Europas über eine Migrationsroute durch Mitteleuropa erfolgte. Wie bereits in Kapitel 6 beschrieben, unterstützen die Daten der Haplogruppe

C1-F3393 dieses Modell. Wie bereits angedeutet, wurde diese Migration von paläolithischen Jägern und Sammlern durchgeführt, die einst die Mammutsteppen durchstreiften, um große Pflanzenfresser wie Rentiere, Bisons, Mammuts und Pferde zu jagen. In seinem Bericht von 2009 schlägt Hoffecker auch vor, dass der Mensch Europa über eine zweite Expansion entlang des Mittelmeers kolonisiert hat. Möglicherweise haben Jäger und Sammler diese Wanderung unternommen, um Meeresressourcen zu ernten. Wichtige genetische Unterstützung stammt aus der Paglicci-Höhle in Süditalien, wo die ältesten I-M170-Überreste gefunden wurden (Fu et al. 2016). Die Daten stammen von einem Individuum, das vor etwa 33.000 Jahren starb (für weitere Details siehe [ergänzende Tabelle 10.6](#)). Wichtige archäologische Belege für die Ausbreitung entlang des Mittelmeers stammen von Artefakten aus dem Aurignacien, die kürzlich in Portugal und Südspanien entdeckt wurden (siehe Haws et al. 2020). Ähnliche archäologische Daten tauchten auch in einem 2019 veröffentlichten Bericht auf (Carrión et al.). Beide Studien datieren die Anwesenheit des *Homo sapiens* im Süden Iberiens auf etwa 40.000 Jahre vor heute.

2.4. Die 2. Sauerstoff-Isotopenstufe und eiszeitliche Refugien.

Die Haplogruppe I-M170 ist nicht nur ein genetisches Relikt der menschlichen Besiedlung Europas, sondern auch ein genetisches Relikt von Jäger- und Sammlerpopulationen, die die letzte Eiszeit überlebt haben. Während der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe, die vor etwa 29.000 Jahren begann, wurde es in Europa kälter. Kurz danach, vor etwa 26.000 Jahren, erreichten die Eisgletscher ihre maximale Ausdehnung nach Süden über Eurasien. In Westeuropa reichte die Vergletscherung ungefähr bis zu den Pyrenäen entlang der französisch-spanischen Grenze. In der Literatur wird dieser Zeitpunkt üblicherweise als das letzte glaziale Maximum (LGM) bezeichnet. Diese Veränderung der klimatischen Bedingungen trieb die menschlichen Populationen in Europa in den südlichen Teil des Kontinents in bewohnbare Regionen, die gemeinhin als Refugien bezeichnet werden.

Nach Binney et al. (2016) wurde die europäische Landschaft oberhalb des 40. nördlichen Breitengrades zu einer baumlosen Tundra, nachdem die Eisgletscher vor etwa 21.000 Jahren zurückgegangen waren. Vor etwa 14.000 Jahren, als sich das Klima erwärmte, begann auch die europäische Tundra nach Norden zu schrumpfen und ließ Waldgebiete zurück. Vor etwa 11.000 Jahren erreichte die Tundra Skandinavien. Vor etwa 4.000 Jahren schließlich erreichte die Tundra ihren heutigen Standort entlang des Polarkreises.

Vor etwa 14.000 Jahren, kurz vor Beginn der ersten Sauerstoff-Isotopenstufe und des Holozäns, ermöglichten wärmeres Wetter und zurückweichende Gletscher den Menschen, aus den südeuropäischen Refugien auszuwandern und die entvölkerten Regionen Westeuropas und Skandinaviens neu zu besiedeln. Haplogruppe I-M170 unterstützt dieses Modell durch Überreste aus Südspanien, die auf vor 24.000 Jahren datiert wurden; I2a-M223-Überreste aus Belgien, die auf vor 15.000 Jahren datiert wurden; I1-M253-Überreste aus Nordspanien, die auf vor etwa 13.000 Jahren datiert wurden; I2-M438-Überreste aus Frankreich, die auf vor 13.000 Jahren datiert wurden; I2a-P37.2-Überreste aus der Schweiz, die auf vor 14.000 Jahren datiert wurden; und I-M170-Überreste in Norwegen, die auf vor 9.000 Jahren datiert wurden (siehe [ergänzende Tabellen 10.6 bis 10.14](#)).

Abschnitt 3. Die I1-M253-Mutation und die germanischen Sprachen.

3.1. Überblick.

Die Interpretation der linguistischen und archäologischen Daten hat Dänemark seit langem als Urheimatland der germanischen Sprachen identifiziert (z. B. St. Clair 2012). Die Y-Chromosom-Daten, insbesondere die I1-M253-Mutation, unterstützen diese Schlussfolgerung ebenfalls. Die Häufigkeit der I1-M253-Mutation in Skandinavien deutet außerdem darauf hin, dass dieser Marker das genetische Werkzeug der Wahl ist, um die sprachliche Vorgeschichte der germanischen Sprachen zu verstehen.

Wie die **ergänzende Tabelle 10.2** zeigt, erreicht die I1-M253-Mutation in den heutigen Populationen der Region Häufigkeiten zwischen 30 und 40 Prozent. Zu diesen Populationen gehören nordgermanisch-sprachige Dänen, Schweden und Norweger sowie uralisch-sprachige Finnen und Sámi. Anderswo in Europa erreicht I-M253 eine mäßige Häufigkeit bei den Niederländern, Briten, Flamen und Deutschen, die das Westgermanische sprechen.

3.2. Vorgeschichte der germanischen Sprachen aus linguistischer Sicht.

Die Rolle der Sprachkontakttheorie bei der Entstehung der frühen germanischen Sprachen wurde von St. Clair in seiner Dissertation an der Universität von Kalifornien im Jahr 2012 erforscht. Eine umstrittene Idee, die sich aus der Dissertation ergibt, ist, dass sich die germanischen Sprachen durch Sprachkontakt zwischen Sprechern des Proto-Baskischen, Proto-Indoeuropäischen und Proto-Afroasiatischen. Weniger umstritten ist vielleicht die Vorstellung, dass die germanischen Sprachen eine beträchtliche zeitliche Tiefe aufweisen. Die prähistorische Entwicklung des Germanischen spiegelt möglicherweise einen langfristigen Prozess wider, der sich über einen Zeitraum von 10.000 Jahren erstreckte und die Anpassung des Menschen an den Klimawandel, die Isolierung von Populationen voneinander und die neolithische Transformation umfasste.

Aus sprachwissenschaftlicher Sicht sind die gemischten Ursprünge des Germanischen plausibel. Sprachwissenschaftler stellen seit langem fest, dass vielleicht ein Drittel des modernen deutschen Lexikons keine indoeuropäische Kognaten fehlt (z. B. Vennemann 2000: 241; Waterman 1976: 36; Schirmer und Mitzka 1969). Darüber hinaus vermutet Mailhammer (2007), dass das systematische Muster des Ablauts bei starken Verben im Germanischen ein Merkmal ist, das aus den afroasiatischen Sprachen stammt. Interessanterweise ist das Vorhandensein von proto-afroasiatischen Sprachen im prähistorischen Europa aus genetischer Sicht plausibel. Wie bereits in Kapitel 5 angedeutet, könnte die E1b-V13-Mutation ein Zeichen für die Ausbreitung des Proto-Afroasiatischen in Europa während des Mesolithikums gewesen sein. Die Mutation kommt jedoch hauptsächlich im Mittelmeerraum und auf dem Balkan vor und ist in Skandinavien praktisch nicht vorhanden. Die Beweise für einen prähistorischen Kontakt zwischen Skandinavien und Südosteuropa bedürfen daher weiterer Forschung.

3.3. Die Vorgeschichte der germanischen Sprachen und Archäologie.

Abbildung 10.2. Foto eines norwegischen Rentieres. Quelle: Wikipedia und Are G Nilsen.



Die Tundra ist der bevorzugte Lebensraum der Rentiere. Sie lieben besonders die Flechten, die in diesem Biotop gedeihen. Für den prähistorischen *Homo sapiens* in Eurasien war das Rentierfleisch eine wichtige Nahrungsquelle. Die prähistorischen Jäger, die dieses Tier jagten, stellen eine Schlüsselkomponente für das Verständnis der heutigen Sprachvariationen in Eurasien dar. Siiräinen (2003), der sich nun auf Skandinavien konzentriert, geht davon aus, dass die menschliche Besiedlung Nordeuropas während des Holozäns durch den Rückgang der Eisgletscher, der Tundra und der Rentiere nach Norden erleichtert wurde. Als sich die Tundra vor etwa 14.000 Jahren zurückzuziehen begann, wanderten große Rentierherden nordwärts nach Mitteleuropa. Vor etwa 12.000 Jahren erreichten die Rentiere schließlich Skandinavien. Dicht gefolgt von Menschen, jagten die diese Tiere die so genannten Ahrensburger Kultur, die sich

schließlich in der Region niederließen.

Vor etwa 10.000 Jahren ging die Landschaft in Skandinavien von der Tundra in Wälder über. Dieser Übergang erzwang eine Änderung der Subsistenzstrategie, da das Rentier bis zum Polarkreis verschwand. Als Folge des Klimawandels wurden die Menschen in der Region abhängig von Meeresressourcen wie Muscheln (z. B. Lewis et al. 2016). Ressourcen im Landesinneren, wie Elche, waren ebenfalls eine wichtige Nahrungsquelle (z. B. Jessen 2015).

Wie in Kapitel 8 und in der Erörterung der Haplogruppe G-M201 ausführlich dargelegt, breiteten sich die Landwirtschaft und die Kultur der Bandkeramik während des Neolithikums in ganz Europa aus. Mit dieser Ausbreitung verbreiteten sich auch die indoeuropäischen Sprachen über den gesamten Kontinent. Als diese Ausbreitung vor etwa 7.500 Jahren in der nordeuropäischen Küstenebene endete, wurde die Landwirtschaft nicht von den mesolithischen Jägern und Sammlern in Skandinavien übernommen. Vielmehr wurde der Endpunkt der linearbandkeramischen Expansion zu einer kulturellen Grenze, die etwa zweitausend Jahre bis zum kulturellen Übergang der Trichterbecherkultur dauerte.

Abbildung 10.3. Tundra. Quelle: Wikipedia und Dr. Andreas Hugentobler.



Die Gründe für den langsamen Übergang zur Landwirtschaft in Skandinavien bleiben ein Rätsel (z. B. St. Clair 2012). Eine mögliche Erklärung geht davon aus, dass die Ausbreitung der linearbandkeramischen Kultur den Ackerbau wahrscheinlich durch Gebiete Mitteleuropas trug, die unbewohnt oder nur spärlich von nomadischen Jägern und Sammlern bewohnt waren. Im Gegensatz zu Mitteleuropa lebten die mesolithischen Völker des heutigen Dänemark in permanenten oder halbpermanenten Siedlungen. Daher war die Bevölkerungsdichte in dieser Region wahrscheinlich höher als in Mitteleuropa. Im mesolithischen Dänemark herrschten andere Bedingungen, da die Meeresressourcen im Überfluss vorhanden waren und somit das ganze Jahr über eine sehr nahrhafte Nahrungsquelle zur Verfügung stand. Das Nahrungsangebot blieb stationär und auf dem Land lebten mehr Menschen pro Quadratkilometer. Es könnte gewesen sein, dass die mesolithischen Skandinavier keine Landwirtschaft brauchten.

3.4. Die Germanische Sprachen und die I1-M253-Mutation.

Das Neolithikum begann in Skandinavien vor etwa 5.000 Jahren. Es gibt drei verschiedene Modelle zur Erklärung dieses Übergangs: menschliche Migration, Nahrungsmittelknappheit oder sozioökonomischer Wandel (Fischer 2002). Die Idee der menschlichen Migration verdient besondere Aufmerksamkeit, weil sie die Rolle der Sprachkontakttheorie bei der Entwicklung der germanischen Sprachen untergräbt oder unterstützt. Genetische Daten können ein nützliches Instrument zur Klärung dieser Frage sein, da diese Daten paläolithische, mesolithische und neolithische Komponenten des heutigen skandinavischen Genpools identifizieren können.

Es sollte noch einmal betont werden, dass die I1-M253-Mutation in den heutigen skandinavischen Populationen eine beträchtliche Häufigkeit erreicht (siehe [ergänzende Tabelle 10.2](#)). Vor diesem Hintergrund wird die Aufmerksamkeit des Lesers nun auf die [ergänzende Tabelle 10.14](#) und die Übersicht über die alten I-M170-Mutationen gelenkt, die im prähistorischen Skandinavien gefunden wurden. Wie aus der Tabelle hervorgeht, fehlt die I1-M253-Mutation in den alten Y-Chromosom-Daten der Region völlig. Vielmehr hat es den Anschein, dass die prähistorischen Skandinavier die Mutation I2a-M423 hatten. Daher könnte man argumentieren, dass I1-M253 nicht in das genetische Inventar des prähistorischen Skandinaviens aufgenommen wurde.

Ein wichtiger Punkt für das Verständnis der alten und heutigen genetischen Variation in Skandinavien ist die Tatsache, dass es für die heutige Landverbindung von Mitteleuropa in die Region nur eine einzige Route gibt. Sie führt durch Dänemark und über die Öresundstraße via Brücke und Tunnel nach Schweden. Wie Sporrang (2003) erläutert und veranschaulicht, war die Landschaft in Skandinavien vor 12.000 Jahren jedoch ganz anders. Der Meeresspiegel war viel niedriger, und folglich verband eine größere Landmasse Mitteleuropa mit Skandinavien. Außerdem war die heutige Ostsee ein kleinerer Süßwassersee, der so genannte Baltischer Eisse. Folglich gab es im frühen Holozän mehrere Möglichkeiten für die menschliche Besiedlung Skandinaviens über eine Land- oder eine kurze Wasserüberquerung. Die mesolithischen Gründungspopulationen Skandinaviens hatten wahrscheinlich I1-M253 und I2a-M423. Wie von Underhill et al. (2007) vorgeschlagen, gelangte I1-M253 über Nordwesteuropa nach Dänemark. Jäger und Sammler mit der Mutation I2a-M423 kamen wahrscheinlich über eine andere Route weiter östlich nach Skandinavien.

Abbildung 10.4: Europa und die Ostsee.



Der Niedergang von I2a-M423 und die Vorherrschaft von I1-M253 im heutigen Skandinavien ist wahrscheinlich das Ergebnis demografischer und kultureller Entwicklungen, die in Skandinavien nach dem neolithischen Übergang in dieser Region vor etwa 5.000 Jahren einsetzten. Die Landwirtschaft wurde zuerst in Dänemark eingeführt, und im Laufe der Zeit verbreitete sich die Technologie nordwärts in das übrige Skandinavien (z. B. Siiräinen 2003). Es kam zu einem raschen Bevölkerungswachstum, da die Landwirtschaft eine höhere Bevölkerungsdichte ermöglicht. Ein plötzlicher und rascher Anstieg von Männern mit der Mutation I1-M253 in Dänemark, der vor etwa 4.000 Jahren begann, und ihre anschließende Migration nach Nordskandinavien veränderten wahrscheinlich die Verteilung und Häufigkeit der I-M170-Variante in der Region. Später brachten die historischen Expansionen der Germanen die I1-M253-Mutationen nach Deutschland, in die Niederlande, auf die Britischen Inseln und in andere europäische Länder. Niederländisch, Deutsch, Flämisch und Englisch sind sprachliche Überbleibsel dieser Expansion und damit der Entwicklung der westgermanischen Sprachen.

Das obige Modell der Variation der Haplogruppe I-M170 in Skandinavien steht im Einklang mit einer Studie aus dem Jahr 2006 (Karlsson et al.), in der fast 400 DNA-Proben von Männern aus Schweden analysiert wurden. In ihrer Analyse kamen sie zu dem Schluss, dass die Einführung der Landwirtschaft in Skandinavien das Ergebnis der Übernahme einer neuen Technologie durch die bereits in der Region lebenden Menschen war. Die genetischen Daten lassen also nicht darauf schließen, dass das skandinavische Neolithikum mit einem Zustrom mitteleuropäischer Bauern zusammenhängt. Diese Schlussfolgerung ergibt sich zum Teil aus der großen Häufigkeit von I1-M253-Mutationen in der Region und der geringen Häufigkeit der mitteleuropäischen neolithischen Marker, nämlich J2-M172 und G2a-P15.

3.5. Das Indo-Europäische und Sprachkontakt.

Die Analyse von genetischen, archäologischen, klimatologischen und linguistischen Daten legt nahe, dass die Ursprünge der germanischen Sprachen auch wertvolle Einblicke in die Entwicklung der anderen indoeuropäischen Sprachen in Europa. Die traditionelle linguistische Meinung, die sich derzeit um die „Steppennomaden-Hypothese“ rankt, geht von einer Invasion indo-europäisch-sprechender Menschen aus Zentralasien während der Bronzezeit vor etwa 3.000 Jahren aus. Nach dieser Sichtweise diversifizierte sich ihre Sprache später in das Germanische, Slawische, Keltische und andere Sprachzweige. Die Entwicklung des Germanischen und anderer indoeuropäischer Sprachen legt jedoch nahe, dass die mesolithischen Sprachen des vorlandwirtschaftlichen Europas die heutige Sprachenvielfalt auf dem Kontinent beeinflusst haben könnten. Vielleicht war das Germanische eine nicht-indoeuropäische Sprache, die nach dem neolithischen Übergang in Skandinavien zum Indoeuropäischen wurde. Ein ähnliches Argument lässt sich für das Keltische anführen (siehe Kapitel 18).

Abschnitt 4. Das Uralische und die Mutation I1-M253.

Innerhalb Skandinaviens besteht das Muster der Sprachvariation aus nordgermanischen Sprachen und uralischen Sprachen. Die uralisch sprechenden Völker der Region sind Finnen und Sámi. In diesen Populationen ist die N1a-M46-Mutation (siehe Kapitel 15) sehr häufig. Bei den Dänen ist diese Mutation jedoch praktisch nicht vorhanden (Sanchez et al. 2004). Unter den Norwegern haben weniger als 3 Prozent die Mutation (Dupuy et al. 2006). Bei den Schweden liegt die Zahl zwischen 10 und 14 Prozent (Karlsson et al. 2006; Lappalainen et al. 2006). Die I1a-M253-Mutation ist dagegen gleichmäßiger über alle skandinavischen Populationen verteilt. Sie ist bei etwa einem Drittel der Finnen und Sámi vorhanden (Tambets et al. 2004; Lappalainen et al. 2006). Ähnliche Häufigkeiten werden bei Dänen, Norwegern und Schweden festgestellt (siehe [ergänzende Tabelle 10.2](#)).

Die Ankunft der uralischen Sprachen in Skandinavien wird mit der Kammkeramischen Kultur in Verbindung gebracht. Die archäologischen Aufzeichnungen deuten darauf hin, dass dies vor etwa

5.000 Jahren geschah (z. B. Siiräinen 2003). Das genetische Überbleibsel dieser Kultur ist das N1a-M46, eine Mutation, die in Kapitel 15 noch ausführlicher behandelt wird.

Abschnitt 5. Romani und die I1-M253-Mutation.

Wie in Kapitel 8 erläutert, weisen die H1a-M69-Mutation und die historischen Aufzeichnungen auf Indien als Urheimatland der Roma hin. Überraschenderweise berichten mehrere Studien über eine unerwartete Häufigkeit von I1-M253 bei Roma Populationen in Europa (Gusmão et al. 2008; Petrejčiková et al. 2009; Pamjav et al. 2011). Dies ist überraschend, da Mutationen der Haplogruppen I-M170 in Südasien praktisch nicht vorkommen.

Der Weg, den die Romani auf ihrer Wanderung von Indien nach Europa zurücklegten, hatte einen langen „Zwischenstopp“ im Byzantinischen Reich. (Tcherenkov und Laederich 2004). St. Clair (2014) vermutet, dass während dieses Zwischenstopps ein kultureller Austausch und eine genetische Vermischung zwischen den Romani und den Krimgoten, die ebenfalls Teil des Reiches waren, stattgefunden haben könnten. Dies könnte erklären, wie die Romani die Fähigkeit zur Metallverarbeitung und die I1-M253-Mutationen erworben haben. Als das Byzantinische Reich zusammenbrach, expandierten die Romani mit ihrer Kultur und ihren Genen nach Europa.

Abschnitt 6. Linguistische Bedeutung der I-M423-Mutation.

Wie bereits weiter oben beschrieben, entwickelten sich I1-M253 und I2-M438 vor etwa 28 000 Jahren. Die Mutationen entwickelten sich in der Nähe eines paläoklimatischen Meilensteins in der Vorgeschichte, der durch das letzte glaziale Maximum definiert ist. Die Entwicklung beider Mutationen spiegelt also die genetische Diversifizierung wider, die stattfand, als sich die paläolithischen Populationen zu Beginn der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe aufgrund der Vergletscherung in südeuropäische Refugien zurückzogen.

Die I2a-M423-Mutation ist eine stromabwärtige Variante von I2-M438. Die Interpretation der zeitgenössischen Daten legt nahe, dass sich die Mutation vor etwa 9.000 Jahren in der Balkanregion entwickelt hat (Rootsi et al. 2004; Underhill et al. 2007). Interessanterweise lassen die alten Y-Chromosom-Daten die Möglichkeit zu, dass I2a-M423 in Westeuropa, vielleicht in Spanien oder Frankreich, und nicht auf dem Balkan entstanden ist (siehe [ergänzende Tabelle 10.11](#)).

Der Leser wird nun auf die [ergänzende Tabelle 10.3 verwiesen](#), die einen Überblick über die I2a-M423-Mutation in heutigen Populationen gibt. Diese Mutation kommt besonders häufig in mehreren Populationen der osteuropäischen Balkanregion vor, z. B. bei Serben, Kroaten und Bosniern. Für andere osteuropäische Populationen, darunter Moldawier, Bulgaren, Ukrainer, Tschechen und Slowenen, werden moderatere Häufigkeiten berichtet. Für Sprachwissenschaftler wirft die Häufigkeit der I2a-M423-Mutation bei slawischen-sprechenden Populationen die interessante Frage auf, ob die historische Ausbreitung der slawischen Sprachen mit einer groß angelegten Bevölkerungsexpansion verbunden ist.

Zwei nützliche Studien (Sarac et al. 2016 und Karachanak et al. 2013) untersuchen die zeitgenössische Y-Chromosom-Diversität unter Kroaten und Bulgaren. Beide Studien legen nahe, dass das Genom der heutigen slawisch-sprechenden Europäer paläolithische, mesolithische und neolithische Komponenten aufweist. Die Mutationen I2a-M423, R1b-343 und R1a-M420 stellen eine paläolithische Komponente dar. E1a-V13 ist ein mögliches mesolithisches Relikt. Neolithische Bauern aus Südwestasien steuerten J2-M172 und G2a-P15 bei. Auf der Grundlage dieser Daten geht der Übergang zum Neolithikum in Osteuropa mit einer Ausweitung der Landwirtschaft einher, die ihren Ursprung außerhalb der Region hat, sowie mit der Übernahme einer neuen Technologie durch bereits in der Region lebende Jäger und Sammler.

Brackney (2007) erörtert die slawischen Ursprünge aus historischer und linguistischer Sicht. Er geht davon aus, dass sich das Gemeinslawische im sechsten Jahrhundert in Ost-, West- und Südvarianten aufspaltete (2007: 18). Außerdem entwirft er ein Modell des Gemeinslawischen auf der Grundlage der Language Farming Theorie (Renfrew 1987). Brackney geht davon aus, dass die ersten Bauern Europas auch die sprachlichen Vorfahren der slawischsprachigen Bevölkerung waren. Er geht davon aus, dass die Bauern während des Neolithikums nördlich der Karpaten in Mittel- und Osteuropa siedelten und in diesem Gebiet bis zum fünften Jahrhundert in relativer Isolation lebten. Während dieser Zeit diversifizierte sich die indoeuropäische Sprache dieser Bauern zum Gemeinslawischen. Dann änderte sich das sozio-politische Klima in Europa und bot den slawischen Stämmen die Möglichkeit, ihre Kultur und Sprache auf der historischen Bühne zu behaupten (2007: 91-99).

Die obige Diskussion über Brackney und seine Sicht der slawischen Ursprünge sowie die zuvor vorgestellten genetischen Beweise, insbesondere die Datierungsschätzungen, können die heutige Verbreitung des Slawischen nicht mit einer groß angelegten Bevölkerungsexpansion in Verbindung bringen. Daher bietet der Sprachkontakt den besten theoretischen Ansatz, um das Wie und Wann der slawischen Expansion zu erklären. Vielleicht füllten Sprache und Kultur der slawischen Völker eine Lücke, die durch den Zusammenbruch des Römischen Reiches entstanden war.

Die Mutationen R1a-M448 und R1a-M558 sind ebenfalls wichtige Marker für die Entschlüsselung der Ausbreitung der slawischen Sprachen. Dementsprechend wird dieses Thema in Kapitel 18 behandelt.

Abschnitt 7. I2a-M26 und das baskische Sprachisolat.

Forscher vermuten seit langem, dass die Populationen der Pyrenäen ein Relikt aus dem vorneolithischen Europa sind. Diese Position wird teilweise durch das baskische Volk gestützt, das eine isolierte Sprache spricht, was ungewöhnlich ist, da die westeuropäischen Bevölkerungen eine indoeuropäische Sprache sprechen. Da die indoeuropäischen Sprachen möglicherweise während des Neolithikums, vor etwa 8.000 Jahren, nach Europa kamen, könnte man argumentieren, dass das baskische Sprachisolat ein Relikt der europäischen Sprachenvielfalt ist, die der Ankunft der indoeuropäischen Sprachen vorausging (z. B. Trask 1996: 191; Vennemann 1994: 263).

Unter den heutigen Populationen ist die I2a-M26-Mutation auf der Mittelmeerinsel Sardinien besonders häufig. Anderswo in Europa ist die Mutation nicht vorhanden oder weist eine geringe Häufigkeit auf (siehe [ergänzende Tabelle 10.4](#)). Eine Ausnahme von diesem Verbreitungsmuster könnte das Baskenland sein Region sein, die die heutige Grenze zwischen Frankreich und Spanien überspannt. Rootsi et al. (2004) berichten, dass etwa sechs Prozent der Basken die I2a-M26-Mutation aufweisen. Ein weiterer Bericht, López-Parra et al. (2009), untersuchte Populationen aus fünf abgelegenen Dörfern entlang der französisch-spanischen Grenze und der Pyrenäenregion. Die Häufigkeit von I2a-M26 reichte von 3 bis 16 Prozent. Interessanterweise deuten alte Y-Chromosom-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 10.10](#)) auf eine viel größere Verbreitung der I2a-M26-Mutation auf dem europäischen Festland zu Beginn des Neolithikums hin. Diese Beobachtung, zusammen mit der zuvor beschriebenen archäologischen Perspektive, legt nahe, dass das Vorhandensein von I2a-M26 bei den heutigen Basken durch Bevölkerungsexpansionen aus südeuropäischen Refugien zu Beginn des Holozäns erklärt werden kann.

Eine Diskussion über das baskische Sprachisolat wird in Kapitel 18 und in der Diskussion über die Mutation R1b-DF27 fortgesetzt.

Abschnitt 8. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe I-M170.

I-M170-Mutationen legen nahe, dass die Wurzeln der Sprache tief in die menschliche Vorgeschichte reichen. Die Sprache gedeiht und überlebt, weil der menschliche Stamm gedeiht und überlebt. Die Daten aus I1-M253 sowie archäologische und klimatische Erkenntnisse legen nahe, dass die Geschichte des Germanischen mit dem Beginn des Holozäns beginnt. Die Landschaft ging in Skandinavien von der Tundra in den Wald über, und das Rentier verschwand. Die Menschen in der Region passten sich an den Klimawandel an, indem sie die Meeresressourcen ernteten. Diese Subsistenzstrategie hielt sich über Tausende von Jahren. Danach gingen die prähistorischen Skandinavier zur Landwirtschaft über. Diese kulturellen Anpassungen der prähistorischen Vergangenheit tragen heute dazu bei, die Position des Germanischen innerhalb der globalen Sprachvielfalt zu bestimmen.

Kapitel 11: Haplogruppe J-M304.

Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe J-M304.

Auf der Website der International Society of Genetic Genealogy wird der Stammbaum der menschlichen Y-Chromosom-Mutationen regelmäßig aktualisiert. Ein Vergleich der phylogenetischen Bäume von 2006 und 2020 zeigt, dass unser Wissen über die Y-Chromosom-Variation in den letzten zwei Jahrzehnten eine erstaunliche Auflösung erreicht hat. Dieses sich entwickelnde Bild der menschlichen Variation wird durch Forscher ermöglicht, die Tausende von Y-Chromosom-Mutationen identifiziert haben. Interessanterweise war die J-M304-Mutation der erste polymorphe Marker, der aus der nicht rekombinanten Region des Y-Chromosoms sequenziert wurde (siehe Casanova et al. 1985).

An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Tabelle 11.1 verwiesen](#), die einen regionalen Überblick über Populationen mit der J-M304-Variante gibt. Wie die Tabelle zeigt, hat die Haplogruppe J-M304 eine breite geografische Verbreitung, die sich über Eurasien und Nordafrika erstreckt. Für Sprachwissenschaftler stellt die Haplogruppe J-M304 einen wichtigen Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte verschiedener Sprachfamilien dar: Indo-Europäisch, Afroasiatisch, Nordkaukasisch, Kartwelisch und Drawidisch. Zu den sprachlich informativen J-M304-Mutationen gehören J1-M267, J2a-M410 und J2b-M12. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 11.2](#) hervorgeht, erreicht die Mutation J1-M267 eine besonders hohe Häufigkeit in Populationen, die afroasiatische und nordkaukasische Sprachen sprechen. Die J2a-M410-Mutation ist ein signifikanter Marker in nordkaukasischen, kartwelischen, indoeuropäischen und drawidischen Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 11.3](#)). Schließlich ist der J2b-M12-Marker (siehe [ergänzende Tabelle 11.4](#)) ein signifikanter Marker in den indoeuropäischen und drawidischen Populationen Südasiens.

Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe J-M304.

An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus Kapitel 1 verwiesen. Wie die Abbildung zeigt, sind die Haplogruppen I-M170 und J-M304 phylogenetisch eng miteinander verwandt. Beide entwickelten sich aus der Mutation IJ-M429 vor etwa 44.000 Jahren (Poznik et al. 2016). Wie in Kapitel 10 beschrieben, entwickelte sich I-M170 in Europa. J-M304 hingegen scheint sich im Kaukasus oder im Nahen Osten entwickelt zu haben, wie die Analyse der alten Y-Chromosom-Daten zeigt (siehe [ergänzende Tabellen 11.5 bis 11.7](#)).

Wie bereits erwähnt, sind die linguistisch informativen J-M304-Varianten J1-M267, J2a-M410 und J2b-M12. Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 11.1 verwiesen](#), in der die interne Phylogenie der J-M304-Haupthaplogruppe dargestellt ist. Wie die Abbildung zeigt, gabelt sich J-M304 in J1-M267 und J2-M172. Poznik et al. (2016) vermuten auf der Grundlage einer Analyse zeitgenössischer Daten, dass sich die Mutation J1-M267 vor etwa 33.000 Jahren entwickelt hat. Wie die [ergänzende Abbildung 11.1](#) zeigt, spaltet sich J2-M172 in J2a-M410 und J2b-M12 auf. Finocchio et al. (2018) vermuten, basierend auf der Analyse zeitgenössischer Daten, dass dies vor 12.000 bis 16.000 Jahren geschah. Schließlich legt die Analyse zeitgenössischer Daten nahe, dass sich J1-M267, J2a-M410 und J2b-M12 im Kaukasus oder im nördlichen Zagros-Gebirge im Iran entwickelt haben (siehe Platt et al. 2017). Diese Schlussfolgerung wird auch durch alte Y-Chromosom-Daten unterstützt (siehe [ergänzende Tabellen 11.5 und 11.6](#)). So stammen beispielsweise die ältesten J1-M267-Überreste aus Georgien im Kaukasus. Die ältesten Daten zu den J2a-M410-Mutationen stammen aus Georgien und

von einem Individuum, das vor etwa 9.700 Jahren starb. Die ältesten J2b-M12-Überreste schließlich stammen aus einer neolithischen Ausgrabungsstätte in der Provinz Lorestan im Westen des Iran. Diese Überreste wurden auf vor etwa 10.000 Jahren datiert.

Abschnitt 3. Modellierung der Ursprünge des Afroasiatischen.

3.1. Frühe Sprachnachweise in Südwestasien.

Frühe Nachweise des Indoeuropäischen und afroasiatischen Sprachen deuten auf Südwestasien als Urheimatland beider Sprachfamilien hin. Was das Indoeuropäische betrifft, so stammen die frühesten Zeugnisse aus dem ausgestorbenen anatolischen Zweig und umfassen Hethitisch und Luwisch. Hethitisch taucht am frühesten auf, vor etwa 3.700 Jahren. Zu den früh bezeugten afroasiatischen Sprachen in Südwestasien gehören Akkadisch, Hebräisch, Phönizisch, Aramäisch und Kanaanitisch. Unter diesen Sprachen tauchte Akkadisch vor etwa 5.000 Jahren als erste auf. Interessanterweise tauchten etwa zur gleichen Zeit frühe Zeugnisse des Ägyptischen in Nordafrika auf. Neben dem Afroasiatischen und dem Indoeuropäischen gehören zu den frühen Sprachzeugnissen in Südwestasien auch ausgestorbene hurro-urartäische Sprachen wie das Hattische. Schließlich gehören auch Sumerisch und Elamitisch, zwei ausgestorbene Sprachisolate, zu den früh bezeugten Sprachen der Region. Für weitere Einzelheiten siehe Issar und Zohar (2007: 263-272).

Abbildung 11.1. Obelisk von Manishtusu und akkadische Inschrift. Quelle: Wikipedia und Mbzt.



3.2. Das Afroasiatische und theoretischen Ansätzen.

Eine Synthese aus genetischen, linguistischen und klimatologischen Daten, wie sie oben und in Kapitel 5 vorgestellt wurden, legt nahe, dass das Proto-Afroasiatische in Südwestasien entstanden ist. Die semitischen Sprachen stellen eine *in situ*-Diversifizierung des Afroasiatischen in Südwestasien dar, während Berber, Tschadisch, Kuschitisch, Ägyptisch und Omotisch sind Zweige der afroasiatischen Sprachfamilie, die sich in Afrika entwickelt haben. Wie bereits in Kapitel 5 erläutert, erklärt die Ausbreitung der frühen Landwirtschaft in Südwestasien die heutige Verbreitung der afroasiatischen Sprachen. Der Übergang zur Landwirtschaft in Südwestasien begann vor etwa 14.000 Jahren im so genannten Fruchtbaren Halbmond. Mit der Zeit entwickelten die Menschen die Fähigkeit, Hülsenfrüchte und Getreide anzubauen. Mit dem Übergang zum Ackerbau ging auch die Domestizierung von Tieren wie Schafen und Ziegen einher. Schließlich breitete sich das südwestasiatische Agrarpaket vom Fruchtbaren Halbmond nach Nordafrika und auf die Arabische Halbinsel aus.

Im Jahr 1996 veröffentlichten Semino et al. eine Arbeit, die eine gute Korrelation zwischen der Verteilung der J-M304-Variation und der neolithischen Ausbreitung der Landwirtschaft vom Fruchtbaren Halbmond in Südwestasien nahelegt. Seit 1996 sind mehrere andere Studien zu ähnlichen Schlussfolgerungen gekommen (z. B. Arredi et al. 2004; Semino et al. 2004; Abu-Amero 2009; Hovhannisyanyan et al. 2014; Singh et al. 2016), Platt et al. 2017). Diese Beobachtungen sind für Sprachwissenschaftler von Bedeutung, da sie die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* genetisch unterstützen. Diese Hypothese, die der Archäologe Peter Bellwood in seiner Monografie aus dem Jahr 2005 vorstellte, postuliert eine gute Korrelation zwischen der Ausbreitung der frühen

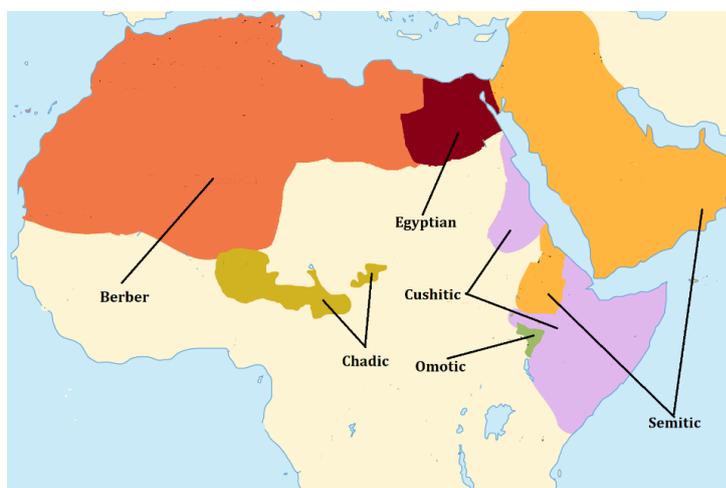
Landwirtschaft und der heutigen Verbreitung mehrerer Sprachfamilien, darunter des Afroasiatischen und Indoeuropäischen.

3.3. Niederschlag, Sprachvariation und J1-M267-Mutationen.

Die Interpretation der zeitgenössischen Y-Chromosom-Daten für die Haplogruppe J-M304 wird durch eine Diskussion der klimatologischen Aufzeichnungen in Südwestasien erleichtert. Zu Beginn des Holozäns, vor etwa 15.000 Jahren, sorgten größere Niederschläge für eine Fülle von Nahrungsressourcen, die einen „Garten Eden“ für die Natufien-Kultur, die letzte der Jäger und Sammler in dieser Region, darstellten (siehe Kapitel 5). Spätere kulturelle Übergänge, vor allem das Neolithikum B, perfektionierten den Anbau von Wildpflanzen, die das Natufien gesammelt hatte, und die Domestizierung von Tieren, die einst gejagt worden sind. Der Erfolg der präkeramischen Kulturtradition des Neolithikums lässt sich durch Anpassungen an den Klimawandel erklären. Das Holozän brachte mehr Niederschläge mit sich, die ein neues mediterranes Wettermuster mit kühlen, feuchten Wintern und warmen, trockenen Sommern entstehen ließen. Die Kulturen vor der Töpferei entwickelten Bewässerungssysteme, um die Felder während der trockenen Sommermonate mit Wasser zu versorgen. Außerdem wurden domestizierte Schafe und Ziegen zu einer wichtigen Nahrungsquelle, da sie sich gut an trockene klimatische Bedingungen anpassen. Für weitere Einzelheiten siehe Issar und Zohar 2007: 53-65.

Chiaroni et al. (2008) analysierten die jährlichen Niederschlagsmuster im Nahen Osten während des Holozäns. Die Forscher berichten, dass in dieser Region ein statistisch signifikanter Zusammenhang zwischen den jährlichen Niederschlägen und der Entwicklung von Regenfeldbau oder Viehwirtschaft besteht. Der Studie zufolge neigen die Menschen in der Region dazu, Regenfeldbau (oder Trockenfeldbau) zu betreiben, wenn die Niederschläge reichlich sind. Wo weniger als 400 Millimeter Niederschlag pro Jahr fallen, neigen die Menschen in der Region dazu, Ziegen und Schafe zu hüten. Die Forscher gehen noch einen Schritt weiter und vermuten, dass die Entwicklung der afroasiatischen Sprachen eine Spezialisierung auf eine halbnomadische Tierhaltung widerspiegelt. Laut Chiaroni et al. (2008) wird ihr Modell durch die heutige Verbreitung der Mutationen J1-M267 und J2-M172 unterstützt. Sie vermuten, dass J1-M267 die genetische Signatur der nomadischen afroasiatisch-sprechenden Hirtenvölker darstellt. Die J2-M172-Mutationen hingegen entwickelten sich unter den indoeuropäisch-sprechenden Bauern, die Feldfrüchte anbauten.

Abbildung 11.2. Das Afroasiatische und seine wichtigsten Zweige vor 1.000-2.000 Jahren. Quelle: Wikipedia und Tussna.



Innerhalb der J1-M267-Phylogenie hat sich die J1a-P58-Mutation als nützlicher Marker für die Entschlüsselung der Ausbreitung der frühen Landwirtschaft und der afroasiatischen Sprachen. Die zeitgenössische Verteilung dieser Mutation folgt einem sternförmigen Muster, bei dem die höchsten Häufigkeiten in den Populationen Südwestasiens zu beobachten sind und geringere Häufigkeiten für Osteuropa, den Kaukasus, Zentralasien und Afrika

gemeldet werden (siehe [ergänzende Tabelle 11.8](#)). Aus den archäologischen Aufzeichnungen geht hervor, dass die Entstehung der präkeramischen neolithischen B-Kultur und ihre Ausbreitung nach Süden aus Anatolien heraus gut mit der Evolutionsgeschichte der J1a-P58-Mutation korreliert. Laut

Chiaroni et al. (2010) entwickelte sich J1a-P58 vor etwa 9.000 Jahren im Taurus- und Zagros-Gebirge der Osttürkei. Ihre Analyse der Daten deutet außerdem darauf hin, dass die im heutigen Nordafrika gefundenen J1a-P58-Mutationen ein genetisches Relikt der Ausbreitung des südwestasiatischen Agrarpakets in das Niltal vor etwa 6.000 Jahren sind.

Eine aktuelle Forschungsarbeit (Arbuckle und Hammer 2019) untersucht die Entwicklung der Tierhaltung im Vorderen Orient über einen Zeitraum von 8.000 Jahren, vom Neolithikum bis zur Bronzezeit. Dem Papier zufolge trat die Weidewirtschaft im Euphrattal in der Türkei vor etwa 10.000 Jahren auf. Innerhalb von 2.000 Jahren verbreitete sich die Schaf- und Ziegenhaltung schnell über den fruchtbaren Halbmond. Interessanterweise ist es aus archäologischer Sicht schwierig, die Vorgeschichte des Hirtenwesens in Südwestasien von der Entwicklung der Bewässerungslandwirtschaft in der Region zu entkoppeln. Arbuckle und Hammer (2019) argumentieren, dass das Hirtenwesen im Allgemeinen mit sesshaften Dörfern verbunden war, die eine gemischte Subsistenzstrategie aus Ackerbau und dem Hüten von Ziegen und Schafen verfolgten. Später wurde diese gemischte Subsistenzstrategie aus Südwestasien erfolgreich in das Niltal verpflanzt (z. B. Haaland und Haaland 2013). Dennoch gibt es in den archäologischen Aufzeichnungen immer noch Belege für nomadisches Hirtenleben, eine Subsistenzstrategie wie die der heutigen Beduinen. Daten aus Jebel Olaf in Saudi-Arabien deuten darauf hin, dass nomadische Hirten das levantinische Agrarpaket bereits vor 8.000 Jahren auf die Arabische Halbinsel brachten (siehe Guagnin et al. 2020).

3.4. J1-M267 und die semitischen Sprachen.

79 Sprachen werden dem semitischen Zweig der afroasiatischen Sprachfamilie zugeordnet. Dennoch unterscheiden sich die Unterzweige des Semitischen in den verschiedenen Referenzquellen und Sprachkatalogen. Eine nützliche Unterteilung des Semitischen liefert Hetzron (2009) mit seiner Einteilung des Zweigs in einen Ost- und einen Westzweig. Das Ostsemitische besteht aus dem Akkadischen, der historischen Sprache Mesopotamiens. Das Westsemitische hingegen besteht aus den zeitgenössischen Sprachen, zu denen Neuaramäisch, Hebräisch, Arabisch und Amharisch gehören. Was die geografische Verbreitung betrifft, so ist das Westsemitische im Nahen Osten, Nordafrika und Ostafrika zu finden. Die semitischen Sprachen Ostafrikas, wie z. B. Amharisch, sind sprachliche Überbleibsel des kulturellen Austauschs zwischen dem Kontinent und dem Nahen Osten und Afrika in historischen Zeiten (z. B. Gebremedhin und Mebrahtu 2020).

Basierend auf der Verbreitung von J1-M267 unter den arabisch sprachigen Populationen des Nahen Ostens und Nordafrikas haben mehrere genetische Studien die Position vertreten, dass die J1-M267-Variation in Nordafrika durch die historische Ausbreitung des Islam geprägt wurde (z. B. Semino et al. 2004; Capelli et al. 2006; Zalloua et al. 2008; El Sibai et al. 2009; Triki-Fendri et al. 2015). Andere Studien deuten jedoch darauf hin, dass J1-M267 eine viel frühere landwirtschaftliche Expansion während des Neolithikums darstellt (Arredi et al. 2004; Abu-Amro et al. 2009; Tofanelli et al. 2009b; Fadhlouli-Zid et al. 2011a; Fadhlouli-Zid et al. 2013). Diejenigen, die eine neolithische Ausbreitung von J1-M267 befürworten, haben die historischen Aufzeichnungen auf ihrer Seite, die wenig oder gar keine Beweise dafür liefern, dass die Ausbreitung des Islam mit einer Massenmigration einherging.

Die neolithische Ausbreitung von J1-M267 über Nordafrika stimmt auch mit klimatologischen und anthropologischen Perspektiven überein (z. B. Kuper und Kroepelin 2006; Linstädter 2008; Haaland und Haaland 2013). Am Ende der letzten feuchten Phase Nordafrikas vor etwa 7.000 Jahren expandierten Schaf- und Ziegenhirten aus dem Nahen Osten nach Nordafrika. Diese Ausbreitung wurde offenbar durch die Austrocknung im Nahen Osten und die Verfügbarkeit von Süßwasser im Niltal und entlang der Mittelmeerküste im Nordwesten Afrikas vorangetrieben. Somit stellen die Berbersprachen Sprachen eine *in situ* Diversifizierung des Proto-Afroasiatischen dar, während des Neolithikums von Hirten nach Nordwestafrika gebracht wurde. In ähnlicher Weise stellt das Ägyptische eine *in situ* Diversifizierung des Proto-Afroasiatischen unter denjenigen, die sich im Niltal

niederließen.

Abschnitt 4. Haplogruppe J-M304 und das Indoeuropäische.

4.1. Klima, Topografie und indoeuropäische Sprachen.

J2-M172-Mutationen haben sich zu nützlichen Markern für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der indoeuropäischen-sprechenden Populationen (siehe [ergänzende Tabellen 11.3](#) und [11.4](#)). J1-M267-Mutationen hingegen sind die genetische Signatur afroasiatischer Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 11.2](#)). Da die Urheimat beider Sprachfamilien Südwestasien ist, haben sich Forscher den klimatologischen Aufzeichnungen und anderen Datenquellen aus dem Nahen Osten zugewandt, um die heutige Verbreitung beider Sprachfamilien zu erklären. Wie bereits erwähnt, vermuten Chiaroni et al. (2008), dass J1-M267 und das Afroasiatische erfolgreiche Anpassungen an die Trockenheit widerspiegeln könnten. J2-M172 und das Indoeuropäische hingegen könnten sich in Bevölkerungsgruppen entwickelt haben, die Regenfeldaufbau betrieben.

Eine andere Studie (Balanovsky et al. 2017b) legt nahe, dass die Topografie die Sprachvariation in Südwestasien beeinflusst hat. Die Forscher vermuten, dass die Verteilung der Sprachen in dieser Region einem Tiefland-Hochland-Gegensatz folgt. Zu den Hochlandssprachen gehören indoeuropäische Sprachen, die während des Neolithikums im anatolischen Hochland verbreitet waren. Das Afroasiatische steht dagegen für die Sprachentwicklung im Tiefland des Fruchtbaren Halbmonds. Die anschließende Ausbreitung des Indoeuropäischen nach Westen wurde dann durch die anatolische Hochebene erleichtert. Die iranische Hochebene wiederum erleichterte die östliche Ausbreitung des Indoeuropäischen nach Südasien. Um noch einen Schritt weiterzugehen, folgten das Afroasiatische und das Indoeuropäische evolutionären Bahnen, die durch topografische Merkmale bestimmt wurden, die die frühen Bauern voneinander isolierten.

4.2. Die Hypothese der Schwarzmeerflut.

Die Analyse der zeitgenössischen Verbreitung von Mutationen der Haplogruppen J-M304 und G-M201 deutet stark darauf hin, dass Gene, Landwirtschaft und indoeuropäische Sprachen während des Neolithikums sehr schnell aus Anatolien ausgebreitet haben müssen. Das Ausbreitungsmuster scheint fast den Überresten einer Supernova-Explosion zu gleichen. Wie in Kapitel 8 erörtert, findet sich die G2a-L30-Variante zum Beispiel bei den Judeo Tats, Bagvalal und Nogais in der Kaukasusregion (Karafet et al. 2016). Die gleiche Mutation findet sich auch 4.000 Kilometer entfernt in Flandern (Larmuseau et al. 2014). In ähnlicher Weise wird J2b-M241 sowohl in Ostindien als auch in Flandern gefunden (Larmuseau et al. 2014, Singh et al. 2016). Dieses Verteilungsmuster ist angesichts der phylogenetischen Position beider Mutationen und der für die Populationen angegebenen geografischen Entfernungen untypisch. G2a-L30 und J2b-M241 sollten eine genetische Diversifizierung *in situ* innerhalb eines einzigen, eng definierten geografischen Gebiets darstellen.

Die Hypothese der Schwarzmeerflut bietet ein elegantes Modell zur Erklärung der raschen gemeinsamen Ausbreitung von Genen, Landwirtschaft und Sprache vom Schwarzen Meer aus. Die Hypothese besagt, dass das Schwarze Meer am Ende der letzten Eiszeit ein Süßwassersee war. Nach Ryan et al. (2003) brach vor etwa 8.500 Jahren ein Erddamm an der Bosphorusstraße infolge des schmelzenden Gletschereises und des damit verbundenen Anstiegs des Mittelmeerspiegels zusammen. Es folgte eine katastrophale Überschwemmung, durch die das heutige Salzwassermeer entstand, das viel größer ist als der ursprüngliche Süßwassersee. Auf der Grundlage von Radiokohlenstoff- und Paläoküstenlinien-Daten gehen Turney und Brown (2007) davon aus, dass diese katastrophale Flut über einen Zeitraum von 34 Jahren stattfand. Die Forscher gehen ferner davon aus, dass etwa 72.000 Quadratkilometer Land überflutet wurden, wodurch bis zu 145.000 Bauern vertrieben worden sein könnten. Darüber hinaus schlugen Ryan und andere in ihrer Diskussion über die Schwarzmeerflut von

1997 vor, dass dieses Ereignis zu einer Ausbreitung der Bauern in Richtung Europa führte und den Übergang zum Neolithikum auf diesem Kontinent beschleunigte (siehe auch Karachanak et al. 2013).

Im Jahr 2017 überprüften mehrere Forscher die Hypothese der Schwarzmeerflut erneut (siehe Yanchilina et al. 2017). Sie berücksichtigten erneut Kernproben aus dem Schwarzen Meer. Diesmal konzentrierten sie sich jedoch auf die Salinifikation und nicht auf die Ausdehnung des Schwarzen Meeres in Bezug auf die Oberfläche. Dies folgt der Vorstellung, dass das Schwarze Meer während der Eiszeiten zu einem Süßwassersee wird, weil der niedrigere Meeresspiegel den Zufluss von Salzwasser aus dem Mittelmeer verhindert. Während interglazialer Perioden, wie dem gegenwärtigen Holozän, wird das Schwarze Meer dagegen brackig, weil der steigende Meeresspiegel dieses Gewässer wieder mit dem Mittelmeer verbindet. Yanchilina et al. (2017) schlagen vor, dass das Schwarze Meer vor etwa 9.000 Jahren wieder mit dem Mittelmeer verbunden wurde. Sie schätzen auch, dass die Versalzung des Schwarzen Meeres innerhalb eines Zeitraums von 40 Jahren stattfand. Schließlich gehen die Forscher davon aus, dass das Schwarze Meer innerhalb eines Zeitraums von 900 Jahren keine Süßwasserfauna mehr beherbergte.

Es ist zu betonen, dass die Hypothese der Schwarzmeerflut unter den Forschern umstritten ist. Yanko-Hombach et al. (2007) schlagen zum Beispiel vor, dass der Übergang von einem Süßwasser- zu einem Salzwassersee ein Prozess war, der mehrere tausend Jahre dauerte. Nichtsdestotrotz sind die von Yanchilina et al. (2017) berichteten Daten überzeugend, zum Teil aufgrund von Radiokarbon-Ergebnissen, die das rasche Aussterben von Süßwassermollusken unterstützen. Außerdem betonen die Forscher, dass unter ihren Kollegen allgemeine Übereinstimmung darüber herrscht, wann das Schwarze Meer wieder mit dem Mittelmeer verbunden wurde. Uneinigkeit besteht vielmehr darüber, wie schnell der Wasserspiegel nach der Wiederanbindung des Schwarzen Meeres an das Mittelmeer anstieg, ein Punkt, der die Idee einer katastrophalen Flut entweder unterstützt oder untergräbt.

Ein Schwachpunkt der Hypothese der Schwarzmeerflut ist das Fehlen solider archäologischer Beweise für bäuerliche Siedlungen entlang der Küste des Schwarzen Meeres zur Zeit der Flut. Das Fehlen archäologischer Daten könnte durch eine katastrophale Flut erklärt werden, die archäologische Beweise für neolithische Siedlungen auslöschte. Dennoch gibt es alte Y-Chromosom-Daten aus Barcın Höyük, einer neolithischen Ausgrabungsstätte in der Marmara-Region im Nordwesten der Türkei. Die an dieser Stätte gefundenen Überreste werden auf vor etwa 8.000 Jahren datiert und liefern Y-Chromosom-Mutationen, die mit der neolithischen Ausbreitung der Landwirtschaft aus Südwestasien in Verbindung gebracht werden (siehe [ergänzende Tabelle 11.9](#)).

Abschnitt 5. Haplogruppe J-M304 und Sprachvariation im Kaukasus.

Für die Zwecke dieser Diskussion bildet das Schwarze Meer die westliche Grenze der Kaukasusregion, während die östliche Grenze der Region durch das Kaspische Meer definiert wird. Darüber hinaus bildet das Großkaukasusgebirge die nördliche Grenze, und die südliche Grenze wird durch den Kleinen Kaukasus gebildet. Diese Region umfasst die heutigen Länder Armenien, Georgien und Aserbaidschan sowie Teile des südlichen Russlands. Ein Großteil der archäologischen Daten für die Region stammt von Fundstellen an den Ufern des Kaspischen und des Schwarzen Meeres sowie von Fundstellen entlang der Flüsse Kura und Arax (oder Aras). Eine wichtige Frage unter Archäologen ist die nach der Ankunft des Neolithikums in der Region (z. B. Chataigner et al. 2014; Nishiaki et al. 2015). Einige behaupten, dass der Übergang zur Landwirtschaft durch die Ankunft von Bauern aus dem Süden vorangetrieben wurde. Andere vermuten, dass der Übergang mit der Übernahme einer neuen Technologie durch bereits in der Region lebende Menschen einherging.

Die Untersuchung des neolithischen Übergangs im Kaukasus verdeutlicht auch das komplexe Muster der sprachlichen Vielfalt in dieser Region. Eine interessante Studie aus dem Jahr 2019 (Beridze) legt zum Beispiel nahe, dass die kartwelischen Sprachen des Kaukasus ein sprachliches Relikt einer

landwirtschaftlichen Expansion aus dem nördlichen Mesopotamien darstellen. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf botanische Belege, die den Nahen Osten als Ursprung des in Georgien angebauten Weizens identifizieren. Diese Schlussfolgerung wird jedoch durch die Möglichkeit untergraben, dass der Weizen von Jägern und Sammlern übernommen wurde, die bereits im Kaukasus lebten. Somit ist das Kartwelische möglicherweise ein sprachliches Relikt von Jägern und Sammlern aus dem Kaukasus, die während des neolithischen Übergangs eine einheimische Sprache der Region beibehielten.

Was nun die genetischen Daten betrifft, so haben mehrere Studien die Y-Chromosom-Diversität im Kaukasus untersucht, um die komplexe sprachliche Vielfalt in der Region zu entschlüsseln (z. B. Nasidze 2003; Nasidze et al. 2004; Balanovsky et al. 2011, Herrera et al. 2012; Yunusbayev et al. 2012; Hovhannisyanyan et al. 2014; Karafet et al. 2016; Balanovsky et al. 2017b). Das Häufigkeitsmuster von J1-M267 und J2-M172, wie es unter den verschiedenen Sprachgruppen der Region berichtet wird, ist recht interessant. J1-M267 erreicht eine hohe Häufigkeit unter nordkaukasischen Sprechern und eine moderate Häufigkeit unter einigen armenischen sprachigen Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 11.2](#)). Wie aus der [ergänzenden Tabelle 11.3](#) hervorgeht, kommt J2a-M410 in der Bevölkerung der Region sprachübergreifend häufig vor. J2b-M12 hingegen ist praktisch nicht vorhanden (siehe [ergänzende Tabelle 11.4](#)).

Platt et al. (2017) nutzen eine Synthese verschiedener Datenquellen, um die postglaziale Ausdehnung in Südwestasien zu modellieren. Die Forscher identifizieren den Kaukasus als ein Refugium während der letzten Eiszeit. Die Studie legt ferner nahe, dass sich die Haplogruppe J-M304 um die Zeit des letzten glazialen Maximums in dieser Region entwickelt und diversifiziert hat. Diese Schlussfolgerung wird durch alte DNA-Daten gestützt, wobei die ältesten Überreste mit den J1-M267 und J2a-M410 Mutationen in Georgien gefunden wird (siehe [ergänzende Tabellen 11.5](#) und [11.6](#)). Die Ausbreitung der Haplogruppe J-M304 aus dem Kaukasus scheint zu Beginn des Holozäns erfolgt zu sein. Den Klimadaten zufolge brachte dieser Übergang mehr Niederschläge in die Region (siehe Connor und Kvavadze 2009). Die verbesserten klimatischen Bedingungen brachten reichhaltigere Nahrungsressourcen entlang der Flüsse Kura und Axas mit sich, und dies könnte einen Bevölkerungsdruck erzeugt haben, der die J-M304-Mutationen während des Mesolithikums nach Süden trieb. Dies deutet darauf hin, dass J-M304-Mutationen eine einheimische genetische Komponente in den Populationen des Kaukasus darstellen.

Wie bereits in Kapitel 8 erörtert, stehen die G-M201-Mutationen für mögliche neolithische Migrationen in den Kaukasus. Diese Position wird durch die archäologischen Aufzeichnungen gestützt, die die Einführung der Landwirtschaft im Kaukasus auf etwa 8.000 Jahre vor heute datieren (z. B. Nishiaki et al. 2015). Darüber hinaus wurden die ältesten G-M201-Überreste, die auf etwa 10.000 Jahre zurückgehen, in Boncuklu in der südlichen Zentraltürkei gefunden (Kilinc et al. 2016). Diese archäologische Stätte befindet sich in der Nähe von Çatalhöyük, einer der frühesten landwirtschaftlichen Siedlungen des Nahen Ostens. Der durch die frühe Landwirtschaft stark verbesserte Fortpflanzungserfolg könnte zu einem Bevölkerungsdruck geführt haben, der G-M201-Mutationen vom Fruchtbaren Halbmond in Richtung Schwarzes Meer trieb. Später führte eine Flutkatastrophe zu einer Ausbreitung der G-M201-Mutationen nach Europa sowie in den Kaukasus und nach Südasien.

Die Sprachkontakttheorie und die damit verbundenen Phänomene der Spracherhaltung und des Sprachwechsels stellen entscheidende Konzepte zur Erklärung der Sprachvariation im Kaukasus dar. Die Daten der Haplogruppen G-M201 und J-M304 bieten, wie bereits erwähnt, überzeugende Argumente, die das Nordkaukasische und Kartwelische mit Spracherhaltung verbinden. In ähnlicher Weise verbinden die gleichen Daten turksprachige Populationen mit einem Sprachverschiebungsmodell.

Zur Sprachenvielfalt im Kaukasus gehört auch Armenisch, ein Zweig der indoeuropäischen Sprachfamilie. Unter den Armeniern erreicht die Haplogruppe J-M304 eine moderate Häufigkeit. Im

Gegensatz zum Nordkaukasischen, Kartwelischen und den Turksprachen können die genetischen Daten jedoch kein Sprachkontaktmodell zur Erklärung der Präsenz der Armenier im Kaukasus unterstützen. Traditionell werden die Ursprünge der Armenier mit dem Königreich Urartu in Verbindung gebracht, das vor etwa 3.000 Jahren in der Nähe des Van-Sees in der türkischen Region Anatolien entstand. Migration und Vertreibung im Laufe der Geschichte können erklären, warum die armenische Sprache heute zum Sprachschatz des Kaukasus gehört. Darüber hinaus ist die Entschlüsselung der Ethnogenese des armenischen Volkes äußerst kompliziert, da diese Frage oft eher durch Nationalismus als durch historische Genauigkeit beeinflusst wurde (Petrosyan 2007).

Abschnitt 6. J-M304, das Iranische, Indoarische und Drawidische.

Für die Zwecke dieser Diskussion besteht Südasien aus dem heutigen Pakistan und Indien. J1-M267 ist keine signifikante Mutation in den Populationen dieser Region (siehe [ergänzende Tabelle 11.2](#)). Andererseits stellen J2a-M410 und J2b-M12 besonders informative Mutationen für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der indoarischen und drawidischen Sprachen dar (siehe [ergänzende Tabelle 11.3](#) und [11.4](#)). Wie in den Kapiteln 8 und 9 ausführlich beschrieben, weist der neolithische Übergang in Südasien eine südwestasiatische Komponente auf. Die Mehrgarh-Zivilisation siedelte vor etwa 9.000 Jahren in der Region Belutschistan in Pakistan. Einige der Jäger und Sammler, die in dieser Region lebten, wechselten zu einer indoeuropäischen Sprache und wurden zu Bauern. Das Drawidische ist jedoch ein sprachliches Überbleibsel von Jägern und Sammlern, die zu Bauern wurden und ihre Sprache beibehielten. Drawidisch und indoeuropäisch sprechende Bauern breiteten sich dann in das Indus-Tal in Westindien aus. Drawidisch sprechende Bauern wanderten schließlich nach Süden und erreichten vor etwa 5.000 Jahren Südindien und Sri Lanka. Die indoeuropäisch sprechenden Bauern hingegen wanderten vom Indus-Tal aus nach Osten und ließen sich vor etwa 5.000 Jahren im Ganges-Tal nieder.

Die oben dargelegten genetischen und archäologischen Perspektiven verbinden die indoarischen Sprachen mit der Diversifizierung des Indo-Iranischen in der allgemeinen Umgebung des Indus-Tals. Die iranischen Sprachen hingegen stehen für eine Diversifizierung des Indo-Iranischen, die irgendwo westlich des Indus-Flusses, wahrscheinlich im Iran, stattfand. Dieses Modell der sprachlichen Variation in Südasien wird von Singh et al. (2016) durch genetische Daten gestützt. Auf der Grundlage ihrer Analyse zeitgenössischer Daten legt die Studie nahe, dass J2-M172-Mutationen nicht nur das sprachliche Relikt einer gemeinsamen Ausbreitung von Drawidisch und frühem Ackerbau, sondern auch vom Indoarischen und frühem Ackerbau. Zu den wichtigsten Punkten der Studie gehören:

1. J2-M172-Mutationen erreichen in Indien eine Gesamthäufigkeit von etwa 12 Prozent.
2. Neolithische Wanderungen aus Südwestasien brachten J2a-M410 und J2b-M12 nach Südasien.
3. Die J2b-M241-Mutation macht den größten Teil der J2b-M12-Variation bei Indern aus.
4. J2a-PF5197 repräsentiert den größten Teil der J2a-M410-Variation.

Es ist hervorzuheben, dass sich die J2b-M241-Mutationen über eine große geografische Ausdehnung von Europa bis Indien erstrecken (siehe [ergänzende Tabelle 11.10](#)). Ein ähnliches Muster ist bei J2a-M410 zu beobachten (siehe [ergänzende Tabelle 11.3](#)). Dieses räumliche Muster der J2-M172-Variation unterstützt wiederum die Vorstellung, dass sich vor etwa 9.000 Jahren ein katastrophales Ereignis in der Nähe des Schwarzen Meeres ereignete. Einige flohen nach Südasien, andere nach Europa. Außerdem stimmt diese räumliche Verteilung der Y-Chromosom-Mutationen genau mit der der indoeuropäischen Sprachen.

Abschnitt 7. Haplogruppe J-M304 und das Iranische.

Im Nahen Osten sind Persisch und Kurdisch Beispiele für iranische Sprachen, einem Unterzweig des Indo-Iranischen Zweig der indo-europäischen Sprachfamilie. Unter den Sprechern der iranischen Sprachen ist die Häufigkeit von J1-M267 und J2b-M12 im Allgemeinen gering, während die Häufigkeit von J2a-M410 mäßig ist (vgl. [ergänzende Tabellen 11.2, 11.3](#) und [11.4](#)). Wie bereits in Kapitel 8 und in der Diskussion von Martirosyan (2013) erwähnt, unterstützen linguistische Daten und G-M201-Mutationen die Idee, dass das Armenische, Griechische und Indo-Iranische zur Zeit der indoeuropäischen Ausbreitung Teil einer Dialektgruppe gewesen sein könnten. Interessanterweise erreicht die J2a-M410-Mutation auch eine signifikante Häufigkeit in Populationen, die Griechisch und Armenisch sprechen (siehe [ergänzende Tabelle 11.3](#)). Somit bieten die J2a-M410-Daten zusätzliche Unterstützung für die von Martirosyan (2013) vorgeschlagene Dialektgruppe.

Abschnitt 8. Linguistische und J-M304 Variation in Zentralasien.

Für die Zwecke dieser Diskussion wird Zentralasien als Afghanistan, Kasachstan, Kirgisistan, Tadschikistan, Turkmenistan und Usbekistan definiert. Das zentralasiatische Neolithikum wurde bereits in den Kapiteln 7, 8 und 9 behandelt. Aus anthropologischer Sicht hat der Übergang zum Neolithikum in Zentralasien eine einheimische Komponente, nämlich die Domestizierung des Pferdes, die in Nord-Zentral-Kasachstan vor etwa 5.500 Jahren stattfand. Der landwirtschaftliche Übergang in dieser Region hat auch eine südwestasiatische Komponente, nämlich Ackerbau und Viehzucht, die erstmals vor etwa 8.000 Jahren in Turkmenistan auftraten.

Frchetti (2012) und Spengler et al. (2014) untersuchen den landwirtschaftlichen Übergang in Zentralasien. Den Forschern zufolge wurde die Ankunft des südwestasiatischen Agrarpakets in der Region durch den innerasiatischen Gebirgskorridor erleichtert, eine alte Austauschroute, die sich vom Hindukusch-Gebirge in Pakistan bis zum Altai-Gebirge in Sibirien erstreckt. Diese Route ist von besonderer Bedeutung, da sie die Reise nach Ostasien unter Umgehung besonders schwieriger Gebiete wie dem Pamir- und dem Tian-Shan-Gebirge erleichtert.

Abbildung 11.3. Innerasiatischer Bergkorridor. Datenquelle: Spengler et al. (2014).



Da diese Route die Ausbreitung des südwestasiatischen Neolithikums nach Zentralasien erleichterte, würde eine Erweiterung dieser Idee nahelegen, dass ein weiteres südwestasiatisches Kulturgut ebenfalls über den innerasiatischen Gebirgskorridor nach Zentralasien gelangte - die indoeuropäischen Sprachen. Zu den heutigen sprachlichen Überbleibseln dieser Expansion gehören möglicherweise Paschtu und Tadschiki. Genetische Überbleibsel dieser Expansion scheinen die Mutationen der Haplogruppen G-M201, H-M2713 und J-M304 zu sein, die gelegentlich in den Bevölkerungen Zentral- und Ostasiens beobachtet werden.

Abschnitt 9. J-M172 und das Tocharische.

Tocharisch ist ein ausgestorbener Zweig der indoeuropäischen Sprachfamilie. Es wurde bis vor etwa tausend Jahren im Tarim-Becken in der Region Xinjiang im Osten Chinas gesprochen. In Kapitel 9 wurde bereits berichtet, dass Forscher in einigen Populationen dieser Region die H1a-M69-Mutation gefunden haben. In ähnlicher Weise haben Forscher in dieser Region die J2-M172-Mutation bei türkisch-sprechenden Usbeken und Uiguren sowie bei iranisch-sprechenden Tadschiken entdeckt (siehe [ergänzende Tabelle 11.11](#)). Leider wurde in den veröffentlichten Daten für diese Populationen größtenteils vernachlässigt, J2-M172 auf informativere stromabwärtige Varianten zu sequenzieren. Dennoch deuten die verfügbaren J2-M172- und H1a-M69-Daten stark auf einen prähistorischen Genfluss zwischen Südwestasien und Ostasien über den innerasiatischen Gebirgskorridor hin. Wenn man einen Schritt weiter geht, könnten diese Migrationen durchaus indoeuropäische Sprachen in das Tarimbecken getragen haben, was die rätselhaften Ursprünge des Tocharischen erklären würde.

Abschnitt 10. J-M172 und das Albanische, Griechische, und Italische.

Wie bereits in Kapitel 8 beschrieben, verlief der Übergang zum Neolithikum in Europa auf zwei verschiedenen Wegen. Die Cardial-Ware-Tradition begann vor etwa 10.000 Jahren mit der Ausbreitung der Landwirtschaft von Südwestasien auf die Insel Zypern. Von dort aus breiteten sich die Landwirtschaft und die Cardial-Ware-Tradition entlang der europäischen Mittelmeerküste aus und gelangten schließlich vor etwa 7.500 Jahren auf die iberische Halbinsel. Der andere Weg, die Tradition der Linearbandkeramik, begann vor etwa 8.500 Jahren mit der Ausbreitung des südwestasiatischen Neolithikums in das Balkengebirge in Südosteuropa. Diese Expansion endete schließlich in der europäischen Küstenebene vor etwa 7.500 Jahren.

Für die Zwecke dieser Erörterung definieren Albanien, das griechische Festland und das italienische Festland die Mittelmeerregion in Europa. Außerdem besteht die Region aus zahlreichen Inseln, darunter Zypern, Kreta, Sizilien, Sardinien und Korsika. Aus Sicht des Y-Chromosoms ist die Vorgeschichte des Griechischen, Albanischen und Italienischen eine Diversifizierung der neolithischen Bauernsprachen aus Südwestasien *in situ*. Diese Schlussfolgerung wird durch die Analyse der zeitgenössischen J2-M172-Daten gestützt. Innerhalb der Region erreichen J2-M172-Mutationen moderate Häufigkeiten unter den albanisch, griechisch und italienisch sprechenden Populationen (siehe [ergänzende Tabellen 11.3](#) und [11.4](#)). Nach Ansicht von Forschern (Semino et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004) stellen diese Mutationen ein genetisches Relikt der neolithischen Transformation im mediterranen Europa dar. Alte Y-Chromosom-Daten und das Vorhandensein von J2-M172-Mutationen an neolithischen Fundorten im Nahen Osten und in Europa unterstützen diese Schlussfolgerung ebenfalls (siehe [ergänzende Tabelle 11.6](#)).

Aus archäologischer Sicht wurde die Ankunft der indoeuropäisch sprechenden Bauern im mediterranen Europa mit der Cardial-Ware-Kultur (siehe Kapitel 8). Den archäologischen Aufzeichnungen zufolge (Forenbaher und Miracle 2005) erschienen diese Bauern vor etwa 8.200 Jahren in der östlichen Adria. Bei der Ausbreitung von Griechenland nach Italien könnte es sich um eine Pionierphase gehandelt haben, gefolgt von einer Kolonisierungsphase. Neue landwirtschaftliche Gebiete wurden zunächst von den „Pionieren“ ausgekundschaftet. Sie untersuchten das Land und nahmen Kontakt zu den in der Gegend lebenden Jägern und Sammlern auf. Diese Vorhut zog dann ab und ließ domestizierte Tiere für die Zukunft zurück. Später kehrten die Kolonisatoren zurück und errichteten dauerhafte landwirtschaftliche Siedlungen.

Abschnitt 11. Der neolithische Übergang und die Sprachverschiebung.

In Skandinavien findet sich die J-M304-Mutation bei etwa vier Prozent der Schweden (Karlsson

et al. 2006). Weiter nördlich in Finnland wurde J-M304 in einer Studie, in der über fünfhundert Proben sequenziert wurden, nicht nachgewiesen (Lappalainen et al. 2008). Diese Daten für Skandinavien folgen einem europaweiten Muster, wonach die Häufigkeit von J2-M172 von Südosteuropa aus stetig abnimmt. Mehrere Studien liefern eine Erklärung dafür (z. B. Capelli et al. 2007; King et al. 2008; Battaglia et al. 2009; und Karachanak et al. 2013). Sie legen nahe, dass die neolithische Ausbreitung der Landwirtschaft von Südwestasien nach Europa von Bauern mit den Mutationen J2-M172 und G-M201 getragen wurde. Als sie nach Europa vordrangen, war der Kontinent von Jägern und Sammlern besiedelt. Der Genpool der Jäger und Sammler umfasste E1b-V13 (siehe Kapitel 5), Varianten der Haupthaplogruppe R-M207 (Kapitel 18) und Varianten der Haplogruppe I-M170 (Kapitel 10). In einigen Fällen bildeten sich neue Populationen durch Vermischung zwischen Bauern und Jägern. In anderen Fällen übernahmen Jäger und Sammler einfach die Landwirtschaft. Später ermöglichte die Landwirtschaft ein rasches Bevölkerungswachstum, das schließlich die genetische Karte Europas veränderte. Dies erklärt die Y-Chromosom-Mutationen neolithischen, mesolithischen und paläolithischen Ursprungs, die in den Bevölkerungen des Kontinents zu beobachten sind. Obwohl die Gene der neolithischen Bauern, die aus Südwestasien gekommen waren, schließlich in Westeuropa und Skandinavien verschwanden, konnten sich die indoeuropäischen Sprachen, die von den ersten Bauern mitgebracht wurden, gediehen und überlebten, d.h., das Albanische, Griechische, Italische, Slawische, Keltische, und Germanische sind die sprachlichen Überbleibsel der neolithischen Transformation in Europa.

Das *demische* Diffusionsmodell (*demic diffusion model*) taucht häufig in genetischen Studien auf, die die neolithische Transformation in Europa (z. B. Balaesque et al. 2010). Die Entwicklung dieses Modells geht auf die interdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen dem Archäologen Albert Ammerman und dem Genetiker Luca Cavalli-Sforza zurück (z. B. Ammerman und Cavalli-Sforza 1984). Beide Forscher schlugen vor, dass die Ausbreitung des südwestasiatischen Landwirtschaftspakets mit der Migration einer kleinen Anzahl von Bauern in zuvor *unbewohnte* Gebiete einherging. Nach ihrer Ankunft kam es zu einer Bevölkerungsexplosion, denn Landwirtschaft ist eine Subsistenzstrategie, die eine hohe Bevölkerungsdichte in einer bestimmten Region ermöglicht.

Einige Forscher haben nicht verstanden, dass das demische Diffusionsmodell eine landwirtschaftliche Expansion in ein *unbewohntes* Gebiet voraussetzt. In der Tat kann das demische Diffusionsmodell den neolithischen Übergang in einigen Regionen der Welt erklären, z. B. die austronesische Expansion auf die unbewohnten Inseln Ozeaniens. In anderen Regionen, insbesondere in Europa und Südasien, lässt sich derselbe Übergang jedoch besser durch die Vermischung von Bauern und Jägern oder alternativ durch Akkulturation erklären. Für die Sprachwissenschaftler ist die Sprachverschiebung unter den Jägern und Sammlern ein mögliches „Nebenprodukt“ des neolithischen Übergangs in vielen Regionen der Welt.

Abschnitt 12. Verbreitung der alten Mutationen G-M201 und J-M304.

Den alten Y-Chromosom-Daten zufolge sind Mutationen der Haplogruppe G-M201 bei neolithischen Überresten in Europa viel häufiger als Mutationen der Haplogruppe J-M304. Der Leser wird daran erinnert, dass alte DNA-Daten Mutationen an einem bestimmten Ort und zu einer bestimmten Zeit in der prähistorischen Vergangenheit eher *bestätigen als ausschließen*. Die Genetik des neolithischen Übergangs in Europa ist komplex. Die Häufigkeit einiger Mutationen explodierte, während andere Mutationen verschwanden, wie I2c-L596, C1a-V20 und H2-P96.

Abschnitt 13. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe J-M304.

J1-M267 und J2-M172 haben sich wahrscheinlich vor etwa 30.000 Jahren im Kaukasus entwickelt und sich zu Beginn des Holozäns nach Anatolien und in den Fruchtbaren Halbmond ausgebreitet. Im Kaukasus deuten beide Mutationen darauf hin, dass die nordkaukasischen und kartwelischen Sprachen

eine einheimische sprachliche Komponente der Region darstellen. Anderswo steht J1-M267 in Verbindung mit afroasiatischen Sprachen in Verbindung gebracht, und J2-M172 mit der indoeuropäischen Familie. Während des Neolithikums breiteten sich afroasiatische Sprachen, J1-M267-Mutationen und die Landwirtschaft gemeinsam aus der Levante nach Nordafrika und auf die Arabische Halbinsel aus. Diese Ausbreitung ist mit kulturellen Anpassungen der Menschen verbunden, die es ihnen ermöglichten, in dem für beide Regionen charakteristischen trockenen Klima zu gedeihen. J2-M172 hingegen lässt sich gut mit den neolithischen Bauern in Verbindung bringen, die sich vor etwa 9.000 Jahren nach einer Flutkatastrophe vom Schwarzen Meer weg ausbreiteten. Durch diese Expansion gelangten die indoeuropäischen Sprachen nach Europa, Iran, Südasien und Zentralasien.

Kapitel 12: Haplogruppen L-M20 und T-M184.

Abschnitt 1. L-M20 und T-M184 innerhalb der Y-Chromosom-Phylogenie.

An dieser Stelle wird der Leser gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel anzusehen. Wie die Abbildung zeigt, verzweigt sich die LR-M9-Mutation in LT-L298 und KR-M526. Die Haplogruppen L-M20 und T-M184 spalten sich dann von LT-L298 ab.

In der Vergangenheit hatten die Forscher Schwierigkeiten, die Position von L-M20 und T-M70 innerhalb der gesamten Y-Chromosom-Phylogenie zu bestimmen. Wie bereits in Kapitel 1 beschrieben, wurde die erste Y-Chromosom-Mutation 1985 identifiziert. Dank der Fortschritte in der Sequenzierungstechnologie konnten die Forscher bis 2002 über zweihundert Y-Chromosom-Marker identifizieren. Zu diesem Zeitpunkt verwendeten Genetiker jedoch mindestens sieben verschiedene Nomenklatorsysteme, um diese Mutationen zu bezeichnen. Dies behinderte natürlich das Potenzial des Y-Chromosoms als Forschungsinstrument, und eine Standardisierung war eindeutig erforderlich. In jenem Jahr gab die Y-Chromosom-Kommission (YCC 2002) eine Nomenklatur heraus, die bis heute die Standardnomenklatur für Y-Chromosom-Haplogruppen ist.

Im YCC-Bericht von 2002 erschienen L-M20 und K2-M70 beide stromabwärts von K-M9. Karafet et al. (2008) bezeichneten dann K2-M70 als T-M70 und ordneten diese Mutation zusammen mit L-M20 stromabwärts von K-M9 ein. Chiaroni et al. (2009) identifizierten später die M526-Mutation als eine stromabwärts gelegene Variante von M9. Kurz darauf berichteten Mendez et al. (2011) über die Entdeckung der M184-Mutation, die dann zur Haplogruppe T-M184 wurde. Die M70-Mutation wiederum wurde zu T1-M70. Dieselbe Studie identifizierte auch LT-L298 als Schwesterklade von M526. Schließlich wurde in der Studie festgestellt, dass LT-L298 T-M184 und L-M20 vereinigt. Im Jahr 2012 hat die International Society of Genetic Genealogy (ISOGG) die M70-Mutation innerhalb der Y-Chromosom-Phylogenie neu positioniert, und T1-M70 wurde zu T1a-M70.

Die Diskussion im vorigen Absatz sollte zwei wichtige Punkte hervorheben. Erstens waren die Paragruppen LR-M9 und ihre stromabwärtigen Mutationen in der Y-Chromosom-Phylogenie schwer zu positionieren. Dieses Thema wird in Kapitel 13 und bei der Diskussion der KR-M526-Paragruppe wieder auftauchen. Zweitens sollten Forscher wissen, dass Daten für die Haplogruppe T-M184 aus Studien von vor 2011 stammen müssen, die Daten für K2-M70 und T-M70 berichten.

Abschnitt 2. Zeitgenössische Verteilung der Haplogruppen L-M20 und T-M184.

Der Leser wird darauf hingewiesen, dass die Haplogruppen L-M20 und T-M184 einen eher kleinen Teil der Y-Chromosomkarte einnehmen. Wie aus den [ergänzenden Tabellen 12.1](#) und [12.2](#) hervorgeht, treten die Mutationen von L-M20 und T-M184 in Europa, Südwestasien, dem Kaukasus und Südasien auf. In Nord- und Subsahara-Afrika ist L-M20 jedoch praktisch nicht vorhanden, während T-M184 in beiden Regionen nachgewiesen wurde. Ebenso ist T-M184 in Zentral- und Ostasien so gut wie nicht vorhanden, während L-M20 in beiden Regionen nachgewiesen werden konnte. Die Daten deuten also darauf hin, dass sich L-M20 und T-M184 in einer einzigen Region entwickelt haben und sich anschließend in benachbarte Regionen ausgebreitet haben. Interessanterweise ist ein ähnliches Muster auch bei J1-M267 und J2-M172 zu beobachten (siehe Kapitel 10).

Für Linguisten sind die Haplogruppen L-M20 und T-M184 wichtige Marker, um den

Zusammenhang zwischen genetischer und sprachlicher Vielfalt zu entschlüsseln. Diese Mutationen verbinden die Evolutionsgeschichte der afroasiatischen, indoeuropäischen und drawidischen Sprachfamilien mit dem südwestasiatischen Neolithikum. Ähnliche Argumente wurden bereits für die Haplogruppen E-M96, G-M201 und J-M304 vorgebracht (siehe Kapitel 5, 8 und 11).

Abschnitt 3. Evolutionsgeschichte der Haplogruppen L-M20 und T-M184.

Nach Poznik et al. (2016) haben sich die Haplogruppen L-M20 und T-M184 vor etwa 45.000 Jahren entwickelt. Die Entschlüsselung des Ortes, an dem dies geschah, war problematisch. So vermuten Mendez et al. (2011), dass sich T-M184 im Nahen Osten entwickelt hat. Lacau et al. (2012) vermuten, dass sich L-M20 in Pakistan entwickelt hat.

Ausgehend von der heutigen Verbreitung der Haplogruppen L-M20 und T-M184 könnten diese im Kaukasus entstanden sein und sich während des Holozäns mit der Haplogruppe J-M304 aus der Region ausgebreitet haben. Diese Schlussfolgerung wird durch eine aktuelle Studie (Platt et al. 2021) gestützt, in der L1b-M317-Daten analysiert wurden, die von der maronitischen Religionsgemeinschaft im Nordlibanon gesammelt wurden. Die Studie bringt diesen Marker mit einer Bevölkerung in Verbindung, die vor etwa 7.000 Jahren aus dem Kaukasus eingewandert ist. L1b-M317 stellt somit eine neolithische Variante der Haplogruppe L-M20 dar. Zusätzliche Unterstützung kommt von Mendez et al. (2011). Die Datierungsergebnisse für T1a-L162 und T1a-L131 deuten darauf hin, dass sich beide Marker vor etwa 11.000 bis 14.000 Jahren entwickelt haben.

Unterstützung kommt auch von alter DNA. Die ältesten T-M184-Überreste stammen von einer Person, die vor fast 10.000 Jahren in Ain Ghazala in Jordanien starb (siehe [ergänzende Tabelle 12.8](#)). Diese archäologische Stätte steht in Verbindung mit der kulturellen Tradition des präkeramischen Neolithikums B. Darüber hinaus wurden T1a-M70-Reste an neolithischen Ausgrabungsstätten in Bulgarien, Deutschland und Marokko gefunden. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 12.7](#) hervorgeht, stammen die ältesten L-M20-Reste aus der Areni-Höhle in Südarmenien. Diese Proben wurden aus Überresten entnommen, die auf etwa 6.000 Jahre zurückgehen.

Abschnitt 4. Das Afroasiatische, Indoeuropäische und Drawidische.

Die Haplogruppen L-M20 und T-M184 sind nützliche Marker für die Linguistik, da sie helfen, die neolithische Ausbreitung der Landwirtschaft von Südwestasien aus zu entschlüsseln, die vor etwa 8.500 Tausend Jahren begann. Die neolithischen Bauern Südwestasiens hatten Varianten der Haplogruppen E-M96, G-M201, J-M304, L-M20 und T-M184. Als diese Bauern aus Anatolien heraus expandierten, folgten ihre Gene und Sprachen. Zu den sprachlichen Überbleibseln dieser Expansion gehören die afroasiatischen und indoeuropäischen Sprachfamilien. Bellwoods *Hypothese der frühen bäuerlichen Ausbreitung* stellt somit ein robustes Modell der prähistorischen Sprachausbreitung dar (siehe auch die vorangegangenen Diskussionen in den Kapiteln 5, 8 und 11).

Die Daten für T-M184 und L-M20 helfen auch bei der Auswertung einer von Winters 2010 veröffentlichten Studie. Dem Bericht zufolge haben sich die drawidischen Sprachen in Ostafrika entstanden und haben sich mit dem Anbau von Fingerhirse nach Indien ausgebreitet. Winters (2010) verweist auf Ähnlichkeiten in der Terminologie von afrikanischen und drawidischen Sprachen für Kulturpflanzen. Er stützt seine Position auch durch die Behauptung, dass die T-M70-Mutation sowohl bei ostafrikanischen Populationen als auch bei drawidischen Sprechern in Indien zu finden ist. Die Position von Winters (2010) wird möglicherweise durch die archäologischen Funde gestützt. Das Neolithikum in Südasien hat in der Tat eine ostafrikanische Komponente. Außerdem hat das ostafrikanische Neolithikum eine südasiatische Komponente. Dies ist auf den Seehandel zwischen Afrika und Indien zurückzuführen. Infolge dieses Austauschs begannen die Bauern in Indien mit dem Anbau von Fingerhirse und Hülsenfrüchten wie Kuhbohnen, die sie aus Afrika erhalten hatten. Im

Gegenzug erhielten die Ostafrikaner Hühner sowie asiatische Nutzpflanzen wie Bananen, Yamswurzeln und Taro (siehe Fuller 2006; Crowther et al. 2017).

Den genetischen Daten zufolge (siehe [ergänzende Tabellen 12.1](#) und [12.2](#)) werden sowohl T-M184 als auch L-M20 in drawidischen-sprechenden Populationen beobachtet. Allerdings tritt L-M20 in diesen Populationen wesentlich häufiger auf. L-M20 hingegen kommt in Afrika nicht vor, während T-M184 gelegentlich bei einigen Populationen in Nord- und Ostafrika auftaucht. Im Gegensatz zu den Behauptungen von Winters (2010) scheint es jedoch unwahrscheinlich, dass Südasien die Quelle der T-M70-Variation in Afrika war oder dass Afrika die Quelle der gleichen Mutation in Südasien war. Auch hier deutet eine enorme Menge an genetischen, linguistischen und archäologischen Daten, die hier in diesem Kapitel und zuvor in den Kapiteln 5, 8 und 11 vorgestellt wurden, auf Südwestasien als Quelle der T-M184-Variation hin. Darüber hinaus legen diese Daten die wahrscheinlichen Ursprünge der drawidischen Sprachen in Pakistan.

Abbildung 12.1: Ostafrika und Südasien.



Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für LT-L298.

Die Haplogruppen L-M20 und T-M184 kommen in den untersuchten Populationen im Allgemeinen nur selten vor. Dennoch scheint ihre geografische Verteilung derjenigen der Mutationen J1-M267 und J2-M172 zu entsprechen (siehe Kapitel 11). Auf der Grundlage der verfügbaren Daten haben sich L-M20 und T-M184 wahrscheinlich im Kaukasus entwickelt und sich während des Holozäns aus der Region ausgebreitet. Für Linguisten sind die Haplogruppen L-M20 und T-M184 eine Hilfe bei der Entschlüsselung der frühen Ausbreitung des Afroasiatischen und indoeuropäischen Sprachen zu entschlüsseln. Sie bestätigen die von den Haplogruppen E-M96, G-M201 und J-M304 abgeleiteten Beobachtungen.

Kapitel 13: Die KR-M526 Paragruppe.

Abschnitt 1. Einleitung.

In diesem Kapitel wird die Phylogenie der LR-M9-Mutationen erläutert, ein Thema, das ursprünglich in Kapitel 12 auftauchte. Der Leser wird nun gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 13.1 anzusehen](#). Die LR-M9-Mutation befindet sich im oberen Teil des Diagramms. Wie die Abbildung zeigt, sind LT-L298 und KR-M526 Schwestergruppen, die von LR-M9 abzweigen. Die Paragruppe LT-L298 (siehe Kapitel 11) verzweigt sich in die Haplogruppen L-M20 und T-M184. Die KR-M526-Paragruppe hingegen wird zur Vorläufermutation der Haplogruppen M-P256 und S-B254 (siehe Kapitel 14) sowie der Haplogruppen N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207 (siehe Kapitel 15-18).

Abschnitt 2. Nomenklatur und M9-Mutationen.

Wie bereits im ersten Kapitel erwähnt, hat die Y-Chromosom-Kommission im Jahr 2002 die Nomenklatur für Y-Chromosom-Mutationen standardisiert. Der Begriff „Paragruppe“ beschreibt eine Zwischenmutation zwischen dem Y-Chromosom Adam und den Haplogruppen. Zu diesen Paragruppen gehört auch die LR-M9-Mutation. In diesem Zusammenhang ist anzumerken, dass die Bezeichnung von M9 als Paragruppe höherer Ordnung eine Meinungsverschiedenheit mit Karafet et al. (2015) darstellt. Diese Forscher vertreten die Position, dass M9 eine Haplogruppe darstellt, die sie als K-M9 bezeichnen. Sie argumentieren dann, dass K-M9 zwei Hauptuntergruppen hat, K1-L298 und K2-M526. Wenn man ihre Argumentation weiter ausführt, werden die Mutationen M20 und M184 zu Unterkladen von K1-L298. Die Mutationen P256, B254, M231, M175, M242 und M207 werden zu Unterkladen von K2-M526. So wird z. B. die Haplogruppe R-M207 (von der Y-Chromosom-Kommission 2002) zu K2b2a2-M207 (für zusätzliche Informationen wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 13.2 verwiesen](#)).

Die von Karafet et al. (2015) vorgeschlagene Revision wurde von der International Society of Genetic Genealogy (ISOGG) teilweise übernommen. Die Organisation verwendet sowohl die Nomenklatur von Karafet et al. (2015) als auch die Nomenklatur der Y-Chromosom-Kommission von 2002. Die Überarbeitung der Standardnomenklatur von 2002 sollte jedoch abgelehnt werden, da sie aufschlussreiche phylogenetische Beziehungen auslöscht, die sowohl eine unterschiedliche Evolutionsgeschichte als auch unterschiedliche Muster der geografischen Verteilung aufweisen. Die Y-Chromosom-Kommission hat das Konzept der Haplogruppen als einzigartige Segmente der menschlichen Y-Chromosomvielfalt entwickelt. Die von Karafet et al. (2015) vorgeschlagene Haplogruppe K-M9 weicht eindeutig vom Standard-Nomenklatorsystem ab, das in der Reform von 2002 vorgesehen war. Mit anderen Worten, die von Karafet et al. (2015) vorgeschlagene Haplogruppe K-M9 ist nicht standardisiert, da sie einen viel zu großen Teil der globalen menschlichen Y-Chromosom-Variation umfasst. Dementsprechend wird M9 in Übereinstimmung mit der Absicht der Standardnomenklatur von 2002 korrekt als Paragruppe LR-M9 klassifiziert, und die Mutationen P256, B254, M231, M175, M242 und M207 sind Haplogruppen M-P256, S-B254, N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207.

Abschnitt 3. Die Evolutionsgeschichte der KR-M526 Paragruppe.

Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel und die [ergänzende Abbildung 13.1](#) aus diesem Kapitel (Kapitel 13) verwiesen. Wie die Abbildungen zeigen, sind die Mutationen LT-L298 und KR-M526 „Schwester-Kladen“ stromabwärts der LR-M9-Paragruppe. Es ist schwierig zu bestimmen, wo und wann sich KR-M526 entwickelt hat. Ausgehend von der derzeitigen geografischen Verteilung der „Schwester-Klade“ LT-L298 (siehe Kapitel 12) hat sich KR-M526 wahrscheinlich im Nahen Osten oder im Kaukasus entwickelt. Dies geschah vor mindestens 54.000 Jahren, basierend auf den Datierungsergebnissen von Bergstrom et al. (2016) mit Hilfe einer hochentwickelten Ganzgenomsequenzierung.

Diese Datierungsschätzung von Bergstrom et al. (2016) legt zusammen mit der zeitgenössischen Verbreitung der Haplogruppen M-P256, S-B254, N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207 (siehe Kapitel 14 bis 18) nahe, dass KR-M526 ein genetisches Relikt menschlicher Expansionen aus der Levante während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe ist. Dies wirft natürlich die Frage auf, ob sich KR-M526 entlang der südlichen oder nördlichen Route nach Osten ausbreitete. Auf der Grundlage der Daten aus diesem Kapitel (Kapitel 13) sowie der Daten aus den Kapiteln 14 bis 18 hat sich KR-M526 wahrscheinlich über beide Routen ausgebreitet. Die Haplogruppen M-P256 und S-B254 sind genetische Überbleibsel der südlichen Ausbreitung. Die Haplogruppen N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207 sind genetische Überbleibsel der Ausbreitung entlang der nördlichen Route.

Abschnitt 4. Unerforschte KR-M526 Mutationen.

Ein beträchtlicher Teil der Daten für Populationen in Südostasien, Ozeanien und Australien besteht aus den Häufigkeitsergebnissen für KR-M526*, SM-P399* und P-P295* (siehe [ergänzende Tabellen 13.1, 13.2 und 13.3](#)). Der Leser wird feststellen, dass ein Sternchen verwendet wurde. Dies entspricht dem Standard der Y-Chromosom-Kommission von 2002 zur Kennzeichnung ungelöster Mutationen. Ein Teil der Y-Chromosom-Variationen in diesen Regionen ist nach wie vor schlecht aufgelöst. Um das Konzept der Auflösung besser zu verstehen, sollten die phylogenetischen Beziehungen innerhalb der KR-M526-Paragruppe analog zu einer Landkarte betrachtet werden. Die Haplogruppen M-P256, S-B254, N-M231, O-M175, Q-M242 und R-M207 befinden sich eindeutig auf der „Landkarte“. KR-M526*, SM-P399* und P-P295* stellen jedoch unbekannte Mutationen dar, die in „unerforschten Gewässern“ liegen.

Abschnitt 5. Die sprachliche Verbreitung von KR-M526*, SM-P399* und P-P295*.

Wie bereits erwähnt, weist in den Populationen Australiens, Ostindonesiens und Papua-Neuguineas eine beträchtliche Anzahl von Männern eine Y-Chromosom-Mutation auf, die noch nicht identifiziert wurde. Sprachlich gesehen taucht KR-M526* in den veröffentlichten Daten für australische Aborigines auf. KR-M526*, SM-P399* und P-P295* tauchen in den veröffentlichten Daten für austronesisch und papuanisch sprechende Populationen in Südostasien und Ozeanien. Die Menge an unaufgeklärten Daten für diese Populationen ist im Vergleich zu anderen Regionen der Welt ungewöhnlich. Darüber hinaus ist die Anzahl der ungeklärten Daten besorgniserregend, da die australischen, papuanischen und austronesischen Sprachen einen großen Teil der linguistischen Vielfalt ausmachen. Die australische Sprachfamilie besteht aus 379 Sprachen. Über 1.200 Sprachen werden als austronesisch klassifiziert (*Ethnologue* 2018). Das Papua ist eine Makro-Sprachfamilie, die aus 36 Sprachfamilien und über 800 Sprachen besteht (siehe [ergänzende Tabelle 13.4](#)).

Abschnitt 6. KR-M526* unter australischen Ureinwohnern.

Der Leser wird auf die [ergänzende Tabelle 13.1](#) verwiesen. Ungelöste KR-M526-Mutationen (oder KR-M526*) machen etwa 12 Prozent der einheimischen Y-Chromosom-Variation unter

australischen Ureinwohnern aus. Die enorme zeitliche Tiefe und soziale Faktoren könnten diese Beobachtung erklären. Bergstrom et al. (2016) weisen darauf hin, dass die genetische Spur, die zu den Gründungspopulationen Australiens führte, in den letzten 50.000 Jahren verblasst sein könnte. Diese Schlussfolgerung ergibt sich aus der Sequenzierung des gesamten Genoms von 13 Proben, die von australischen Ureinwohnern gesammelt wurden. Diese Daten wurden dann mit denen anderer Populationen verglichen. Den Forschern zufolge handelt es sich bei KR-M526* um uralte Abstammungslinien, die von denjenigen, die sich während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe in beiden Regionen niederließen, auf die Insel Südostasien und nach Australien gebracht wurden. Diese Schlussfolgerung steht im Einklang mit den archäologischen Aufzeichnungen (siehe Kapitel 4). Außerdem stimmt die Schlussfolgerung mit den Daten für die Haplogruppe C1-F3393 überein. Wie bereits in Kapitel 6 beschrieben, hatten die Gründungspopulationen der Insel Südostasien und Australiens die Mutation C1b2-B477. C1b2a-M38 steht für die *in situ* Evolution von C1b-B477 auf den Insel-Südostasien, und C1b2b-M347 steht für die *in situ* Evolution von C1b-B477 in Australien.

Abbildung 13.1. Uluru (Ayers Rock), Nordterritorium, Australien. Quelle: Wikipedia und Stuart Edwards.



Im Hinblick auf soziale Faktoren, die die genetische Variation bei Männern in Australien verringert haben könnten, untersuchten Nagle et al. (2016a) polizeiliche Datenbanken nach Männern, die ihre ethnische Zugehörigkeit als australische Aborigines bezeichneten. Von den insgesamt etwa 1.200 Männern hatte etwa die Hälfte eine Y-Chromosom-Haplogruppe, die nicht in Australien beheimatet ist. Dies deutet darauf hin, dass es in den letzten zweihundert Jahren zu einer erheblichen Vermischung zwischen Männern europäischer Abstammung und Frauen australischer Ureinwohner gekommen ist. Infolgedessen könnte ein Flaschenhalseffekt zu einer Verringerung der männlichen genetischen Variation unter den männlichen Ureinwohnern geführt haben. Laut Nagle et al. (2016a) könnte dies eine bessere Auflösung von KR-M526 behindern. Interessanterweise könnte ein ähnlicher Flaschenhalseffekt auch bei den amerikanischen Ureinwohnern aufgetreten sein (siehe Kapitel 17 für weitere Einzelheiten).

Zuvor, in Kapitel 6, wurde C1-M347 als eine australische-spezifische Mutation identifiziert, die die These stützt, dass sich die Sprache vor mindestens 100.000 Jahren entwickelt hat. Wie C1b-M347 ist auch KR-M526* ein Teil des indigenen Genoms der australischen Ureinwohner. Wie bei C1b-M347 legt die Analyse zeitgenössischer KR-M526*-Mutationen bei australischen Ureinwohnern zudem nahe, dass der moderne Mensch vor etwa 50.000 Jahren nach Australien kam und seine Nachfahren bis zur Ankunft der Europäer vor etwa 200 Jahren auf dem Kontinent isoliert blieben (Bergstrom et al. 2016; Nagle et al. 2016a). Angesichts der Tatsache, dass die australischen Ureinwohner eng mit dem Exodus aus Afrika verbunden sind, unterstützen die KR-M526*-Daten für diese Populationen die Position, dass die Menschen die Sprache vor dem Verlassen Afrikas (wiederum vor etwa 100.000 Jahren) erworben haben. Das weniger plausible Alternativszenario würde davon ausgehen, dass sich die Sprache in verschiedenen Regionen der Welt unabhängig voneinander entwickelt hat.

Abschnitt 7. Ungelöste KR-M526-Mutationen bei den papuanischen und austronesischen Völkern.

Wie aus der [ergänzenden Tabelle 13.1](#) hervorgeht, werden Häufigkeitsdaten für KR-M526* für Papua- und austronesische-sprachige Populationen in Südostasien und Ozeanien. Wie bei den

australischen Ureinwohnern ist die genetische „Spur“, die die indigenen Einwohner Neuguineas oder die Papua-Völker mit dem Y-Chromosom Adam verbindet, aufgrund der enormen zeitlichen Tiefe verblasst. Bei den Austronesiern hingegen erklärt sich die beobachtete Häufigkeit von KR-M526* durch eine Vermischung mit Papua-Völkern, die vor 3.000 begann.

In den letzten 50.000 Jahren scheinen soziale Bräuche die genetische Variation verändert und die sprachliche Vielfalt unter den Papua-Völkern gefördert zu haben. So vermuten Kayser et al. (2003), dass eine lange Tradition der Kriegsführung zwischen den verschiedenen Stämmen Neuguineas die genetische Vielfalt unter den Männern in diesem Teil der Welt verringert hat. Dieser Verlust an genetischer Vielfalt ist mit dem so genannten Flaschenhalseffekt vergleichbar (siehe Kapitel 1). Der gleichen Studie zufolge ist ein weiterer Faktor, der die genetische Vielfalt bei Männern in Südostasien verringert haben könnte, die weit verbreitete Polygynie, also die Praxis, mehr als eine Frau zu haben. Ein weiteres Beispiel stammt aus einer im Jahr 2020 veröffentlichten Arbeit (Li et al.). Kuru, eine Krankheit des Nervensystems, erreichte 1957 im Hochland epidemische Ausmaße. Heute ist Kuru verschwunden, da die Regierung in den 1960er Jahren ein Verbot des Endokannibalismus erlassen hat. Die Krankheit wird durch den Verzehr menschlicher Gehirne verursacht, was damals zu den Bestattungspraktiken gehörte. Das Ritual wurde von Frauen durchgeführt, und aus diesem Grund erkrankten sie und nicht die Männer an Kuru. Die von Li et al. (2020) gesammelten Daten deuten darauf hin, dass die Kuru-Epidemie die mütterlicherseits vererbte mitochondriale DNA-Diversität im Hochland erhöhte. Aufgrund der hohen weiblichen Sterblichkeitsrate waren die Männer gezwungen, Bräute von außerhalb ihrer Dörfer zu beschaffen.

Abschnitt 8. Die SM-P399*-Mutation.

Die SM-P399-Mutation steht als Paragruppe stromabwärts von KR-M526 (siehe [ergänzende Abbildung 13.1](#)). Außerdem stellt die SM-P399-Paragruppe die Vorläufermutation für die Haplogruppen M-P256 und S-B254 dar (siehe Kapitel 14 für weitere Details). Zwei Studien (Tumonggor et al. 2014; und Karafet et al. 2015) berichten über SM-P399*-Daten für austronesische und Papuasprachige Populationen in Indonesien (siehe [ergänzende Tabelle 13.2](#)).

Die Entdeckung des Tianyuan-Menschen wurde bereits in Kapitel 4 behandelt. Diese Überreste stammen von einem Menschen, der vor etwa 40.000 Jahren in der Nähe von Peking, China, starb. Professor David Reich von der Harvard University veröffentlicht in regelmäßigen Abständen einen Datensatz, der Daten zu alten Y-Chromosom enthält. In der Veröffentlichung vom 1. März 2020 (V42.4) wird berichtet, dass Tianyuan zur Paragruppe K2b-P331 gehört, der Vorfahrenklade für die Paragruppen SM-P399 und P-P295 (siehe auch [ergänzende Abbildung 13.1](#)). Wie bereits in den Kapiteln 4 und 6 beschrieben, folgte die Ausbreitung des Menschen nach Ostasien während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe zwei verschiedenen Routen, einer südlichen und einer nördlichen. Der Tianyuan-Mensch bietet sicherlich archäologische Unterstützung für die gemeinsame Ausbreitung von Jägern und Sammlern und KR-M526-Mutationen entlang der nördlichen Route. Dies würde jedoch voraussetzen, dass sich seine Mutation später zu P-P295 und nicht zu SM-399 entwickelt hat.

Abschnitt 9. Die P-P295*-Mutation.

Die P-P295-Paragruppe hat zwei bekannte Subkladen, P1-M45 und P2-F20148. P1-M45 ist die Vorläufermutation für die Haplogruppen Q-M242 und R-M207 (siehe [ergänzende Abbildung 13.1](#)). Nach Angaben der Internationalen Gesellschaft für genetische Genealogie konnten die zuvor gemeldeten P-P295-Daten für eurasische Populationen nicht für die Haplogruppe Q-M242 sequenziert werden. Die Organisation berichtet auch, dass die Mutation P2-F20148 bei den Aeta, einer Negrito-Population auf den Philippinen, beobachtet wurde (siehe ISOGG 2019-2020). Die für Indonesien gemeldeten P-P295-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 13.3](#)) werfen daher die interessante Frage auf, ob eine erneute Sequenzierung diese Populationen in die P2-F20148-Gruppe einordnen würde.

Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die KR-M526 Paragruppe.

Forscher sollten die M9-Mutation als Paragruppe und nicht als Haplogruppe identifizieren. Die KR-M526-Paragruppe, eine stromabwärtige Variante von LR-M9, ist ein wichtiges genetisches Relikt der menschlichen Expansion während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Mehrere Haplogruppen entwickelten sich schließlich aus KR-M526. Diese Haplogruppen stellen gut aufgelöste Abschnitte der phylogenetischen Karte von KR-M526 dar. Dennoch gibt es in der Literatur noch ungeklärte Mutationen innerhalb der Paragruppe, die noch auf der „Y-Chromosom-Landkarte“ kartiert werden müssen. Eine bessere Auflösung dieser Mutationen könnte einen besseren Einblick in die Evolution des Australischen und der Papuasprachen geben. Interessanterweise unterstreicht das signifikante Vorhandensein von ungeklärten Mutationen in diesen Populationen die Idee, dass das Australische und die Papuasprachen lange Wurzeln haben, die tief in die Vorgeschichte reichen.

Kapitel 14: Haplogruppen M-P256 und S-B254.

Abschnitt 1. Zeitgenössische Verbreitung der Haplogruppen M-P256 und S-B254.

In diesem Kapitel werden zwei phylogenetisch nahe Varianten der Paragruppe KR-M526 vorgestellt, die Haplogruppen M-P256 und S-B254. Um die heutige Verbreitung beider Haplogruppen zu erörtern, ist es notwendig, an dieser Stelle die geografische Terminologie zu wiederholen, die ursprünglich in Kapitel 6 und in der Diskussion der Mutationen der Haplogruppe C1-F3393 vorgestellt wurde. Das inselartige Südostasien umfasst die Philippinen, Indonesien, Osttimor und Papua-Neuguinea. Ozeanien hingegen besteht aus einer großen Inselgruppe im Pazifischen Ozean, die sich ostwärts von den Salomon-Inseln bis Rapa Nui und südwärts von den Hawaii-Inseln bis Neuseeland erstreckt. Darüber hinaus ist die so genannte „Wallace-Linie“ ein nützlicher geografischer Begriff, der in Kapitel 6 vorgestellt wurde. Die Wallace-Linie kam ursprünglich aus der Botanik, um verschiedene Ökozonen abzugrenzen. Im Laufe der Zeit entwickelte sie sich zu einer praktischen politischen Grenze, die Westindonesien von Ostindonesien trennt, und zu einer regionalen Grenze, die Ostasien von den Insel-Südostasien trennt. Interessanterweise stellt die Wallace-Linie auch eine genetische Trennlinie dar. Die Haplogruppen M-P256 und S-B254 finden sich östlich der Wallace-Linie und sind westlich der Grenze praktisch nicht vorhanden (Karafet et al. 2010). Wie in Kapitel 6 erörtert, ist ein ähnliches Muster auch für die C1b-M38-Mutation zu beobachten.

Die zeitgenössische Verteilung der Haplogruppen M-P256 und S-B254 ist in den [ergänzenden Tabellen 14.1](#) und [14.2](#) aufgeführt. Der Leser wird auch auf die [ergänzende Abbildung 14.1](#) verwiesen, in der die interne Phylogenie der beiden Haplogruppen detailliert dargestellt ist. Geographisch gesehen stellen M-P256 und seine stromabwärtige Varianten bedeutende Mutationen für die Entschlüsselung der genetischen Geschichte des Insel-Südostasiens dar. S-B254 und seine stromabwärtige Varianten stellen nicht nur für die Populationen des Insel-Südostasiens, sondern auch für die australischen Ureinwohner. Linguistisch gesehen stellen M-P256 und S-B254 bedeutende Mutationen bei den Papua-Völkern und die austronesisch sprechenden Populationen des Insel-Südostasiens. Die Haplogruppe S-B254 liefert auch Daten zur Entschlüsselung der Vorgeschichte der australischen Sprachfamilie.

Abschnitt 2. Evolutionsgeschichte der Haplogruppen M-P256 und S-B254.

Der Leser wird nun gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel anzusehen. Die SM-P399-Mutation ist eine stromabwärtige Variante der KR-M526-Paragruppe. Die Haplogruppen M-P256 und S-B254 divergieren dann von SM-P399. Die SM-P399-Paragruppe und ihre stromabwärtigen Mutationen sind die genetischen Überbleibsel der Ankunft des modernen Menschen auf dem Insel-Südostasien. Datierungsschätzungen von Karmin et al. (2015) unterstützen diese Position. Dem Bericht zufolge haben sich die Haplogruppen M-P256 und S-B254 vor etwa 50.000 Jahren entwickelt.

Abschnitt 3. Trans-Neuguinea und die Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung.

Die so genannte Papua-Makro-Sprachfamilie ist ein sprachliches Relikt der menschlichen Einwanderung in die Sunda- und Sahul-Region vor etwa 50.000 Jahren (siehe Kapitel 6 und 13). Wie in der [ergänzenden Tabelle 13.4](#) aus Kapitel 13 dargestellt, besteht die Makro-Sprachfamilie der Papua aus über 800 Sprachen, die einer von 36 Sprachfamilien zugeordnet werden. Unter diesen

Sprachfamilien nimmt Trans-Neuguinea eine einzigartige Position innerhalb der Makro-Sprachgruppe ein. Es ist die größte Sprachfamilie der Papua-Sprachen, sowohl in Bezug auf die Anzahl der Sprecher (etwa 3,5 Millionen) als auch auf die Anzahl der Sprachen (fast 500). Darüber hinaus erstreckt sich das Verbreitungsgebiet von Trans-Neuguinea über einen viel größeren Bereich als das der anderen Papua-Familien, von der Wallace-Linie bis nach Ozeanien, während die meisten anderen Papua-Sprachen auf ein viel kleineres geografisches Gebiet beschränkt sind.

Eine Diskussion über die Entwicklung und Ausbreitung der Trans-Neuguinea Sprachen ist eine kurze Erörterung der politischen Gliederung, der geografischen Lage und der einzigartigen Topografie Neuguineas erforderlich. Neuguinea ist die zweitgrößte Insel der Welt. Die östliche Hälfte der Insel gehört zum Land Papua-Neuguinea, die westliche Hälfte zu Indonesien. Als Tiefland bezeichnet man die niedrig gelegenen Küstengebiete der Insel, während das Binnenland als Hochland bezeichnet wird. Dieser Höhenunterschied ist das Ergebnis des Aufeinandertreffens tektonischer Platten, die das Zentrum der Insel nach oben geschoben haben und so ein zweitausend Kilometer langes „Rückgrat“ gebildet haben, das sich von Osten nach Westen über die Inseln erstreckt. Hier steigt die Höhe schließlich auf 4.000 Meter über dem Meeresspiegel an. Zu beiden Seiten der Gebirgskette erstrecken sich zahlreiche Täler, die von Menschen bewohnt sind (für weitere Einzelheiten siehe Allen 1992).

Abbildung 14.1: Reliefkarte des zentralen Hochlands von Neuguinea.



Die Topografie bildet auch die Grundlage für die Erklärung der Position, die die trans-neuguineischen Sprachen innerhalb des sprachlichen Gefüges der Insel Südostasien einnehmen. Insbesondere haben Forscher das zentrale Hochland von Papua-Neuguinea als die Urheimat der Trans-Neuguinea-Sprachfamilie identifiziert (z. B. Bellwood 2005: 142-145; Pawley 2005; Schapper 2017). Eine Untersuchung der Vorgeschichte der trans-neuguineischen Sprachen wirft die interessante Frage auf, warum die Bevölkerung Neuguineas am Ende des Pleistozäns aus dem Tiefland ins Hochland wanderte. Eine mögliche Erklärung ist die Vermeidung von Malaria, da die Prävalenz dieser Krankheit mit zunehmender Höhe abnimmt. Interessanterweise deutet eine neuere Studie (Gaffney et al. 2021) darauf hin, dass der Mensch zur Zeit der Ankunft des frühen Holozäns auf Papua-Neuguinea einen Großteil der Nahrungsressourcen für Großwild aufgebraucht hatte. Um sich mit Proteinen zu versorgen, passten sich die Menschen an und begannen, Kleinwild zu ernten. So könnten die frühen holozänen Wanderungen vom Tiefland ins Hochland mit den Jagdausflügen in den montanen Tropenwald und der Ernte von Opossums, Flughunden und anderen Tieren ähnlicher Größe zusammenhängen.

Die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* wurde von dem Archäologen Peter Bellwood formuliert. Nach dieser Hypothese erklärt die Ausbreitung der frühen Landwirtschaft die

heutige Verbreitung vieler Sprachfamilien der Welt. Bellwood (2005: 142-145) vermutet, dass dies auch für die Trans-Neuguinea-Sprachen gilt. Denham et al. (2003) liefern archäologische und archäobotanische Belege für dieses Modell. Sie sammelten Daten in der Nähe einer Teeplantage im Kuk-Sumpf im Waghi-Tal im zentralen Hochland, das etwa 1.500 Meter über dem Meeresspiegel liegt. Die Studie legt nahe, dass der Übergang zur Landwirtschaft in Papua-Neuguinea vor etwa 10.000 Jahren mit dem Bau von Entwässerungsgräben begann. Der intensive Anbau von Tarowurzeln und Bananen entwickelte sich später, vor etwa 7.000 Jahren. Sowohl Denham et al. (2003) als auch Bellwood (2005: 142-145) betonen, dass der Klimawandel die Entwicklung der Landwirtschaft im Hochland von Papua-Neuguinea begünstigte. Das Holozän brachte höhere Temperaturen und regelmäßige Regenfälle mit sich. Dies ermöglichte es den Menschen, den fruchtbaren Boden zu nutzen, der sich während der letzten Eiszeit in den Hochlandtälern angesammelt hatte.

Schapper (2017) legt eine faszinierende Untersuchung der frühen Landwirtschaft im Hochland von Papua-Neuguinea und der Ausbreitung der trans-neuguineischen Sprachen vor. Sie bestreitet die traditionelle Annahme, dass diese Ausbreitung mit dem Anbau der Taro-Wurzel zusammenhängt, die vor der Ankunft der Süßkartoffeln ein Grundnahrungsmittel der Region war. Schapper schlägt vor, dass die Ausbreitung der trans-neuguineischen Sprachfamilie besser mit dem Anbau von Bananen und Zuckerrohr korreliert. Ihr Argument stützt sich teilweise auf linguistische Daten. Der Forscherin zufolge sind die proto-trans-neuguineischen Rekonstruktionen für Banane und Zuckerrohr zuverlässiger als die für die Taro-Wurzel. Schapper berücksichtigt auch die botanischen Belege. Dem Forscher zufolge kam die Taro-Wurzel ursprünglich aus Südasien und breitete sich in prähistorischer Zeit ostwärts über Neuguinea aus. Dieses Ausbreitungsmuster verläuft in die entgegengesetzte Richtung wie das der trans-neuguineischen Sprachen. Vielmehr deuten die linguistischen Belege auf das Hochland von Papua-Neuguinea als Urheimat der Trans-Neuguinea-Sprachen und eine Ausbreitung dieser Sprachen nach Westen bis zur Wallace-Linie hin. Dies beruht auf der Vielfalt der Untergruppen von Sprachfamilien höherer Ordnung, die im Hochland zu finden sind. Da Bananen und Zuckerrohr in Neuguinea heimisch sind, ist eine westliche Zusammenausbreitung von trans-neuguineischen Sprachen, Bananen und Zuckerrohr leichter zu vertreten als eine Zusammenausbreitung von Taro-Wurzel und Sprache. Außerdem sind Bananen und Zuckerrohr vielseitiger als die Taro-Wurzel und eignen sich daher besser für eine rasche Bevölkerungsexpansion nach Westen, die an der Wallace-Linie endete. Im Vergleich zur Taro-Wurzel wachsen Bananen und Zuckerrohr in einer größeren Bandbreite von Höhenlagen und Bodenverhältnissen. Ihr Anbau ist auch weniger arbeitsintensiv.

Der Leser wird gebeten, die [ergänzenden Tabellen 14.3](#) und [14.4](#) zu lesen, die Häufigkeitsdaten für die Mutationen M1a-P34 und S1a-M254 enthalten. Beide Mutationen wurden als die genetische Signatur der trans-neuguineischen Expansion identifiziert (Mona et al. 2007; Tumonggor et al. 2014). Eine besonders überzeugende Unterstützung für diese Position bieten die Datierungsschätzungen für beide Mutationen. Nach Mona et al. (2007) entwickelten sich M1a-P34 und S1a-M254 vor etwa 7.000 Jahren in Papua-Neuguinea. Der Übergang zur Landwirtschaft im Hochland von Papua-Neuguinea hat also eine genetische „Narbe“ hinterlassen, die auf dem menschlichen Y-Chromosom zu finden ist.

Wie bereits erwähnt, haben sich die trans-neuguineischen Sprachen im Hochland von Neuguinea entwickelt. Leider stammen fast alle Daten für die Populationen von Neuguinea aus den tief liegenden Küstengebieten der Insel. Die einzigen Y-Chromosom-Daten, die für das Hochland von Papua-Neuguinea gemeldet wurden, stammen von 31 Proben, die von Kayser et al. (2006) sequenziert wurden, und es ist wenig über die Personen bekannt, die diese Proben geliefert haben. Diese Proben wurden ursprünglich von Stoneking et al. (1990) für eine frühe mtDNA-Studie aus Plazentagewebe gewonnen. Laut der Studie von 1990 stammten die Gewebeproben aus mehreren Dörfern im Hochland von Menschen, die „nicht austronesisch“ sprachen. Ihre „nicht-austronesische“ Sprache oder Sprachen gehören wahrscheinlich zur Trans-Neuguinea-Sprachfamilie. Dies geht aus einem Vergleich der von *Ethnologue* (2018) erstellten Sprachkarten für Papua-Neuguinea mit einer Karte aus der Studie von 1990 hervor.

Eine weitere beunruhigende Angelegenheit, auf die der Leser aufmerksam gemacht werden muss, betrifft die M1a-P34-Mutation. Am 9. Januar 2017 hat die International Society of Genetic Genealogy (ISOGG) M1a-P34 aus dem Y-DNA-Haplogruppenbaum entfernt, weil die Mutation ihren „Qualitätsrichtlinien“ nicht entspricht. Diese Entwicklung ist problematisch, weil sieben verschiedene Studien P34-Daten für 2.496 Männer melden und Forscher nun keine Gewissheit darüber haben, wo die Mutation innerhalb der Phylogenie der Haplogruppe M-P256 positioniert ist.

Abschließend ist zu betonen, dass die mangelnde Erforschung der papuanischen und trans-neuguineischen Sprachen ein schwerwiegender Schwachpunkt im Bereich der Sprachwissenschaft ist. Andrew Pawley schreibt dazu folgendes:

Es gibt keinen einzigen Sprachwissenschaftler, dessen Hauptforschungsgebiet die historische papuanische Linguistik ist. Nur eine Handvoll Linguisten befasst sich mit historischen Studien über [Trans-Neuguinea]. Man könnte sagen, dass die [heutigen] Studien zur Trans-Neuguinea-Familie in etwa dort stehen, wo die indoeuropäischen Studien in den 1820er Jahren waren, in den Tagen von Rask und Grimm, aber mit der Aussicht, nur einen winzigen Bruchteil der Arbeitskräfte zu haben, die für das Studium des Indoeuropäischen zur Verfügung standen (2005: 99-100).

Trotz all dieser Einschränkungen deuten die verfügbaren genetischen, archäologischen, botanischen und linguistischen Daten immer noch darauf hin, dass die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* ein robustes Modell zur Erklärung der prähistorischen Ausbreitung der trans-neuguineischen Sprachen darstellt.

Abschnitt 4. Das Australische.

Die Erforschung der genetischen Geschichte der australischen Aborigines ist problematisch. Holst Pellekaan (2013) liefert eine Erklärung dafür, dass die australischen Ureinwohner aufgrund des historischen Misstrauens zwischen ihnen und den Europäern nur ungern an genetischen Studien teilnehmen. Natürlich ist der Mangel an Daten über die australischen Ureinwohner für Sprachwissenschaftler äußerst bedauerlich, da uns genetische Daten für über 300 Sprachen fehlen, die zur australischen Sprachfamilie gehören. Außerdem werden laut Ethnologue (2018) nur noch 185 australische Sprachen gesprochen, und viele dieser lebenden Sprachen haben eine ungewisse Zukunft vor sich. Wie bereits in den Kapiteln 6 und 13 erwähnt, hilft die genetische Geschichte der australischen Ureinwohner dabei, zu definieren, wann sich die Sprache als moderne menschliche Verhaltensanpassung entwickelt hat.

Die meisten Y-Chromosom-Daten für australische Aborigines stammen von Nagle et al. (2016a). Ihre Studie ist sicherlich ein Schritt in die richtige Richtung. Allerdings ist die Qualität ihrer Daten nur mittelmäßig, ein Punkt, den die Studie einzuräumen scheint. Qualitativ gute Daten konzentrieren sich auf Populationen und liefern ethnosprachliche Details. Nagle et al. (2016a) haben jedoch die meisten ihrer Daten aus Polizeidatenbanken von Männern gesammelt, die sich selbst als australische Ureinwohner identifizieren. Leider fehlen die ethnografischen Details, so dass die Forscher nicht in der Lage sind, die genetischen Daten mit einer bestimmten australischen Sprache zu korrelieren.

Wie bereits in Kapitel 6 erwähnt, hat sich C1b-M347 als eine einzigartige australische-spezifische Mutation, die ein genetisches Artefakt der ersten menschlichen Besiedlung Australiens vor 40.000 bis 50.000 Jahren darstellt. undefinierte Mutationen innerhalb von KR-526 sind ebenfalls ein Relikt dieser Besiedlung des Kontinents durch den Menschen (siehe Kapitel 13). In ihrer Studie von 2016a identifizieren Nagle und andere die S1a-P308-Mutation als ein für Australien spezifisches genetisches Artefakt dieses Ereignisses. Dies erklärt, warum die Mutation bei den australischen Ureinwohnern eine Häufigkeit von etwa 12 Prozent erreicht (siehe auch [ergänzende Tabelle 14.5](#)).

Nagle et al. (2016a) behaupten auf der Grundlage ihrer Analyse der Y-Chromosom-Daten, dass die Vorfahren der heutigen Ureinwohner nach der Besiedlung Australiens durch den Menschen vor 40.000 bis 50.000 Jahren bis zur Ankunft der Europäer im 18. Jahrhundert vom Rest der Welt isoliert blieben. Es sei darauf hingewiesen, dass die Daten der mitochondrialen DNA (mtDNA) diese Schlussfolgerung ebenfalls unterstützen (Nagle et al. 2016b; Pedro et al. 2020). Die Bedeutung der mtDNA-Daten ergibt sich aus der Tatsache, dass dieser Marker mütterlicherseits vererbt wird, während Mutationen des Y-Chromosoms väterlicherseits vererbt werden. Somit können die Forscher die Möglichkeit eines weiblichen Genflusses zu einem späteren Zeitpunkt ausschließen. Geht man noch einen Schritt weiter, so stützen sowohl die mtDNA-Daten als auch die Y-Chromosom-Daten das folgende Argument: Die australischen Sprachen haben Wurzeln, die tief in die Vorgeschichte des modernen Menschen reichen.

Während eines Zeitraums von 40.000 bis 50.000 Jahren, in dem australische Populationen vom Rest der Welt isoliert waren, könnte ein sehr begrenzter Genfluss über die Torres-Straße stattgefunden haben, wo sich die Entfernung zwischen Papua-Neuguinea und Australien auf etwa 150 Kilometer verringert. Dies beruht auf dem Vorhandensein der M1-M4-Mutation, die bei etwa einem Prozent der australischen Ureinwohner nachgewiesen wurde, wie Nagle et al. (2016a) berichten. Der Studie zufolge muss die Bedeutung von M1-M4 bei den australischen Ureinwohnern weiter analysiert werden. Eine künftige Untersuchung dieser Frage erfordert die Erhebung weiterer Daten aus Queensland, dem australischen Bundesstaat, der Papua-Neuguinea am nächsten liegt.

Abschnitt 5. Sprachkontakt im Insel Südostasien.

Vor etwa 4.000 Jahren wanderten austronesische-sprachige Menschen von Taiwan auf die Philippinen ein. Von den Philippinen aus breitete sich das Austronesische schließlich nach Ostmalaysia, Indonesien und Papua-Neuguinea aus. Aus archäologischer Sicht wurde diese Ausbreitung von der so genannten Lapita-Kultur getragen, die oft durch weggeworfene Fragmente einer charakteristischen Keramikart identifiziert wird. Vor der Ankunft der Austronesier sprachen die Menschen in Insel Südostasien ausschließlich Papua-Sprachen. Folglich stellen die Papua-Sprachen die einheimische linguistische Komponente der Sprachvariation in Insel Südostasien dar (z. B. Pawley et al. 2005). Darüber hinaus sind sie potenzielle sprachliche Überbleibsel der ersten menschlichen Besiedlung dieser Region vor etwa 40.000 bis 50.000 Jahren. Die Haplogruppen M-P256 und S-B254 hingegen sind genetische Relikte. Daher ist die weite Verbreitung beider Mutationen in Ostindonesien und Papua-Neuguinea unter den heutigen austronesisch sprechenden Populationen von Bedeutung (siehe [ergänzende Tabellen 14.1](#) und [14.2](#)). Sprachverschiebung und Spracherhaltung haben die Sprachvariation im Insel Südostasienreich deutlich vorangetrieben.

Die Philippinen, Osttimor, Indonesien und Papua-Neuguinea wurden etwa zur gleichen Zeit, vor 40.000 bis 50.000 Jahren, während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe von modernen Menschen besiedelt (z. B. Delfin 2015). Außerdem liegen diese Länder innerhalb der anfänglichen südlichen Expansionszone der austronesischen Sprachen, die erst viel später entstanden. Es ist jedoch anzumerken, dass die indigenen Papua-Sprachen in Ostindonesien, Osttimor und Papua-Neuguinea nach der Ankunft der Austronesier vor etwa 4.000 Jahren überleben konnten. Auf den Philippinen hingegen verdrängte das Austronesische die einheimischen Negrito-Sprachen vollständig.

Wie bereits in Kapitel 4 erläutert, handelt es sich bei den so genannten Negrito-Populationen, die in verschiedenen Teilen Asiens, darunter auch auf den Philippinen, vorkommen, um potenzielle Reliktpopulationen der Ausbreitung außerhalb Afrikas. Die Jarawa und Onge, zwei Negrito-Populationen auf den Andamanen Inseln, weisen eine genetische Signatur dieser Migration auf. Bei den Negrito-Populationen der Philippinen sind die Daten jedoch nicht schlüssig, ob sie noch Reliktmutationen aufweisen. Die besten Daten für philippinische Negritos stammen von Delfin et al. (2011). Leider wurden in der Studie Marker mit geringer Auflösung verwendet, nämlich C-M130 und K-M9. Die von Delfin et al. (2011) gesammelten Proben sollten für informativere Marker neu sequenziert werden. Ein zwingender Grund für diesen Schritt ist, dass Karafet et al. (2015) Daten für die Aeta, eine der Negrito-Populationen auf den Philippinen, berichten. Laut der Studie erreicht die S2-P378-Mutation bei den Aeta eine Häufigkeit von 60 Prozent. Dieses Ergebnis legt nahe, dass eine erneute Sequenzierung der Proben von Delfin et al. (2011) weitere Negrito-Populationen mit S2-P378 aufdecken könnte. Diese Mutation verbindet möglicherweise die philippinische Bevölkerung mit dem Rest der Insel Südostasienwelt, was wertvolle Erkenntnisse über die Sprachverschiebung und die Spracherhaltung in der Region liefern würde.

Mit Blick auf die austronesischen Populationen der Philippinen ist anzumerken, dass Delfin et al. (2011) die einzige Quelle für veröffentlichte Daten zu Y-Chromosom-Mutationen sind. Darüber hinaus berichtete die Studie Daten für 210 austronesische Proben unter Verwendung schlecht aufgelöster Marker. Da auf den Philippinen 104 Millionen Menschen leben (CIA World Factbook 2018), sind weitere Datenerhebungen und Analysen erforderlich.

Abschnitt 6. Schlussfolgerungen für die Haplogruppen M-P256 und S-B254.

Die Haplogruppen M-P256 und S-B254 haben sich als wichtige Marker für das Verständnis der genetischen Geschichte von Populationen in Insel Südostasien und Australien erwiesen. Für Sprachwissenschaftler sind diese Mutationen wichtige Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der Papua-Sprachen und das Australische und Austronesische. Die Daten beider Mutationen deuten darauf hin, dass Sprachverschiebungen und Spracherhaltung die Sprachvariationen in Insel Südostasien eindeutig geprägt haben. Die einheimischen Papua-Sprachen in Ostindonesien, Osttimor und Papua-Neuguinea konnten nach der Ankunft der Austronesiern überleben. Die einheimischen Sprachen der Philippinen wurden jedoch vollständig durch das Austronesische ersetzt. Darüber hinaus sind die Mutationen M1a-P54 und S1a-M254 aufschlussreiche Marker für die Erklärung der Ausbreitung der Sprachen Trans-Neuguineas. Diese genetischen Daten sowie die archäologischen, botanischen und linguistischen Beweise deuten darauf hin, dass diese Ausbreitung mit der *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* übereinstimmt. Schließlich stellt die S1a-P308-Mutation einen wichtigen Marker für die Entschlüsselung der genetischen Geschichte der australischen Ureinwohner dar. Dies wiederum bietet einen geeigneten Maßstab für die Bewertung des Mindestalters der menschlichen Sprache. Wir sind Zeuge der möglichen Entwicklung von über 300 australischen Ureinwohnersprachen aus einer Sprache, die von einer sehr alten Bevölkerung gesprochen wurde, die eng mit dem Exodus aus Afrika verbunden ist. Dies legt Folgendes nahe: Als unsere Vorfahren Afrika zum ersten Mal verließen, gehörte auch die Sprache zu den Werkzeugen, die sie auf ihrer Reise mit sich führten.

Kapitel 15: Haplogruppe N-M231.

Abschnitt 1. Die gegenwärtige Verbreitung von N-M231.

Die Haplogruppe N-M231 und ihre stromabwärtigen Varianten helfen bei der Entschlüsselung der genetischen Vielfalt in einem riesigen Gebiet, das aus Nordeurasien, dem Baltikum, Skandinavien und Osteuropa besteht. Darüber hinaus helfen dieselben Daten, die Vorgeschichte verschiedener Sprachgruppen zu klären, darunter das Baltische, Ostslawische, Germanische, Tungusische, Mongolische, Tschuktscho-Kamtschadalische, Eskimo-Aleutische und die Turksprachen.

Es ist anzumerken, dass die Haplogruppen N-M231 und O-M175 eine gemeinsame Vorfahren-Mutation, die NO-M214-Paragruppe, aufweisen. Trotz der phylogenetischen Nähe haben beide Haplogruppen jedoch eine sehr unterschiedliche geografische Verbreitung. Die Haplogruppe O-M175 ist ein wichtiger Marker in Ostasien, Südasien und Ozeanien, während die Haplogruppe N-M231 in Ostasien eine Häufigkeit von etwa sechs Prozent erreicht (Zhong et al. 2011). Siehe auch Kapitel 15. Darüber hinaus ist N-M231 in Südasien und Ozeanien fast nicht vorhanden. Stattdessen ist die Haplogruppe N-M231 ein Marker für nordeurasische Populationen mit einer geografischen Verbreitung, die sich über ein riesiges Gebiet vom Pazifik im Osten bis zum Atlantik im Westen erstreckt. O-M175 hingegen ist in Nordeurasien praktisch nicht vorhanden.

Der Leser wird nun auf die [ergänzende Abbildung 15.1 verwiesen](#), die einen phylogenetischen Überblick über die Haplogruppe N-M231 gibt. Die interne Phylogenie der Haplogruppe N-M231 hat zwei Hauptabteilungen, N1a-F1206 und N1b-F2930. Die Mutation N1b-F2930 repräsentiert fast die gesamte Variation der Haplogruppe N-M231 in Ostasien (siehe [ergänzende Tabelle 15.1](#)). N1a-F1206 hingegen repräsentiert die Haplogruppe N-M231-Variation in Nordeurasien. Der Großteil der veröffentlichten Daten für N1a-F1206 besteht aus den Mutationen N1a-P43 und N1a-M46. Beide Mutationen sind über eine große geographische Ausdehnung verteilt, vom Baltikum bis nach Ostsibirien (siehe [ergänzende Tabellen 15.2](#) und [15.3](#)).

Die N1a-P43-Mutation ist nicht besonders aufschlussreich, da ihre interne Phylogenie nach wie vor schlecht definiert ist. Bei der N1a-M46-Mutation konnten die Forscher dagegen eine bessere Auflösung erzielen. Die Entdeckung der Mutation wurde 1997 von Zerjal et al. gemeldet. In vielen der frühen genetischen Studien, die folgten, bezeichneten die Forscher die M46-Mutation häufig als die „Tat-Mutation“. Der Begriff „Tat“ beschreibt eine ungewöhnliche Kategorie von Genmutationen, die zur Definition dieser Haplogruppe beitragen.

Der Leser sollte sich die [ergänzende Abbildung 15.1](#) und den phylogenetischen Überblick über die Haplogruppe N-M231 ansehen. Zu den informativen N1a-M46-Mutationen gehören N1a-B211, N1a-Z1936, N1a-M2019, N1a-VL29, N1a-B479, N1a-F4205 und N1a-B202. Die Mutation N1a-B211 findet sich in Nordeurasien und Osteuropa bei Populationen, die uralische Sprachen oder Turksprachen sprechen (siehe [ergänzende Tabelle 15.4](#)). Wie aus der ergänzenden [Tabelle 15.5](#) hervorgeht, ist N1a-Z1936 in Skandinavien bei Finnen und Sámi zu finden. Es ist auch bei Russen, Veps und Kareliern im Baltikum und in Nordeurasien bei turksprachigen Tataren und uralisch sprachigen Komi zu finden. N1a-M2019 findet sich in Nordeurasien unter tungusischen und turksprachigen Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 15.6](#)). Unter Esten, Letten und Litauern erreicht N1a-VL29 eine signifikante Häufigkeit (siehe [Zusatztabelle 15.7](#)). Die gleiche Mutation findet sich bei den uralisch sprechenden

Populationen Skandinaviens, Osteuropas und Nordeurasiens. N1a-B479 scheint die genetische Signatur der Nanai zu sein, eines tungusisch sprechenden Volkes in Ostsibirien, bei dem die Mutation eine Häufigkeit von über 40 Prozent erreicht (siehe Illumae et al. 2016). Die N1a-F4205-Mutation (siehe [ergänzende Tabelle 15.8](#)) scheint eine einzigartige Mutation der mongolisch sprechenden Populationen in Ostasien und Nordeurasien zu sein. Wie aus der ergänzenden [Tabelle 14.9](#) hervorgeht, findet sich die N1a-B202-Mutation in Ostsibirien bei den Tschuktschen, Korjaken und Yupik.

Abschnitt 2. Die Entwicklungsgeschichte von N-M231.

2.1. Die Ursprünge der Paragruppe NO-M214.

An dieser Stelle sollte der Leser die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel lesen. Die Mutation NO-M214 ist eine stromabwärtige Variante von KR-M526. Poznik et al. (2016) vermuten, dass sich NO-M214 vor etwa 47.000 Jahren entwickelt hat. Um zu bestimmen, wo dies geschah, ist es notwendig, das Modell von außerhalb Afrikas, das in Kapitel 4 vorgestellt wurde, erneut zu betrachten. Der *Homo sapiens* wanderte vor etwa 130.000 bis 100.000 Jahren während der 5. Sauerstoff- Isotopenstufe aus Ostafrika in die Levante ein, was in etwa mit dem Beginn der letzten Eiszeit korreliert. Während eines Zeitraums von 50.000 bis 80.000 Jahren dehnten sich die menschlichen Populationen in der Levante aus, schrumpften und dehnten sich wieder aus. Während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe, vor etwa 50.000 Jahren, erleichterte eine vorübergehende Verbesserung der stark schwankenden klimatischen Bedingungen der Eiszeit die Abwanderung der Menschen aus der Levante. Für die Forscher bedeuten diese Wanderungen die Ausbreitung des modernen Menschen nach Europa, Nordeurasien, Ostasien und Australien.

Die traditionelle Interpretation der archäologischen, genetischen und paläoklimatologischen Daten geht davon aus, dass die menschliche Besiedlung Ostasiens über eine *einzig*e Migrationsroute während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe erfolgte (z. B. Mellars 2006; Pope und Terrell 2008; Stoneking und Delfin 2010; Oppenheimer 2012; Karafet et al. 2015). Diesen Berichten nach folgte diese sogenannte „südliche Route“ zunächst der Küstenlinie Südasiens. In Südostasien zogen einige entlang der ostasiatischen Küste nordwärts nach Japan. Andere wanderten nach Süden ins Insel Südostasien und nach Australien. Aus Sicht des Y-Chromosoms sind die Haplogruppen D-M174, C1-F3393, M-P256 und S-B254 genetische Überbleibsel des südlichen Migrationsmodells. Eine *einzig*e menschliche Expansion nach Ostasien über die „südliche Route“ ist jedoch mit den alten DNA-Daten nicht vereinbar. Vielmehr sprechen die Daten auch für eine zweite Expansion nach Ostasien über die „nördliche Route“.

Wie in der [ergänzenden Tabelle 15.10](#) dargestellt, besteht die Unterstützung der Hypothese der nördlichen Route durch alte Y-Chromosom-Daten teilweise aus C1-F3393-Überresten, die in Europa gefunden wurden. Zusätzlich bestehen die Daten aus den Überresten von Tianyuan, einem Individuum, das den Vorfahrenmarker für die Haplogruppen Q-M242 und R-M207 hatte. Die Daten umfassen auch zwei Überreste, die die NO-M214-Paragruppe aufweisen, die Vorfahren-Mutation, die die Haplogruppen O-M175 und N-M231 vereint. Eine Gruppe von NO-M214-Überresten stammt vom Ust'-Ishim-Menschen, einem Individuum, das vor etwa 45.000 Jahren in Westsibirien starb. Der andere Satz von Überresten, Oase1, stammt aus der Höhle Peștera cu Oase in Rumänien. Er starb vor etwa 40.000 Jahren.

Wie bereits in Kapitel 6 beschrieben, breitete sich der moderne Mensch vor etwa 50.000 Jahren in die zentraleurasischen Steppen aus, um die großen Pflanzenfresser zu jagen, die einst in dieser Region lebten. Diese Expansion nach Mitteleurasien bestand aus Menschen mit KR-M526-Mutationen (siehe Kapitel 13). Eine Synthese aus klimatischen, genetischen und archäologischen Erkenntnissen legt nahe, dass sich irgendwo in der Steppe NO-M214 aus KR-M526 entwickelt hat. Dann kam es zu einer weiteren Populationsspaltung. Eine Gruppe trug NO-M214 aus Zentraleurasien nach Osteuropa. Die andere Gruppe trug NO-M214 von Mitteleurasien ostwärts nach China und in die Mongolei.

2.2. Diversifizierung der Haplogruppe N-M231.

Die Haplogruppen N-M231 und O-M175 entwickelten sich vor etwa 42.000 Jahren aus NO-M214 (Poznik et al. 2016). Die genetischen und paläoklimatologischen Belege (z. B. Shi et al. 2013) legen nahe, dass dies in China geschah. Zusätzliche Unterstützung kommt von einem 2015 veröffentlichten Bericht von Hu et al. Die Haplogruppe N-M231 hat zwei interne Hauptunterteilungen, N1a-F1206 und N1b-F2930. Laut Hu et al. (2015) haben sich beide Mutationen vor etwa 16.000 Jahren in China entwickelt. Wie bereits oben erwähnt, wurde N1b-F2930 schließlich zur dominanten Variante der Haplogruppe N-M231 in Ostasien, während N1a-F1206 die N-M231-Variante in Nordeurasien repräsentiert.

Aus klimatologischer Sicht fand die Entwicklung von N1a-F1206 und N1b-F2930 kurz nach dem Ende der letzten Eiszeit und dem Beginn des Holozäns statt. Wie bereits erwähnt, verblieb N1b-F2930 in Ostasien und N1a-F1206 breitete sich schließlich nach Norden aus. Diese Diversifizierung von N-M231 in nordeurasische und ostasiatische Varianten stimmt mit einem Expansionsmodell überein, das Xue et al. in ihrer Studie von 2006 vorgestellt haben. In ihrem Bericht wurden Haplogruppen- und Short-Tandem-Repeat-Daten des Y-Chromosoms analysiert. Die Forscher stellten fest, dass es um die Zeit des letzten glazialen Maximums in Nordchina zu einer erheblichen Bevölkerungsexpansion kam. Die Populationen in Zentralchina begannen jedoch erst viel später, etwa zu Beginn des Holozäns, zu expandieren. Den Forschern zufolge expandierten die pleistozänen Populationen in Nordchina, weil sie die reichhaltigen Nahrungsressourcen in den so genannten „Mammutsteppen“ nutzen konnten.

Ein Großteil der veröffentlichten Daten zu N1a-F1206-Mutationen konzentriert sich auf die N1a-M46-Mutation und ihre Verbreitung in Nordeurasien. Die wichtigste N1a-M46-Studie wurde von Ilumae et al. (2016) veröffentlicht. Die Forscher berichten, dass sich N1a-M46 vor etwa 13.000 Jahren entwickelt hat. Diese Datierung und die zeitgenössische geografische Verbreitung deuten darauf hin, dass N1a-M46 ein genetisches Relikt der Wiederausbreitung des Menschen in Nordeurasien zu Beginn des Holozäns ist.

Abschnitt 3. Die Rentierhypothese und die N1a-M46-Variation in Eurasien.

3.1. Einleitung.

Ilumae et al. (2016) schlagen vor, dass die schnelle bidirektionale Ausbreitung von N1a-M46-Mutationen in ganz Eurasien durch das kulturelle Phänomen Seima-Turbino und die Metallurgie angetrieben wurde. Ihr Modell ist jedoch problematisch, weil es die Ausbreitung von N1a-M46 nicht mit dem Fortpflanzungserfolg in Verbindung bringt, was die Y-Chromosom-Daten eindeutig nahelegen. Die *Rentier-Hypothese*, ein alternatives Modell, das anthropologische und paläoklimatologische Perspektiven einbezieht, legt vielmehr nahe, dass die rasche bidirektionale Ausbreitung von N1a-M46-Mutationen in ganz Eurasien durch die Domestizierung von Rentieren angetrieben wurde.

3.2. Domestizierung von Rentieren und Reproduktionserfolg.

Rentiere, sowohl wilde als auch domestizierte, sind in den Kulturen Nordeurasien seit über 40.000 Jahren eine wichtige Nahrungsquelle. Um die Bedeutung dieser Ressource bei den prähistorischen Jägern und Sammlern der Region zu verstehen, wird der Leser gebeten, die folgende Stellungnahme eines Anthropologen zu berücksichtigen, der sich auf diese Forschungsrichtung spezialisiert hat:

Es [das Rentier] dominierte zahlenmäßig und geografisch und wurde vom Menschen intensiver

genutzt als jedes andere Tier. Es war wichtiger als das nordamerikanische oder eiszeitliche europäische Wildrind, der Bison, das Mammut, das Mastodon oder das Pferd. Es war wichtiger als Robben und Wale in allen Ozeanen; wichtiger als Rotwild, Schwarz- und Weißwedelhirsche, und Elche. Er war wichtiger als die großen afrikanischen Herden von Antilopen, Zebras und Gazellen. Er und seine Jäger besetzten die Hälfte des Landes nördlich des Äquators (Gordon (2003: 15).

Wildrentiere wandern vor allem im Frühjahr und Sommer durch die Tundra. Mehrere Faktoren beeinflussen dieses Verhalten, darunter das Vorhandensein oder Fehlen von Futter, die Schneehöhe, Mücken und das Gefrieren und Auftauen von Flüssen (Baskin 1986). Prähistorische Jäger und Sammler fingen die wandernden Rentierherden oft an strategisch günstigen Stellen ab, etwa an Flussübergängen (z. B. Baskin 2003). Obwohl Rentiere für diese Jäger und Sammler eine hervorragende Proteinquelle darstellten, bedeutete der unvorhersehbare Wanderungszyklus dieser Tiere, dass sie nicht immer eine verlässliche Nahrungsquelle darstellten. Mit der Domestizierung dieses Tieres änderte sich diese Situation offensichtlich, und Rentierfleisch wurde zu einer zuverlässigen, ganzjährigen Nahrungsquelle.

Gordon befasst sich in seiner Arbeit von 2003 mit dem Zusammenhang zwischen der Fruchtbarkeit von Jägern und Sammlern und dem Migrationszyklus der Rentiere. Gordon zufolge benötigen Frauen mindestens 12 Prozent Körperfett, um schwanger zu werden, und 18 Prozent Körperfett, um ein Kind bis zur Geburt auszutragen. Ausgehend von den Daten, die er bei Jägern und Sammlern, die Rentiere ernten, gesammelt hat, werden die Frauen dieser Gruppen im Allgemeinen im späten Frühjahr schwanger, und ihre Kinder werden am Ende des folgenden Winters geboren. Dieses Muster von Empfängnis und Geburt bei weiblichen Jägern und Sammlern korreliert mit der Wanderung der Rentiere aus den Wäldern im frühen Frühjahr. Sie wandern nach Norden in die Tundra, wo die Kälber geboren werden und sich von den Flechten ernähren, die in diesem Gebiet reichlich wachsen. Auf der offenen Tundra können die Jäger und Sammler dieses Tier leicht erbeuten, was wiederum den Frauen die nötige Nahrung für die Empfängnis liefert. Wenn die Rentiere im Herbst in die Wälder zurückkehren, wird die Nahrung für die menschlichen Gesellschaften, die diese Tiere jagen, knapper, was die Empfängnis der Frauen behindert.

Der Zusammenhang zwischen dem menschlichen Fortpflanzungserfolg und dem Wanderungszyklus der Rentiere ist bedeutsam, da die Domestizierung der Rentiere den früheren Zyklus von Festen und Hungersnöten bei den mesolithischen Jägern und Sammlern in Nordeurasien durchbrach. Es entstand eine verlässlichere, ganzjährige Quelle für Fett und Eiweiß, was eine bessere Ernährung der Gruppe bedeutete. Dies wiederum führte zu einer höheren Fruchtbarkeit der Frauen und einem entsprechenden Rückgang der Kindersterblichkeit. Der bessere Fortpflanzungserfolg und die Notwendigkeit, domestizierte Rentierherden auf „grünere Weiden“ zu treiben, um eine schnell wachsende Bevölkerung zu ernähren, erklärt die rasche bidirektionale Ausbreitung von Mutationen der Haplogruppe N-M231 in ganz Eurasien.

3.3. Anthropologische und klimatische Perspektiven und die DNA der Rentiere.

Die Identifizierung des Ortes und des Zeitpunkts der Domestizierung von Rentieren trägt dazu bei, die heutige Verbreitung von N-M231-Mutationen mit einem größeren Fortpflanzungserfolg zu verbinden. Es sei darauf hingewiesen, dass unter den Experten auf diesem Gebiet zwei verschiedene Modelle der Rentierdomestikation kursieren (z. B. Gordon 2003). Die Diffusionstheorie besagt, dass Rentiere zunächst an einem einzigen Ort domestiziert wurden und sich die Zucht dieser Tiere später durch kulturellen Kontakt verbreitete. Die Evolutionstheorie besagt, dass die Domestizierung unabhängig voneinander in verschiedenen Gebieten entstanden ist. Zwei Berichte, Mirov (1945) und Gordon (2003), sprechen sich für einen einzigen Standort in der Nähe der Quelle des Flusses Jenissei in

der russischen Republik Tuwa aus. Beide Berichte stützen sich auf anthropologische Daten, darunter prähistorische Rentierpiktogramme, die in diesem Gebiet gefunden wurden.

Unterstützt wird die Diffusionstheorie durch genetische Daten, die bei Rentieren erhoben wurden. Røed et al. (2008) analysierten mitochondriale und Mikrosatelliten-Marker, die von wilden und domestizierten Herden in ganz Eurasien gesammelt wurden. Ihren Daten zufolge haben europäische und asiatische Rentiere einen gemeinsamen paläolithischen Ursprung, der sich während des Holozäns genetisch diversifizierte. Außerdem deuten die Daten auf eine unabhängige Domestizierung der Rentiere in Skandinavien und Nordrussland hin. Die Forscher konnten jedoch nicht feststellen, ob die Domestizierung in Nordrussland an einem einzigen Ort in dieser riesigen Region stattfand oder ob die Domestizierung unabhängig an mehreren verschiedenen Orten stattfand. Ihrem Bericht zufolge wurde ein Großteil der genetischen Geschichte der Rentiere in Nordrussland durch die langjährige Praxis der Aufstockung domestizierter Herden mit Rentieren aus Wildbeständen ausgelöscht. Trotz der Einschränkungen ihrer Arbeit bieten die Forscher einen wichtigen Hinweis darauf, wo die Rentiere zuerst domestiziert wurden. Sie stellten fest, dass wilde Rentiere aus der Tundra der Ursprung der domestizierten Rentiere waren. Dies ist eine wichtige Schlussfolgerung, da sie eine Unterart des Rentiers ausschließt, die sich während des Holozäns in den borealen Wäldern (oder Taiga) südlich der eurasischen Tundra entwickelt hat. Die Domestizierung des Rentiers fand vielmehr weiter nördlich in der Nähe des Polarkreises statt.

Die anthropologischen Perspektiven von Mirov (1945) und Gordon (2003) sowie die genetischen Daten der Rentiere von Røed et al. (2008) legen nahe, dass Rentiere ursprünglich in der Nähe der Taymyr-Halbinsel im Norden Russlands domestiziert wurden. Diese Annahme wird durch die Beobachtung gestützt, dass die größte Wildrentierherde der Welt auf der Taymyr-Halbinsel zu finden ist (z. B. Pavlov 1994; Kolpaschikov 2015). In der Nähe dieses Ortes im Norden Russlands mündet der Jenissei in den Arktischen Ozean. Die Wildrentiere der Taymyr-Halbinsel wandern im Frühjahr nordwärts auf die Halbinsel. Wenn der Herbst naht, wandern sie nach Süden in die borealen Wälder, um den Winter am Jenissei zu verbringen (Baskin 1986). Die paläoklimatologischen Daten deuten darauf hin, dass die Domestizierung der Rentiere vor etwa 5.000 Jahren stattfand. Zu diesem Zeitpunkt hatte sich die Tundra in Nordeurasien endgültig bis zum Polarkreis zurückgezogen (Binney et al. 2016).

Abbildung 15.1: Die Halbinsel Taymyr und der Fluss Jenissei.



Leonid Khlobystin (1931-1988) war ein bekannter Archäologe in der ehemaligen Sowjetunion. Vieles von dem, was wir über die Vorgeschichte der Taymyr-Halbinsel wissen, stammt aus einer

Monografie, die 1998 posthum in russischer Sprache veröffentlicht wurde, sowie aus einer späteren englischen Übersetzung seiner Arbeit durch die Smithsonian Institution im Jahr 2005. Es erübrigt sich zu erwähnen, dass seine Forschungen einen enormen Beitrag zur Entschlüsselung des Wann und Wo der Rentierdomestikation leisten. Nun zur Übersetzung von 2005, *Taymyr: The Archaeology of Northernmost Eurasia (Die Archäologie des nördlichsten Eurasiens)*, finden die Forscher eine nützliche Erörterung des ökologischen Übergangs in dieser Region, der mit einer vergletscherten Landmasse vor etwa 20 000 Jahren beginnt. Die Diskussion endet mit dem heutigen Tundra-Ökosystem, das die großen Rentierherden auf der Halbinsel ernährt. Diese Diskussion ist nützlich, weil sie definiert, wann das Rentier in der Region auftauchte. Das war wahrscheinlich vor etwa 8.000 Jahren, ein Zeitpunkt in der Klimaaufzeichnung, der auf eine Verbesserung der extremen Wetterbedingungen des Pleistozäns im Holozän folgt.

In seiner Erörterung der archäologischen Aufzeichnungen (siehe 2005: 24-27) schlägt Khlobystin vor, dass die dauerhafte menschliche Besiedlung der Taymyr-Halbinsel sicher auf vor etwa 6.000 Jahren datiert werden kann. Diese Schlussfolgerung stützt sich auf Radiokarbondaten, die von der Stätte Tagenar VI stammen. Neuere und zuverlässigere Radiokarbondaten datieren jedoch die Ankunft der kammkeramischen Kultur in Skandinavien auf etwa 6.000 Jahre (siehe Abschnitt 4.3 dieses Kapitels für weitere Einzelheiten). Für die Zwecke dieser Diskussion verschieben die skandinavischen Daten die Besiedlung des Taymyr-Gebietes noch weiter in die Vergangenheit, auf mindestens 8.000 Jahre vor heute. Diese Schlussfolgerung ergibt sich aus der engen genetischen und sprachlichen Verwandtschaft zwischen den heutigen Finnen, Sámi und Nenzen.

Auf der Grundlage der Analyse von Steinwerkzeugen (2005:38) bringt Khlobystin die menschliche Besiedlung der Taymyr-Halbinsel mit dem mesolithischen Volk der Sumnagin in Verbindung. Nach Khlobystin entstand diese kulturelle Tradition in der Nähe des Baikalsees. Vor ihrer Ankunft auf der Taymyr-Halbinsel hatten sie das Becken des Jenissei-Flusses bewohnt, das zwischen dem Baikalsee und der Taymyr-Halbinsel liegt.

Khlobystin (2005: 186-193) erörtert auch die Entwicklung der Rentiernahrungswirtschaft auf der heutigen Taymyr-Halbinsel. Diese Subsistenzstrategie basiert auf der Haltung großer Herden domestizierter Rentiere. Den historischen Aufzeichnungen zufolge sind die Nenzen, eine samojedisch sprechende Kultur, die heutigen Nachkommen prähistorischer Völker, die diese Technik schließlich perfektioniert haben. Die Fähigkeit, große Rentierherden zu halten, hatte eine Übergangsphase, die während des Mesolithikums begann. Khlobystin zufolge hielten sich die Jäger und Sammler eine kleine Anzahl domestizierter Rentiere, die nur bei einer Hungersnot gegessen wurden. Vielmehr halfen sie den Jägern, wenn sie Wildrentiere erlegten. Die domestizierten Rentiere dienten als Transportmittel, indem sie Schlitten zu und von den Wildrentierherden zogen. Außerdem dienten sie als Lockvögel, die es den Jägern ermöglichten, den Abstand zwischen ihnen und den Wildrentieren zu verringern. Der Übergang zu großen Herden domestizierter Rentiere wurde schließlich durch den Einsatz von Hunden zur Bewachung der Rentiere begünstigt. Außerdem wurden die Hunde eingesetzt, um die Rentiere auf der Suche nach Futter über weite Strecken der Tundra zu treiben.

3.4. Domestizierung von Rentieren und die N1a-M46-Mutation.

Der Leser wird auf die [ergänzende Tabelle 15.12 verwiesen](#). Die N1a-M46-Mutation erreicht eine signifikante Häufigkeit bei mehreren Populationen, bei denen die Rentierzucht derzeit oder in jüngster Zeit praktiziert wird. Besonders bemerkenswert an der Tabelle ist, dass sie einen ausgezeichneten Querschnitt der Populationen entlang der gesamten nördlichen eurasischen Landmasse darstellt: Sámi (Skandinavien); Komi (Wolga-Ural-Region), Selkuppen, Nganasanen, Nenzen, Chanten und Dolganen (Westsibirien); Sojot, Jakuten, Ewenken, Ewenen, Jukagiren und Dolganen (Zentralsibirien); Tuwiner und Tofalaren (Südsibirien); und Tschuktschen und Korjaken (Ostsibirien). Alte Y-Chromosom-Daten bringen die N1a-M46-Mutation möglicherweise mit den ersten

Rentierzüchtern auf der Taymyr-Halbinsel, der mesolithischen Sumnagin-Kultur, in Verbindung. Wie in Abschnitt 3.3. (oben) erwähnt, sind die Ursprünge der Sumnagin mit Jägern und Sammlern verbunden, die einst in der Nähe des Baikalsees lebten. Wie die [ergänzende Tabelle 15.11](#) zeigt, wurde die N1a-M46-Mutation in zwei Überresten gefunden, die aus dem Lokomotive-Friedhof stammen, einer archäologischen Stätte im Angara-Tal, etwa 70 Kilometer flussabwärts vom Baikalsee. Eine Gruppe von Überresten gehört zu einem Individuum, das vor etwa 7.600 Jahren starb. Eine andere Gruppe stammt aus der Zeit vor etwa 5.600 Jahren. Diese Daten deuten darauf hin, dass die heutigen Rentierzüchter die N1a-M46-Mutation vom prähistorischen Volk der Sumnagin geerbt haben.

Es ist hervorzuheben, dass mesolithische Jäger und Sammler mit der Mutation N1a-M46 und Rentiere gemeinsam entlang des Jenissei-Flusses wanderten. Auf der Taymyr-Halbinsel stießen sie dann auf eine geografische Sackgasse. Bisherige detaillierte klimatologische und archäologische Daten deuten darauf hin, dass dies vor etwa 8.000 Jahren geschah. Das Ende dieser Wanderung, wie es diese Daten nahelegen, korreliert gut mit dem Beginn der Domestizierung der Rentiere, wie es die anthropologische Perspektive der Daten nahelegt. Nach Khlobystin und seiner Interpretation der archäologischen Aufzeichnungen (2005: 186-193) kam es bei den prähistorischen Völkern der Halbinsel infolge der Rentierzucht zu einem schnellen Bevölkerungswachstum. Khlobystin geht außerdem davon aus, dass der Übergang zu einer groß angelegten Rentierzucht die Menschen dazu zwang, ihre Rentiere über weite Teile der Tundra zu treiben.

Die im obigen Absatz vertretene Position, dass die Domestizierung des Rentiers zu einem größeren Reproduktionserfolg des Menschen führte und dass dieser Erfolg die bidirektionale menschliche Expansion in ganz Eurasien vorantrieb, wird nicht nur durch die archäologischen Aufzeichnungen, sondern auch durch die zeitgenössischen N1a-M46-Daten von Ilumae et al. (2016) unterstützt. Laut der Studie gehören zu den informativen Markern, die von N1a-M46 stromabwärts sind, die folgenden Mutationen: N1a-B211, N1a-Z1936, N1a-M2019, N1a-VL29, N1a-B479, N1a-F4205, und N1a-B202. Die Analyse der Daten legt Folgendes nahe: (1) sie alle haben sich vor 4.000 bis 5.000 Jahren entwickelt; (2) ihre heutige geografische Verbreitung stellt eine Ost-West- oder West-Ost-Ausbreitung von genetischen Mutationen über Nordeurasien dar, die phylogenetisch eng beieinander liegen; (3) die Ausbreitung endete an geografischen Punkten, die etwa 8.000 Kilometer voneinander entfernt sind; und (4) ihre Ausbreitung über Eurasien war schnell.

Abschnitt 4. Bedeutung von N-M231 für Linguisten.

4.1. Das Uralische und die Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung.

Ethnologue (2018) verzeichnet 37 uralische Sprachen. Derselben Quelle zufolge sprechen rund 20 Millionen Menschen eine uralische Sprache. Ungefähr die Hälfte dieser Zahl entfällt auf Ungarisch. Darüber hinaus stellen Finnisch mit 5,2 Millionen Sprechern und Estnisch mit einer Million Sprechern uralische „Schwergewichte“ dar. Auffallend ist die mäßige bis starke Häufigkeit von stromabwärtigen N1a-M46-Mutationen in vielen uralisch sprachigen Populationen. Diese Daten liefern zusätzliche Unterstützung für die *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung*, d. h. für die Idee, dass die neolithische Transformation eine gute Korrelation zwischen der anfänglichen Ausbreitung der frühen Landwirtschaft und der heutigen Verbreitung vieler Sprachfamilien in der Welt bietet. Wie sich der Leser vielleicht erinnert, waren an der neolithischen Transformation Bauern beteiligt, die Feldfrüchte anbauten, und Viehzüchter, die Tiere domestizierten. Ein besonders deutliches Beispiel für frühen Tierhaltung und die Ausbreitung von Sprachen findet sich in Südwestasien und Nordafrika. Hier förderte die Domestizierung von Schafen und Ziegen die Ausbreitung der afroasiatischen Sprachen (siehe Kapitel 10). In ähnlicher Weise führte die Domestizierung von Rentieren in Nordeurasien zu einer ersten Ausbreitung der uralischen Sprachen. Die Ausbreitung der afroasiatischen und uralischen Sprachen hat auch eine genetische „Narbe“ hinterlassen. In Südwestasien und Nordafrika stellt die Mutation J1-M267 ein genetisches Relikt der Ausbreitung des Afroasiatischen dar (siehe Kapitel 10). Im

Uralischen ist das genetische Überbleibsel N1a-M46.

4.2. Linguistische Beziehungen innerhalb des Uralischen.

Abbildung 15.2 (unten) zeigt eine traditionelle Ansicht der hierarchischen sprachlichen Beziehungen innerhalb der uralischen Sprachfamilie. Campbell und Poser (2008) weisen darauf hin, dass dieser Baum das Ergebnis von mehr als 500 Jahren vergleichender Sprachforschung ist, die den Weg für andere Sprachwissenschaftler geebnet hat. Außerdem betonen beide Forscher, dass das Uralische „gut erforscht“ und „gut dokumentiert“ ist. Daher sollten die jüngsten Bemühungen, die sprachlichen Beziehungen innerhalb des Uralischen zu verfeinern, sorgfältig geprüft werden. Mit anderen Worten, Linguisten sollten es sich sorgfältig überlegen, bevor sie den traditionellen Baum mit dem „Kamm-Modell“ aufgeben, das von Ethnologue und Glottolog befürwortet wird. Siehe Abbildung 15.3 (unten). Während viele der Knoten im traditionellen binären Baum nicht durch phonologische Rekonstruktionen gestützt werden (z.B. Salminen 2007; Aikio in press), bieten morphologische Tendenzen unter den uralischen Sprachen wohl eine solide Unterstützung für den traditionellen „binären Baum“ (siehe Suikkonen 2002; Janhunen 2009).

Genetische und anthropologische Daten unterstützen den traditionellen binären uralischen Stammbaum. Dieses Modell definiert das Samojedische und das Finno-Ugrische als die beiden Hauptabteilungen der sprachlichen Distanz innerhalb der Sprachfamilie. Wie in Abschnitt 3 (oben) dargelegt, sind die Nenzen die nächsten zeitgenössischen Vertreter einer prähistorischen Bevölkerung, die uralischen Sprachen nach Skandinavien brachte. Dies ist sprachwissenschaftlich bedeutsam, da die Sprache der Nenzen dem samojedischen Zweig der uralischen Sprachen zugeordnet wird. Zurück zur anthropologischen Perspektive leben die Nenzen in der Nähe der Taimyrhalbinsel, wo das Rentier ursprünglich domestiziert wurde (siehe Abschnitt 3 dieses Kapitels). Außerdem haben die Nenzen traditionell Rentiere gezüchtet. Nun zu den genetischen Nachweisen gehören N1a-VL29 und N1a-Z1936 zu den informativen N-M231-Mutationen, die von Ilumae et al. in ihrem Bericht von 2016 identifiziert wurden. Beide Mutationen sind bei den samojedisch-sprechenden Nenzen in Nordsibirien vorhanden. Die gleichen Mutationen finden sich bei den finno-ugrisch-sprechenden Populationen Eurasiens einschließlich der Finnen und Sámi in Skandinavien (siehe [ergänzende Tabellen 15.5](#) und [15.7](#)). Eine Synthese aus genetischen, linguistischen, archäologischen und anthropologischen Gesichtspunkten legt also nahe, dass eine proto-uralisch-sprechende Bevölkerung irgendwo in der Nähe der Taymyr-Halbinsel lebte. Der samojedische Zweig steht für die sprachliche Diversifizierung des Proto-Uralischen unter denjenigen, die geblieben sind. Der finno-ugrische Zweig steht für die Diversifizierung unter denjenigen, die weggegangen sind.

4.3. Kammkeramik-Kultur.

Die sprachlichen und genetischen Daten stellen eine klare Verbindung zwischen den uralisch-sprechenden Völkern Skandinaviens, den Finnen und Sámi, und den Völkern Nordeurasiens her. Die Analyse der anthropologischen Daten wirft jedoch eine interessante Frage auf, die möglicherweise die Rentierhypothese untergräbt. Mehrere veröffentlichte Quellen (z. B. Zvelebil 2006) deuten darauf hin, dass die Sámi die Rentierzucht erst vor etwa vierhundert Jahren übernommen haben. Außerdem deuten, wie bereits erwähnt, genetische Daten von Rentieren auf eine unabhängige Domestizierung des Tieres in zwei verschiedenen Regionen hin, eine im nördlichen Eurasien und die andere in Skandinavien.

Abbildung 15.2. Traditionelles binäres Baummodell des Uralischen. Quelle: Campbell und Poser (2008: 89).

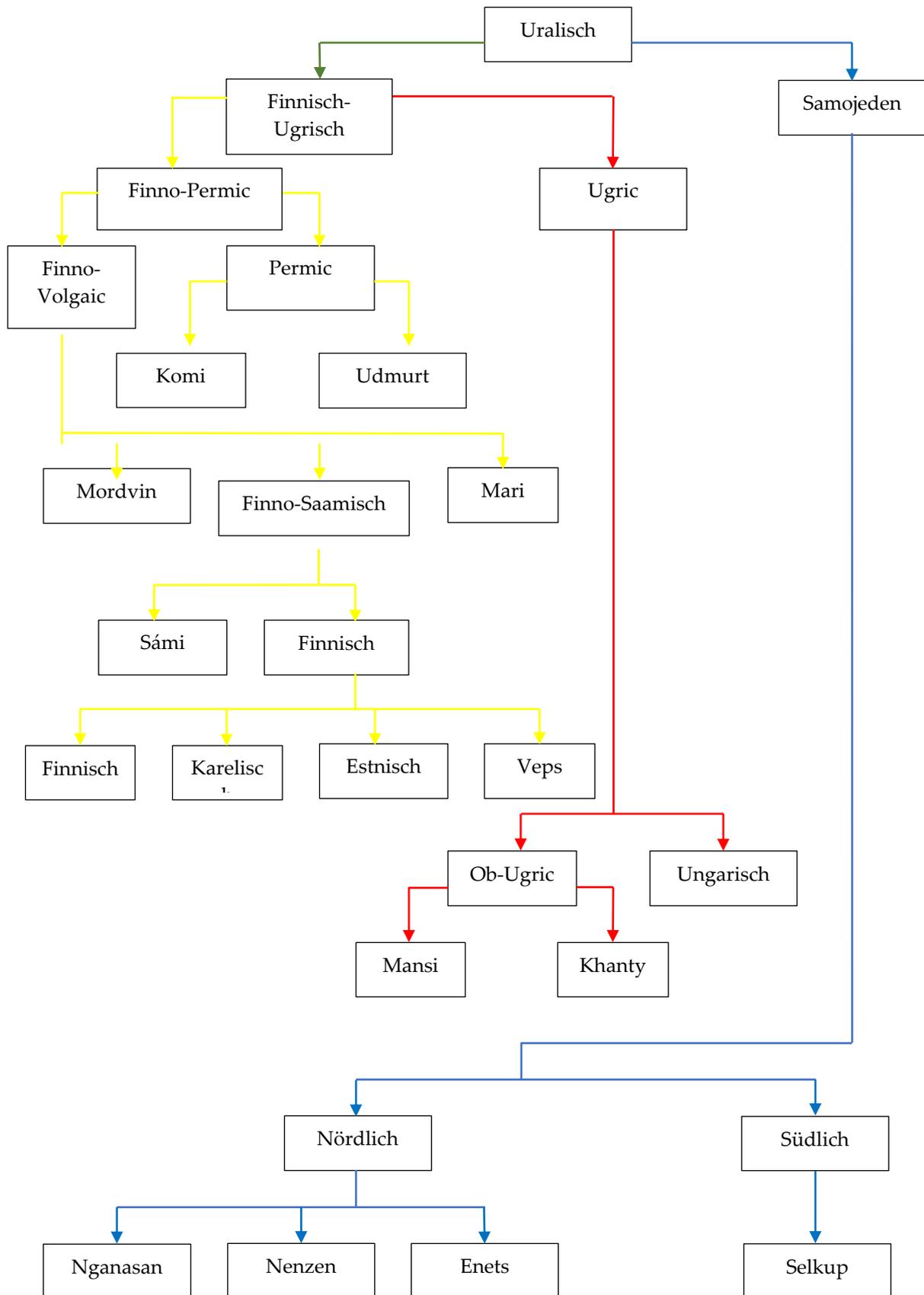
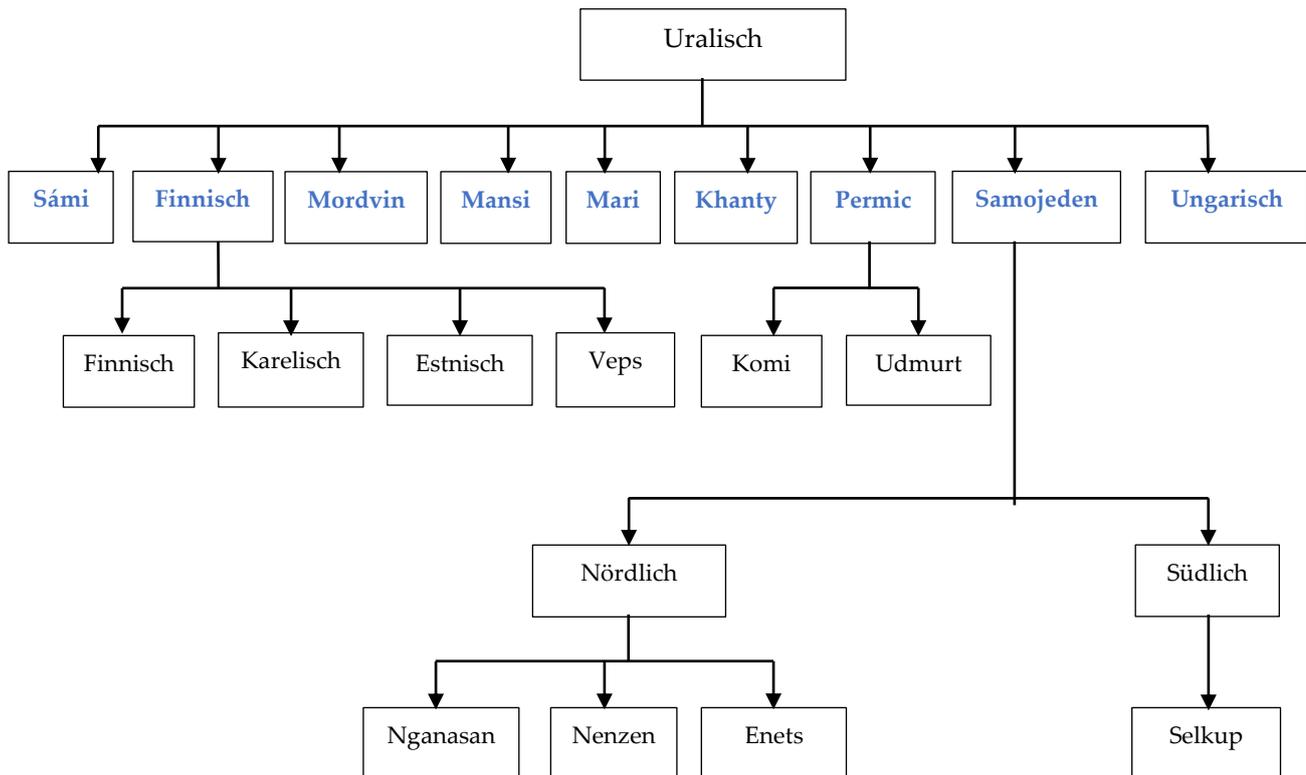


Abbildung 15.3. Das zeitgenössische „Kamm-Modell“ der uralischen Familie. Quelle: Glottolog 4.4.



Traditionell wird die Ankunft der uralischen Sprachen in Skandinavien mit der Ankunft der Kammkeramik-Kultur in Verbindung gebracht, die auch als die Grübchenkeramischen-Kultur bezeichnet wird (z. B. Siiräinen 2003: 51). Nach Radiokarbondaten geschah dies vor etwa 6.000 Jahren (z. B. Piliciauskas et al. 2019). Außerdem deuten die archäologischen Daten darauf hin, dass sie eine Subsistenzstrategie verfolgten, die auf Jagen und Sammeln und insbesondere auf der Ernte von Meeresressourcen basierte (z. B. Siiräinen 2003). Interessanterweise durchlief die Kammkeramische Kultur einen Prozess der „Entneolithisierung“, der im Baltikum vor der Expansion nach Skandinavien stattfand. Diese Schlussfolgerung ergibt sich aus einer kürzlich durchgeführten Analyse der Siedlungsmuster der Kammkeramischen Kultur sowie der auf ihrer Keramik gefundenen Milchreste (Piliciauskas et al. 2020). Die Analyse deutet darauf hin, dass die Kammkeramische Kultur im Ostseeraum zunächst Rinderzucht statt Rentierzucht betrieb. Irgendwann kamen sie offenbar zu dem Schluss, dass Rinder die Mühe nicht wert waren, und wandten sich den reichhaltigen Meeresressourcen der Ostsee zu.

Die Rentierhypothese stellt nach wie vor ein solides Modell für die uralische Expansion dar, auch wenn einige der uralisch sprachigen Kulturen während der Bronzezeit die Rinderhaltung übernahmen. Die Domestizierung des Rentiers führte zu einem größeren Reproduktionserfolg. Dadurch entstand ein Bevölkerungsdruck, der die Hirten in ein neues Ökosystem zwang, das keine großen Rentierherden mehr zuließ. Die Rinderhaltung wurde so zu einer Anpassung an die Umwelt. Interessanterweise experimentierte die Kammkeramik-Kultur, wie bereits erwähnt, mit der Viehzucht, bevor sie die Landwirtschaft ganz aufgab. Für Linguisten ist die obige Diskussion über die Kammkeramik-Kultur eine Hilfe bei der Modellierung der Vorgeschichte der Sprache. Diese Daten verdeutlichen einen von mehreren Wegen, die das heutige Muster der globalen Sprachvariation erklären. Interessanterweise ist eine Rückkehr zur Nahrungssuche, wie sie bei den prähistorischen Vorfahren der Sámi und Finnen zu beobachten ist, selten. Die siouanisch-katawanischen Völker und

Sprachen der nordamerikanischen Great Plains könnten ein weiteres Beispiel für dieses Phänomen sein (siehe Kapitel 17).

4.4. Das Ungarische.

Die Mutation N1a-M46 kommt in vielen Populationen, die eine uralische Sprache sprechen, erstaunlich häufig vor, z. B. bei 93 Prozent der Nenzen, 54 Prozent der Finnen und 31 Prozent der Esten (z. B. Ilumae et al. 2016). Obwohl sie eine uralische Sprache sprechen, sind die Haplogruppe N-M231 und ihre stromabwärtigen Varianten bei den Ungarn jedoch fast völlig abwesend (z. B. Völgyi et al. 2008). Während die genetische Geschichte der Finnen und Sámi darauf hinweist, dass eine Bevölkerungsexpansion das Potenzial hat, die Sprachlandschaft einer Region zu verändern, zeigt die genetische Geschichte der Ungarn, dass eine Bevölkerungsexpansion keine Voraussetzung für eine sprachliche Expansion ist. Ein solches Szenario für die ungarische Sprache stimmt mit den historischen Aufzeichnungen überein. Eine relativ kleine Bevölkerung aus Zentralasien, die Magyaren, drangen im vierten Jahrhundert nach Europa ein. Später wechselte eine viel größere mitteleuropäische Bevölkerung zur Sprache ihrer Eroberer aus dem Osten.

Obwohl die Magyaren so gut wie nichts zur heutigen Y-Chromosom-Vielfalt der Ungarn beigetragen haben, wurde in einer neueren genetischen Studie das Mansen Volk in Westsibirien als mögliche Ursprungspopulation für die magyarische Invasion identifiziert. Laut Fehér et al. (2015) verbindet die Mutation N1a-L1034 die heutigen Mansen und Ungarn. Aus der Perspektive des traditionellen uralischen Stammbaums (siehe Abbildung 15.2 oben) sind das Mansische und Ungarische zwei verschiedene Unterzweige der ugrischen Sprachen, und als solche stehen sie sich linguistisch nahe. Somit scheinen die linguistischen und genetischen Daten übereinzustimmen.

4.5. Das Nordgermanische.

Innerhalb Skandinaviens besteht das traditionelle Muster der Sprachvariation aus Sprachen, das Nordgermanische, Finnische und Sámsche. N1a-M46 scheint die genetische Signatur der uralisch sprechenden Finnen und Sámi zu sein, da die Mutation in beiden Populationen mäßig bis stark ausgeprägt ist und ihre Häufigkeit in ethnischen Gruppen, die eine nordgermanische Sprache sprechen, vergleichsweise gering ist. So kommt N1a-M46 beispielsweise bei den Dänen praktisch nicht vor (Sanchez et al. 2004). Unter den Norwegern haben weniger als drei Prozent die Mutation (Dupuy et al. 2006). Bei den Schweden liegt die Zahl zwischen 10 und 14 Prozent (Karlsson et al. 2006; Lappalainen et al. 2006). Die I1a-M253-Mutation scheint dagegen in allen skandinavischen Populationen gleichmäßiger verteilt zu sein. Sie ist bei etwa einem Drittel der Finnen und Sámi vorhanden (Tambets et al. 2004; Lappalainen et al. 2006). Ähnliche Häufigkeiten werden bei Dänen, Norwegern und Schweden festgestellt (siehe Kapitel 10).

Die Daten für N1a-M46 und I1-M253 in skandinavischen Populationen zeigen, dass der Sprachkontakt in dieser Region der Welt ein wichtiger Bestandteil der sprachlichen Entwicklung ist. Linguistisch untermauert wird diese Schlussfolgerung durch finnische Entlehnungen aus dem Germanischen. Diese Daten lassen auf einen kulturellen Austausch zwischen den uralischen und Germanen des prähistorischen Skandinaviens schließen. Fromm (1977) zum Beispiel argumentiert, dass diese Lehnwörter auf die Anwesenheit der Germanen in Mittelschweden während der Bronzezeit vor etwa 3.000 Jahren hinweisen. Da sich das Finnische in den letzten beiden Jahrtausenden relativ wenig verändert hat, geht man außerdem davon aus, dass die germanischen Entlehnungen im Finnischen ein gut erhaltenes Abbild der frühen germanischen Phonologie und Morphologie darstellen (z. B. Loikala 1977: 229-230). Schließlich weisen die sprachlichen Belege auch auf prähistorische Kontakte zwischen den Sámi und germanischen Stämmen hin (siehe Aikio 2020).

4.6. Die Ostsee.

Litauen hat eine gemeinsame Grenze mit Lettland, und Lettland hat eine gemeinsame Grenze mit Estland (siehe Kapitel 10 und Abbildung 10.4: Europa und die Ostsee). Die Letten und Litauer sprechen Sprachen, die zu den baltischen Sprachen der indoeuropäischen Sprachfamilie gehören. Die Esten hingegen sprechen eine uralische Sprache, die zum finnischen Zweig gehört. Laitinen et al. (2002) vermuten aufgrund ihrer Bewertung der genetischen Daten, dass Letten, Litauer und Esten von einer gemeinsamen Population abstammen, da die Häufigkeit der N1a-M46-Mutation in allen drei Populationen ähnlich ist (siehe auch [ergänzende Tabelle 15.3](#)). Sie untermauern ihre Schlussfolgerung mit Belegen aus archäologischen Aufzeichnungen und einem uralischen Relikt, das in der lettischen Sprache gefunden wurde. Der Studie zufolge deutet dies darauf hin, dass die Esten ihre angestammte Sprache beibehalten haben, während die Letten und Litauer die Sprache gewechselt haben, vielleicht als Folge der slawischen Expansion. Neuere, höher aufgelöste Daten von Ilumae et al. (2016) bestätigen diese Hypothese. Wie die [ergänzende Tabelle 15.7](#) zeigt, macht die N1a-VL29-Mutation etwa ein Drittel der genetischen Variation zwischen Letten, Litauern und Esten aus. Dieselben Daten verbinden auch baltische Populationen mit samojedischen Populationen in Nordsibirien sowie mit den Finnen und Sámi in Skandinavien.

4.7. Ostslawisch.

Die Russen sprechen eine indoeuropäische Sprache das zum ostslawischen Zweig gehört. Bei den Russen deutet die N1a-M46-Mutation möglicherweise auf das genetische Erbe von Populationen hin, die vor etwa 1.500 Jahren vom Uralischen zum Slawischen wechselten. Es ist anzumerken, dass der größte Teil der N1a-M46-Variation unter Russen N1a-Z1936 und N1a-VL29 zu sein scheint (siehe [ergänzende Tabellen 15.5](#) und [15.7](#)). Darüber hinaus wird die Häufigkeit der Haplogruppe N1a-M46 unter ethnischen Russen stark von der Geografie beeinflusst, wobei die Häufigkeit von Norden nach Süden abnimmt. Im Norden Russlands haben etwa 43 Prozent der ethnischen Russen die Mutation, während die Häufigkeit im Süden auf 10 Prozent abnimmt (Balanovsky et al. 2008). Dieses Häufigkeitsmuster ist ein wichtiger Bestandteil eines Modells, das die Ursprünge der slawischen Sprachen insgesamt erklärt. Insbesondere ist der Übergang zum Slawischen in Osteuropa ohne eine große Bevölkerungsexpansion aus einem proto-slawischen Urheimatland erfolgt. Eine weitere Schlüsselkomponente des slawischen Expansionsmodells sind stromabwärtige Varianten der R1a-M420-Mutation. Weitere Einzelheiten folgen in Kapitel 18.

4.8. Die Altaischen Sprachen.

Für die Zwecke der vorliegenden Diskussion bezieht sich Altaisch auf mögliche räumliche Beziehungen als auf eine gemeinsame Vorgängersprache für die Turksprachen, das Tungusische und das Mongolische. Die [ergänzenden Tabellen 15.2](#) und [15.3](#) zeigen, dass die Mutationen N1a-P43 und N1a-M46 nützliche Marker für die Entschlüsselung der linguistischen Vorgeschichte aller drei Sprachfamilien sind. Die Daten aus beiden Tabellen werfen auch die interessante Frage auf, ob N1a-P43 und N1a-M46 paläolithische Relikte sind oder ob sie eine jüngere Bevölkerungsexpansion im Zusammenhang mit der *Rentierhypothese* definieren. Die N1a-M46-Daten für altaisch sprachige Rentierzüchter deuten auf eine rezente Expansion (siehe [ergänzende Tabelle 15.12](#)). Eine solche Position wird auch durch informative N1a-M46-Varianten für die altaischen Populationen insgesamt unterstützt. An dieser Stelle wird der Leser auf die [ergänzende Tabelle 15.6](#) verwiesen. Die Mutation N1a-M2019 scheint ein wichtiger Marker für die Erforschung der genetischen Geschichte der tungusischen und turksprachigen Bevölkerung in Zentralsibirien zu sein. Die Mutation N1a-F4205 hingegen ist ein wichtiger Marker bei den mongolisch sprechenden Völkern in Ostasien (siehe [ergänzende Tabelle 15.8](#)). Schließlich erreicht die N1a-B479-Mutation eine Häufigkeit von etwa 40

Prozent bei den Nanai, einer tungusisch sprechenden Bevölkerung in Ostasien und Russland (Illumae et al. 2016).

Wie bereits in Kapitel 7 beschrieben, erreicht die C2-M217-Mutation eine signifikante Häufigkeit in vielen der altaisch sprechenden Populationen auf. In diesen Populationen sollte C2-M217 als der mutmaßliche altaische Marker angesehen werden, während N1a-M46 ein uralischer Marker ist. Das Fehlen von C2-M217 in einer altaischen Population könnte daher auf eine Sprachverschiebung bei den uralisch sprachigen Rentierzüchtern hindeuten. Dies scheint bei den Jakuten der Fall zu sein, turksprachigen Rentierzüchtern, bei denen die Mutation N1a-M46 eine Häufigkeit von 90 Prozent erreicht. Alternativ könnten altaisch sprachige Populationen mit C2-M217- und N1a-M46-Beimischungen auf eine Bevölkerungsgeschichte hindeuten, die eine Assimilation einer kleineren uralisch sprachigen Gruppe durch eine größere altaisch sprachige Bevölkerung beinhaltet. Diese Assimilation kann die Subsistenzstrategie innerhalb der neuen gemischten Bevölkerung verändert haben oder auch nicht. Tuwiner und Burjaten sind zum Beispiel zwei altaische Populationen, die signifikante Häufigkeiten von C2-M217 und N1a-M46 aufweisen. Die Tuwiner haben Rentiere gehütet, während die Burjaten diese Subsistenzstrategie offenbar nie angewandt haben (Mirov 1945).

Überraschenderweise konnte bei der Durchsicht der verfügbaren Daten die Haplogruppe C2-M217 in den heutigen uralisch sprachigen Populationen nicht nachgewiesen werden. Während die Daten also eine Sprachverschiebung vom Uralischen zu einer Turksprache unterstützen, eine Verschiebung in die entgegengesetzte Richtung, von einer Turksprache zum Uralischen, wird durch die verfügbaren Y-Chromosom-Daten nicht unterstützt.

4.9. Das Altaische und Transeurasische.

Auffällige lexikalische und grammatikalische Ähnlichkeiten, die zwischen dem Japanischen, Koreanischen, Tungusischen, Mongolischen und den Turksprachen gefunden wurden, haben das Interesse der Linguisten geweckt (z. B. Robbeets 2008). Die *Transeurasische Hypothese* wurde formuliert, um diese Ähnlichkeiten zu erklären (z.B. Robbeets 2017). Eine Annäherung an diese Hypothese aus der Perspektive der historischen Linguistik würde diese Sprachfamilien als Teil einer altaischen oder transeurasischen Makro-Sprachfamilie (oder Makro-Stamm) einordnen. Als solche werden die sprachlichen Ähnlichkeiten durch die Entwicklung des Japanischen, Koreanischen, Tungusischen, Mongolischen und der Turksprachen aus einer gemeinsamen proto-altaischen oder proto-transeurasischen Sprache erklärt. Stromabwärtige Varianten der Mutationen N1a-M46 und N1a-P43 erreichen eine signifikante Häufigkeit in einigen turksprachigen, tungusischen und mongolischen Völkern (siehe [ergänzende Tabellen 15.2](#) und [15.3](#)). Die Haplogruppe N-M231 ist jedoch nur bei vier Prozent der Koreaner (Park et al. 2012) und bei weniger als einem Prozent der Japaner vorhanden (Hammer et al. 2006; Sato et al. 2014). Leider haben Genetiker die Koreaner nicht auf informative stromabwärtige Varianten der Haplogruppe N-M231 hin sequenziert. Bei den Japanern deuten die begrenzten Daten von Hammer et al. (2006) darauf hin, dass der größte Teil der Variation der Haplogruppe N-M231 in dieser Bevölkerung aus N1b-F2930 besteht, einer Mutation, die in den altaisch sprachigen Populationen nicht vorkommt (siehe [ergänzende Tabelle 15.1](#)). Somit können die verfügbaren N-M231-Daten Japaner und Koreaner derzeit nicht mit der altaischen Komponente der Transeurasischen Hypothese in Verbindung bringen.

4.10. Paläosibirische Sprachen.

Der Begriff „Paläosibirisch“ stellt eine geeignete Makro-Familienbezeichnung für mehrere der kleinen nordeurasischen Sprachfamilien dar, darunter Jukagiren, Jenisseischen, Eskimo-Aleutisch und Tschuktscho-Kamtschadalischen sowie das Nivkh-Sprachisolat. Wer sich eingehender mit diesem Thema befassen möchte, ist Vajda (2009) sehr zu empfehlen. Nach Angaben des Forschers breitete sich die russische Sprache und Kultur um 1582 in Sibirien aus. Infolgedessen ist ein Großteil der

einheimischen sprachlichen und ethnischen Vielfalt der Region verloren gegangen.

Die N1a-M46-Mutation (siehe [ergänzende Tabelle 15.3](#)) erreicht eine signifikante Häufigkeit bei den Korjaken und Tschuktschen, zwei ostsibirischen Populationen, die eine tschuktscho-kamtschadalische Sprache sprechen. Außerdem findet sich dieselbe Mutation bei den Yupik, einem eskimo-aleutischen sprachigen Volk in derselben Region. Die von Illumae et al. (2016) berichteten höher aufgelösten Mutationen identifizieren die N1a-B202-Mutation als genetische Signatur dieser Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 15.9](#)). Schließlich erreicht die N1a-M46-Mutation eine signifikante Häufigkeit unter den zentralsibirischen Jukaghiren. Interessanterweise wurde die Haplogruppe N-M231 bei den Kets nicht nachgewiesen worden. Sie sind die einzige jenesische Bevölkerung, für die Daten vorliegen. Ebenso ist die Haplogruppe N-M231 bei den Niwchen nicht vorhanden (siehe Rootsi et al. 2007). Nach Vajda (2009) haben beide Gruppen nie die Weidewirtschaft übernommen, sondern sind Jäger und Sammler geblieben. Vielleicht erklärt diese Beobachtung die genetischen Daten.

Die beobachtete Häufigkeit der N1a-B202-Mutationen bei den Yupik, Tschuktschen und Korjaken unterstützt zusätzlich die *Rentier-Hypothese*, die besagt, dass ein besserer Fortpflanzungserfolg eine Bevölkerungsexpansion vom nördlichen Zentralsibirien bis zu einer geografischen Sackgasse am Beringmeer begünstigt hat. Eine weitere Unterstützung für diese Idee ergibt sich aus der Beobachtung, dass die Tschuktschen und Korjaken Rentierzucht betreiben. Leider waren Illumae et al. (2016) nicht in der Lage, die genetische Geschichte der Jukaghiren unterhalb der N1a-P298-Mutation zu identifizieren. Dies deutet darauf hin, dass ihre genetische Geschichte höher aufgelöste, stromabwärtige N1a-M46-Mutationen umfasst, die noch nicht entdeckt wurden.

Manchmal liefert das unerwartete Fehlen einer Haplogruppe innerhalb einer Population nützliche Daten für Forscher. Bei den Yupik, auch bekannt als sibirische Eskimos, liegt die Häufigkeit der Haplogruppe N-M231 bei etwa 50 Prozent der Bevölkerung (Illumae et al. 2016). Allerdings scheint die Haplogruppe N-M231 bei den nordamerikanischen Eskimos nicht vorhanden zu sein, obwohl sie, wie die Yupik, Sprachen sprechen, die zur eskimo-aleutischen Sprachfamilie gehören. Gründereffekt und genetische Drift könnten diese Beobachtung erklären. Alternativ könnten die Paläo-Eskimos vor der Ausbreitung der Haplogruppe N-M231 nach Ostsibirien über das Beringmeer nach Alaska gelangt sein. Eine andere Erklärung könnte sich aus dem Mangel an Y-Chromosom-Daten für die Ureinwohner Alaskas ergeben.

Abschnitt 5. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe N-M231.

Die genetischen, paläoklimatologischen und anthropologischen Beweise deuten darauf hin, dass sich NO-M214 vor etwa 47.000 Jahren in Zentralasien entwickelt hat. N-M231 entwickelte sich dann aus NO-M214 vor etwa 42.000 Jahren in China. Die Diversifizierung innerhalb von N-M231 begann kurz vor dem Ende der letzten Eiszeit mit der Entwicklung von N1a-F1206 und N1b-F2930. N1b-F2930 blieb in Ostasien. N1a-F1206 erzählt die Geschichte der genetischen Vielfalt in Nordeurasien.

N1a-M46 entwickelte sich vor etwa 13.000 Jahren in Nordchina oder der Mongolei. Mehrere informative stromabwärtige Marker innerhalb von N1a-M46 deuten auf eine rasche menschliche Expansion in beide Richtungen über das nördliche Eurasien vor etwa 15.000 hin. Einige Forscher führen diese Ausbreitung auf die Entwicklung der Metallurgie zurück. Die genetischen, paläoklimatologischen und anthropologischen Beweise deuten jedoch darauf hin, dass diese Expansion auf einen besseren Fortpflanzungserfolg zurückzuführen ist. Die rasche in beide Richtungen verlaufende Ausbreitung des Menschen in Nordeurasien steht also im Einklang mit der *Rentier-Hypothese*. Darüber hinaus erklärt die *Rentier-Hypothese* nicht nur eine Bevölkerungsexpansion, sondern auch die Ausbreitung der uralischen Sprachen. Damit liefert die Hypothese zusätzliche Unterstützung für ein globales Muster der sprachlichen Entwicklung, die der *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* folgt. Schließlich

verdeutlicht die Rentier-Hypothese die Rolle des Sprachkontakts bei der Entstehung der sprachlichen Vielfalt in Skandinavien, dem Baltikum, Osteuropa und Nordeurasien.

Es ist zu betonen, dass Hunderte von Kulturen und Sprachen über die riesige nordeurasische Landmasse verstreut sind. Die *Rentierhypothese* stellt kaum das letzte Wort zur Erforschung der enormen kulturellen und sprachlichen Vielfalt in dieser Region dar. Vielmehr stellt die Hypothese lediglich einen Ausgangspunkt für künftige linguistische Forschungen dar, die archäologische, historische, genetische, klimatologische und linguistische Perspektiven einbeziehen. Künftige Bemühungen um eine Verfeinerung dieses Sprachmodells müssen auch den Forschungsbestand berücksichtigen, der noch in russischer und finnischer Sprache veröffentlicht wird.

Eine bessere Aufklärung der Sprachvariation in Eurasien erfordert eine bessere Aufklärung der N1a-P43-Mutation. Die interne Phylogenie von N1a-P43 ist noch „unerforschtes Gebiet“. N1a-M46 stellt andererseits den bei weitem informativsten Zweig innerhalb von N-M231 dank Ilumae et al. (2016) und den von ihnen berichteten informativen stromabwärtigen Mutationen dar. Zusätzliche hochauflösende Sequenzierung von zuvor gesammelten N1a-M46-Proben wäre ebenfalls fruchtbar. Hochauflösende N1a-M46-Daten sind zum Beispiel nur für 39 Finnen verfügbar.

Kapitel 16: Haplogruppe O-M175.

Abschnitt 1. Heutige Verbreitung der Haplogruppe O-M175.

Der Leser wird nun auf die ergänzende [Tabelle 16.1](#) verwiesen. Wie die Tabelle zeigt, ist die Haplogruppe O-M175 ein besonders informativer Marker für die Entschlüsselung der Bevölkerungsgeschichte Ostasiens. Wang und Li (2013b) schätzen zum Beispiel, dass die Haplogruppe eine erstaunliche Häufigkeit von etwa 75 Prozent in der heutigen Bevölkerung Chinas erreicht. Neben Ostasien stellt die Haplogruppe O-M175 einen informativen Marker in den Populationen Südasiens, Insel Südasiens und Ozeaniens dar. Wie aus der Tabelle hervorgeht, erreicht die Haplogruppe O-M175 außerdem eine signifikante Häufigkeit in Populationen, die Sprachen der folgenden Sprachgruppen sprechen: Austroasiatisch, Austronesisch, Chinesisch, Drawidisch, Hmong-Mien, Indo-Arianisch, Japanisch, Koreanisch, Mongolisch, Tai-Kadai, Tibeto-Birmanisch und Tungusisch.

Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe O-M175.

2.1. Einleitung.

Die interne Phylogenie der Haplogruppe O-M175 ist komplex. Insgesamt sind fünf zusätzliche Abbildungen erforderlich, um mehrere linguistisch informative Mutationen, die mit der Haplogruppe assoziiert sind, darzustellen. Eine Zusammenfassung der Daten legt nahe, dass die O1a-M119-Mutation ein informativer Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte der austronesischen Sprachen ist. O1b-M95 hat sich als besonders starker Marker für austroasiatische Sprachen. Ein besonders informativer Marker für Japanisch und Koreanisch ist die O1b-SRY465-Mutation. Die Mutation O2a-002611 ist die genetische Signatur der chinesischen Sprachen. O2a-B451 ist die genetische Signatur der austronesischen Sprachen. Die interne Phylogenie von O2a-M117 muss noch besser aufgeklärt werden. Dennoch geben seine stromabwärtigen Varianten Aufschluss über die Vorgeschichte aller ostasiatischen Sprachfamilien. O2a-F114 ist eine Mutation, die mit den chinesischen Sprachen in Verbindung gebracht wird. Die Mutation O2a-M7 schließlich ist ein informativer Marker für die Hmong-Mien-Sprachen und die austroasiatischen Sprachen.

2.2. Marine Isotopenstufe 3.

Die heutige Verbreitung mehrerer Haplogruppen lässt sich durch Wanderungen über die eurasische Landmasse während der 3. Isotopenstufe vor etwa 50.000 Jahren erklären. Zu diesen Haplogruppen gehört O-M175. An dieser Stelle wird der Leser gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel anzusehen. Die NO-M214-Mutation ist eine stromabwärtige Variante von KR-M526. Datierungsschätzungen, die zuvor in Kapitel 15 vorgestellt wurden, legen nahe, dass NO-M214 vor etwa 47.000 Jahren in Mitteleurasien entstanden ist. Die Haplogruppen O-M175 und N-M231 entwickelten sich dann vor etwa 42.000 Jahren aus NO-M214.

Wie die [ergänzende Abbildung 16.1](#) und die [ergänzende Abbildung 16.2](#) zeigen, hat die Haplogruppe O-M175 zwei Hauptzweige innerhalb ihrer internen Phylogenie: O1-F265 und O2-M122. Daten von Poznik et al. (2016) deuten darauf hin, dass diese erste Diversifizierung der O-M175-Variante vor etwa 32.000 Jahren kurz vor dem letzten glazialen Maximum stattfand. Ausgehend von den archäologischen Belegen für den Erfolg der sogenannten Mammutsteppenkulturen fand diese Spaltung wahrscheinlich in der Mongolei oder in Nordchina statt.

2.3. Die 2. Sauerstoff-Isotopenstufe.

Der Beginn der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe vor etwa 26.000 Jahren fällt mit dem letzten glazialen Maximum zusammen. Die sich verschlechternden klimatischen Bedingungen in ganz Eurasien setzten die menschlichen Populationen unter Druck, nach Süden in Refugien auszuwandern. Diese Veränderung der klimatischen Bedingungen könnte beispielsweise die Ausbreitung der C2-M217-Mutationen im russischen Fernen Osten erklären (siehe Kapitel 7). In Westeuropa haben sich Jäger und Sammler mit I-M170-Mutationen in Iberien angesiedelt (siehe Kapitel 10). In ähnlicher Weise bietet das letzte glaziale Maximum eine teilweise Erklärung für die heutige Verbreitung der Haplogruppe O-M174 und ihrer phylogenetischen „Schwester-Kladen-Mutation“, der Haplogruppe N-M231.

Wie bereits in Kapitel 15 erörtert, deutet die heutige Verbreitung von N1a-F1206 in Nordeurasien darauf hin, dass Jäger und Sammler in Nordchina selbst während des letzten glazialen Maximums weiterhin die Großwildressourcen der „Mammutsteppe“ nutzten. Dennoch deuten archäologische, klimatologische und genetische Daten darauf hin, dass andere Jäger und Sammler von Sibirien aus nach Süden in Richtung Zentralchina und insbesondere in die Refugien entlang des Jangtse-Flusses wanderten. Ein starkes archäologisches Indiz für diese südliche Ausbreitung ist das plötzliche Auftauchen von Artefakten mit Mikroklingen in China, das vor etwa 23.000 Jahren stattfand. Nach Yi et al. (2015) wurde die Tradition der Herstellung von Mikroklingen-Werkzeugen zunächst in den Mammutsteppen Sibiriens perfektioniert, eine technologische Innovation, die den Bedürfnissen der an die Kälte angepassten Jäger und Sammler in dieser Region der Welt entsprach.

Was nun die klimatologische Perspektive betrifft, so wird in einer aktuellen Diskussion über den holozänen Übergang in Ostasien (Dennell et al. 2020) auch das chinesische Jangtse-Tal als potenzielles eiszeitliches Refugium genannt. Eine nützliche Computersimulationsstudie über eiszeitliche Refugien auf der eurasischen Landmasse (Gavashelishvili und Tarkhishvili 2016) legt nahe, dass das Gelände dieser Region zur Zeit des letzten glazialen Maximums aus Savannen und Wäldern bestand. Diejenigen, die um die Zeit des letzten glazialen Maximums in diese Region einwanderten, waren gezwungen, eine neue Subsistenzstrategie zu verfolgen. Für diese Menschen waren die großen Pflanzenfresser der eurasischen Steppen verschwunden. Stattdessen standen nun Niederwild und pflanzliche Ressourcen auf dem Speiseplan. Diese Position wird durch die Klimaaufzeichnungen gestützt. Dennell et al. definieren in ihrer Arbeit aus dem Jahr 2020 das Qinling-Gebirge in China als eine geografische Trennung zwischen Süd- und Nordchina. Diese Trennung wird von den Forschern als zwei unterschiedliche biogeografische Bereiche definiert. Die kühlen und trockenen Steppen Nordchinas, das so genannte „paläarktische Reich“, waren die Heimat der großen Pflanzenfresser. Die Savanne und die Wälder Südchinas, das so genannte „orientalische Reich“, waren aufgrund der sommerlichen Monsunregenfälle wesentlich feuchter und wärmer.

Die obige Erörterung des klimabedingten Wandels in der Subsistenzstrategie unterstreicht den Standpunkt, dass die Menschen in den Refugien am Jangtse-Fluss gedeihen und überleben konnten. Dies erklärt auch die Entwicklung mehrerer Linien der Haplogruppe O-M175 zu Beginn des Holozäns. O1a-M119 entwickelte sich vor etwa 15.000 Jahren (Sun et al. 2021); O1b-M95 vor etwa 12.000 Jahren (Singh et al. 2021); O2a-M7 vor etwa 15.000 Jahren (Xia et al. 2019); und O2a-002611 vor etwa 13.000 Jahren (Wang et al. 2013a). Der holozäne Übergang in Südchina bot offensichtlich Chancen und Zwänge für die Menschen, die hier lebten. Die Entwicklung des Reisanbaus, die später im Neolithikum stattfand, verbesserte den Reproduktionserfolg weiter. Dies stellt eine kulturelle Anpassung dar, die für die monsunalen Bedingungen in dieser Region optimal ist.

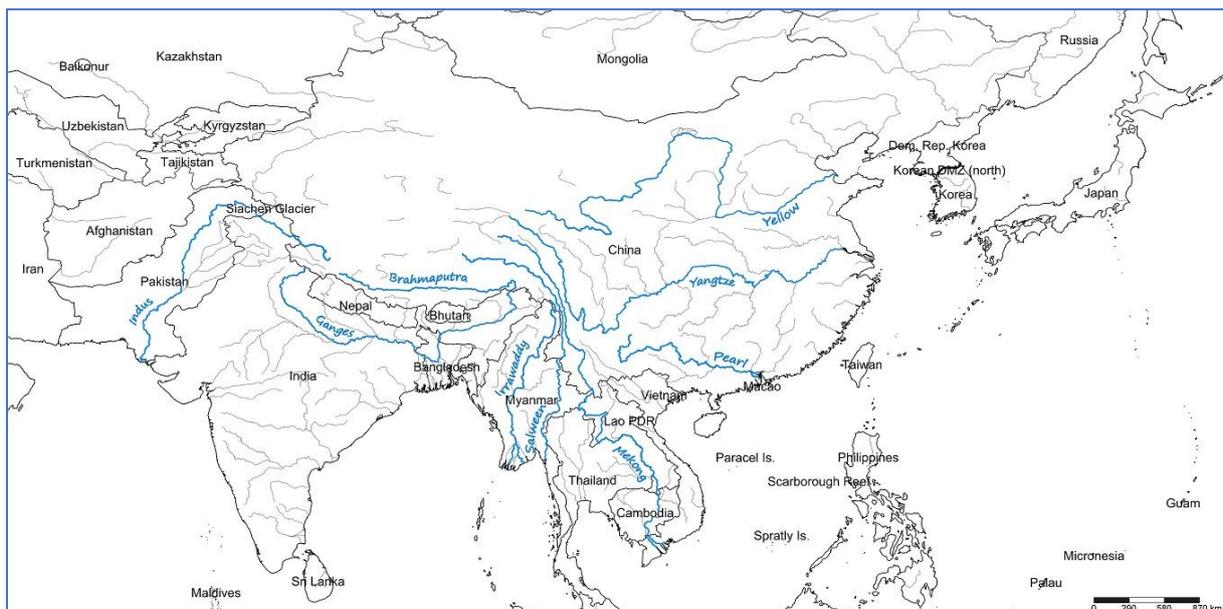
2.4. Die Ursprünge des ostasiatischen Reisanbaus.

Die neolithische Ausbreitung des Reisanbaus erklärt einen Großteil der sprachlichen Vielfalt

Ostasiens und in geringerem Maße auch des Südasiens und der Inseln Südasiens. Eine besonders auffällige Beobachtung der heutigen Demografie in diesen Regionen ist die hohe Bevölkerungsdichte. Diese Beobachtung wirft natürlich eine wichtige Frage auf. Wie können Länder wie China, Indien, Korea, Japan, Bangladesch, Malaysia, die Philippinen und Indonesien eine so große Bevölkerung ernähren? Der Reisanbau liefert zumindest eine Teilantwort. Wie bereits angedeutet, stellt der Reisanbau eine optimale Subsistenzstrategie für die Bewohner des orientalischen biogeografischen Raums dar.

Die Geschichte des Reisanbaus in Ostasien beginnt vor etwa 10.000 Jahren im Becken des Jangtse-Flusses in Ostchina (siehe Abbildung 15.1 unten). Eine Computersimulationsstudie aus dem Jahr 2015 (Silva et al.) schlägt darüber hinaus ein duales Ursprungsmodell vor. In dieser Studie wurde eine große archäologische Reisdatenbank verwendet und festgestellt, dass sich der Reisanbau sowohl im mittleren als auch im unteren Jangtse-Tal unabhängig voneinander entwickelt haben könnte. Nach Stevens und Fuller (2017) begann sich der Reisanbau vor etwa 4.500 Jahren aufgrund des Bevölkerungsdrucks aus dem Jangtse-Becken auszubreiten. Über einen Zeitraum von etwa 2.000 Jahren breitete sich der Reisanbau nach Südchina und dann nach Südostasien aus, wozu Thailand, Vietnam und Malaysia gehören. Darüber hinaus breitete sich der Reisanbau in Richtung Osten nach Korea und Japan aus. Schließlich breitete sich der chinesische Reisanbau westwärts nach Indien.

Abbildung 16.1: Flüsse in Ost- und Südasien.



Für Sprachwissenschaftler ist die Entwicklung des Nassreisanbaus von Bedeutung. Sprachen gedeihen und überleben, wenn Menschen gedeihen und überleben. Die mit dem Reisanbau verbundene hohe Bevölkerungsdichte erklärt, warum mehrere ostasiatische Sprachfamilien heute einen Teil der weltweiten Sprachvariationen ausmachen: Chinesisch, Austroasiatisch, Austronesisch, Koreanisch, Japanisch, Hmong-Mien und Tai-Kadai.

Abschnitt 3. Haplogruppe O-M175 und die Ursprünge der Chinesen.

Der Begriff „Chinesisch“ bedarf an dieser Stelle einer weiteren Klärung. In Bezug auf die ethnische Zugehörigkeit bezieht sich der Begriff „Chinesen“ auf die ethnische Gruppe der Han. Die Han sind vor allem in China anzutreffen. Sie sind auch eine von 56 verschiedenen ethnischen Gruppen, die von der chinesischen Regierung anerkannt sind. Sie machen heute fast 92 Prozent der Bevölkerung Chinas aus und sind damit eindeutig die größte ethnische Gruppe in diesem Land (z. B. CIA World

Factbook). Aus sprachlicher Sicht stellt „Chinesisch“ einen der beiden Hauptzweige innerhalb der sinotibetischen Sprachfamilie (*Ethnologue* 2018). Der andere Zweig ist das Tibeto-Birmanische. Innerhalb des chinesischen Zweigs listet *Ethnologue* vierzehn verschiedene Sprachen auf. *Ethnologue* berichtet außerdem, dass rund 1,3 Milliarden Menschen Chinesisch sprechen.

LaPolla (2001) bietet einen maßgeblichen Überblick über die Ursprünge und die Ausbreitung der chinesischen Sprachen aus einer linguistischen Perspektive. Zunächst setzt er die Ursprünge des Chinesischen mit der Entwicklung des Reisanbaus im Becken des Jangtse-Flusses in Beziehung. Dann bringt er die anfängliche Ausbreitung des Chinesischen mit der Ausbreitung des Reisanbaus aus dieser Region in Zusammenhang. Wie bereits in Abschnitt 2.4 erwähnt, geschah dies vor etwa 4.500 Jahren. Abschließend erklärt LaPolla, dass die heutige Verbreitung der Chinesen auch interne Wanderungen und Bevölkerungsverschiebungen in China sowie den Aufstieg und Fall von Imperien und Königreichen in ganz Ostasien widerspiegelt.

Yan et al. (2014) vertreten die Ansicht, dass 40 Prozent der Chinesen ihre genetische Abstammung auf drei „neolithische Supergroßväter“ zurückführen können. Der Studie zufolge handelt es sich bei den genetischen Überbleibseln dieser „Supergroßväter“ um die Mutationen O2a-002611, O2a-M117 und O2a-F114. An dieser Stelle wird der Leser gebeten, die [ergänzenden Tabellen 16.2, 16.3 und 16.4](#) zu lesen. Auf der Grundlage der verfügbaren Daten stellen O2a-002611 und O2a-F114 zuverlässige Marker für die Entschlüsselung der Vorgeschichte des chinesischen Sprachzweigs dar. Die Mutation O2a-M117 scheint dagegen problematischer zu sein.

Was nun die „Großvater-Mutation“ O2a-002611 betrifft, so untersuchten Wang et al. (2013a) die Evolutionsgeschichte dieser Mutation anhand eines großen Datensatzes von fast 8.000 Proben. Daher sind ihre Schlussfolgerungen besonders überzeugend. Wie bereits erwähnt, berichtet die Studie, dass O2a-002611 vor etwa 12.000 Jahren im Südosten Chinas entstanden ist. Die Forscher waren dann in der Lage, O2a-002611 mit der Han-Expansion während des Neolithikums in Verbindung zu bringen, indem sie Schätzungen zur Datierung der O2a-F11-Mutation, einer stromabwärtigen Variante, vorlegten. Die Schätzung (etwa 5.000 Jahre) und die zeitgenössische Verbreitung von O2a-F11 stimmen gut mit der gleichzeitigen Ausbreitung dieser Mutation mit dem Chinesischen und dem Reisanbau, der vor etwa 4.500 Tausend Jahren begann. Die Ausbreitung scheint im unteren Jangtse-Tal begonnen zu haben und breitete sich von dieser Region aus nach Norden bis in den Nordosten Chinas und nach Süden bis nach Laos aus. In dieser Studie werden auch Daten für eine weitere O2a-002611-Mutation, O2a-F238, vorgelegt, die ebenfalls ein genetisches Relikt der Han-Expansion während des ostasiatischen Neolithikums darstellt.

Ein Großteil der Daten für die „Großvater-Mutation“ O2a-F114 stammt von Ning et al. (2016). Die in der Studie angegebenen Häufigkeitsdaten legen nahe, dass diese Mutation ein informativer Marker unter den Han-Chinesen ist. Den Forschern zufolge entwickelte sich O2a-F114 vor etwa 8.000 Jahren. Datierungsschätzungen für mehrere stromabwärtige-Varianten der O2a-F114-Mutation weisen jedoch eindeutig auf eine Ausbreitung während des ostasiatischen Neolithikums hin.

Die „Großvater-Mutation“ O2a-M117 stellt dagegen nicht nur einen informativen Marker für das Chinesische, sondern auch für die anderen ostasiatischen Sprachen, die in diesem Kapitel behandelt werden (siehe auch [ergänzende Tabelle 16.3](#)). Die Nützlichkeit dieses Markers ist also begrenzt, da informative stromabwärtige Marker erst noch identifiziert werden müssen. Die zuverlässigste Datierungsschätzung für die Mutation stammt von Wang et al. (2014). Laut dieser Studie entwickelte sich dieser Marker vor etwa 7.000 Jahren.

Interessanterweise belegen alte DNA-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 16.5](#)) die Entwicklung der O2a-M117-Mutation entlang des Gelben Flusses basierend auf der Verteilung dieses Markers und stromabwärtiger Variante der O2a-M133 Mutation, die an mehreren verschiedenen archäologischen

Fundorten gefunden wurden. Ähnlich verhält es sich mit der O2a-F114-Mutation. Die Mutation O2a-002611 hingegen wurde nicht entlang des Gelben Flusses nachgewiesen, sondern an zwei geografisch weit entfernten archäologischen Stätten, nämlich im Liao-Tal im Nordosten Chinas und in Man Bac in Vietnam.

Abschnitt 4. Haplogruppe O-M175 und das Tibeto-Birmanische.

4.1. Einleitung.

Tibeto-birmanische Sprachen sind ein Zweig innerhalb der sinotibetischen Sprachfamilie. Laut Ethnologue (2018) besteht der tibeto-birmanische Zweig aus 442 Sprachen, die in 12 verschiedenen Unterzweigen organisiert sind. Tibeto-birmanische Sprachen sind vor allem in den ostasiatischen Ländern China und Myanmar (Birma) sowie in den südasiatischen Ländern Indien, Nepal, Bhutan und Bangladesch verbreitet. Eine verlässliche Schätzung für die Anzahl der Sprecher des Tibeto-Birmanischen konnte nicht gefunden werden. Wahrscheinlich liegt die Zahl unter 100 Millionen.

4.2. Das Tibeto-Birmanische und linguistische, genetische und anthropologische Perspektiven.

Aus archäologischer Sicht ist der Ausgangspunkt für eine Diskussion der tibeto-birmanischen Sprachen das tibetische Plateau in China. Obwohl der Reisanbau die Ausbreitung der chinesischen Sprachen erklärt, korreliert die anfängliche Ausbreitung des Tibeto-Birmanischen mit dem Anbau von Gerste auf der tibetischen Hochebene, der vor etwa 3.600 Jahren begann. Im Gegensatz zu anderen Getreidearten verträgt Gerste das kalte und trockene Klima, das mit der Höhenlage dieser Region verbunden ist (Zhang et al. 2016). Interessanterweise wurde Gerste zunächst in Südwestasien und nicht in Ostasien angebaut, was vor etwa 10.000 Jahren geschah. Dieses Getreide scheint über Zentralasien auf das tibetische Plateau „importiert“ worden zu sein.

Ein weiterer Faktor, der den Erfolg des Gerstenanbaus auf dem tibetischen Plateau erklärt, ist das Yak, ein Rind, das zu einem wesentlichen Bestandteil der Subsistenzstrategie in dieser Region der Welt wurde. Sie liefern Milchprodukte, Fleisch, Fell und Transportmittel. Eine genetische Studie aus dem Jahr 2015 (Qiu et al.) verglich Daten von wilden Yaks mit Daten von domestizierten Yaks. Die Forscher berichten, dass Yaks vor etwa 7.300 Tausend Jahren domestiziert wurden, also etwa 3.000 Jahre vor der Ankunft des Gerstenanbaus in der Region.

Neben dem Anbau von Gerste und der Domestizierung des Yaks erklärt eine evolutionäre Anpassung auch den Erfolg der tibeto-birmanischen Sprachen. Das tibetische Plateau liegt auf einer durchschnittlichen Höhe von 4.000 Metern über dem Meeresspiegel. Hier stellen Hypoxie und Höhenkrankheit eine erhebliche Gesundheitsgefahr dar. Menschen aus niedrigeren Lagen können sich mit der Zeit an das Leben in der Höhe gewöhnen. Die Tibeter haben jedoch eine evolutionäre Anpassung, die es ihnen ermöglicht, den verbrauchten Sauerstoff effizienter zu nutzen als Menschen, die aus einer niedrigeren Höhe auf das tibetische Plateau gezogen sind (Wu und Kayser 2006). Eine Studie aus dem Jahr 2017 (Yang et al. 2017) konzentrierte sich auf neun verschiedene Abschnitte des menschlichen Genoms (oder Loci), die möglicherweise diese evolutionäre Anpassung steuern. Die Studie verglich die Genome von etwa 3.000 Tibetern mit 7.000 Nicht-Tibetern aus Ostasien. Dieser Vergleich deutet darauf hin, dass sich die Tibeter und Han vor etwa 4.700 Jahren getrennt haben, was mit den Y-Chromosom- und archäologischen Daten übereinstimmt.

Wie bereits in Kapitel 4 erörtert, ist ein besonders wichtiges genetisches Merkmal der Tibeter und des tibetischen Plateaus die erhöhte Häufigkeit der Haplogruppe D-M174. Laut Qi et al. (2013) weisen etwa 54 Prozent der Tibeter diese Mutation auf. Außerdem stellt die Mutation ein genetisches Relikt von Jägern und Sammlern dar, die während des Paläolithikums in diese Region einwanderten. Die andere bedeutende Haplogruppe unter den Tibetern ist natürlich O-M175, die bei etwa 33 Prozent

der männlichen Tibeter vorkommt (Qi et al. 2013).

Die Ausbreitung von O-M175 auf dem tibetischen Plateau deutet möglicherweise auf die Ankunft der Yangshao-Kultur in der Region vor etwa 7.000 Jahren hin. Dies folgt linguistischen und anthropologischen Interpretationen der Daten, die eine Aufteilung der Bevölkerung in proto-chinesen und proto-tibeto-birmanischen Sprechern in den zentralen Ebenen des Gelben Flusses und ihre Migration zum tibetischen Plateau entlang dieser Wasserstraße (LaPolla 2013; Zhang et al. 2016). Eine ähnliche Position wird auch von Genetikern und ihrer Interpretation der zeitgenössischen O2a-M117-Daten vertreten (Kang et al. 2012; Wang et al. 2014). Es sei darauf hingewiesen, dass die O2a-M117-Mutation etwa 90 Prozent der O-M175-Variation bei den Tibetern ausmacht (Qi et al. 2013). Darüber hinaus wurden alte O2a-M117-Mutationen an archäologischen Stätten entlang des Gelben Flusses gefunden (siehe [ergänzende Tabelle 16.5](#)).

4.3. Südliche Ausbreitung des Tibeto-Birmanischen.

Wie bereits erwähnt, sind tibeto-birmanische Sprachen auch in Südasien zu finden. Es scheint, dass sich diese Sprachen infolge des Bevölkerungsdrucks auf dem tibetischen Plateau in die Region ausbreiteten. Im Gegensatz zum tibetischen Plateau erreicht die Haplogruppe D-M174 jedoch eine geringe Häufigkeit unter den tibeto-birmanisch sprechenden Bevölkerungen in Indien, Nepal, Bhutan und Bangladesch (z. B. Saho et al. 2006; Sengupta et al. 2006; Trivedi et al. 2008, Gazi et al. 2013, Tamang et al. 2018). Vielmehr weisen die Haplogruppe O-M175 und die stromabwärtige Mutation O2a-M117 auf Tibet als Ursprung der tibeto-birmanischen Sprachen hin, die in Südasien zu finden sind. Leider geben viele der südasiatischen Daten Häufigkeitsergebnisse für schlecht aufgelöste Marker an, die stromaufwärts von O2a-M117 liegen. Eine Ausnahme ist Debnath et al. (2011). Sie berichten über O2a-M117-Häufigkeiten zwischen 25 und 42 Prozent für Tibeto-Birmanisch sprechende Populationen in Ostindien. Eine weitere Ausnahme bilden Gayden et al. (2007). Sie berichten von O2a-M117-Häufigkeiten zwischen 21 und 84 Prozent für tibeto-birmanisch sprechende Populationen in Nepal.

Es ist anzumerken, dass die tibeto-birmanischen Sprachen Myanmars dem ngwi-birmanischen (oder lolo-birmanischen) Unterzweig zugeordnet werden. Historische Belege deuten darauf hin, dass die Ausbreitung des Ngwi-Birmanischen von der tibetischen Hochebene aus nicht mit der Ausbreitung der tibeto-birmanischen Unterzweige in Südasien, wie dem Zentral-Tibeto-Birmanischen, dem Sal und dem westlichen Tibeto-Birmanischen, zusammenhängt. Statt einer landwirtschaftlichen Expansion korreliert das Ngwi-Birmanische besser mit dem Aufstieg und Fall der Pyu-Zivilisation und ihrer Migration entlang des Salween-Flusses (siehe La Polla 2013: 206-207).

4.4. Trans-Himalaya.

Linguisten sollten sich einer vorgeschlagenen „Trans-Himalaya-Sprachklassifizierung“ bewusst sein, die 2018 in einer genetischen Studie über Südasien (Tamang et al.) erschien. Die traditionelle linguistische Sichtweise von Tibeto-Birmanisch und chinesischen Sprachen (z. B. *Ethnologue*) ordnet diese Sprachgruppen als die beiden Hauptzweige der sinotibetischen Sprachfamilie zu. Der Linguist George van Driem bestreitet jedoch diese Einteilung. Er betrachtet das Chinesische (oder Sinitische) als einen Zweig oder eine Untergruppe des Tibeto-Birmanischen (Driem 2005). Er schlägt auch einen trans-himalayischen Stamm vor, der viele der tibeto-birmanischen Sprachen enthält (siehe Driem 2014).

Das Trans-Himalaya-Modell ist umstritten (z. B. LaPolla 2016), und es ist nicht das Ziel dieser Diskussion, die Hypothese zu unterstützen. Vielmehr soll ein potenzieller Fehler bei der Klassifizierung der sinotibetischen Sprachfamilie aufgezeigt werden. Sie scheint eine unnatürliche Aufteilung der Daten zu sein, insbesondere aus anthropologischer Sicht. Die Ursprünge und die Ausbreitung der chinesischen Sprachen sind auf den Reisanbau und das damit verbundene Phänomen der hohen

Bevölkerungsdichte zurückzuführen. Die Entstehung und Ausbreitung der tibeto-birmanischen Sprachen hingegen ist teilweise auf den Erfolg des Gerstenanbaus auf dem tibetischen Plateau zurückzuführen. Eine natürlichere Aufteilung der Daten könnte daher die Schaffung einer tibeto-birmanischen Sprachfamilie und einer separaten chinesischen Sprachfamilie bedeuten.

Abschnitt 5. O-M175 und das Austronesische.

5.1. Einleitung.

Die austronesische Sprachfamilie nimmt mit über 1.200 Sprachen und 324 Millionen Sprechern (*Ethnologue* 2018) einen großen Teil der globalen Sprachlandschaft ein. Die austronesische Sprachfamilie hat zwei Hauptzweige, die Formosasprachen und das Malayo-Polynesische. Es gibt 20 Formosasprachen, welche auf der Insel Taiwan zu finden sind. Das Malayo-Polynesische hingegen besteht aus 1.236 Sprachen, deren geografische Verbreitung von Norden nach Süden von Hawaii bis Neuseeland und von Westen nach Osten von Madagaskar bis Rapa Nui (Osterinsel) reicht.

5.2. Die kulturelle Expansion von Lapita.

Die Formosasprachen stellen die sprachliche Signatur der taiwanesischen Ureinwohner sowie ein sprachliches Relikt der prähistorischen Dapenkeng-Kultur dar. Die Dapenkeng wanderten vor etwa 5.500 Jahren vom ostasiatischen Festland nach Taiwan ein. Etwa 700 Jahre lang lebten die Dapenkeng als Jäger und Sammler. Sie ernährten sich unter anderem von den Meeresressourcen. Vor etwa 4.800 Jahren gingen sie dann zur Landwirtschaft über und begannen mit dem Anbau von Kolbenhirse und Reis (Hung und Carson 2014). Vor etwa 4.000 Jahren verbreitete sich der Reisanbau infolge der Verarmung der Böden und des Bevölkerungsdrucks (Bellwood 2005: 135) von Taiwan bis zu den Philippinen. Sprachlich löste diese Ausbreitung eine Spaltung der austronesischen Sprachfamilie und die Entwicklung des malayo-polynesischen Zweig. Aus archäologischer Sicht folgt die Ausbreitung auf die Wanderung der Lapita-Kultur, ein Begriff, der sich von einem einzigartigen Töpferstil ableitet. Die Lapita-Kultur breitete sich zunächst über die Philippinen nach Süden bis nach Borneo aus. Von Borneo aus fand vor etwa 3.400 Jahren (Bellwood 2005: 137) eine zweite austronesische Expansion statt, bei der einige nach Westen in Richtung Malaysia und andere nach Osten in Richtung Neuguinea wanderten.

Aus genetischer Sicht sind zwei verschiedene Zweige innerhalb der O-M175-Phylogenie besonders hilfreich für die Entschlüsselung der ursprünglichen Ausbreitung des Austronesischen: O1a-M119 und O2a-N6. Innerhalb von O1a-M119 sind die Mutationen O1a-M307 und O1a-M110 am aufschlussreichsten. Innerhalb von O2a-N6 ist die informativste Mutation O2a-B451. Weitere Informationen finden Sie in den [ergänzenden Abbildungen 16.1](#) und [16.2](#) sowie in den [ergänzenden Tabellen 16.6](#), [16.7](#) und [16.17](#).

5.3. Östliche Ausbreitung des Austronesischen nach Ozeanien.

Nach Bellwood (2005: 134-141) begann die Lapita-Kultur vor etwa 3.000 Jahren, sich über Ostindonesien und Papua-Neuguinea auszubreiten (siehe auch Horsburgh und McCoy 2017). Vor etwa 2.000 Jahren erreichte die Lapita-Kultur den Westen Ozeaniens. Schließlich endete die kulturelle Expansion der Lapita um 1250 n. Chr. in Neuseeland, nachdem sie viele Inseln in Zentral- und Ost-Ozeanien, einschließlich Rapa Nui, besiedelt hatten. Das genetische Bild dieser sekundären Expansion ist recht interessant und kompliziert. Um ein einfacheres Bild zu zeichnen, könnte man die austronesische Expansion mit einem Stadtbus vergleichen, dessen lange Route in Taiwan beginnt und in Neuseeland endet. In Taiwan begannen die Fahrgäste mit den Mutationen O1a-M307, O1a-M110 und O2a-B451 die Reise. Auf Neuguinea stiegen die Passagiere mit der Mutation C1b-M208 in den Bus ein. In West-Ozeanien erreichten die Passagiere aus Taiwan das Ende ihrer Reise. Die Passagiere aus Papua-Neuguinea fuhren mit dem Bus bis zum Ende der Strecke. Das kompliziertere Bild der östlichen

Expansion der Austronesier deutet darauf hin, dass die kulturelle Kontinuität trotz des Bevölkerungsaustauschs erhalten blieb und die genetische Vielfalt infolge des Gründereffekts abnahm.

Die austronesische Besiedlung Ostindonesiens und Papua-Neuguineas spiegelt sich in den Häufigkeitsmustern der Mutationen O1a-M119 und O2a-B451 im Insel Südostasienreich wider. Nach der Ankunft der Austronesier in dieser Region kam es zu einer Vermischung zwischen dieser Gruppe und den Papua-sprachigen Populationen. Dies spiegelt sich in den Mutationen C1-M208, M-P256 und S-B254 wider, die in den heutigen austronesisch sprechenden Populationen des Insel Südostasiens gefunden wurden. Wie bereits in den Kapiteln 6 und 14 erörtert, stellen die Mutationen C1-M208, M-P256 und S-B254 die genetische Signatur der papuanisch sprachigen Populationen in der Region dar. Sie bewohnten die südostasiatische Inselwelt etwa 50.000 Jahre lang vor der Ankunft der Austronesier. Als Ergebnis der Vermischung zwischen ostasiatischen Austronesiern und den Papuanern wurden die austronesischen Sprachen von einer neuen Bevölkerung nach Osten über Ozeanien getragen.

Nach Horsburgh und McCoy (2017) hat nur ein Drittel der Y-Chromosom-Variation in Polynesien einen möglichen ostasiatischen/taiwanesischen Ursprung. Die verbleibende Variation hat ihren Ursprung auf Neuguinea. Interessanterweise ist die genetische Geschichte der polynesischen Frauen aufgrund ihrer Analyse der mitochondrialen DNA, die eine mütterliche genetische Perspektive bietet, fast vollständig mit Ostasien und Taiwan verbunden. Dieses asymmetrische Bild der Bevölkerungsherkunft muss in Zukunft noch weiter untersucht werden. Vielleicht spiegelt diese Asymmetrie einfach die Auswirkungen der genetischen Drift und des Gründereffekts in Ozeanien wider. Eine solche Schlussfolgerung steht im Einklang mit den Daten aus Neuguinea, die eine Vermischung von ostasiatischen und papuanischen Frauen widerspiegeln. Kayser et al. (2008) berichten zum Beispiel über Daten von den Admiralitätsinseln in Papua-Neuguinea. Etwa 40 Prozent der mtDNA sind papuanischen Ursprungs, der Rest ist ostasiatischen Ursprungs. Ein weiteres Beispiel stammt von Delfin et al. (2012) und Daten von den Salomonen. Der papuanische Beitrag beträgt möglicherweise 22 Prozent, der Rest ist ostasiatisch.

5.4. Ausbreitung des Austronesischen nach Westindonesien und Malaysia.

Zuvor wurde in Kapitel 13: Abschnitt 1 das Konzept der sogenannten Wallace-Linie erörtert. Diese Unterteilung wurde ursprünglich eingeführt, um botanische Merkmale zu beschreiben, die nur in Insel Südostasien vorkommen, und solche, die nur in Ostasien zu finden sind (siehe auch Blust 2013: 6-7 und Abbildung 6.1 aus Kapitel 6). Heute dient dieser Begriff dazu, Westindonesien von Ostindonesien abzugrenzen. Darüber hinaus ist die Wallace-Linie für die Anthropologie von Bedeutung, da man auf beiden Seiten der Trennlinie Unterschiede im menschlichen Phänotyp findet. In einer Studie aus dem Jahr 2010 (Karafet et al.) wurden signifikante genetische Unterschiede zwischen den westlich der Trennungslinie lebenden Menschen und denen auf der Ostseite festgestellt. Die Haplogruppen M-P256, S-B254, C-M38 und K-M526* repräsentieren eine besonders starke papuanische Komponente der Bevölkerungen in Ostindonesien. In Westindonesien ist diese Komponente jedoch schwach oder gar nicht vorhanden. Stattdessen haben sie eine starke ostasiatische Komponente, die O1b-M95 und O2a-M7 Mutationen (siehe [ergänzende Tabellen 16.9](#) und [16.10](#)). In Ostindonesien ist diese ostasiatische Komponente im Wesentlichen nicht vorhanden. Wenn wir uns nun möglichen genetischen Signaturen einer austronesischen Komponente in Indonesien ist anzumerken, dass die Daten von Karafet et al. (2010) darauf hindeuten, dass der austronesische Anteil in Westindonesien bei etwa 50 Prozent liegt, während die Zahl für Ostindonesien etwa 13 Prozent beträgt. Diese Schlussfolgerung wurde aus den Frequenzergebnissen für die Mutationen O1a-M119, O1a-M307, O1a-M110 und O2a-P201 extrapoliert.

Die obige Erörterung der Wallace-Linie trägt dazu bei, einen geografischen und genetischen Kontext für eine westliche Ausbreitung der austronesischen Sprachen von Borneo aus nach Westen vor etwa 3.400 Jahren. Die Malaysier und Indonesier sprechen überwiegend austronesische Sprachen.

Allerdings sind austroasiatische Sprachen ein Teil der sprachlichen Vielfalt in diesem Teil der Welt. Außerdem kamen die austroasiatischen Sprachen kurz vor den Austronesiern in diese Region. Die archäologischen Funde stützen ein solches Szenario. Nach Bellwood (2005:139) wanderten vor etwa 4.500 Jahren Reisbauern aus Thailand auf die Malaiische Halbinsel ein. Ein solches Szenario stimmt auch mit den genetischen Daten überein. Laut Arunkumar et al. (2015) spiegelt die O1b-M95-Mutation eine südliche Ausbreitung von austroasiatisch sprechenden Reisbauern aus Laos um diese Zeit wider. Daten von Karafet et al. (2010) und Arunkumar et al. (2015) deuten außerdem darauf hin, dass es nach der Ankunft der Austronesier zu einer Vermischung zwischen dieser Gruppe und austroasiatischen Populationen kam. Somit scheint ein Teil der Geschichte der austronesischen Sprachen in Westindonesien und Malaysia eine Sprachverschiebung vom Austroasiatischen zum Austronesischen zu beinhalten. Jüngste Analysen der malaiischen Einwanderer in Singapur (Sun et al. 2020) unterstützen dieses Modell ebenfalls.

5.5. Westliche Ausbreitung des Austronesischen nach Ostafrika.

Die sprachliche Vielfalt in Ostafrika wird im Allgemeinen mit Sprachen in Verbindung gebracht, die zu den afroasiatischen, nilo-saharanischen, oder Niger-Kongo-Sprachfamilien gehören. Daher ist es eher unerwartet, austronesische Sprachen auf der Insel Madagaskar zu finden. Linguistische, historische und genetische Daten liefern eine Erklärung.

Der Great Barito-Unterkreis des Austronesischen verortet die Ursprünge der madagassischen Sprachen irgendwo in der Nähe von Indonesien. Ethnologue (2018) listet 35 Great-Barito-Sprachen auf. 23 dieser Sprachen sind entweder in Malaysia, Indonesien oder auf den Philippinen zu finden. Die übrigen Sprachen werden einem madagassischen Zweig des Great Barito zugeordnet und werden Tausende von Kilometern entfernt vor der Ostküste Afrikas gesprochen. Von diesen 12 Sprachen wird eine auf der Insel Mayotte und die übrigen auf der Insel Madagaskar gesprochen.

Den archäologischen und historischen Aufzeichnungen zufolge (z. B. Blench 2010) wurde Madagaskar vor etwa 4.000 Jahren zunächst von Jägern und Sammlern aus Ostafrika besiedelt. Austronesische Kontakte mit Ostafrika begannen vor etwa 2.000 Jahren mit der Ankunft von Schiffen aus Malaysia. Die Malaien führten in regelmäßigen Abständen Raubzüge durch. Sie trieben auch regen Handel mit den Ostafrikanern, vielleicht um Zimt zu gewinnen. Die Ostafrikaner wiederum könnten Hühner, Bananen und Tarowurzeln erhalten haben. Nach Jahrhunderten der Raubzüge und des Handels ließen sich die Malaien schließlich vor etwa 1.500 Jahren dauerhaft auf Madagaskar nieder.

Bei der Erörterung der genetischen Daten ist es wichtig zu betonen, dass der Begriff „Madagasse“ auch eine ethnische Bedeutung hat und die Bewohner Madagaskars beschreibt. Den genetischen Daten zufolge sind die Madagassen eine Mischung aus Populationen aus Ostafrika, dem Nahen Osten und Südostasien (Capredon et al. 2013; Poetsch et al. 2013; Tofanelli et al. 2009a). Basierend auf der Häufigkeit der O1a-M110- und O1b-M111-Mutationen liegt der austronesische Beitrag unter den heutigen Madagassen bei etwa 20 Prozent.

Das Volk der Ma'anyan stellt aufgrund der linguistischen Belege eine potenzielle Ursprungspopulation für die madagassische Sprache dar. Eine interessante Studie aus dem Jahr 2015 (Kusuma et al.) untersuchte eine mögliche genetische Verbindung zwischen den Madagassen und dem Volk der Ma'anyan auf Borneo. Die Studie konnte keine Beweise für eine enge genetische Beziehung zwischen den beiden Gruppen finden. Vielmehr können die genetischen Beweise die madagassischen Ursprünge nur innerhalb einer Region, entweder Indonesien oder Malaysia, festmachen. Ihre Ergebnisse scheinen mit den anthropologischen Daten von Blench (2010) übereinzustimmen. Er berichtet, dass die Sprachen der Great Barito von Indonesiern stammen, die an Bord der malaiischen Schiffe zum Dienst gezwungen wurden. Es scheint also, dass die austronesischen Siedler auf Madagaskar mehrere verschiedene indonesische und malaysische ethnische Gruppen repräsentierten,

die eine gemeinsame Great-Barito-Sprache als *lingua franca* nutzten.

5.6. Der austronesische Vorteil.

Gemessen an der Zahl der Sprecher und der weiten geografischen Verbreitung ist das Austronesische in der Tat ein bedeutendes linguistisches „Schwergewicht“. Donohue und Denham (2010) bieten eine nützliche Zusammenfassung von Ansätzen und Problemen in Bezug auf die Geschichte der austronesischen Sprachen. Sie vertreten eine Position, die den Erfolg des Austronesischen mit Handelsnetzen in Verbindung bringt, die von austronesisch sprachigen Bevölkerungen kontrolliert wurden. Diese Handelsnetze florierten aufgrund von technologischen Vorteilen, wie z. B. Auslegerkanus. Sie florierten auch aufgrund der guten Navigationsfähigkeiten, die die Austronesier schließlich über weite Strecken offener Gewässer führten (für eine ausführlichere Diskussion siehe Blust 2013: 11-17).

Die Verknüpfung des so genannten Erfolgs der Austronesier mit dem Handel in Verbindung zu bringen, ist problematisch, da der Handel nicht unbedingt einen reproduktiven Vorteil mit sich bringt. Mit anderen Worten, das Austronesische verhält sich ähnlich wie Sprachfamilien, die sich zusammen mit der frühen Landwirtschaft ausbreiteten, wie das Niger-Kongo oder Sinotibetische. Diese Sprachen gedeihen und überleben, weil die Landwirtschaft eine viel höhere Bevölkerungsdichte ermöglicht als das Jagen und Sammeln. Bellwood (2005: 141) erklärt die Bedeutung der Landwirtschaft und ihre Rolle bei der austronesischen Expansion. Er schreibt, dass die meisten austronesisch sprechenden Bevölkerungen Landwirtschaft betreiben und dass die Austronesier ohne sie Ozeanien nicht hätten kolonisieren können. Kurz gesagt, die Landwirtschaft scheint eine weitaus entscheidendere Komponente der austronesischen Erfolgsgeschichte zu sein als nur Handelsnetze und Technologie.

Wie bereits erläutert, begann die austronesische landwirtschaftliche Expansion mit dem Anbau von Reis und Hirse auf Taiwan. Als die austronesische Expansion Borneo erreichte, waren die klimatischen Bedingungen für den Anbau von Getreide nicht mehr geeignet. Zu diesem Zeitpunkt begannen die Austronesier mit dem Anbau von Pflanzenknollen und Baumfrüchten, die auf den südostasiatischen und ozeanischen Inseln gedeihen. Zu den Pflanzenknollen gehören Taro und Yamswurzeln. Beispiele für Baumfrüchte sind Zuckerrohr, Bananen, Pandanus, Brotfrucht, Sagopalme, Kanariennüsse und Kokosnüsse (siehe Bellwood 2005: 130-139); und Blust 2013: 6-7 für zusätzliche Details). Dennoch erscheint es problematisch, den Erfolg der Austronesier mit dem Anbau von Knollen- und Baumfrüchten in Verbindung zu bringen. Auch die Papuaner bauen diese Pflanzen an (siehe Kapitel 13). Warum also sollte die Landwirtschaft für die Austronesier sehr erfolgreich und für die Papuas mäßig erfolgreich gewesen sein?

Wie bereits in Kapitel 13 beschrieben, siedelten sich die Papuaner auf Neuguinea im zentralen Hochland der Insel an. Der Küstenanbau auf der Insel fiel mit der Ankunft der Austronesier vor etwa 3.000 Jahren zusammen. Die Malaria könnte also die unterschiedlichen Muster der frühen landwirtschaftlichen Aktivitäten der Papuaner und Austronesier auf Neuguinea erklären (siehe Kelly 1990). Während des Holozäns könnten die Papuaner in das Hochland gezogen sein, um der Malaria zu entgehen. Die Austronesier hingegen waren in der Lage, die Küstengebiete der Insel zu bewirtschaften, weil sie aufgrund einer evolutionären Anpassung resistent gegen das tropische Splenomegalie-Syndrom waren, eine massive und tödliche Vergrößerung der Milz, die als Folge einer chronischen Malariaexposition auftritt. Der Beweis für diesen so genannten „austronesischen Vorteil“ stammt aus einer Studie, die 1993 von Clark und Kelly veröffentlicht wurde. Die Forscher verglichen Gamma-Globulin-Polymorphismen von austronesischen und nicht-austronesischen Populationen auf Neuguinea. Gamma-Globulin wurde untersucht, weil der Marker eine starke Verbindung zum Immunsystem aufweist. Die Forscher konnten einen spezifischen Polymorphismus identifizieren, der für austronesisch sprachige Tieflandpopulationen charakteristisch ist, die gegen das tropische Splenomegalie-Syndrom resistent sind. Sie identifizierten auch einen anderen Polymorphismus, der mit

Hochland-Papuaner-Gruppen assoziiert ist, die sehr anfällig für das tropische Splenomegalie-Syndrom sind.

Clark und Kelly bieten mehrere Punkte an, die für das Verständnis des austronesischen Vorteils. Anopheles-Mücken sind die Überträger von *Phasmodium*, dem Parasiten, der Malaria verursacht (siehe Cox 2010 für weitere Einzelheiten). Diese Stechmücken gedeihen im feuchten und sumpfigen Tiefland von Neuguinea, während sie im Hochland weit weniger verbreitet sind. Darüber hinaus wird die Ausbreitung der Malaria durch die Landwirtschaft in den Küstentälern noch verstärkt, da sie Lebensräume schafft, die den Brutzyklus dieser Mücken begünstigen. Und schließlich schafft die Landwirtschaft im Küstentiefland dauerhafte menschliche Siedlungen, die eine Wirtspopulation für den *Phasmodium*-Parasiten darstellen. Der „austronesische Vorteil“ legt nahe, dass die Austronesier die Küstengebiete Neuguineas bewirtschaften konnten, während eine solche Tätigkeit für die Papuaner tödlich gewesen wäre.

Da die Prävalenz von Malaria mit der Höhe abnimmt, würde die Vermeidung von Malaria erklären, warum die Papuaner zu Beginn des Holozäns das Hochland von Neuguinea besiedelten. Dies setzt voraus, dass die Malaria auf Neuguinea bereits vor der Ankunft der Austronesier vorhanden war. Ein solches Argument scheint plausibel, wenn man eine kürzlich durchgeführte Studie über den Organismus *Plasmodium vivax* zugrunde legt, eine Art des Plasmodium-Parasiten, der in der so genannten austronesischen Welt besonders häufig vorkommt. Loy et al. (2018) berichten von einer engen genetischen Verwandtschaft zwischen *Plasmodium vivax* Parasiten, die Schimpansen und Gorillas in Afrika infizieren, und den *Plasmodium vivax* Parasiten, die Menschen in Südostasien infizieren. *Plasmodium vivax* Parasiten aus beiden Regionen haben einen gemeinsamen Vorfahren, der sich in Afrika entwickelt hat. Als die Menschen vor etwa 100.000 Jahren aus Afrika auswanderten, trampelte der *Plasmodium vivax*-Organismus mit ihnen.

Clark und Kelley (1993) vermuten außerdem, dass durch die Vermischung von Austronesiern und Papuanern eine neue Population entstanden ist, die eine genetische Resistenz gegen das tropische Splenomegalie-Syndrom geerbt hat. In Übereinstimmung mit den jüngsten Y-Chromosom-Beweisen deuten ihre Daten darauf hin, dass sich einige Papuaner schließlich das austronesische Tiefland-Bauernsiedlungen auf Neuguinea anschlossen. Papuaner und Austronesier zeugten dann Kinder. Deren Kinder erbten dann eine evolutionäre Anpassung an das tropische Splenomegalie-Syndrom.

Abschnitt 6. O-M175 und das Austroasiatische.

6.1. Einleitung.

Basierend auf den Daten von *Ethnologue* (2018) besteht die austroasiatische Sprachfamilie aus 167 Sprachen, die von rund 105 Millionen Menschen gesprochen werden. Diese Sprachen sind über ganz Süd- und Ostasien verteilt, hauptsächlich in Indien, Bangladesch, Myanmar, Kambodscha, Laos, Thailand, Vietnam und Malaysia. Innerhalb der austroasiatischen Sprachfamilie sind die Munda und Mon-Khmer Zweige die beiden Hauptabteilungen. Munda steht für die austroasiatischen Sprachen Südasiens und Mon-Khmer für die austroasiatischen Sprachen Ostasiens. Schließlich haben zwei austroasiatische Sprachen den Status einer Amtssprache erlangt: Vietnamesisch in Vietnam und Khmer in Kambodscha.

6.2. Anthropologische und sprachwissenschaftliche Perspektiven.

Bei der Suche nach der Urheimat der austroasiatischen Sprachen haben drei verschiedene Modelle hervorgebracht, die den Ursprung dieser Sprachfamilie entweder in Indien, im Mekong-Tal in Laos oder in Südchina verorten. Zum Modell des Mekong-Tals ist anzumerken, dass der Mekong zu den großen Wasserstraßen Ostasiens gehört. Er fließt über 4.000 Kilometer von der tibetischen Hochebene durch die Provinz Yunnan nach Myanmar, Laos, Thailand, Kambodscha und Vietnam, wo

er in das Südchinesische Meer mündet. Das Mekong-Tal befindet sich dort, wo die Grenzen von Myanmar, Laos und Thailand auf der Karte zusammenlaufen. Der Linguist Paul Sidwell (2010) hat dieses Gebiet als geografischen Ursprungsort der austroasiatischen Sprachen identifiziert. Er favorisiert das Mekong-Tal mit der Idee, dass die Region mit der größten sprachlichen Vielfalt auch die geografischen Ursprünge einer Sprachfamilie definiert. Sidwell stützt seine Argumentation auf eine Analyse der morphologischen, phonologischen und lexikalischen Daten.

George van Driem befürwortet in einer 2011 veröffentlichten Arbeit das indische Modell der austroasiatischen das sich auf phonologische Rekonstruktionen stützt. Laut Driem hat das Austroasiatische seinen Ursprung in Indien, da linguistische Rekonstruktionen auf ein heißes und feuchtes tropisches Klima hindeuten, das in Südchina nicht zu finden ist. Driem bietet auch botanische Beweise. Er geht davon aus, dass der moderne domestizierte Reis aus einer Kreuzung von drei verschiedenen neolithischen Varianten, Indica, Japonica und trockenem Hochlandreis, entstanden ist. Er behauptet, dass eine ursprüngliche Kreuzung von Indica und trockenem Hochlandreis nur irgendwo in der Nähe des Golfs von Bengalen entstanden sein kann. Diese Vermutung steht jedoch im Widerspruch zu einer aussagekräftigeren Analyse. Fuller (2012) geht davon aus, dass der moderne domestizierte Reis eine Kreuzung aus nur zwei Varianten ist: Proto-Indica aus Indien und domestizierter Japonica aus China.

Das südchinesische Modell identifiziert die Drei-Schluchten-Region des Jangtse-Flusses als Urheimat der austroasiatischen Sprachen. Higham (2002) argumentiert auf der Grundlage seiner Interpretation der archäologischen und linguistischen Belege, dass Munda und Mon-Khmer vor etwa 6.000 Jahren in dieser Region der Provinz Sichuan getrennt haben. Die austroasiatischen Sprachen und der Reisanbau breiteten sich dann stromaufwärts entlang des Jangtse in die Provinz Yunnan im Südwesten Chinas aus. Die austroasiatischen Sprachen und der Reisanbau breiteten sich dann von Yunnan aus entlang der großen Flusssysteme aus. Higham (2002) zufolge wurden die Flusssysteme genutzt, um eine Reise durch das dichte Blätterdach des Waldes zu vermeiden. Die Munda-Sprachen und der Reisanbau breiteten sich schließlich entlang des Brahmaputra-Flusses nach Nordostindien aus. In der Zwischenzeit breiteten sich die Mon-Khmer-Sprachen und der Reisanbau von Yunnan aus entlang mehrerer großer Flusssysteme wie dem Mekong, Irrawaddy, Chao Praya und Red nach Süden aus.

Higham (2002) untermauert dieses Modell linguistisch, indem er proto-austroasiatische Rekonstruktionen für die Terminologie im Zusammenhang mit dem Reisanbau anbietet. Er beschreibt auch Mon-Khmer Sprachen, die in China gefunden wurden, insbesondere solche, die in den palaungischen Unterzweig fallen. Eine dieser Sprachen ist P'uman, die von der ethnischen Gruppe der Blang in der Provinz Yunnan gesprochen wird. Nach Higham (2002) ist P'uman die nördlichste austroasiatische Sprache. Darüber hinaus spricht seine Lage am Mekong für einen engen Zusammenhang zwischen der Ausbreitung des frühen Reisanbaus und der Ausbreitung der Mon-Khmer-Sprachen über diesen Wasserweg.

Wir konzentrieren uns nun auf das südchinesische Modell und den Munda-Sprachzweig. Zhang und Hung (2008) datieren die Ankunft des Reisanbaus in Yunnan auf etwa 4.000 Jahre zurück. Fuller (2012) geht wie Higham (2002) davon aus, dass kurz nach der Ankunft des Reisanbaus in Yunnan der Japonica-Reis westwärts nach Indien entlang des Brahmaputra-Flusses und schließlich in die Ganges-Ebene vordrang. Es sei darauf hingewiesen, dass der Anbau von Proto-Indica-Reis und anderen Reissorten in Indien vor der Ankunft von Japonica-Reis stattfand. Der Reisanbau in Indien vor der Ankunft der Japonica-Sorte zeichnete sich jedoch dadurch aus, dass anstatt des Reisfeldanbaus, das heute üblich ist, Reis sporadisch auf trockenen Böden angebaut und mit anderen Getreidearten gewechselt wurde. Daher wurde die Landwirtschaft dieses Getreides vor dem Japonica-Reis nie zu einer bedeutenden Nahrungsquelle in Indien (Fuller 2012; Bates und Singh 2017). Vielmehr wurde Reis erst vor etwa 3.000 Jahren, etwa tausend Jahre nach der Einführung der Japonica-Sorte aus China, zu einem wichtigen Grundnahrungsmittel. Zu diesem Zeitpunkt waren Japonica und Indica bereits zu

einem ertragreichen Hybridreis weiterentwickelt worden. Außerdem hatten die Bauern in Indien zu diesem Zeitpunkt den Paddy-Felder-Reisanbau perfektioniert, eine Technik, die das Potenzial des Reisanbaus voll ausschöpft. Die Ankunft der Munda-Sprachen und des Japonica-Reises in Indien veränderte also die demografische Landschaft durch die Einführung einer Reissorte, die eine hohe Bevölkerungsdichte ermöglicht, erheblich.

6.3. Genetische Perspektiven.

Was nun den genetischen Nachweis angeht, so ist die O1b-M95-Mutation bei den Munda und Mon-Khmer Populationen Asiens (siehe [ergänzende Tabelle 16.9](#)). Aufgrund dieser Beobachtung vermuten einige Forscher, dass die Mutation ein starkes genetisches Relikt der austroasiatischen Expansion (z. B. Chaubey et al. 2011). Diese Position wird jedoch durch das starke Häufigkeitsmuster von O1b-M95 untergraben, das in Populationen beobachtet wird, die Hmong-Mien- und Tai-Kadai-Sprachen sowie das Austronesische und Sinotibetische sprechen.

Die Bemühungen, die Evolutionsgeschichte der O1b-M95-Mutation zu verstehen, wurden durch die Ungewissheit darüber behindert, wann sie entstanden ist. So gehen Kumar et al. (2007) davon aus, dass sich die Mutation vor etwa 65.000 Jahren entwickelt hat. Eine Studie aus dem Jahr 2015 (Zhang et al.) geht davon aus, dass die Mutation vor 20.000 bis 40.000 Tausend Jahren entstanden ist. Die zuverlässigste Datierung, die auf der Methodik und dem allgemeinen Muster der Diversifizierung der Haplogruppe O-M175 im frühen Holozän beruht, liefern Karmin et al. (2015) und Singh et al. (2021). Beide Studien legen nahe, dass sich O1b-M95 vor etwa 12.000 Jahren entwickelt hat.

Auch die Bestimmung des Entstehungsortes von O1b-M95 bleibt problematisch. Kumar et al. (2007) vermuten Ostindien. Zhang et al. (2015) vermuten Südchina. Arunkumar et al. (2015) vermuten Laos. Alte DNA-Daten von Li et al. (2007) unterstützen die Idee, dass sich O1b-M95 entlang des Jangtse-Flusses und der Drei-Schluchten-Region entwickelt hat (siehe auch [ergänzende Tabelle 16.5](#)). Diese Daten legen nahe, dass der Jangtse zu einem Korridor wurde, der austroasiatische Sprachen in die Provinz Yunnan und darüber hinausstrug, wie es das Südchina-Modell nahelegt.

Ein weiteres Hindernis, das die Analyse der O1b-M95-Mutation behindert hat, ist die Identifizierung informativer stromabwärtigen Mutationen. Die jüngste Veröffentlichung von vier Studien (Kutanan et al. 2019, Kutanan et al. 2020, Macholdt et al. 2020; und Singh et al. 2021) hat die interne Phylogenie der Mutation erheblich aufgeklärt. Wie die [ergänzenden Abbildungen 16.3](#) und [16.4](#) zeigen, bilden O1b-F1252 und O1b-M1283 die beiden Hauptlinien von O1b-M95. Darüber hinaus identifizieren Singh et al. (2020) eine stromabwärtige Variante der O1b-M1283-Mutation, die O1b-B418-Mutation, als genetische Signatur der Munda sprechenden Populationen in Indien. Die O1b-F1252- und O1b-M1283-Gabelung von O1b-M95 ahmt somit die Gabelung von dem Austroasiatischen in den Mon-Khmer- und Munda-Zweige.

Abschnitt 7. Die Tai-Kadai-Sprachen und Haplogruppe O-M175.

7.1. Einleitung.

Die Tai-Kadai Sprachfamilie ist auch als Kra-Dai und Daic bekannt. Laut *Ethnologue* (2018) sprechen etwa 81 Millionen Menschen eine Tai-Kadai-Sprache. Diese Sprachfamilie besteht aus 91 verschiedenen Sprachen und ist in China, Thailand, Vietnam, Laos und Myanmar verbreitet. Eine Handvoll Tai-Kadai-Sprachen gibt es auch in Indien. Die Tai-Kadai-Sprachfamilie hat drei interne Hauptzweige: Hlai, Kam-Tai und Kra. Hlai besteht aus zwei Sprachen, die auf der Insel Hainan in China gesprochen werden. Kra umfasst 16 Sprachen, die in China und Vietnam gesprochen werden. Die restlichen 72 Sprachen gehören zum Kam-Tai-Zweig. Unter den Kam-Tai-Sprachen hat Thai mit rund 60 Millionen Sprechern den Status einer Amtssprache in Thailand.

7.2. Tai-Kadai Heimatland.

Paul Sidwell, ein Linguist, der sich auf die Sprachen Ostasiens spezialisiert hat, verortet die Ursprünge der Tai-Kadai Familie in Südchina. Er geht außerdem davon aus, dass sich diese Sprachen vor etwa 2.500 Jahren nach Süden ausbreiteten (siehe Sidwell 2013). Aus archäologischer Sicht ziehen Zhang und Hung (2012) die Möglichkeit in Betracht, dass Tai-Kadai ein sprachliches Überbleibsel von Jägern und Sammlern ist, die schließlich Landwirtschaft und Reisanbau betrieben. Eine genetische Studie (Brunelli et al. 2017) vertritt die gleiche Position. Blench (2013) stellt jedoch fest, dass die Vorgeschichte des Tai-Kadai etwas unklar bleibt. Er schlägt vor, dass das historische Königreich Siam am besten die Position der Tai-Kadai-Sprachen innerhalb des zeitgenössischen Wandteppichs der globalen Sprachvariation erklärt.

Obwohl die genetischen, sprachlichen und archäologischen Beweise auf das chinesische Festland als Urheimatland der Tai-Kadai deuten, schlägt eine genetische Studie aus dem Jahr 2008 (Li et al.) Hainan vor, eine Insel im Südchinesischen Meer und die südlichste Provinz Chinas. Wie bereits erwähnt, besteht der Hlai-Zweig des Tai-Kadai aus zwei Sprachen, die auf der Insel Hainan gesprochen werden. Li et al. (2008) vertreten den Standpunkt, dass Hlai ein sprachliches Relikt der frühesten Tai-Kadai-Sprachen ist, das sich unter den Ureinwohnern der Insel entwickelt hat. Ihre Argumente beruhen in erster Linie auf der Analyse der erhöhten Häufigkeit von O1a-M119- und O1b-M95-Mutationen unter den Ureinwohnern von Hainan.

Aus linguistischer Sicht scheint es ebenso plausibel, dass sich Hlai aus einer Tai-Kadai Sprache entwickelt hat, die einst auf dem chinesischen Festland gesprochen wurde (Norquest 2007). Irgendwann kamen dann die Sprecher des frühen Hlai über das Meer auf die Insel. Interessanterweise wirft eine aktuelle Studie aus dem Jahr 2021 (Sun et al.) die Möglichkeit auf, dass sich Tai-Kadai im Südosten Chinas entlang der Küste des Südchinesischen Meeres entwickelt hat. Die Studie umfasste eine phylogenetische Analyse von Mutationen, die dem O1a-M119 nachgeschaltet sind. Unter diesen nachgeschalteten Mutationen wurden O1a-Z23482 und O1a-K644 als mutmaßliche Marker unter den Tai-Kadai sprechenden Populationen identifiziert (siehe [ergänzende Abbildung 16.5](#) für weitere Informationen). Die Idee, dass sich Tai-Kadai entlang der Küste des südöstlichen Chinas entwickelt hat, wird auch durch alte O1a-M119-Mutationen aus neolithischen archäologischen Stätten im Jangtse-Flussdelta unterstützt (siehe [ergänzende Tabelle 16.5](#)).

7.3. Die Tai-Kadai-Sprachen und das Austronesische.

Unter den Sprachwissenschaftlern haben einige Forscher die Möglichkeit erforscht, ob die Tai-Kadai-Sprachen und das Austronesische durch eine gemeinsame Proto-Sprache verbunden sind (siehe Ostapirat 2018 für einen Überblick). Ein anderer Forscher vertritt die Position, dass Tai-Kadai ein Unterzweig innerhalb der austronesischen Sprachfamilie sei (Sagart 2004). Thurgood (1994) hingegen liefert überzeugende Argumente für eine Entlehnungsbeziehung zwischen dem Austronesischen und den Tai-Kadai-Sprachen irgendwo in den südchinesischen Provinzen Guizhou und Guangxi vor etwa 4.000 Jahren. Eine genetische Perspektive (Sun et al. 2021), die sich auf phylogenetische Verwandtschaft stromabwärts von O1a-M119, liefert Beweise für eine frühe Verwandtschaft zwischen Austronesisch und Tai-Kadai. Ein solches Argument wird möglicherweise durch eine Studie unterstützt, die die Ursprünge des Austronesischen auf dem chinesischen Festland verortet, basierend auf der Analyse der O2a-N6-Mutation (Wei et al. 2017a). Nichtsdestotrotz bietet das Gewicht der archäologischen, linguistischen und genetischen Daten, wie oben in Abschnitt 5 dargestellt, überzeugende Argumente für Taiwan als die Urheimat der austronesischen Sprachen.

Anstelle einer frühen prähistorischen Beziehung sei es eine gemeinsame Protosprache oder ein Sprachkontakt, könnte der Einfluss des Austronesischen auf die Tai-Kadai durchaus auf den

historischen Aufstieg und Niedergang der austronesisch sprachigen Champa-Zivilisation zurückzuführen sein, die Sidwell (2013) auf den Zeitraum zwischen 500 v. Chr. und 1500 n. Chr. datiert. Eine ähnliche Position vertritt Doi (2012) mit seiner Analyse der austronesischen Einflüsse in den austroasiatischen Sprachen, insbesondere im Vietnamesischen. Eine Erweiterung von Dois Argumentation legt nahe, dass ein intensiver Sprachkontakt nicht nur zwischen der Champa- und der austroasiatischen Bevölkerung bestand, sondern auch zwischen der Champa- und der Tai-Kadai Bevölkerungsgruppen.

Li et al. (2013) konzentrieren sich nun auf die genetischen Belege für den Einfluss der Champa und berichten über Y-Chromosom-Daten für das Volk der Utsat, das eine potenzielle Reliktpopulation darstellt. Ihre Ergebnisse legen nahe, dass die austronesische Expansion auf das ostasiatische Festland von einer kleinen Population aus dem Insel Südostasien getragen wurde. Diese kleine austronesisch sprechende Bevölkerung vermischte sich dann mit einer größeren nicht-austronesisch sprechenden Festlandbevölkerung. Zu einer ähnlichen Schlussfolgerung gelangten He et al. (2012) in ihrer Studie über ethnische Cham und Kinh in Vietnam sowie über Thais und Laoten.

Abschnitt 8. Hmong-Mien und Haplogruppe O-M175.

8.1. Einleitung.

Die heutige Verbreitung der Hmong-Mien Sprachen ist in den Hügeln Südchinas, Nordlaos und Nordvietnams zu finden. Laut *Ethnologue* (2018) besteht die Hmong-Mien-Sprachfamilie aus 39 Sprachen und 9,3 Millionen Sprechern. Diese Sprachfamilie hat drei Hauptabteilungen: Hmongisch, Mien und Ho Hte. Hmongisch besteht aus 33 Sprachen, Mien aus fünf Sprachen und Ho Hte aus einer, der She-Sprache. Unter den Sprachwissenschaftlern herrscht Konsens über eine vermutete Hmong-Mien-Urheimat in Südchina (z. B. Benedict 1987; Kosaka 2002; Ratliff 2010; Driem 2011). Die Hauptkontroverse unter Linguisten ist die Beziehung zwischen dem Hmong-Mien, Tai-Kadai, Austroasiatischen und Tibeto-Birmanischen (siehe Ostapirat 2018 für einen Überblick). Einige Linguisten suchen nach Makro-Familienbeziehungen, andere favorisieren Sprachkontakt.

8.2. Makro-Beziehungen und Hmong-Mien.

Aus anthropologischer Sicht ist der zeitliche Ausgangspunkt für die Diskussion der Hmong-Mien-Sprachfamilie die Einführung des Reisanbaus im Südosten Chinas während des Neolithikums (z. B. Zhang und Hung 2010). Eine Studie aus dem Jahr 2011 (Cai et al.) bietet eine interessante genetische Perspektive auf die Ursprünge der Hmong-Mien Familie. Die Forscher beobachteten signifikante Häufigkeiten von O1b-M95, O2a-M7 und O2a-M117 unter austroasiatischen und Hmong-Mien sprechenden Populationen. Auf der Grundlage ihrer Analyse dieser Daten schlagen die Forscher ein gemeinsames Ursprungssprachenmodell für beide Sprachfamilien vor.

Eine andere Interpretation der genetischen Daten legt nahe, dass die Ähnlichkeiten zwischen den Hmong-Mien Sprachen und den anderen Sprachen Ostasiens durch die Konvergenz von Sprachgemeinschaften entstanden sind, wie es die Sprachkontakttheorie vorhersagt. Auf der Grundlage der Daten (siehe [ergänzende Tabelle 16.3](#)) stellt die Mutation O2a-M117 einen nützlichen Marker für die Entschlüsselung eines möglichen Sprachkontakts zwischen dem Hmong-Mien, Austroasiatischen, Tai-Kadai und Tibeto-Birmanischen. O1b-M95 hingegen hilft, den Sprachkontakt zwischen dem Hmong-Mien, Austroasiatischen und Tai-Kadai zu entschlüsseln (siehe [ergänzende Tabelle 16.9](#)). Die Mutation O2a-M7 schließlich weist auf den Sprachkontakt zwischen dem Hmong-Mien und Austroasiatischen hin (siehe [ergänzende Tabelle 16.10](#)). Ein solches Modell scheint mit neueren Studien übereinzustimmen, die genetischen Daten für Hmong-Mien sprechende Populationen in China, Thailand und Vietnam berichten (Xia et al. 2019; Kutanan et al. 2020, Macholdt et al. 2020).

Martha Ratliff und ihre Monografie aus dem Jahr 2010 bieten eine maßgebliche und umfassende Diskussion der Geschichte des Hmong-Mien aus einer linguistischen Perspektive. Wie bereits erwähnt, verorten sie und andere Forscher die Urheimat des Hmong-Mien in Südchina. Die Ausbreitung dieser Sprachfamilie nach Thailand, Laos und Vietnam hat laut Ratliff erst in den letzten 200 Jahren stattgefunden (S. 1-2). Darüber hinaus liefert ihre vergleichende Analyse überzeugende Argumente gegen eine makrofamiliäre Beziehung zum Chinesischen oder Tibeto-Birmanischen, oder Tai-Kadai, oder Austronesischen oder Austroasiatischen. Vielmehr deuten die linguistischen Daten auf unterschiedlich starke lexikalische Entlehnungen mit diesen Sprachen hin, wobei das Chinesische am intensivsten ist (S. 233-237).

8.3. Hmong-Mien und die ersten Reisbauern Ostasiens.

Die archäologische Perspektive, die bereits in Abschnitt 2.4 dieses Kapitels erörtert wurde, legt nahe, dass sich der Reisanbau sowohl im mittleren als auch im unteren Jangtse-Tal unabhängig voneinander entwickelt hat. Auf der Grundlage einer Synthese von linguistischen, archäologischen und genetischen Daten sind die Hmong-Mien Sprachen möglicherweise ein sprachliches Relikt der vermeintlichen Reisbauern Ostasiens. Linguistische Unterstützung für dieses Argument liefert Ratliff (2010: 231). Sie geht davon aus, dass die Reisterminologie der Hmong-Mien-Sprachen nicht aus einer anderen Sprachfamilie entlehnt wurde. Genetische Unterstützung ergibt sich aus dem starken Vorkommen von O2a-M7- und O1b-M95-Mutationen bei den heutigen Hmong-Mien sprechenden Populationen Ostasiens (siehe [ergänzende Tabellen 16.9](#) und [16.10](#)) und aus alten Y-Chromosom-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 16.5](#)), die beide Mutationen bei den neolithischen Populationen des mittleren Jangtse-Tals belegen. Ein besonders starker neolithischer Marker bei den Hmong-Mien, die O2a-N5-Mutation, die eine nachgeschaltete Variante von O2a-M7 ist (siehe Xia et al. 2019), unterstützt diese Position zusätzlich.

Abschnitt 9. Koreanisch.

9.1. Überblick über die linguistischen Daten.

Auf der Grundlage der archäologischen Aufzeichnungen wird die Ethnogenese der Koreaner mit dem Beginn der Jeulmun-Keramikperiode vor etwa 10.000 Jahren in Verbindung gebracht (siehe Kim 2015). Kim (2009) weist jedoch darauf hin, dass ein zuverlässiger Nachweis der koreanischen Sprache erst vergleichsweise spät in ihrer Geschichte, vor etwa 600 Jahren, als die koreanische Hangeul-Schrift in einem Dokument namens *Hunminjeongeum* eingeführt wurde. Derselben Quelle zufolge ist die Klassifizierung der koreanischen Sprache schwierig gewesen. Die so genannte „südliche Theorie“ versuchte, das Koreanische mit dem Dravidischen oder Austronesischen zu verbinden. Die nördliche Theorie hingegen ordnete das Koreanische in eine altaische Makro-Familie.

Die zeitgenössische linguistische Klassifizierung des Koreanischen hat die Sprache im Allgemeinen vom Altaischen abgegrenzt. In der 17. Ausgabe von 2014 stufte *Ethnologue* das Koreanische als eine isolierte Sprache ein. In der 18. Ausgabe von 2015 wurde das Koreanische jedoch in eine neu geschaffene Sprachfamilie namens „Koreanisch“ eingeordnet (vgl. *Korean* und *Koreanic* aus dem Englischen). Diese Sprachfamilie umfasst nur zwei Sprachen, wobei die koreanische Sprache mit 48 Millionen Sprechern auf der koreanischen Halbinsel und 77 Millionen Sprechern weltweit bei weitem die größte Zahl an Sprechern hat. Jejueo, die andere Sprache der koreanischen Sprachfamilie, wird auf der Insel Jeju in der Koreastraße von nur 5.000 Menschen gesprochen.

9.2 Überblick über den archäologischen Befund.

Das Paläolithikum auf der koreanischen Halbinsel ist in den archäologischen Aufzeichnungen nur spärlich dokumentiert (siehe Kim 2015). Eine Diskussion über das koreanische Neolithikum beginnt

mit den Ursprüngen der Landwirtschaft in China. Ein Zentrum der frühen Landwirtschaft war das Becken des Jangtse-Flusses und die Entwicklung des Reisanbaus (siehe Abschnitt 2.4). Ein weiteres Zentrum der frühen Landwirtschaft in China befindet sich entlang des Gelben Flusses zwischen der mongolischen Steppe und dem Huai-Fluss (Zhao 2011). Hier begann vor etwa 8.000 Jahren die Xinglonggou-Kultur mit dem Anbau von Fuchsschwanz- und Besenhirse. Etwa 2.000 Jahre später breitete sich der Hirseanbau von dieser Region im Nordosten Chinas bis zur koreanischen Halbinsel aus (z. B. Stevens und Fuller 2017).

Obwohl die Einführung der frühen Landwirtschaft in vielen Gebieten der Welt ein schnelles Bevölkerungswachstum auslöste, scheint die Situation in Korea anders zu sein. Die archäologischen Aufzeichnungen belegen keinen Zusammenhang zwischen Hirseanbau und schnellem Bevölkerungswachstum während der Jeulmun-Zeit. Laut Ahn (2010) ergänzte Hirse lediglich die Ernährung von Jägern und Sammlern. Stattdessen war es die Ankunft des Reisanbaus aus China, die das schnelle Bevölkerungswachstum auslöste, das für frühe landwirtschaftliche Expansionen charakteristisch ist, und damit auch den Übergang von der Nahrungssuche zum Ackerbau.

Der Reisanbau kam nach Korea vor etwa 3 500 Jahren während der koreanischen Bronzezeit, der so genannten Mumun-Zeit, welche nach einer einzigartigen Form der Töpferei benannt wurde. Archäologen (z. B. Ahn 2010) haben drei mögliche Herkunftsregionen identifiziert, aus denen diese Ausbreitung erfolgt sein könnte. Der Reis könnte aus dem Südosten Chinas, in der Nähe des Perlflussdeltas, auf die koreanische Halbinsel gelangt sein. Alternativ könnte der Reis auch aus Zentralchina in der Nähe des Jangtse-Flussdeltas gekommen sein. Die meisten Archäologen favorisieren jedoch den Nordosten Chinas, genauer gesagt die Halbinseln Shandong und Liaodong. Dieses Gebiet vermeidet die Überquerung des Meeres und legt nahe, dass chinesische Bauern auf die koreanische Halbinsel auswanderten, weil der Reisanbau in der Mandschurei aufgrund ungünstiger klimatischer Bedingungen scheiterte.

9.3. Überblick über die genetischen Daten.

Die Haplogruppe O-M175 macht 80 Prozent der Y-Chromosom-Variation in Korea aus (Kwon et al. 2015). Bei den Koreanern sind die informativsten stromabwärtigen Varianten von O-M175 O2a-002611, O2a-M117, O2a-F114 und O1b-SRY465. Diese Mutationen sind genetische Relikte des Übergangs zum Reisanbau auf der koreanischen Halbinsel, der, wie bereits erwähnt, vor 3.500 Jahren stattfand.

9.4. O2a-002611 unter Koreanern.

Es sei darauf hingewiesen, dass die Mutation O2a-002611 bereits in Abschnitt 3 behandelt wurde. Diese Mutation ist ein besonders starker Marker für das chinesische Neolithikum und die Entstehung der Han-Volksgruppe. Bei den heutigen Koreanern erreicht diese Mutation eine Häufigkeit von etwa 10 Prozent (Kwon et al. 2015). Der Ursprung der Mutation liegt wahrscheinlich im Osten Chinas.

9.5. O2a-M117 und O2a-F114 bei Koreanern.

An dieser Stelle wird der Leser gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 16.2 anzusehen](#). Die Mutation O2a-M134 hat zwei stromabwärtige Varianten, O2a-M117 und O2a-F114. Unter den heutigen Koreanern erreicht die O2a-M117-Mutation eine Häufigkeit von etwa 13 Prozent und die O2a-F114-Mutation eine Häufigkeit von etwa 10 Prozent (siehe ergänzende [Tabellen 16.3](#) und [16.4](#)). Die Quelle von O2a-F114 bei den Koreanern ist wahrscheinlich Ostchina.

Was nun O2a-M117 betrifft, so ist diese Mutation in ganz Ostasien zu finden. Leider sind die

sprachlich informativen stromabwärtigen Varianten von O2a-M117 nach wie vor unbekannt. Eine mögliche Ausnahme ist die O2a-M133-Mutation, die fast die gesamte O2a-M117-Variante unter Koreanern darstellt (siehe Park et al. 2012). Interessanterweise wurde die O2a-M133-Mutation auch bei den Han-Chinesen auf Taiwan sowie bei einigen austronesischen Ureinwohnern-sprechenden Ureinwohner der Insel nachgewiesen (siehe [ergänzende Tabelle 16.11](#)). Wie sich der Leser vielleicht erinnert, sind die taiwanesischen Ureinwohner Nachkommen der Dapenkeng-Kultur, die vor etwa 5.500 Jahren vom asiatischen Festland auf die Insel eingewandert ist. Die Han-Chinesen hingegen sind erst in den letzten vierhundert Jahren nach Taiwan eingewandert (z. B. Williams 2003). Die Quelle der O2a-M133-Mutationen bei den heutigen Koreanern erfordert daher weitere Untersuchungen. Möglicherweise ist es das chinesische Festland, vielleicht aber auch Taiwan. Interessanterweise sprechen alte Y-Chromosom-Daten und O2a-M133-Mutationen, die aus neolithischen Überresten entlang des Gelben Flusses gewonnen wurden, für eine neolithische Ausbreitung der Mutation aus China.

9.6. Das Koreanische und Austronesische.

Kim (2009) diskutierte mögliche austronesische Einflüsse, die in der koreanischen Sprache zu finden sind. Das Vorhandensein der Mutation O2a-M133 bei taiwanesischen Ureinwohnern und Koreanern könnte diese Position zusätzlich unterstützen. Kim (2009) räumt jedoch auch ein, dass eine Beziehung zwischen dem Koreanischen und dem Austronesischen der vorherrschenden Meinung der Linguisten widerspricht. Lee und Ramsey (2011: 27-28) weisen außerdem darauf hin, dass diese Idee aus der japanischen Sprachforschung des frühen zwanzigsten Jahrhunderts und den Bemühungen stammt, das Gefühl der ethnischen Identität der Koreaner zu untergraben.

Die genetischen, linguistischen und archäologischen Daten, die zuvor in diesem Kapitel erörtert wurden, unterstützen die Entwicklung von O2a-M117 irgendwo in den zentralen Ebenen des Gelben Flusses. Hier entstanden Proto-Chinesisch und Proto-Tibeto-Birmanisch getrennt. O2a-M117 wanderte schließlich mit Sprechern des frühen Tibeto-Birmanischen nach Westen auf das tibetische Plateau. Von Tibet aus breitete sich O2a-M117 dann nach Süden in Richtung Indien, Birma und darüber hinaus aus. Außerdem breiteten sich O2a-M117 und Variante der O2a-M133-Mutation entlang des Gelben Flusses nach Osten aus. Die Ausbreitung in Richtung Osten endete am Gelben Meer. Eine Population folgte dann der ostasiatischen Küste nach Norden bis nach Korea und eine andere Gruppe wanderte nach Süden bis nach Taiwan. Ein solches Szenario wird auch durch die Häufigkeit von O2a-F114 bei Han-Chinesen und Koreanern unterstützt (siehe [ergänzende Tabelle 16.4](#)). Außerdem scheint es bedeutsam, dass O2a-M117 und O2a-F114 bei mongolischen und tungusischen-sprechenden Populationen zu finden sind (siehe [ergänzende Tabellen 16.3](#) und [16.4](#)).

Diese Diskussion über die Mutationen O2a-M117, O2a-M133 und O2a-F114 unterstreicht sicherlich die Notwendigkeit, die stromabwärtige Phylogenie von O2a-M134 weiter zu erforschen. Auf diese Weise könnten möglicherweise informativere Marker identifiziert werden, die zur Entschlüsselung der Sprachvariationen in Ostasien beitragen. Darüber hinaus könnte eine solche Untersuchung dazu beitragen, die geografischen Ursprünge und die Ausbreitung der Mutation weiter zu klären. Kurz gesagt, das Vorhandensein von O2a-M133 bei taiwanesischen Ureinwohnern und Koreanern erscheint verwirrend.

9.7. Die O1b-SRY465-Mutation bei Koreanern.

Nach den Daten von Kwon et al. (2015) hat etwa ein Drittel der Koreaner die O1b-SRY465-Mutation. In derselben Studie wurden zwei Varianten der O1b-SRY465-Mutation unter Koreanern identifiziert: O1b-47z und O1b-L682. Ausgehend von den verfügbaren Daten scheint sich O1b-L682 in Korea entwickelt zu haben. O1b-SRY465 und O1b-47z hingegen scheinen anderswo entstanden zu sein, da beide Mutationen in ganz Ostasien verstreut sind (siehe [ergänzende Tabellen 16.12](#) und [16.13](#)). Kim

et al. (2011) vermuten, dass sich O1b-SRY465 im Nordosten Chinas vor 6.000 bis 10.000 Jahren entwickelt hat. Dieselbe Studie datiert O1b-47z-Varianten in Korea auf etwa 4.000 Jahre. Da O1b-SRY465 in ganz Ostasien verstreut ist, scheint die Ausbreitung dieser Mutation an der Küste eng mit der von O2a-M117 und O2a-F114 zusammenzuhängen.

9.8. Das Transeurasische.

Die *transeurasische Hypothese* wurde bereits in den Kapiteln 7 und 15 erörtert. Nach dieser Hypothese sind die Turksprachen sowie das Tungusische, Mongolische, Koreanische und Japonische alle aus einer gemeinsamen proto-transeurasischen Sprache entstanden. Eine alternative Sichtweise auf das Koreanische würde diese Sprachfamilie als fast eine isolierte Sprache betrachten. Als solche könnten gemeinsame Merkmale mit anderen Sprachfamilien durch die Konvergenz verschiedener Sprachgemeinschaften erklärt werden. Interessanterweise geben die verfügbaren archäologischen und genetischen Daten keinem der Modelle den Vorzug vor einem anderen. Vielmehr scheint die Interpretation der linguistischen Daten der entscheidende Faktor zu sein. Letztendlich bleibt die Klassifizierung des Koreanischen eine höchst subjektive Entscheidung, die einen Konsens unter den Sprachwissenschaftlern voraussetzt.

Abschnitt 10. Japanisch und Haplogruppe O-M175.

10.1. Einleitung.

Die interne linguistische Phylogenie der japonischen Sprachfamilie sowie die geografische Verteilung der Sprecher des Japonischen scheinen darauf hinzudeuten, dass sich das Japonische wie eine fast isolierte Sprache wie das Koreanische verhält. Japanisch hat zwei Hauptzweige, Japanisch mit einer einzigen Sprache, und Ryukyuan mit elf Sprachen. Der japanische Zweig hat bei weitem die meisten Sprecher, etwa 129 Millionen. Die Zahl der Ryukyuan-Sprecher ist nicht bekannt (z. B. Shimoji 2010), aber die Daten von *Ethnologue* (2018) deuten auf etwa 2.000 Sprecher hin. Was die geografische Verbreitung betrifft, so wird Japanisch auf der gesamten Bandbreite der japanischen Inseln gesprochen. Die Ryukyuan-Sprachen hingegen sind auf die Ryukyuan-Inseln an der südlichsten Spitze des japanischen Archipels beschränkt.

10.2. Linguistische, anthropologische und genetische Perspektiven.

Geografisch gesehen besteht das heutige Japan aus einer Inselkette, die sich etwa 3.000 Kilometer von Norden nach Süden erstreckt. Wie bereits in den Kapiteln 4 und 6 erwähnt, weist der Genpool des heutigen Japans eine starke paläolithische Komponente auf, etwa 40 Prozent. Die genetischen Überbleibsel der paläolithischen Gründungspopulationen Japans sind die Mutationen C1a-M8 und D1b-M55. Die genetischen Daten stimmen mit den archäologischen Funden überein, die darauf hindeuten, dass der moderne Mensch die japanischen Inseln vor etwa 30.000 Jahren besiedelte. Vor etwa 16.000 Jahren entwickelten sich ihre Nachkommen zur Jomon-Jäger-Sammler-Kultur (z. B. Hudson 2013). Der Begriff „Jomon“ beschreibt einen einzigartigen Töpferstil, der zu einem charakteristischen Relikt dieser Menschen geworden ist.

Vor etwa 2.000 Jahren wanderte die Yayoi-Kultur von Korea auf die japanische Insel Kyushu. Sie führten den Reisanbau ein, der schließlich die Nahrungssuche als wichtigste Subsistenzstrategie ablöste. Die O1b-SRY465- und O1b-47z-Mutationen sind die genetischen Überbleibsel der Yayoi-Migration (z. B. Hammer et al. 2006). Laut Naitoh et al. (2013) und Sato et al. (2014) hat etwa ein Drittel der Japaner die O1b-SRY465-Mutation und eine ihrer stromabwärtigen Varianten. Somit unterstützen die genetischen Belege möglicherweise linguistische Argumente (z. B. Whitman 2012), dass das Koreanische und Japonische aus einer gemeinsamen Vorgängersprache entstanden sind. Dennoch stellen einige Linguisten diese Beziehung in Frage (z. B. Tranter 2012). Vielmehr werden das Japanische

und Koreanische im Wesentlichen als isolierte Sprachen betrachtet, die sich durch den Sprachkontakt und die Ausbreitung der Landwirtschaft von der koreanischen Halbinsel auf die japanischen Inseln gegenseitig beeinflusst haben.

Bemühungen um eine linguistische Makro-Familienbeziehung für das Japonische und Koreanische sind umstritten. Unbestritten ist jedoch der Einfluss des Chinesischen in beiden Sprachfamilien, der durch eine Konvergenz dieser Sprachgemeinschaften geprägt wurde. So hat etwa die Hälfte des Lexikons in beiden Sprachfamilien einen chinesischen Ursprung (Kim 2009; Shibatani 2009). Der Einfluss des Chinesischen reicht sogar bis zu den frühesten Zeugnissen des Koreanischen und Japanischen und den Bemühungen, die chinesische Schrift für das Schreiben des Altkoreanischen und Altjapanischen (z. B. Tranter 2012). Angesichts des unbestreitbaren Einflusses des Chinesischen auf die Gestaltung der koreanischen und japanischen Sprache sollte es nicht überraschen, die genetische Signatur des Han-Chinesischen in den heutigen japanischen und koreanischen Genpools zu entdecken. In der Tat weisen etwa 10 Prozent der Koreaner und 5 Prozent der Japaner die chinesische Signaturmutation O2a-002611 auf (siehe [ergänzende Tabelle 16.2](#)).

Die Herstellung einer Makrobeziehung zwischen dem Japonischen und Koreanischen erscheint problematisch, weil sie den massiven Einfluss der chinesischen Sprache in beiden Familien ignoriert. Außerdem wird dabei der mögliche linguistische Beitrag der Jäger und Sammler der Jomon-Kultur zum Japonischen ignoriert. Wie das Koreanische würde eine alternative Sichtweise des Japonischen diese Sprachfamilie sicherlich als „fast isoliert“ betrachten. Wie beim Koreanischen sprechen auch beim Japonischen die verfügbaren archäologischen und genetischen Daten nicht für ein Makrofamilienmodell, sondern für ein Sprachisolatmodell. Auch hier scheint die Interpretation der linguistischen Daten der entscheidende Faktor zu sein.

10.3. Das Japonische und Austronesische.

Nach Angaben von Naitoh et al. (2013) und Sato et al. (2014) haben etwa acht Prozent der Japaner die O2a-M134-Mutation aufweisen. Wie bereits erwähnt, könnte eine bessere Auflösung der O2a-M134-Variation unter Koreanern das Ausmaß des austronesischen Sprachkontakts mit Sprechern der frühen koreanischen Sprachen klären. Um noch einen Schritt weiterzugehen, könnte die Klärung der O2a-M134-Mutation bei den Japanern auch das Ausmaß des austronesischen Sprachkontakts mit den Sprechern der frühen japanischen Sprachen klären. Interessanterweise präsentiert Robbeets (2017b) linguistische Argumente für den Sprachkontakt zwischen frühen japonischen und frühen austronesischen Sprachgemeinschaften. Die Forscherin befürwortet eine „para-austronesische“ Sprachgemeinschaft auf der Halbinsel Shandong im Nordosten des chinesischen Festland. Sie verortet die Urheimat der japonischen Sprachen auf dem chinesischen Festland und den Liaodong-Halbinseln. Der Forscherin zufolge konvergierten beide Sprachgemeinschaften vor etwa 4.000 Jahren.

Ein anderes mögliches Modell zur Erklärung einer möglichen Konvergenz von austronesischen und japanischen Sprachgemeinschaften würde eine austronesische Expansion von Taiwan auf die südlichen Ryukyuan-Inseln vorschlagen, die vor etwa 4.500 Jahren stattgefunden haben könnte. Archäologische Unterstützung für das Ryukyuan-Modell kommt von Werkzeug- und Keramikresten, die auf den japanischen Yaeyama-Inseln gefunden wurden, die sich an der südlichsten Spitze des Ryukyuan-Atolls befinden, etwa 250 Kilometer östlich von Taiwan. Zwei Berichte (Summerhayes und Anderson 2009; Hudson 2017b) identifizieren diese Gegenstände als mögliche austronesische Artefakte aus Taiwan. Außerdem weisen beide Berichte auf die Möglichkeit eines Kontakts zwischen Jomon-Sammlern und Austronesiern in der Nähe von Okinawa hin. Während die verfügbaren archäologischen Beweise nicht für eine austronesische Migration nach Okinawa oder darüber hinaus sprechen, könnte eine bessere Auflösung der O2a-M117- und O2a-N6-Variationen unter Ostasiaten durchaus eine andere Geschichte ergeben. Alternativ dazu könnten Handelsbeziehungen in der Taiwanstraße und entlang der Ryukyuan-Inseln zur Konvergenz der Sprachgemeinschaften geführt haben.

Abbildung 16.2. Korea, Japan, Kyushu, Okinawa, Ryukyu-Inseln, Taiwan und China.



Abschnitt 11. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe O-M175.

Die heutige Verbreitung von O-M175-Mutationen ist ein genetisches Relikt des neolithischen Übergangs in Ostasien, Südasien, Insel Südostasien und Ozeanien. Zu den sprachlichen Relikten dieses Übergangs gehören das Chinesische, Tibeto-Birmanische, Austroasiatische, Austronesische, Koreanische, Japonische, Tai-Kadai und Hmong-Mien. In Ostasien führte der Reisanbau zu einer Ausbreitung der chinesischen, austroasiatischen und austronesischen Sprachen. In der gleichen Region ist ein anderer Entwicklungsverlauf für das Koreanische, Japonische, Tai-Kadai und Hmong-Mien zu beobachten. Bei diesen Sprachen deuten die Daten auf eine Koevolution von Reisanbau und Sprache *in situ* hin. Die Entwicklungsgeschichte der tibeto-birmanischen Sprachen ist insofern einzigartig, als die anfängliche Ausbreitung dieser Sprache durch den Gerstenanbau und nicht durch den Reisanbau vorangetrieben wurde. Die Ausbreitung des Austronesischen schließlich wurde zunächst durch den Reisanbau vorangetrieben und ging später zum Anbau von Knollen- und Baumfrüchten in den Tieflandküstenregionen des Insel Südasiens über.

Der Reisanbau eignet sich ideal für die klimatischen Bedingungen in Süd- und Ostasien, insbesondere in den Gebieten, in denen der jährliche Monsunregen fällt. Daher ist diese Kulturpflanze die Grundlage für die hohe Bevölkerungsdichte, die für beide Regionen charakteristisch ist. Dies erklärt auch, warum die ostasiatischen Sprachen heute einen großen Teil der Sprachenvielfalt ausmachen. Das Chinesische zum Beispiel ist die erste Sprache von über einer Milliarde Menschen in der Region. Auch der Gerstenanbau ist ideal für hoch gelegene Regionen wie das tibetische Plateau. Dies erklärt die Stellung, die das Tibeto-Birmanische innerhalb der globalen Sprachvielfalt. Der Anbau von Knollen- und Baumfrüchten schließlich erklärt die Ausbreitung der austronesischen Sprachen. Anders als Getreide gedeihen und überleben Knollen- und Baumfrüchte in den Tropen.

Die Präsentation der Daten in diesem Kapitel lädt die Forscher auch dazu ein, sich nicht nur auf kulturelle Anpassungen zu konzentrieren, die die Sprachvariation beeinflusst haben, sondern auch auf evolutionäre Anpassungen. Der Erfolg der austronesischen Sprachfamilie wurde durch die Resistenz gegen das tropische Splenomegalie-Syndrom begünstigt, eine Krankheit, die durch chronische

Malariaexposition verursacht wird. Ähnlich erklären evolutionäre Reaktionen auf Hypoxie den Erfolg der tibeto-birmanischen Sprachen.

Kapitel 17: Haplogruppe Q-M242.

Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe Q-M242.

Obwohl sich die Haplogruppe Q-M242 in Asien entwickelt hat, sind ihre stromabwärtigen Mutationen zu einem wichtigen Instrument für die Entschlüsselung der einheimischen Sprachvariation in Amerika geworden. Der Leser wird nun auf die [ergänzende Tabelle 17.1](#) verwiesen, die moderne Y-Chromosom-Daten enthält. Wie die Tabelle zeigt, ist die Q-M242-Mutation in ganz Eurasien verbreitet, wo sie im Allgemeinen einen geringen Prozentsatz erreicht, wenn sie in einer Population entdeckt wird. Der Leser sollte sich nun die [ergänzenden Tabellen 17.3](#) und [17.4 ansehen](#), die Q-M242-Daten für die heutigen amerikanischen Ureinwohner enthalten. Wie die Tabellen zeigen, repräsentiert die Haplogruppe Q-M242 fast die gesamte genetische Vielfalt der Ureinwohner.

Der Begriff „indigene genetische Vielfalt“ bedarf einer Erklärung. Der historische Kontakt mit den Europäern, der nach 1492 stattfand, erklärt die beträchtliche Präsenz westeurasischer Y-Chromosom-Haplogruppen wie R-M207 in Populationen, die sich selbst als indigene Amerikaner bezeichnen. Die Entschlüsselung der Vorgeschichte der indigenen Sprachen Amerikas erfordert daher die Identifizierung der genetischen Abstammungslinien der amerikanischen Ureinwohner, die vor der Ankunft von Christoph Kolumbus entstanden sind. Die stromabwärtigen Varianten der Haplogruppen Q-M242 und C2-M217 sind die „indigenen“ Y-Chromosom-Mutationen. In Nordamerika machen die Q-M242-Mutationen etwa 93 Prozent der einheimischen Y-Chromosomvielfalt aus (z. B. Zegura et al. 2004). Die verbleibenden sieben Prozent der indianischen Gene gehören hier zu C2b-P39. In Mittel- und Südamerika hingegen repräsentiert Q-M242 fast die gesamte indigene Y-Chromosomdiversität (z. B. Geppert et al. 2011; Roewer et al. 2013).

Die Suche nach einheimischen Y-Chromosom-Mutationen bei amerikanischen Ureinwohnern geht auf das Jahr 1996 zurück, als Underhill et al. über die Entdeckung der Q1b-M3-Mutation berichteten. Trotz dieses frühen Erfolges ist die Suche nach informativen Mutationen bei den amerikanischen Ureinwohnern schwer zu fassen. Viele der Daten wurden erst kürzlich veröffentlicht (z. B. Grugni et al. 2019). Ein Teil des Problems könnte auf postkolumbianische Faktoren zurückzuführen sein, die die Y-Chromosom-Variation unter den amerikanischen Ureinwohnern reduzierten. Dies entspricht einem Bevölkerungsmodell, das als Flaschenhalseffekt bezeichnet wird. Kurz nach der Ankunft der Europäer im 15. Jahrhundert kam es bei vielen Gruppen der amerikanischen Ureinwohner zu einem raschen Rückgang der Bevölkerungsgröße. Viele von ihnen fielen europäischen Krankheiten wie den Pocken zum Opfer, gegen die sie keine Immunität entwickelt hatten. Darüber hinaus könnte die Vermischung zwischen europäischen Männern und indianischen Frauen die genetische Variation des Y-Chromosoms bei den indigenen Völkern der Neuen Welt verringert haben (für weitere Einzelheiten siehe Malhi et al. 2008).

Präkolumbianische Faktoren können auch die begrenzte genetische Variation bei den amerikanischen Ureinwohnern erklären. Der Mensch kolonisierte Amerika relativ spät, vor etwa 15.000 Jahren. Daher kann die genetische Variation eine Frage der zeitlichen Tiefe sein. Populationen in Afrika zum Beispiel haben sich seit etwa 300.000 Jahren diversifiziert. Ein demografisches Modell, das in zwei Studien auftauchte (Regueiro et al. 2013; Roewer et al. 2013), könnte auch Faktoren erklären, die die genetische Variation unter den amerikanischen Ureinwohnern vor der Ankunft von Kolumbus verringerten. Beide Studien legen nahe, dass Populationen in Afrika und Eurasien eine deutlich andere

demografische Geschichte haben als Populationen in Amerika. Im Vergleich zu Afrika und Eurasien kam es auf dem amerikanischen Kontinent nie zu einer massiven Ausweitung der genetischen Variation, wie sie für landwirtschaftliche Expansionen charakteristisch ist. Battaglia et al. (2013) vermuten beispielsweise, dass die bei den amerikanischen Ureinwohnern beobachtete geringere Variation möglicherweise auf eine Präferenz für das Jagen und Sammeln gegenüber der Landwirtschaft als primäre Überlebensstrategie zurückzuführen ist, selbst in Gebieten, in denen Ackerbau betrieben wurde. Bellwood (2005: 146-149) vermutet, dass die klimatischen Bedingungen die Entwicklung der Landwirtschaft in Amerika einschränkten. Er weist auch auf andere Faktoren hin, wie die Tatsache, dass nur wenige Tiere für die Domestizierung zur Verfügung standen und die einzige getreideähnliche Kulturpflanze der Mais war. Er stellt auch in Frage, inwieweit der Ackerbau ein wesentlicher Bestandteil der Überlebensstrategie derjenigen war, die Nutzpflanzen anbauten. Mais, Kartoffeln und Maniok zum Beispiel sind potenzielle Kalorienquellen. Gewürzpflanzen wie Chilis und Avocados sowie der Anbau von Kürbissen für Trinkkürbisse sind jedoch keine Grundnahrungsmittel.

Interessanterweise scheint die Sprachtypologie eine umgekehrte Korrelation zwischen sprachlicher und genetischer Variation in Amerika widerzuspiegeln. Die charakteristische Nivellierung der sprachlichen Vielfalt, die mit der Ausbreitung der Landwirtschaft in der Alten Welt einherging, hat in der Neuen Welt möglicherweise nicht stattgefunden. Im Vergleich zu Afrika, Eurasien und Ozeanien scheint die sprachliche Vielfalt in Amerika schwieriger zu klassifizieren. *Ethnologue* (2016) listet insgesamt 82 Sprachisolate für die Welt auf, und von diesen Sprachen sind 60 in Amerika zu finden. Von den 62 nicht klassifizierten Sprachen, die *Ethnologue* (2016) auflistet, befinden sich 30 in der westlichen Hemisphäre, genauer gesagt in Südamerika (für weitere Informationen siehe [ergänzende Tabelle 17.2](#)).

Trotz der oben genannten Schwierigkeiten ist es wichtig zu betonen, dass die Bemühungen zur Identifizierung informativer Y-Chromosom-Mutationen bei amerikanischen Ureinwohnern endlich an Dynamik gewinnen, insbesondere in den letzten fünf Jahren. Es werden jedoch mehr Daten benötigt, insbesondere für Nordamerika. Leider weigern sich viele der nordamerikanischen Ureinwohnergruppen aufgrund ihres historischen Misstrauens gegenüber Europäern, an genetischen Studien teilzunehmen (z. B. Reardon 2017). Mulligan und Szathmary (2017) weisen auch darauf hin, dass sich die amerikanischen Ureinwohner von den Forschern nicht respektiert fühlen und sich deshalb weigern, an genetischen Studien teilzunehmen. Ihrer Studie zufolge bemühen sich einige Forscher, eine asiatische Ursprungspopulation für amerikanische Ureinwohner zu identifizieren. Im Gegensatz zu dem, was diese Forscher berichten, vertreten jedoch einige amerikanische Ureinwohner den Standpunkt, dass sie aus Amerika stammen, und es ist beleidigend, etwas anderes zu behaupten.

Abschnitt 2. Oberpaläolithische Mammutjäger und Q1b-M346-Mutationen.

2.1. Einleitung.

Eine Synthese multidisziplinärer Perspektiven legt nahe, dass die Vorgeschichte Amerikas und Eurasiens durch die Tradition der Mammutjäger im Jungpaläolithikum verbunden ist. Das genetische Überbleibsel dieser Tradition ist die Q1b-L330-Mutation in Sibirien und die Q1b-M3- und Q1b-Z780-Mutation bei den amerikanischen Ureinwohnern. Siehe [ergänzende Abbildung 17.1](#)).

2.2. Phylogenetische Beziehungen innerhalb von Q-M242.

Der Leser wird gebeten, die KR-M526-Paragruppe in der [ergänzenden Abbildung 1.1](#) des ersten Kapitels zu suchen. Wie bereits in Kapitel 13 beschrieben, ist die P1-M45-Mutation, die stromabwärts von der KR-M526-Mutation ist, ein genetisches Relikt der menschlichen Expansion über die nordeurasische Landmasse während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Nach Poznik et al. (2016) entwickelte sich die P1-M45-Mutation vor etwa 47.000 Jahren. Von P1-M45 weichen die Haplogruppen

Q-M242 und R-M207 ab. Die Q-M242-Mutation entwickelte sich vor etwa 33.000 Jahren.

An dieser Stelle wird der Leser gebeten, sich die [ergänzende Abbildung 17.1](#) anzusehen. Die Haplogruppe Q-M242 hat zwei interne Hauptunterteilungen innerhalb ihrer Phylogenie: Q1-F903 und Q2-L275. Beide Mutationen haben sich vor etwa 30.000 Jahren entwickelt (Poznik et al. 2016). Heutige Q2-275-Mutationen sind auf Eurasien beschränkt und machen nur einen sehr kleinen Teil der genetischen Vielfalt in dieser Region aus (z. B. Huang et al. 2018). Außerdem sind Q2-L275-Mutationen nicht sprachlich informativ. Vielmehr befinden sich sprachlich informative Mutationen stromabwärts von Q1-F903.

Was nun die Diversifizierung von Q1-F903 in Asien betrifft, so sind der Mutation Q1-F903 die Mutationen Q1a-F1096 und Q1b-M346 stromabwärts, wie aus der [ergänzenden Abbildung 17.1](#) hervorgeht. Stromabwärts von Q1b-M346 befindet sich die Q1b-L54-Mutation. Nach Wei et al. (2018) entwickelte sich diese Mutation vor etwa 17.000 Jahren in Süd-Zentralsibirien. Aus Q1b-L54 haben sich drei sprachlich informative Linien entwickelt: Q1b-L330, Q1b-M3 und Q1b-Z780. Q1b-L330 stellt eine wichtige Mutation unter den heutigen Ket-Völkern in Südsibirien dar. Die Mutationen Q1b-M3 und Q1b-Z781 entwickelten sich vor etwa 14.500 Jahren und stellen den Beginn der genetischen Diversifizierung der Haplogruppe Q-M242 in Amerika dar (Wei et al. 2018a).

2.3. Ausdehnung der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe 3 in Nordeurasien.

Mammuthus primigenius, gemeinhin als Wollhaarmammut bekannt, entwickelte sich vor etwa 450.000 Jahren. Während der letzten Eiszeit besetzten sie ein riesiges Gebiet von Europa bis Amerika (Kahlke 2015). Zu Beginn der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe, vor etwa 50.000 Jahren, breitete sich der *Homo sapiens* über Nordeurasien aus. Während dieser Ausbreitung überlebten die Menschen, indem sie die Wollmammuts jagten, die sich in dieser Region ausbreiteten. Archäologische Belege stammen von der meteorologischen Station Sopochnaya Karga, die sich oberhalb des Polarkreises in Sibirien befindet. In der Nähe der Station entdeckten Forscher die Überreste eines Wollmammuts, das vor etwa 45.000 Jahren starb. Die Untersuchung der Überreste deutet darauf hin, dass Menschen das Tier getötet und geschlachtet haben (Pitulko et al. 2016).

Weitere archäologische Beweise für die Mammutjagd stammen aus der archäologischen Stätte Sunghir, die etwa 190 km nordöstlich von Moskau liegt. Es wurden die Überreste von fünf männlichen Tieren gefunden. Sie starben vor etwa 34.000 Jahren. Die Funde deuten außerdem darauf hin, dass sie Mammuts gejagt haben. Einer der Überreste, der so genannte Sunghir-1-Mann, war zum Zeitpunkt seines Todes, der möglicherweise durch einen Jagdunfall verursacht wurde, zwischen 35 und 45 Jahre alt. Es wird spekuliert, dass der Speer nicht das Mammut, sondern ihn getroffen hat. Außerdem scheinen diejenigen, die den Mann bestatteten, ein Begräbnisritual durchgeführt zu haben. Er wurde mit wertvollen Steinwerkzeugen begraben. Außerdem wurden Tausende von Mammut-Elfenbeinperlen auf sein Grabgewand genäht. Schließlich war sein Leichnam auch mit rotem Ocker bedeckt (für weitere Informationen siehe Sikora et al. 2017). Wichtige archäologische Beweise stammen auch von der Yana-Nashorn-Stätte, die oberhalb des Polarkreises liegt, wo der Yana-Fluss in den Arktischen Ozean mündet. Archäologische Überreste deuten darauf hin, dass die Stätte von paläolithischen Mammutjägern genutzt wurde (Pitulko et al. 2004; Nikolskiy und Pitulko 2013). Es wurden Zahnreste von zwei Jungen geborgen, die hier vor etwa 32.000 Jahren starben. Die Forscher stellten fest, dass sie die P1-M45-Mutation aufweisen (Sikora et al. 2019).

Wie aus den oben genannten archäologischen Daten hervorgeht, haben sich die Menschen des Jungpaläolithikums während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe erfolgreich an das kalte Klima in Sibirien angepasst. Ein Teil dieser Anpassung erforderte spezielle Jagdfähigkeiten, um ein Wollhaarmammut zu erlegen, ein Tier, das etwa so groß ist wie ein heutiger afrikanischer Elefant. Pitulko et al. (2016) beschreiben die Taktik der paläolithischen Jäger auf grausame Weise, und eines scheint offensichtlich:

Es muss ein gefährliches Unterfangen gewesen sein. Dennoch muss die Belohnung das Risiko aufgewogen haben. Die erfolgreiche Anpassung des prähistorischen Menschen an das kalte Klima erforderte eine zuverlässige, energiereiche Nahrungsversorgung, angemessene Kleidung und Unterkünfte, Rohstoffe für die Herstellung von Schneidwerkzeugen und Geschosspitzen sowie Brennstoff für das Feuer. Das Wollhaarmammut löste all diese Probleme (Pitulko und Nikolskiy 2012; Pitulko et al. 2016; Pfeifer et al. 2019). Ein einziges Wollmammut lieferte Tausende von Kilogramm Fleisch, das bei Minusgraden lange gelagert werden konnte. Das Elfenbein des Mammuts lieferte außergewöhnliche Projektilspitzen. Die Haut wurde für Kleidung und Zelte verwendet. Dung und Knochen dienten als Brennmaterial für das Feuer. Natürlich aßen die an die Kälte angepassten Menschen des Paläolithikums im nördlichen Eurasien auch andere Tiere. Nichtsdestotrotz liefern die Überreste des Mammuts besonders stichhaltige archäologische Beweise, die auf eine kulturelle Kontinuität hinweisen, die vor etwa 50.000 Jahren in Nordeurasien begann und sowohl in dieser Region als auch auf dem amerikanischen Kontinent vor etwa 11.000 Jahren mit dem Beginn des Holozäns endete.

2.4 Hiatus während der 2. Sauerstoff- Isotopenstufe.

Das letzte glaziale Maximum fand vor etwa 27.000 Jahren statt (Clark et al. 2009). In dieser Phase der letzten Eiszeit hatte die Vergletscherung auf der Nordhalbkugel ihre südlichste Ausdehnung erreicht. Obwohl die Vergletscherung in Sibirien nicht so extrem war wie in Europa, war ein Großteil der Region dennoch kalt, trocken und unbewohnbar (z. B. Serdyuk 2005). Der größte Teil der Region wurde entvölkert. Die Jäger, die einst oberhalb des Polarkreises gejagt hatten, zogen sich unter den 50. Breitengrad zurück. Diese Entvölkerung Nordeurasien wird von Hamilton und Buchanan (2010) als „Hiatus“ bezeichnet, der zwischen vor 32.000 und 16.000 Jahren andauerte. Eine einfache Erklärung für den „Hiatus“ besteht darin, dass sich die Jäger und Sammler in Refugien zurückzogen, wo sie auf besseres Wetter warteten.

Der Eiszeit-Hiatus veränderte die Y-Chromosom-Landschaft Nordeurasien, da die Refugien aus reproduktiv isolierten menschlichen Populationen bestanden (siehe z. B. Stewart und Stringer 2012; Gavashelishvili und Tarkhishvili 2016). Zu den genetischen Überbleibseln des Hiatus gehören die Haplogruppen Q-M242 und R-M207. Archäologische und genetische Belege für diese Schlussfolgerung stammen von den Ufern des Belaja-Flusses in der Nähe des Baikalsees in Südsibirien und von den Überresten des Mal'ta-Jungen. Raghavan et al. (2014) berichten, dass er vor etwa 24.000 Jahren starb, also ungefähr zur Zeit des letzten glazialen Maximums. Die Forscher berichten weiter, dass die Y-Chromosom-Daten das Kind irgendwo in der Nähe der Wurzel der Haplogruppe R-M207 verorten, wo die Haplogruppen R-M207 und Q-M242 von P1-M45 abzweigen.

2.5. Die Mammutjäger der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe.

Die Altai-Sayan-Region in Südsibirien war ein Refugium, das Jäger und Sammler vor der extremen Vergletscherung und den ungünstigen Wetterbedingungen des letzten glazialen Maximums schützte (Binney et al. 2017). Hier treffen die heutigen Grenzen von Russland, Kasachstan, der Mongolei und China auf einer Karte zusammen. Mehrere Y-Chromosom-Studien (z. B. Zegura et al. 2004; Dulik et al. 2012; Wei et al. 2018) identifizieren diese Region als den geografischen Ausgangspunkt für die menschliche Expansion des Jungpaläolithikums nach Nordamerika. Diese Position wird durch zeitgenössische Daten und die hohe Häufigkeit der Q1b-L330-Mutation bei den Ket stark unterstützt (siehe Flegontov et al. 2016b). Sie gehören zu den indigenen Völkern der Altai-Sayan-Region und sprechen eine Sprache der jenseitigen Familie. Archäologische Belege stammen von zahlreichen archäologischen Stätten in der Region, von denen sich viele im Tal des Jenissei-Flusses befinden. Graf und ihre 2009 durchgeführte Analyse dieser archäologischen Daten zeigt, dass das Tal des Jenissei-Flusses bereits vor etwa 33.000 Jahren von Menschen besiedelt wurde. Die Subsistenzstrategie der Menschen des Jungpaläolithikums, die hier lebten, umfasste die Mammutjagd.

Abbildung 17.1: Altai- und Sajangebirge, Fluss Jenissei und Baikalsee.

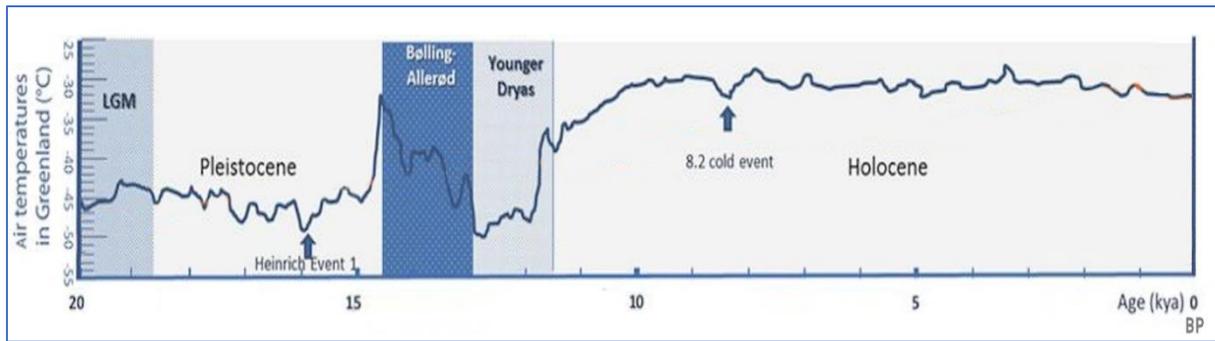


Hamilton und Buchanan (2010) datieren das Ende des Hiatus der 2. Sauerstoff-Isotopenstufe in der Altai-Sayan-Region auf etwa 16.000 Jahre vor heute. Die Wetterbedingungen in Südsibirien bestanden aus stark oszillierenden Warm- und Kaltphasen (Serdyuk 2005). Infolgedessen schrumpften und expandierten die Wollhaarmammut-Populationen in dieser Region schnell, je nach Verfügbarkeit von Futter, die durch die klimatischen Bedingungen bestimmt wurde (Pitulko und Nikolskiy 2012; Mann et al. 2015). Eine kurze Periode günstigen Wetters, die Bølling-Allerød-Wärmephase, und die entsprechende Zunahme des Futters erklären, warum sich Mammutjäger und die Q1b-L54-Mutation vor etwa 16.000 Jahren von der Altai-Region nach Amerika ausbreiteten. Nach Pitulko und Nikolskiy (2012) führte der plötzliche Anstieg des Nahrungsangebots zu einem plötzlichen Anstieg der Mammutpopulationen. Der Bevölkerungsdruck zwang die Mammuts dann, auf der Suche nach mehr Futter über Nordostsibirien nach Alaska zu wandern. Noch einen Schritt weitergedacht: Wenn es den Mammuts gut ging, ging es auch den Jägern gut; und wenn die Mammuts abwanderten, folgten ihnen die Jäger.

Das obige Modell der oberpaläolithischen Expansion nach Amerika wird durch die Y-Chromosom-Daten unterstützt. Wei et al. (2018a) führen die Entwicklung von Q1-L54 auf einen allmählichen Anstieg der Lufttemperaturen zurück, der der Bølling-Allerød-Erwärmungsphase vorausging. Die Studie legt ferner nahe, dass die südsibirischen Ursprünge von Q1b-L54 durch die aktuelle Verbreitung seiner stromabwärtigen Varianten Q1b-L330, Q1b-M3 und Q1b-Z781 unterstützt werden. Q1b-L330 blieb in Südsibirien und wurde, wie bereits erwähnt, zu einer vorherrschenden Linie unter den Ket-Völkern der Region. Q1b-M3 und Q1b-Z781 hingegen entwickelten sich vor etwa 15.000 Jahren und markieren den Beginn der Y-Chromosom-Vielfalt in der Neuen Welt.

Darüber hinaus korrelieren die Datierungsschätzungen von Wei et al. (2018a) für Q1b-M3 und Q1b-Z781 gut mit den archäologischen Daten von Swan Point, das im Tanana-Tal etwa 100 km südöstlich von Fairbanks, Alaska, liegt (Holmes 2011). Auf der Grundlage von Kohlenstoff-14-Daten, die aus verkohlten Fettresten gewonnen wurden, besiedelten Menschen diesen Ort vor etwa 14.000 Jahren. Die Knochen deuten darauf hin, dass Mammut und Pferde auf dem Speiseplan standen. Darüber hinaus gibt es Hinweise darauf, dass die Menschen Knochen als Brennstoff verwendeten, was bei den Mammutjägern des oberen Paläolithikums in Sibirien üblich war. Schließlich ähneln ihre Werkzeuge denen der jungpaläolithischen Menschen in Nordostasien.

Abbildung 17.2. Bølling-Allerød Interstadial. Quelle: Wikipedia und Platt, D. et al. 2017.



2.6. Die Tradition der Mammutjäger in Nordamerika.

Das oszillierende Muster von Abkühlungs- und Erwärmungsperioden während des späten Pleistozäns endete mit der Jüngeren Dryas, einem kurzen Kälteeinbruch, der etwa 800 Jahre dauerte, zwischen 12.900 und 11.700 Jahren vor heute. Das Ende der Jüngeren Dryas markiert den Beginn des Holozäns, und damit höhere Temperaturen und stabilere Wetterbedingungen. Das wärmere Wetter ließ die Eisgletscher schmelzen, was zu einem Anstieg des Meeresspiegels führte. Mit dem Anstieg des Meeresspiegels verschwand schließlich auch die Bering-Landbrücke, ein Korridor, der einst Russland und Alaska verband.

Wie bereits erwähnt, ist die allmähliche geografische Isolierung der Populationen der Neuen Welt von denen in Asien auf dem menschlichen Y-Chromosom durch stromabwärtige Varianten der Q1b-L54-Mutation dokumentiert. Anzick-1, die Überreste eines Jungen, der vor etwa 13.000 Jahren in West-Montana starb, weist beispielsweise eine Mutation auf, die von der Q1b-Z780 Mutation stromabwärts ist. Shuka Kaa, die Überreste eines Mannes, der vor etwa 10.000 Jahren auf Prince of Wales Island in Alaska starb, weist die Mutation Q1b-M3 auf (siehe Kemp et al. 2007).

Um zur anthropologischen Perspektive zurückzukehren: Nachdem die Mammutjäger vor etwa 15.000 Jahren Ostalaska erreicht hatten, blockierten die Eisschilde der Kordilleren und der Laurentiden vorübergehend die weitere Wanderung ins heutige British Columbia. Durch den Prozess der Deglazialisierung entstand schließlich ein eisfreier Korridor, der es den Jägern ermöglichte, ihre Reise in die Great Plains von Nordamerika fortzusetzen (Dyke 2004; Potter et al. 2018). Die archäologischen Aufzeichnungen legen nahe, dass die Reise durch den eisfreien Korridor vor etwa 14.000 Jahren stattfand. Diese Zahl ergibt sich aus Datierungsschätzungen, die von einem nordamerikanischen Mastodon stammen, einem Rüsseltier, das eng mit dem Mammut verwandt ist. Die Überreste wurden in der archäologischen Stätte Manis im Bundesstaat Washington gefunden (Waters 2011). Die Forscher stellten fest, dass das Mastodon von Menschen getötet wurde, da ein Knochen- oder Geweihprojektil in einem der Rippenknochen gefunden wurde. Weitere Anhaltspunkte für die zeitliche Einordnung des Durchgangs durch den eisfreien Korridor liefern Schätzungen zur Datierung des Anzick-1-Kindes, das in einer Grabstätte in West-Montana gefunden wurde. Wie bereits erwähnt, starb es vor etwa 13.000 Jahren.

Der Anzick-Junge stellt einen bedeutenden Fund dar, da die an seiner Grabstätte gefundenen Artefakte eindeutig mit der sogenannten Clovis-Kultur und ihrer Verwendung einer einzigartigen Projektilspitze in Verbindung gebracht werden. Traditionell wird die Clovis-Kultur als die erste kulturelle Tradition der amerikanischen Ureinwohner interpretiert (siehe Williams und Madsen 2020 für weitere Einzelheiten und eine abweichende Meinung). Eine alternative Interpretation, die auch von Sprachwissenschaftlern in Betracht gezogen werden sollte, besagt, dass die Clovis-Spitzen lediglich das Ende einer oberpaläolithischen Tradition der Mammutjagd darstellen, die vor etwa 50.000 Jahren in Nordeurasien begann. Frison (1998) weist darauf hin, dass die Mammutjagd eine robuste Projektilspitze

erforderte, und die Clovis-Spitzen waren dieser Aufgabe sehr wohl gewachsen. Clovis-Spitzen waren also eine paläolithische Innovation in Nordamerika, die eine Subsistenzstrategie unterstützte, die Zehntausende von Jahren zuvor in Nordeurasien begonnen hatte. Die kulturelle Kontinuität zwischen den Mammutjägern Eurasiens und denen Nordamerikas wird durch ähnliche Bestattungsrituale belegt. Sunghir-1, einer der ersten oberpaläolithischen Mammutjäger, und Anzick-1, einer der letzten oberpaläolithischen Mammutjäger, waren mit rotem Ocker bedeckt und mit wertvollen Werkzeugen bestattet, die für die Jagd auf große Pflanzenfresser benötigt wurden (vgl. Rasmussen et al. 2014; Sikora et al. 2017).

Nach Frison (1998) wurden Mastodon und Mammut in Nordamerika bis vor etwa 11.000 Jahren gejagt. Dann verschwanden diese großen Pflanzenfresser plötzlich. Vielleicht starben sie wegen des wärmeren Wetters aus, vielleicht war es der menschliche Bevölkerungsdruck, vielleicht auch eine Kombination aus beidem (Fiedel 2008). Unabhängig von den Gründen markiert das Aussterben der Mammutjagd möglicherweise den Beginn der kulturellen Tradition der amerikanischen Ureinwohner. Wie in Amerika verschwanden auch die Mammuts in Eurasien zu Beginn des Holozäns (z. B. Orlova et al. 2001). Wie in Amerika wird das Aussterben der eurasischen Mammuts mit dem Klimawandel und der Überjagung in Verbindung gebracht (Nogués-Bravo et al. 2008). Aus der Sicht des Y-Chromosoms erklärt das Aussterben der Tradition der Mammutjäger die heutige Verteilung der Mutationen der Haplogruppe Q-M242 in Amerika. In Eurasien erklärt der Untergang derselben Tradition die heutige Verteilung der Mutationen der Haplogruppe R-M207 (siehe Kapitel 18).

Abschnitt 3. Ein Arbeitsmodell zu den Ursprüngen der amerikanischen Ureinwohner für Linguisten.

Wie bereits erwähnt, haben sich genetische Studien darauf konzentriert, eine Ursprungsbevölkerung für die amerikanischen Ureinwohner zu definieren, und sind zu dem Schluss gekommen, dass sie aus Asien stammen. Die Archäologen haben traditionell die Tradition der Clovis-Werkzeugherstellung mit den ersten Kulturen der amerikanischen Ureinwohner in Verbindung gebracht. Für die Zwecke der linguistischen Forschung wäre es vielleicht besser, den Begriff „amerikanische Ureinwohner“ als eine kulturelle Tradition zu definieren, die sich auf dem amerikanischen Kontinent entwickelt hat. Eine solche Position scheint mit den jüngsten archäologischen, klimatologischen, genetischen und linguistischen Daten, die in diesem Kapitel vorgestellt werden, besser vereinbar zu sein.

Ein gutes Arbeitsmodell für die Ursprünge der kulturellen Tradition der amerikanischen Ureinwohner beginnt mit der kulturellen Tradition der Mammutjäger, die sich vor etwa 50.000 Jahren im nördlichen Eurasien entwickelte. Vor etwa 14.000 Jahren breitete sich diese Kulturtradition des Jungpaläolithikums auf die Great Plains in Nordamerika aus. Mit dem Beginn des Holozäns, vor etwa 11.000 Jahren, verschwand diese kulturelle Tradition, die sich einst über die gesamte nördliche Hemisphäre erstreckte, plötzlich. Die Mammuts, Mastodonten und andere große Pflanzenfresser konnten sich nicht an den Klimawandel anpassen. Die Menschen schon. Auf dem amerikanischen Kontinent ging die frühere kulturelle Tradition der Mammutjäger aus dem Jungpaläolithikum zu Ende, und es entwickelte sich eine neue kulturelle Tradition der amerikanischen Ureinwohner. Diese neue Kultur spiegelt die Anpassung an den Klimawandel und letztlich wesentliche Änderungen in der Subsistenzstrategie wider.

Abschnitt 4. Klassifizierung der Sprachen der amerikanischen Ureinwohner.

Das oben beschriebene Modell der Ursprünge der amerikanischen Ureinwohner bietet eine Zeitkomponente für die Erstellung von Modellen der indigenen Sprachvariation in der westlichen Hemisphäre. Nun stellt sich die Frage des Informationsmanagements oder wie die Daten organisiert werden sollten, um diese Modelle zu erstellen. Eine Dreiteilung der Daten in Amerindischem, Eyak-Athabaskischem, und Eskimo-Aleutischem scheint zu funktionieren. Diese Einteilung folgt Greenberg

(1987) und seiner Ansicht über die sprachliche Vielfalt in Amerika. Da Greenbergs Klassifizierung unter den Linguisten umstritten ist, ist eine Erläuterung angebracht.

American Indian Languages, ein 1997 von Lyle Campbell veröffentlichtes Nachschlagewerk, ist ein unverzichtbares Hilfsmittel für Linguisten. Der Leitfaden untersucht die indianischen Sprachen aus der Perspektive historischer Linguisten mit dem Ziel, diese Sprachen zu klassifizieren. Campbell zufolge ist die von Greenberg angewandte Methodik unkonventionell und unzuverlässig. Campbell behauptet, dass eine rigorose Anwendung der komparativen Linguistik die von Greenberg behauptete Einheit des Amerindischen nicht beweisen kann.

Campbells Klassifizierung der Sprachen der amerikanischen Ureinwohner steht im Einklang mit der heutigen allgemeinen Meinung (z. B. *Ethnologue* oder *Glottolog*). Dennoch wurde Greenbergs Arbeit in den letzten dreißig Jahren in genetischen Studien häufig als maßgebliche Klassifikation für die Sprachen der amerikanischen Ureinwohner herangezogen. Die Verwendung von Greenbergs Klassifikation war so häufig, dass Bolnick et al. (2004) sich gezwungen sahen, Genetiker zu warnen. In einem Artikel, der in einer wissenschaftlichen Zeitschrift veröffentlicht wurde, bezeichneten sie Greenbergs Klassifizierung als problematisch und nicht standardisiert. Dennoch taucht Greenberg in den genetischen Studien immer noch auf (z. B. Flegontov et al. 2016a).

Campbells und Greenbergs Klassifizierungsansatz veranschaulicht die merkwürdige Dichotomie zwischen einem historisch-linguistischen Ansatz für die Sprachen der amerikanischen Ureinwohner und einem Ansatz, der multidisziplinäre Perspektiven einbezieht. Der historisch-linguistische Ansatz steht eindeutig auf der Seite von Campbell. Greenberg bietet jedoch eine natürliche Aufteilung der Daten, wenn multidisziplinäre Perspektiven verwendet werden. Aus genetischer Sicht stellt das Amerindische eine *in situ*-Diversifizierung von Q1b-L54-Mutationen in der westlichen Hemisphäre dar. Die genetische Geschichte der eskimo-aleutischen und eyak-athabaskischen Sprecher hingegen ist möglicherweise durch den späteren Genfluss über das Beringmeer geprägt. Kulturell spiegelt das Amerindische die Anpassung an den Klimawandel in der Neuen Welt *vor Ort* wider. Die Kultur der Eskimo-Aleuten wurde stark von der Entwicklung des aktiven Walfangs beeinflusst, der vor etwa 5.000 Jahren in Japan begann. Linguistisch gesehen repräsentiert das Amerindische die *in situ*-Diversifizierung der Sprachen in der westlichen Hemisphäre seit dem Beginn des Holozäns. Die athabaskischen und eskimo-aleutischen Sprachen wurden möglicherweise durch den späteren kulturellen Austausch mit den indigenen Völkern Nordostasiens geprägt.

Die Übernahme von Greenbergs Klassifizierung zur Unterteilung der Daten der amerikanischen Ureinwohner sollte nicht als Widerspruch zur heutigen Standardklassifikation ihrer Sprachen (z.B. Campbell 1997; oder *Ethnologue*; oder *Glottolog*). Vielmehr ist die Unterteilung der Daten in Amerindischem, Eyak-Athabaskischem, und Eskimo-Aleutischem eine elegantere Darstellung der sprachlichen Vielfalt der amerikanischen Ureinwohner, wenn eine multidisziplinäre Perspektive eingenommen wird.

Abschnitt 5. Die Amerindianer.

5.1. Überblick.

In diesem Abschnitt werden die Daten der Amerindianer in fünf regionale Gruppen unterteilt: Pazifikküste, östliche Waldgebiete, amerikanischer Südwesten, Zentralamerika, zentrale Anden und Amazonien. Eine Synthese der Daten für diese Gruppen zeigt Folgendes: Das Muster und die unglaubliche Vielfalt der amerindischen Sprachen spiegeln die diversifizierten und regional beeinflussten Subsistenzstrategien der präkolumbianischen amerindischen Kulturen wider.

Zeitgleich mit der ersten Verbreitung der Mutationen Q1b-M3 und Q1b-Z780 auf dem

amerikanischen Kontinent begann vor etwa 11.000 Jahren das Holozän. Die Bering-Landbrücke wurde durch den steigenden Meeresspiegel überflutet. Die Mammuts und andere riesige Tierbestände verschwanden. Die ehemaligen Mammutjäger nutzten nun die neuen Nahrungsressourcen in den Regionen, in denen sie sich niedergelassen hatten. Das früheste Beispiel für diesen Übergang ist die Fundstelle am Upper Sun River in Zentralalaska. Menschliche Überreste und Artefakte, die an diesem Ort gefunden wurden, werden auf etwa 12.000 Jahre vor heute datiert. Hier fanden die Forscher Beweise für eine vielfältigere Ernährung, die auch Lachs enthielt (Potter et al. 2014).

Der Begriff „Amerind“ umfasst etwa eintausend indigene Sprachen in der Neuen Welt (siehe ergänzende Tabelle 17.2). Es versteht sich daher von selbst, dass diese Monografie unmöglich eine umfassende Erörterung dieser unglaublichen Vielfalt der amerindischen Sprache und Kultur bieten kann. Vielmehr geht es darum, Beispiele zu finden, die helfen, die Vorgeschichte der amerindischen Sprachen aus einer triangulierten Y-Chromosom-Perspektive zu modellieren.

Die Y-Chromosom-Daten für die heutigen amerindischen Populationen sind in ihrer Auflösung begrenzt. Aus den veröffentlichten Bevölkerungsberichten liegen den Forschern im Wesentlichen Häufigkeitsdaten für die Mutationen Q1b-M3 und Q1b-Z780 vor. Glücklicherweise hilft die alte DNA aus menschlichen Überresten, die Lücken zu schließen. Die verfügbaren alten DNA-Daten deuten darauf hin, dass die menschliche Besiedlung Amerikas, von Alaska bis Patagonien, innerhalb von vielleicht ein paar tausend Jahren erfolgte. In Anbetracht der Tatsache, dass beide Regionen 15.000 Kilometer voneinander entfernt sind, hat sich die menschliche Expansion in ganz Amerika ziemlich schnell vollzogen. Beweise für diese Schlussfolgerung liefern die Überreste von Shuka Kaa in Alaska und die Überreste der Höhle von Sumidouro in Brasilien (siehe ergänzende Tabelle 17.6). Beide Gruppen von Überresten gehören zur Mutation Q1b-M3. Die Datierungsergebnisse beider Fundorte sind auffallend ähnlich, nämlich etwa 10.000 Jahre alt.

5.2. Indianer der Pazifikküste.

Wie bereits erwähnt, überquerten Mammutjäger vor etwa 15.000 Jahren die Bering-Landbrücke von Nordasien nach Alaska. Die Mammutjäger breiteten sich dann nach Süden auf die Great Plains von Nordamerika aus. Archäologischen und klimatologischen Daten zufolge wurde dies durch einen eisfreien Korridor zwischen dem Kordillere- und dem Laurentiden-Eisschild erleichtert. Andere Modelle hingegen sprechen sich für eine zweite Südwanderung entlang der Pazifikküste der Vereinigten Staaten und Kanadas aus. Ein aktueller Bericht (Potter et al. 2018) legt nahe, dass eine Küstenwanderung zwar plausibel bleibt, ein solches Modell aber nicht durch die archäologischen Aufzeichnungen gestützt wird. Moss und Erlandson erörtern in ihrem Beitrag von 1995 das Gelände entlang der nordamerikanischen Küste und weisen darauf hin, dass Berge, tektonische Aktivitäten und das Fehlen einer Küstenebene eine Küstenwanderung behindert hätten. Wie von Erlandson, Moss und Des Lauriers (2008) vorgeschlagen, begann die Besiedlung der Pazifikküste vielmehr mit Wanderungen aus dem nordamerikanischen Binnenland. Diese Wanderungen breiteten sich dann entlang von Flüssen, die in den Pazifischen Ozean münden, nach Westen aus.

Die indigenen Völker, die sich schließlich an der Pazifikküste Nordamerikas niederließen, lebten in relativ dauerhaften Siedlungen. Moss und Erlandson (1995) zufolge weisen diese Siedlungen eine hohe Bevölkerungsdichte auf, die auf den Reichtum an Meeresressourcen wie Meeressäuger und Schalentiere zurückzuführen ist. Im selben Bericht werden die indigenen Völker der nordamerikanischen Pazifikküste in drei Kulturgebiete unterteilt: das Alutiiq-Kulturgebiet, das Kulturgebiet der Nordwestküste und das Kulturgebiet Kalifornien. Das Alutiiq-Kulturgebiet erstreckt sich entlang der Küstenlinie Südalaskas, wo das Volk der Alutiiq lebte. Sie werden manchmal auch als Pazifische Eskimos oder Pazifische Yupik bezeichnet. Ihre Sprache gehört zur eskimo-aleutischen Familie.

Der Kulturraum Nordwestküste beginnt im Südwesten Alaskas, wo Alaska, die Yukon-Territorien und British-Kolumbien zusammentreffen. Er endet in Nordkalifornien in der Nähe von San Francisco. Die sprachliche Vielfalt innerhalb dieses Gebiets ist komplex. Hier haben die eyak-athabaskischen Völker und ihre Sprachen eine interessante „Leapfrog-Verteilung“. Die Tlingit zum Beispiel sind ein eyak-athabaskisches Volk, das im nördlichsten Teil des Kulturgebiets im Südwesten Alaskas lebt. Im südlichsten Teil, in Kalifornien und Oregon, befinden sich die eyak-athabaskischen Sprachen und Völker der Pazifikküste. Neben den eyak-athabaskischen Sprachen umfasst die sprachliche Vielfalt entlang der Nordwestküste des Kulturraums auch die Haida Sprachfamilie. Darüber hinaus umfasst die kulturelle Vielfalt Völker, die Tsimshian-, Wakashan-, Salish- und Chimakuan-Sprachen sprechen. Schließlich umfasst die sprachliche Vielfalt das Ritwan, ein Unterzweig der algischen Sprachfamilie. Dies scheint unerwartet, da das Algische (oder Algonquin) eine wichtige indigene Sprachfamilie im Osten der Vereinigten Staaten und im Süden Kanadas ist.

Der kalifornische Kulturraum erstreckt sich südlich von San Francisco und umfasst die Channel Islands bei Santa Barbara. Für Sprachwissenschaftler sind die Channel Islands und die umliegende Region von Bedeutung, da sie historisch mit dem Chumasch-Volk und seinen Sprachen.

Abbildung 17.3. Eingeborenenkulturen entlang der nordamerikanischen Pazifikküste. Datenquelle: Moss und Erlandson (1995).



Was nun die genetischen Daten betrifft, so beschränken sich die zeitgenössischen Y-Chromosom-Daten für die Indianer der Pazifikküste auf die Tlingit und Haida (siehe [ergänzende Tabellen 17.3, 17.4 und 17.5](#)). Wir verfügen jedoch über alte DNA-Daten für drei Überreste aus dem kalifornischen Kulturraum (siehe [ergänzende Tabelle 17.6](#)). Die Überreste von St. Miguel Island und Point Sal gehören zu Q1b-M924. Die Überreste von San Nicholas Island gehören zu Q1b-Y4276. Die Mutation Q1b-M924 verbindet möglicherweise die Chumash mit den Amerindianern und ein Gesamtmodell der kulturellen Diversifizierung *in situ* seit dem Beginn des Holozäns. Die Q1b-Y4276-Mutation hingegen könnte den kalifornischen Kulturraum mit den algischen Sprachen, Ritwan und sein nachgewiesenes Vorkommen in Nordkalifornien stützen dieses Argument sprachlich. Genetische Unterstützung kommt von Grugni et al. (2019). Diese Studie identifiziert Q1b-Y4276 als potenziellen Marker für algische Völker im Nordosten der Vereinigten Staaten. Alternativ könnte Q1b-Y4276 den kalifornischen Kulturraum mit eyak-athabaskischen Völkern verbinden. Eine stromabwärtige Variante von Q1b-Y4276, die Q1b-B34-Mutation, wurde in alten Überresten auf einem athabaskischen Friedhof in der Nähe von Kenai, Alaska, gefunden ([ergänzende Tabelle 17.6](#)).

5.3. Das Kulturgebiet der Eastern Woodlands.

Das Kulturgebiet der Eastern Woodlands befindet sich in den Vereinigten Staaten und östlich des Mississippi sowie im Süden Ontarios und Quebecs in Kanada. Aus archäologischer Sicht wurde diese Region etwa zu Beginn des Holozäns besiedelt (Snow 2013: 354). Im Gegensatz zu den indigenen Völkern an der Pazifikküste Nordamerikas ergänzten die Ureinwohner der Eastern Woodlands ihre Subsistenzstrategie durch Landwirtschaft. Der Ackerbau in den östlichen Woodlands könnte eine Ausbreitung der algischen, irokesischen, siouanisch-katawanischen und muskogeianischen Sprachfamilien begünstigt haben (Bellwood 2005: 174-179). Die amerikanischen Ureinwohner bauten in dieser Region unter anderem Mais, Bohnen, Kürbis, Sonnenblumen, Tabak und Gänsefuß.

Die algische Sprachfamilie wird oft als „Algonquin“ bezeichnet. Campbell (1997:156) verortet die Urheimat der algischen Sprachen in der Nähe der Großen Seen, merkt aber an, dass einige sie weiter westlich verortet haben. Die algischen Sprachen sind über ein riesiges Gebiet verteilt. Wie bereits erwähnt, ist diese Sprachfamilie im Ostenteil der Vereinigten Staaten und in Nordkalifornien zu finden. Außerdem sind die algischen Sprachen über einen Großteil des südlichen Kanadas verbreitet. Einige der algischen Sprachen sprechende Völker, wie die Cheyenne und Arapahoe, lebten auf den Great Plains der Vereinigten Staaten. Eine aktuelle Studie (Grugni et al. 2019) berichtet, dass die Q1b-Y4276-Mutation von Sibirien bis Südamerika verbreitet ist. Die gleiche Studie legt nahe, dass diese Mutation ein potenziell nützlicher Marker für algische Sprachen ist.

Eine weitere große Sprachfamilie der Eastern Woodlands ist das Irokesische. Diese Sprachen sind in der Nähe der Großen Seen beheimatet und erstrecken sich südlich entlang der Appalachen bis nach Georgia. Bolnick et al. (2006) vermuten aufgrund ihrer Analyse der genetischen Daten, dass die Urheimat der irokesisch sprachigen Völker im Südosten der Vereinigten Staaten zu finden ist. Aus linguistischer und archäologischer Sicht liegt die Heimat der Irokesen jedoch im Hochland der Appalachen, das ein großes Gebiet von Pennsylvania bis Georgia umfasst (Snow 2013: 358).

Snow (2013: 359-360) beschreibt indigene Völker, die das Mississippi-Tal und den unteren Ohio-Fluss bewohnten. Zu ihnen gehören diejenigen, die Sprachen sprechen, die zu den siouanisch-katawanischen und muskogeianischen Sprachfamilien gehören. Nach Snow betrieben um das Jahr 1000 n. Chr. viele der siouanisch-katawanischen Völker, wie z. B. die Mandan, anscheinend intensive Landwirtschaft. Eine Dürre um 1450 n. Chr. trieb jedoch einige der siouanisch-katawanischen Völker wie die Lakota auf die Great Plains, wo sie die Landwirtschaft ganz aufgaben. Diese Umstellung von der Landwirtschaft auf die Nahrungssuche fand auch in Europa bei den uralisch sprechenden Völkern des Baltikums und Skandinaviens statt (siehe Kapitel 15).

5.4. Der amerikanische Südwesten.

Der amerikanische Südwesten besteht aus Kalifornien, Nevada, Arizona, New Mexico und dem südwestlichen Colorado. Die sprachliche Vielfalt in diesem Gebiet umfasst das Zuni-Sprachisolat und die folgenden Sprachfamilien: Das Uto-Azteckische, Kiowa-Tano und Eyak-Athabaskische. Daten der Haplogruppe Q-M242 liegen für die Völker der Jemez, Tohono O'odham (Papago), Akimel O'odham (Pima), Navajo und Apachen vor (siehe [ergänzende Tabellen 17.3](#) und [Tabelle 17.5](#)). C2b-P39 wurde auch für die Navajos und Apachen gemeldet (siehe [ergänzende Tabelle 17.6](#)). Die Jemez-Sprache gehört zur Kiowa-Tanoan-Sprachfamilie. Die Pima und Papago sprechen O'odham, eine Uto-Azteken-Sprache. Navajo und Apache werden als Eyak-Athabaskanische Sprachen klassifiziert.

Die uto-aztekische Sprachfamilie hat eine große geografische Verbreitung, die von Oregon in den Vereinigten Staaten bis nach Panama reicht (Campbell 1997: 133). Diese Familie besteht aus 61 Sprachen. Die beiden Hauptabteilungen sind der nördliche Zweig und der südliche Zweig. Der nördliche besteht aus 13 Sprachen, die in den Vereinigten Staaten vorkommen. Beispiele hierfür sind

Hopi, Comanche, Shoshoni und Paiute. Der südliche uto-aztekische Zweig besteht aus 48 Sprachen. Siebenundvierzig dieser Sprachen, wie z. B. Nahuatl, die Sprache der Azteken, sind in Mittelamerika beheimatet. O'odham, die Sprache der Pima und Papago, ist die einzige südliche Uto-Azteken-Sprache in Nordamerika.

Die Landwirtschaft könnte bei der Ausbreitung der uto-aztekischen Sprachen eine Rolle gespielt haben. Weitere Einzelheiten werden weiter unten in der Diskussion über Zentralamerika folgen. In der Zwischenzeit ist es notwendig, die numischen Sprachen, einen Unterzweig des nördlichen Uto-Aztekischen, zu diskutieren. Zu seinen Sprechern gehören den Comanche, Paiute, Mono und Shoshoni. Aus den archäologischen Aufzeichnungen geht hervor, dass sie vor etwa tausend Jahren die Landwirtschaft aufgegeben und die Nahrungssuche zu ihrer Lebensstrategie gemacht haben (LeBlanc 2013: 373).

5.5. Mittelamerika.

Für die Zwecke dieser Diskussion bildet die Grenze zwischen den Vereinigten Staaten und Mexiko die nördliche Grenze Zentralamerikas. Die Grenze zwischen Panama und Kolumbien bildet die südliche Grenze. In Mittelamerika liegen Y-Chromosom-Daten für die folgenden Sprachfamilien vor: Chibchan, Chocoan, Maya, Mixe-Zoquean, Otomanguean, Tarascan und Uto-Aztecan (siehe [ergänzende Tabellen 17.3, 17.4 und 17.5](#)).

Alle uto-aztekischen Sprachen Zentralamerikas werden dem südlichen uto-aztekischen Zweig zugeordnet. Die otomangueanische Sprachfamilie besteht aus 178 Sprachen, die in Mexiko verbreitet sind. Beispiele für otomangueanische Sprachen sind Mixtec, Zapotec und Otomi. Die Maya-Sprachfamilie besteht aus 31 Sprachen, die in Mexiko und Guatemala gesprochen werden. Diese Sprachfamilie gilt als sprachliches Überbleibsel der Maya-Zivilisation. 17 Sprachen in Mexiko werden der Mixe-Zoquean-Sprachfamilie zugeordnet. Campbell und Kaufman (1976) vermuten, dass diese Sprachfamilie ein sprachliches Relikt der Olmeken-Zivilisation ist. Die Chibchan-Sprachfamilie besteht aus 20 Sprachen, die in Costa Rica, Panama, Honduras, Nicaragua und Kolumbien vorkommen.

Bellwood (2005: 237-239) erörtert kurz die Koevolution von Landwirtschaft und Sprache in Mittelamerika. Er geht davon aus, dass der frühe Maisanbau die Ausbreitung der Maya-, Otomanguean- und Mixe-Zoquean-Sprachfamilien förderte. Bellwood (2005: 240-244) erörtert auch die uto-aztekische Sprachfamilie. Er vertritt den Standpunkt, dass die Verbreitung dieser Sprachfamilie mit der Ausbreitung des Maisanbaus einhergegangen sei. Diese Meinung wurde durch die Zusammenarbeit mit der Anthropologin Jane Hill geprägt. In einer 2001 veröffentlichten Arbeit legt sie nahe, dass die Uto-Azteken zu den frühen Maisbauern Mexikos gehören hätten. Vor etwa 6.000 Jahren hätten sie aufgrund des Bevölkerungsdrucks begonnen, sich nach Norden auszudehnen. Vor 3.000 bis 4.000 Jahren seien sie in den amerikanischen Südwesten eingewandert und hätten dort weiterhin Mais und andere Feldfrüchte angebaut. Hill stützt ihr Modell vor allem mit linguistischen Rekonstruktionen. Eine Studie aus dem Jahr 2010 (Kemp et al.) stützt ihr Modell mit Y-Chromosom-Daten, der Verteilung von Q1b-M3- und Q1b-Z780-Mutationen und Short Tandem Repeat (STR)-Daten.

Eine alternative Interpretation der von Kemp et al. (2010) analysierten Daten würde das Fehlen einer einzigartigen genetischen Signatur für die Uto-Azteken oder eine der anderen zentralamerikanischen Sprachfamilien nahelegen. Zu den verfügbaren Markern mit guter Auflösung gehören Q1b-Y12421, der den Großteil der Q-M3-Variation unter den Panamaern repräsentiert; Q1b-M924, der den Großteil der Q-M3-Variation in Mexiko repräsentiert; Q1b-Z5906, der von Mexiko bis Argentinien mit einer Spitzenfrequenz in Peru verbreitet ist; und Q1b-Z5908, der von Mexiko bis Argentinien mit einer Spitzenfrequenz in Peru verbreitet ist (Grugni et al. 2019). Diese kürzlich berichteten Marker deuten bestenfalls auf ein Bevölkerungswachstum in Mittel- und Südamerika hin, das vor etwa 5.000 Jahren begann. Mit den derzeit verfügbaren Y-Chromosom-Daten können wir jedoch

keine Modelle für eine gemeinsame Ausbreitung von Sprache und Landwirtschaft aus Mittelamerika. Vielmehr sprechen die verfügbaren Daten für eine Koevolution von Sprache und Landwirtschaft in dieser Region.

Die von Hill (2001) vertretene Position ist umstritten. Sie verortet die Ursprünge des Proto-Uto-Aztekischen in Süd-Zentral-Mexiko, wo Mais erstmals angebaut wurde. Campbell hingegen verortet die Urheimat der uto-aztekischen Sprachen irgendwo im Südwesten der Vereinigten Staaten oder im Norden Mexikos (1997: 150). Darüber hinaus wurde die von Hill (2001) postulierte Ausbreitung des Ackerbaus in den Uto-Azteken-Sprachen in einem Artikel aus dem Jahr 2009 bestritten. Merrill et al. behaupteten, dass phonologische Rekonstruktionen für Flora und Fauna die vermutete Heimat in Nevada und nicht in Südmexiko verorten. Auf der Grundlage klimatologischer Daten behaupten die Forscher außerdem, dass eine Dürre vor etwa 9.000 Jahren zu einer Zweiteilung des Proto-Uto-Aztekischen in einen nördlichen und einen südlichen Uto-Aztekischen Zweig geführt hat. Die südliche uto-aztekische breitete sich dann von Nevada aus nach Süden bis nach Mexiko aus. Auf der Grundlage ihrer Analyse klimatologischer und archäologischer Daten vermuten die Forscher außerdem, dass eine südliche Uto-Azteken-Gruppe vor etwa 6.000 Jahren aus Mexiko in den Südwesten der Vereinigten Staaten zurückwanderte. Dem Bericht zufolge brachte diese Rückwanderung domestizierten Mais aus Mexiko in die Region. Schließlich vermuten Merrill et al. (2009), dass diese Ausbreitung von Mais und Sprache eher durch den Klimawandel als durch Bevölkerungsdruck begünstigt wurde.

Der Anbau von Mais ist offensichtlich ein wichtiger Bestandteil bei der Modellierung der Vorgeschichte der uto-aztekischen Sprachen. Diese Kulturpflanze wurde schließlich zu einer wichtigen Nahrungsquelle für viele der indianischen Kulturen. Er war die einzige getreideähnliche Nahrungsquelle der westlichen Hemisphäre, die über einen langen Zeitraum gelagert werden konnte. Der Weg zum Grundnahrungsmittel war jedoch ein langer und komplizierter Prozess, der eine erhebliche genetische Veränderung von Teosinte, der Wildpflanze, aus der sich der moderne domestizierte Mais entwickelte, erforderte. Eine Studie aus dem Jahr 2018 (Kistler et al.) untersuchte die Domestizierung von Mais anhand einer Synthese aus genetischen, archäologischen und botanischen Daten. Die Forscher vermuten, dass die Domestizierung vor etwa 9.000 Jahren in Süd-Zentral-Mexiko begann. Der Studie zufolge hatte sich die mexikanische Variante des Mais jedoch selbst vor 5.300 Jahren noch nicht zu einem Grundnahrungsmittel entwickelt. Daher erscheint der von Hill (2001) vorgeschlagene Zeitpunkt der gemeinsamen Ausbreitung von dem Uto-Aztekischen und Mais nach Norden vor etwa 6.000 Jahren problematisch, da Mais zu diesem Zeitpunkt nicht für den Fortpflanzungserfolg hätte sorgen können, der ein wesentlicher Bestandteil ihrer Hypothese ist.

Abbildung 17.4. Teosinte (oben), Teosinte-Mais-Hybrid (Mitte) und Mais (unten). Quelle: Wikipedia und John Doebley.



Hills Hypothese wird auch durch Hinweise untergraben, die darauf hindeuten, dass Mais im Südwesten der Vereinigten Staaten ursprünglich als Freizeitpflanze und nicht als Grundnahrungsmittel angebaut wurde. Smalley und Blake (2003) bieten eine nützliche Diskussion über die Ursprünge von Mais aus botanischer und anthropologischer Sicht. Wie bereits erwähnt, entwickelte sich der moderne domestizierte Mais aus der wilden Teosinte-Pflanze. In dem Bericht wird festgestellt, dass Teosinte-Kolben viel kleiner als moderner Mais sind. Außerdem sind die Kerne kaum genießbar. In der Studie werden Teosinte-Kerne sogar als „Hungernahrung“ bezeichnet, die ansonsten „völlig nutzlos“ ist. Dies wirft eine interessante Frage auf: Warum sollte jemand so viel Zeit und Energie darauf verschwenden, eine so nutzlose Pflanze anzubauen? Nach Smalley und Blake (2003) ist die Antwort Alkohol. Die Stängel der Teosinte sind süß und wurden zunächst gekaut. Schließlich entdeckte man, dass sich aus den Stängeln Sirup gewinnen lässt, der zur Herstellung von Maiswein verwendet werden

kann. Die Menschen bauten den Mais also zunächst als Freizeitprodukt und nicht als Nahrungsmittel an. Nach Smalley und Blake (2003) pflanzten die Bauern in der Freizeitphase der Domestizierung von Mais Samen, die sie von den größeren Maisstängeln gesammelt hatten, um bei der nächsten Ernte einen größeren Ertrag an Sirup zu erzielen. Diese Selektion von Samen aus größeren Stängeln führte schließlich zu den großen Kolben, die für den modernen domestizierten Mais charakteristisch sind. Zu diesem Zeitpunkt begannen die Menschen, Maiskörner zu trocknen, und Mais wurde in ganz Amerika zu einem Grundnahrungsmittel. Außerdem wurde aus den Maiskörnern Alkohol gewonnen, der zur Herstellung von Bier wie *Chicha* verwendet wurde.

5.6. Zentrale Anden.

Heggarty und Beresford-Jones (2010) definieren die zentrale Andenregion als das zentrale peruanische Hochland und die westliche Pazifikküste Perus. Forscher haben vorgeschlagen, dass sich die Ketschua- (Quechuan) und Aymara-Sprachfamilien in dieser Region entwickelt haben (Bellwood 2005: 235; Heggarty und Beresford-Jones 2010). Ketschua ist, gemessen an der Zahl der Sprecher, die größte Sprache der amerikanischen Ureinwohner. Laut *Ethnologue* (2019) sprechen etwa 7,8 Millionen Menschen eine der 44 Ketschua-Sprachen. Aymara stellt eine kleinere Sprachfamilie mit drei Sprachen und rund 1,7 Millionen Sprechern dar. Obwohl beide Sprachfamilien ein gemeinsames Vokabular und viele strukturelle Ähnlichkeiten aufweisen, spricht die gängige linguistische Meinung (z. B. Campbell 1997: 188) dagegen, dass sich Ketschua und Aymara aus einer gemeinsamen Protosprache entwickelt haben.

Sehr solide archäologische und genetische Beweise belegen, dass der *Homo sapiens* vor mindestens 10.000 Jahren in Südamerika lebte (Roosevelt et al. 1996; Moreno-Mayar et al. 2018; Capriles 2019). Aus der Perspektive des Y-Chromosoms sind die genetischen Relikte dieser Migration die Q1b-M3- und Q1b-Z780-Mutationen (siehe [ergänzende Tabellen 17.3](#) und [17.4](#)). Stromabwärts des Q1b-M3-Markers deuten mehrere Mutationen auf ein erhebliches Bevölkerungswachstum in den zentralen Anden innerhalb der letzten 5.000 Jahre hin (Jota et al. 2016; Grugni et al. 2019). Wahrscheinlich wurde die Expansion durch die Landwirtschaft angeheizt.

Um den Übergang zur Landwirtschaft in den Zentralanden zu verstehen, muss man sich mit der Geografie befassen. Man findet einen sehr steilen Anstieg in der Höhe. Die Westküste Perus liegt auf Meereshöhe. Weiter östlich, im zentralen Hochland, kann die Höhe 6.000 Meter erreichen. Während der präkeramischen Phase, vor etwa 11.000 bis 4.000 Jahren, konzentrierten sich die menschlichen Aktivitäten auf die Küstenlinie (Heggarty und Beresford-Jones 2010). Die reichhaltigen Meeresressourcen scheinen die Menschen in dieses Gebiet gezogen zu haben. Dennoch deuten archäologische Überreste, Radiokohlenstoffdatierungen und Daten zu stabilen Sauerstoffisotopen (Haas et al. 2017) darauf hin, dass Jäger und Sammler an der Küste saisonale Wanderungen ins Hochland unternahmen, um wilde Kameliden wie Alpakas zu ernten. Dann, vor etwa 7.000 Jahren, besiedelten Menschen das Hochland auf dauerhafter Basis.

Es ist wichtig zu betonen, dass der Übergang zur Landwirtschaft in den zentralen Anden ein allmählicher Prozess war, der eine zunehmende Abhängigkeit von domestizierten Pflanzen und Tieren und eine geringere Abhängigkeit von der Nahrungssuche mit sich brachte, ein Prozess, der mehrere tausend Jahre dauerte. Zu den domestizierten Tieren gehören Alpakas, Vikunjas, Alpakas und Lamas, Kameliden, die einst gejagt wurden und, wie bereits erwähnt, den Anreiz darstellten, der die Menschen zunächst in die Region lockte. Sie waren eine zuverlässige Fleischquelle und lieferten Wolle für Kleidung. Außerdem nutzten die Hochlandbewohner diese Tiere als Lasttiere (für weitere Einzelheiten siehe Mengoni-Gonalons und Yaco-Baccio 2006).

Abbildung 17.5. Lamas. Quelle: Wikipedia und Kallerna.



Zu den domestizierten Pflanzen gehören Kartoffeln, Süßkartoffeln, Quinoa und Mais. Da die moderne Kartoffel aus vielen Hybriden und Varianten besteht, ist es schwierig festzustellen, wie und wann diese Nahrungsquelle in die Zentralanden kam. Die genetischen Daten (Spooner et al. 2005; Hardigan et al. 2017) deuten darauf hin, dass diese Knolle vor etwa 8.000 bis 10.000 Jahren zunächst im Süden Perus domestiziert wurde. Die Süßkartoffel wurde ebenfalls eine Knolle, die im Hochland angebaut wurde. Wie bei der Kartoffel ist

es aufgrund der zahlreichen Hybriden und Varianten schwierig zu bestimmen, wie und wann die Süßkartoffel in diese Region kam. Forscher vermuten, dass sich diese Kulturpflanze unabhängig voneinander in der Karibik, in Mittelamerika und im nordwestlichen Südamerika entwickelt hat (siehe Roullier et al. 2013).

Quinoa, eine Chenopodenart, wurde ebenfalls zu einer wichtigen Kulturpflanze im Hochland. Diese Pflanze wird manchmal mit einem Getreideprodukt verwechselt, ist aber eigentlich eine Quelle für essbare Samen. Eine Studie legt nahe, dass diese Pflanze in der Region vor etwa 3.000 Jahren domestiziert wurde (siehe Bruno 2006). Schließlich wurde Mais vor etwa 3.000 Jahren zu einer wichtigen Nahrungsquelle in den Zentralanden. Diese Kulturpflanze wurde sowohl im Hochland als auch im Tiefland angebaut. Heggarty und Beresford-Jones (2010) vermuten, dass der Anbau dieser Kulturpflanze auf eine Intensivierung der Landwirtschaft in den Regionen hindeutet. Bellwood (2005: 163-164) vermutet, dass diese Intensivierung der Landwirtschaft schließlich zu Bevölkerungsdruck und Bodendegradation an der Küste führte. Infolgedessen wurden die Siedlungen an der Küste aufgegeben, und das Hochland wurde zum Mittelpunkt menschlicher Aktivitäten.

Abbildung 17.6. Peru und die Anden.



Um auf die sprachliche Vorgeschichte der Zentralanden zurückzukommen: Die Sprachenvielfalt in der Region wurde durch verschiedene kulturelle Übergangsphasen geprägt, die zwischen der Einführung von Mais (vor etwa 3.000 Jahren) und der Ankunft der Spanier im Jahr 1532 entstanden. Heggarty und Beresford-Jones (2013: 405) beschreiben die aymaranischen Sprachen als ein

sprachliches Relikt der Chavin-Kultur und der frühen Horizont-Periode, etwa 900 v. Chr. bis 100 n. Chr. Beide Forscher beschreiben Ketschua als ein sprachliches Relikt der Wari-Zivilisation und der Periode des Mittleren Horizonts, etwa 550 n. Chr. bis 1000 n. Chr.

In ihrem Beitrag von 2010 befassen sich Heggarty und Beresford-Jones mit der Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung von Bellwood (2005: 1-11). Sie erkennen an, dass dieses Modell hilft, die sprachliche Entwicklung in der „Alten Welt“ zu entschlüsseln. Den Forschern zufolge ist das Modell jedoch im zentralen Andenhochland problematisch. Statt einer gemeinsamen Ausbreitung von Sprache und früher Landwirtschaft, wie sie das Modell der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung vorhersagt, entspricht die sprachliche Variation im zentralen Andenhochland einem Modell der Koevolution von Sprache und Landwirtschaft *in situ*.

Die gemeinsame Entwicklung von Sprache und Landwirtschaft *in situ* ist eine prähistorische Sprachentwicklung, die auch in der Alten Welt stattgefunden hat. Japanisch und Koreanisch sind zwei Beispiele (siehe Kapitel 15). Der Übergang zur intensiven Landwirtschaft führte jedoch in beiden Regionen zu einer Nivellierung der sprachlichen Vielfalt. In den zentralen Anden hingegen scheint die gleiche Nivellierung der sprachlichen Vielfalt nicht stattgefunden zu haben. Heggarty und Beresford-Jones (2010) gehen vielmehr von einer Diglossie in dieser Region aus. Als die Spanier kamen, war das Ketschua die Hochsprache und das Aymara eine Alltagssprache. Vielleicht spiegelt diese Diglossie das Fehlen einer intensiven Landwirtschaft über einen ausreichend langen Zeitraum wider. Wenn man dieses Argument weiter ausführt, könnten die Spanier eine natürliche Angleichung der Sprachenvielfalt unterbrochen haben, die für die intensive Landwirtschaft charakteristisch ist.

Die Idee, dass die Landwirtschaft einem Gradienten der Intensivierung folgt, wurde von Stevens und Fuller in ihrem Beitrag von 2017 untersucht. Sie schlagen vor, dass der Übergang zur Landwirtschaft erst dann erfolgt, wenn eine Bevölkerung 50 Prozent ihrer Kalorien aus domestizierten Pflanzen und Tieren bezieht. Dem Bericht zufolge kann der Weg zur Landwirtschaft eine lange vorlandwirtschaftliche Phase haben. In dieser Phase bauen Jäger und Sammler oft in kleinerem Umfang Nutzpflanzen an. Dies ist jedoch keine Landwirtschaft. Vielmehr markiert der Übergang zum Ackerbau, wie die Studie nahelegt, im Wesentlichen einen Punkt, an dem es kein Zurück mehr gibt. Der Ackerbau verbessert den Reproduktionserfolg erheblich, doch das hat seinen Preis. An diesem Punkt ist die Futtersuche keine Option mehr, weil man viel mehr Menschen ernähren muss. Außerdem wird der Lebensraum für wilde Tiere und Pflanzen nun als Ackerland genutzt. Aus linguistischer Sicht scheint es, dass die intensive Landwirtschaft schließlich soziale Institutionen schafft, die die sprachliche Vielfalt untergraben.

5.7. Amazonien und die Karibik.

Amazonien wird gewöhnlich mit dem größten Regenwald der Welt in Verbindung gebracht. Für die Zwecke dieser Diskussion wird die Geografie dieser Region durch die Flüsse Orinoco und Amazonas und die große Anzahl von Nebenflüssen definiert, die in sie münden (siehe Abbildung 17.7 unten). Die archäologischen Aufzeichnungen deuten darauf hin, dass Amazonien seit mindestens 10.000 Jahren bewohnt ist (z. B. Roosevelt et al. 1996; Capriles 2019). Dies deckt sich weitgehend mit Datierungsschätzungen, die aus alten DNA-Daten aus der Sumidouro-Höhle in Brasilien gewonnen wurden (Moreno-Mayar et al. 2018), die die zuverlässigsten Zeitschätzungen für die menschliche Besiedlung Südamerikas liefern.

Amazonien ist sprachlich sehr komplex. Zu den wichtigsten Sprachfamilien der Region gehören die Carib-, Tupi-, Pano-, Jean-, Tucano- und Arawak-Sprachfamilien. Diese Diskussion wird sich auf das Arawakische konzentrieren. Interessanterweise ähnelt die Vorgeschichte dieser Sprachfamilie auffallend der des Austronesischen. Darüber hinaus ist das Arawakische ein besonders

gutes Beispiel für eine Sprachfamilie der Neuen Welt, die mit der von Bellwood (2005: 1-11) postulierten *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung* übereinstimmt.

Die arawakische Sprachfamilie ist auch als Maipurean bekannt. *Ethnologue* (2019) listet 56 verschiedene Maipurean-Sprachen auf, die von etwa einer dreiviertel Million Menschen gesprochen werden. Maipurean hat zwei Hauptabteilungen, einen nördlichen und einen südlichen Zweig. Die südlichen Sprachen finden sich in Peru, Bolivien und Brasilien. Der nördliche Zweig findet sich in Brasilien, Surinam, Guyana, Kolumbien, Venezuela, Puerto Rico und Honduras. Vor 1492 war das Arawakische ein linguistisches Schwergewicht in Amazonien und der Karibik. Die Arawak-Sprachen gediehen und überlebten, weil das Volk der Arawak die Kunst der tropischen Landwirtschaft entlang der großen Flusssysteme beherrschte. Ein Teil ihres Erfolges ist auf den Aufbau von Hochfeldlandwirtschaft zurückzuführen. Die Flüsse im Amazonasgebiet neigen zu regelmäßigen Überschwemmungen. Durch den Bau von Feldern oberhalb des Überschwemmungsgebiets steigerten sie die Effizienz der Landwirtschaft erheblich, indem sie für eine angemessene Entwässerung sorgten und die Fruchtbarkeit des ansonsten armen Bodens verbesserten (Whitney et al. 2014). Ein weiterer Faktor ist die Auswahl der Nutzpflanzen, zu denen Süßkartoffeln und Mais gehören. Die wichtigste Kulturpflanze war jedoch Maniok, der wie die Kartoffel und die Süßkartoffel ebenfalls eine Knolle ist. Maniok kann auf den kargen Böden tropischer Klimazonen angebaut werden. Ein weiterer Vorteil ist, dass der bittere Maniok zu Mehl verarbeitet und gelagert werden kann.

Die archäologischen und botanischen Daten (Whitney et al. (2014)) datieren die Anfänge des Ackerbaus in der Region Llanos de Moxos in Bolivien vor etwa 2.500 Jahren. Diese Datierung der Hochfeldlandwirtschaft entspricht einer massiven Ausdehnung der Arawak Siedlungen entlang der zahlreichen Flüsse in Amazonien (Horborg 2005; Heckenberger 2013). Außerdem hat die südamerikanische Variante des domestizierten Mais ihren Ursprung in oder nahe dieser Region (Kistler et al. 2018). Schließlich ist die Region ein potenzielles Domestikationszentrum für Maniok (Olsen und Schaal 1999).

Abbildung 17.7. Amazonas-Einzugsgebiet. Quelle: Wikipedia und Kmusser.



Ähnlich wie der „austronesische Vorteil“, der sich auf den Insel Südostasiens entwickelte, entstand der „arawakische Vorteil“ in Südamerika entwickelt. Der so genannte arawakische Vorteil deutet auf kulturelle Anpassungen hin, wie z. B. Ackerbau und Pflanzendomestikation, die zu einem größeren Reproduktionserfolg im tropischen Regenwald führten. Dieser Erfolg führte dann zur Ausbreitung der arawakischen Sprachen. Interessanterweise haben einige Forscher behauptet, dass die menschliche Bevölkerung in tropischen Regenwäldern wie Amazonien nicht von der Nahrungssuche leben kann. Sie behaupten, dass die Menschen, um in diesen Regionen zu überleben, ihre Ernährung durch Landwirtschaft ergänzen müssen (Bailey et al. 1989). Dieser Standpunkt scheint jedoch im Widerspruch zu den

archäologischen Daten zu stehen. Roosevelt (1996) zum Beispiel liefert Beweise für eine vorlandwirtschaftliche Besiedlung Amazoniens. Dennoch gibt es zwingende Argumente dafür, dass die Nahrungssuche nicht in der Lage ist, eine hohe Bevölkerungsdichte in tropischen Regenwäldern aufrechtzuerhalten. So erscheint es bedeutsam, dass Horborg (2005) die präkolumbianischen Arawak-Siedlungen oder -Dörfer als Häuptlingstümer mit hoher Bevölkerungsdichte beschreibt.

Als Kolumbus in der Neuen Welt landete, gehörten zu den ersten indigenen Völkern, auf die er traf, die Taínos, Sprecher der Taíno-Sprache, die zur Familie der Arawak-Sprachen gehört. Die Taínos waren die Nachkommen einer zweiten Arawak-Expansion, die vor etwa 2.500 Jahren an der Nordküste Südamerikas begann. Zunächst besiedelten die Taínos die Inseln der Kleinen Antillen. Später expandierten sie nach Hispaniola, Puerto Rico, auf die Bahamas, Jamaika und Kuba. Diese Expansion brachte viele kulturelle Merkmale der Arawak-Kulturen auf dem südamerikanischen Festland mit sich: den intensiven Anbau von Maniok, die Dominanz großer Handelsnetze, Dörfer, die sich um eine Plaza gruppierten, Töpferei, soziale Organisation und hohe Bevölkerungsdichte (siehe Wilson 2007: 59-136; Keegan 2013: 376-383 für eine ausführlichere Diskussion).

Abbildung 17.8. Die Karibik.



Dixon und Aikenvald (1999: 7) schätzen, dass vor der Ankunft der Europäer zwischen 2 und 5 Millionen Menschen in Amazonien lebten. Dem Bericht zufolge haben europäische Krankheiten und Bevölkerungsverschiebungen seit 1492 die kulturelle und sprachliche Landschaft in dieser Region erheblich verändert. Daher ist es schwierig, die prähistorische sprachliche Vielfalt der Region zu rekonstruieren. Die Forscher stellen außerdem fest, dass die überlebenden indigenen Sprachen des Amazonasgebiets in der Wissenschaft noch nicht ausreichend erforscht sind. Ähnlich dürftig wie die linguistischen Daten sind auch die Y-Chromosom-Daten. Die veröffentlichten Daten bestehen zumeist aus Häufigkeitsergebnissen für die Mutationen Q1b-M3 und Q1b-Z780, Marker mit niedriger Auflösung, die nicht besonders informativ sind (siehe [ergänzende Tabellen 17.3](#) und [17.4](#)). Darüber hinaus sind die Y-Chromosomlinien der amerikanischen Ureinwohner in den heutigen karibischen Populationen verschwunden (z. B. Marcheco-Teruel et al. 2014).

In einer kürzlich durchgeführten Ganzgenomstudie (Fernandes et al. 2021) wurden Daten aus menschlichen Überresten von den Bahamas, Haiti, der Dominikanischen Republik, Puerto Rico, Curaçao und Venezuela vorgelegt. Der größte Teil der Y-Chromosom-Daten gehört zum Q1b-M3. Allerdings wurde Q1b-Z780 in zwei Überresten von den Bahamas gefunden (siehe [ergänzende Tabelle 17.6](#) für weitere Einzelheiten). Zu den wichtigen Schlussfolgerungen der Studie gehören Hinweise auf eine Vermischung zwischen der archaischen Kultur, die sich vor etwa 6.000 Jahren in der Karibik ausbreitete, und den Arawakanern, die vor etwa 2.500 Jahren einwanderten. Außerdem belegen die Daten den Austausch zwischen den karibischen Inseln. Letztlich schließen die Daten Nordamerika als Quelle der Arawak-Expansion aus, aber Süd- und Mittelamerika sind ebenso möglich.

Wie bereits erwähnt, ist die Vorgeschichte der austronesischen und arawakischen Sprachen auffallend ähnlich. Die Austronesiern und Arawakaner waren hervorragende Seeleute. Infolgedessen beherrschten beide Gruppen regionale Handelsbündnisse. Die Austronesiern und Arawakaner zeichneten sich durch tropische Landwirtschaft aus. Beide Gruppen bauten Knollen an, die in den Tropen wachsen: Taro im Fall der Austronesier und Maniok im Fall der Arawakaner. Beide Gruppen bauten dort an, wo niemand sonst anbauen konnte. Eine evolutionäre Anpassung ermöglichte es den Austronesiern, in malariaverseuchten Tiefland-Küstenregionen Landwirtschaft zu betreiben. Die Arawakaner perfektionierten die Flusslandwirtschaft, indem sie erhöhte Felder oberhalb der Überschwemmungsebene anlegten. Für die Austronesier und Arawakaner wurde die Landwirtschaft zu einer erfolgreichen kulturellen Anpassung, die zu einem raschen Bevölkerungswachstum führte, das wiederum eine rasche gemeinsame Ausbreitung von Menschen und Sprache zur Folge hatte.

Abschnitt 6. Das Athabaskische.

Der Leser sollte beachten, dass die Begriffe Na-Dené und Eyak- Athabaskische im Wesentlichen synonym sind. Greenberg (1987: 321-330) zum Beispiel beschreibt das sogenannte „Na-Dené-Problem“. Andere Linguisten wie Campbell (1997: 110-155) und *Ethnologue* (2019) verwenden jedoch Eyak-Athabaskan. Laut *Ethnologue* (2019) besteht die Eyak-Athabaskische Sprachfamilie aus 44 verschiedenen Sprachen. Diese Sprachen haben eine Leapfrog-Verbreitung über ein großes geografisches Gebiet (siehe Abbildung 17.8 unten).

Ethnologue (2019) unterteilt die Eyak-Athabaskische Sprachfamilie in drei Hauptbereiche auf: Eyak, Athabaskisch und Tlingit. Eyak ist eine einzelne Sprache, die heute ausgestorben ist. Sie entwickelte sich in der Nähe der Mündung des Copper River im Süden Alaskas. Tlingit ist ein einzelner Sprachzweig aus der Küstenregion im Südosten Alaskas. Der athabaskische Zweig hat drei Unterzweige: die Apache-Sprachen, das nördliche Eyak-Athabaskische und das Pazifikküste-Eyak-Athabaskische. Die Apache-Sprachen sind in der Wüste im Südwesten der Vereinigten Staaten beheimatet. Dieser Unterzweig besteht aus der Navajo-Sprache und Apache-Sprache. Das nördliche Eyak-Athabaskische besteht aus 27 verschiedenen Sprachen, die in Alaska und Kanada verbreitet sind. Schließlich besteht das Pazifikküste-Eyak-Athabaskische aus den Sprachen entlang der Küste von Oregon und Kalifornien in den Vereinigten Staaten.

Aus linguistischer Sicht (Campbell 1997: 110-115) ist die eyak-athabaskische Sprachfamilie möglicherweise im Inneren Nordamerikas entstanden, wo Alaska, British Columbia und der Yukon auf der Landkarte zusammenlaufen. Der Eskimo-Einfluss im Eyak-Athabaskischen ist jedoch trotz der geografischen Nähe in Alaska und Kanada vernachlässigbar. Der Forscher vermutet auch, dass Haida, eine isolierte Sprache dieser Region, und das Eyak-Athabaskische voneinander entlehnt haben. Die Daten belegen jedoch nicht, dass sie sich aus einer gemeinsamen Vorgängersprache entwickelt haben.

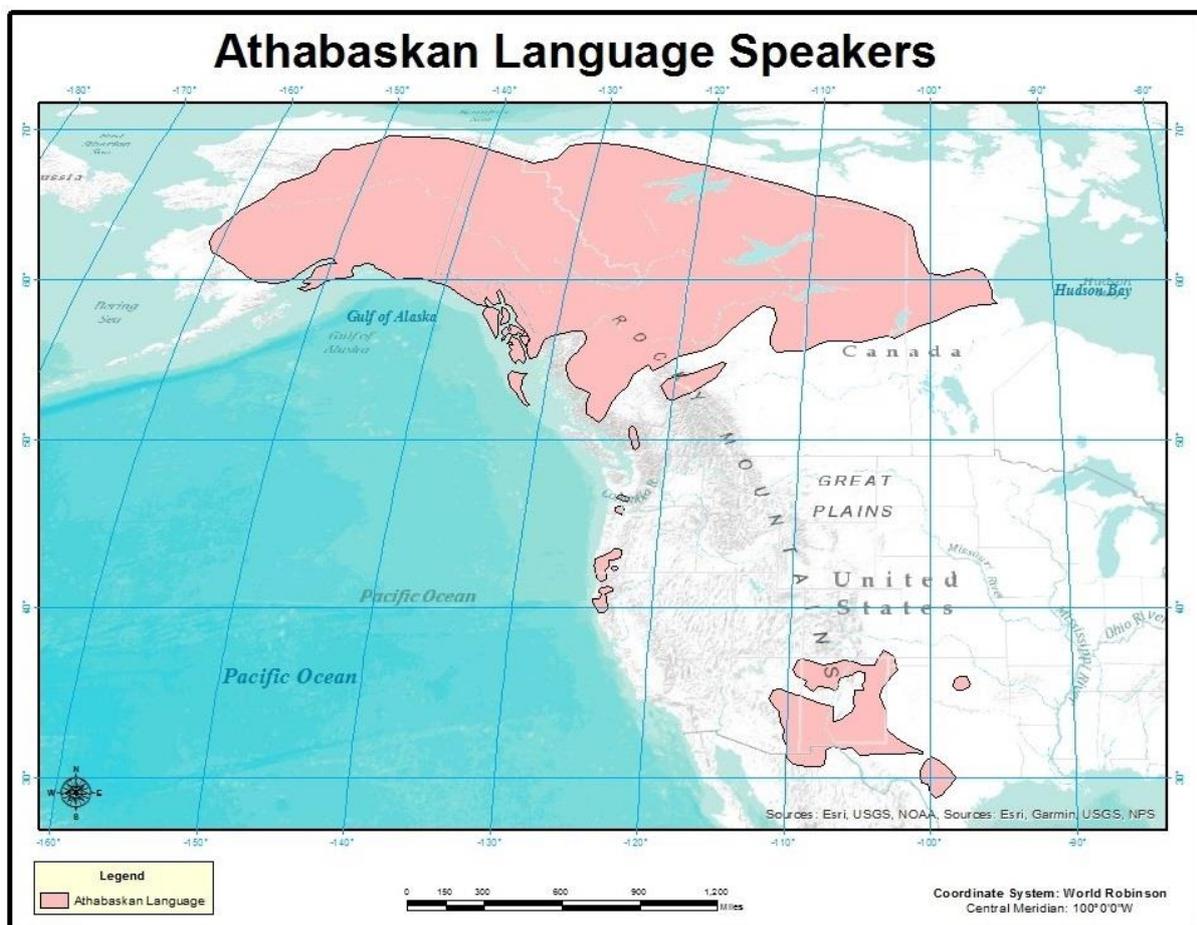
Aus archäologischer Sicht geht Gillispie (2018) davon aus, dass die athabaskische Kulturtradition im Inneren Alaskas vor etwa 1.700 Jahren entstanden ist. Nach Ansicht des Forschers entspricht das Auftreten der kulturellen Tradition einer technologischen Innovation in der Region, nämlich Pfeil und Bogen. Interessanterweise vermutet Gillispie (2018), dass Eyak, Tlingit und Haida Gesellschaften vor den Athabaskern entwickelt haben, also vor etwa 2.500 Jahren. Diese Schätzung entspricht dem Klimawandel, der die Küstenlinien stabilisierte, sowie kühlerem Wetter und mehr Niederschlägen. Somit haben sich die eyak-athabaskische Sprache möglicherweise entlang der südlichen Pazifikküste Alaskas und nicht im Inneren Alaskas und Kanadas entwickelt.

Matson und Magne (2013) datieren die athabaskische Expansion ins Innere Alaskas und Britisch-Kolumbiens mit dem Ausbruch des Vulkans Mount Churchill um 300 nach Christus. Beide Forscher vermuten, dass es um 800 n. Chr. einen zweiten, stärkeren Ausbruch gab. Dieser Ausbruch trieb die athabaskischen Völker entweder an die nordwestliche Pazifikküste der Vereinigten Staaten

oder in den amerikanischen Südwesten. Sprachliche Unterstützung für dieses Expansionsmodell kommt vom Volk der Dakelh in British Columbia. Sie sprechen Carrier, eine athabaskische Sprache, die eng mit den Apache-Sprachen verwandt ist.

In einem interessanten Bericht aus dem Jahr 2021 (Kristensen, Ives und Supernant) werden paläoökologische, historische und archäologische Daten zur Explosion des Mount Churchill vor 1.200 Jahren vorgestellt. Den Forschern zufolge vermittelten die Athabasker zum Zeitpunkt der Explosion den Handel zwischen Küstenvölkern und indigenen Völkern im Inneren Nordamerikas. Zu den Handelsgütern gehörte Kupfer, ein wertvoller Rohstoff für die Herstellung von Schmuck, Messern und Spitzen. Durch die Handelsnetze bauten die Athabasker schließlich ausgedehnte Verwandtschaftsnetze im nordwestlichen Teil Nordamerikas auf. Als die Explosion eine große Menge Vulkanasche über Teile Alaskas, des Yukon und der Northwest-Territorien verstreute, flohen die Athabasker und suchten Zuflucht bei Handelspartnern und Verwandten, die jenseits der Verwüstung lebten.

Abbildung 17.9. Verbreitung der athabaskischen Sprachen. Quelle: National Park Service.



Es gibt nur sehr wenige zeitgenössische Y-Chromosom-Daten für die eyak-athabaskischen Populationen (siehe [ergänzende Tabellen 17.3](#), [17.4](#) und [17.5](#)). Eine Studie aus dem Jahr 2012 (Schurr et al.) befasste sich mit der langjährigen linguistischen Debatte über die Klassifizierung von Haida und dem Eyak-Athabaskischen. Die Studie war nicht in der Lage, genetische Beweise für eine gemeinsame Vorfahrenpopulation für diese Populationen zu liefern. Dennoch berichtet diese Studie zusammen mit anderen über das Vorhandensein der seltenen C2b-P39-Mutationen bei den eyak-athabaskischen Populationen, zu denen auch die Tlingit an der südöstlichen Küste Alaskas, die Tanana im Inneren Alaskas, die Dogrib und Gwich'in in Kanada sowie die Navajo und Apache im Südwesten der Vereinigten Staaten.

Es ist zu betonen, dass C2b-P39 auch in algisch, eskimo-aleutisch, irokesisch, muskogeanisch und siouanisch-katawanisch sprechenden Populationen nachgewiesen wurde (siehe [ergänzende Tabelle 17.5](#) für weitere Einzelheiten). Angesichts der heutigen Verbreitung von C2b-P39 stellt diese Mutation eine potenzielle Gründerlinie für Nordamerika dar. Mit anderen Worten: Jäger und Sammler aus dem Jungpaläolithikum könnten die Mutation getragen haben, als sie vor etwa 15.000 Jahren die Bering-Landbrücke überquerten. Eine solche Position vertraten Wei et al. in ihrem Bericht von 2018a, in dem sie zeitgenössische asiatische C2-M217-Linien analysierten, die eng mit C2b-P39 verwandt sind. Alte DNA aus Brasilien unterstützt ebenfalls diese Position. Die C2b-L1373-Mutation wurde aus 10.000 Jahre alten Überresten aus Lapa do Santo in Brasilien sequenziert (siehe Kapitel 7 für weitere Details). Ein alternatives Szenario würde jedoch nahelegen, dass C2b-P39 einen jüngeren Genfluss zwischen Alaska und der Kamtschatka-Halbinsel darstellt, wie von Pinotti et al. (2019) vorgeschlagen. Ein solches Szenario wird durch das Vorhandensein der C2b-FGC28881.2-Mutation unterstützt, die bei Koryaks gefunden wurde (Wei et al. 2017). Die C2b-FGC28881.2-Mutation liegt phylogenetisch nahe bei der C2b-P39-Mutation, genauer gesagt ist sie eine „Schwesterkladen-Mutation“.

C2b-P39-Daten aus zeitgenössischen Populationen sowie Q-M242-Daten aus zeitgenössischen und alten DNA-Studien belegen möglicherweise einen prähistorischen Kontakt zwischen den indigenen Völkern Nordostasiens und den Athabaskern in Alaska. Der prähistorische Kontakt ist ein wichtiger Punkt für Linguisten, denn einige Forscher haben eine gemeinsame Proto-Sprache vorgeschlagen, die die jenesischen Sprachen von Süd- und Zentralsibirien und die eyak-athabaskische Sprachfamilie Nordamerikas vereint. Die so genannte „Dene-Yeniseian connection“ wurde ursprünglich 1998 von Merritt Ruhlen vorgeschlagen und stützt sich auf 36 kognitive Sätze, die den Grundwortschatz umfassen. Diese Hypothese ist unter Linguisten umstritten. Campbell (2011) zum Beispiel behauptet, dass es an linguistischen Beweisen mangelt. Ein weiteres Problem ist die geografische Entfernung zwischen jenesisch und athabaskisch sprechenden Populationen.

Eine Ganzgenomstudie (Flegontov et al. 2016b) befürwortete die sogenannte Dene-Yeniseian Hypothese. Dieses Modell geht von einer gemeinsamen Proto-Sprache aus, die das Eyak-Athabaskische und die jenesischen Sprachen vereint. Diese Schlussfolgerung steht jedoch im Widerspruch zu den Y-Chromosom-Daten. Es sei darauf hingewiesen, dass der Stamm der Ket in Süd- und Zentralsibirien die einzige Quelle für genetische Daten für die jenesischen Sprachen ist. Wie die [ergänzende Abbildung 17.1](#) zeigt, spaltet sich die Q1b-L54-Mutation in Q1b-M930, Q1b-Z780 und Q1b-L330 auf, was auch für das Y-Chromosom gilt. Die Q1b-L330-Mutation kommt bei den amerikanischen Ureinwohnern nicht vor. Vielmehr ist sie auf Sibirien beschränkt, wo sie die vorherrschende Mutation des Ket-Volkes ist (z. B. Flegontov et al. 2016b). Datierungsschätzungen von Wei et al. (2018) legen nahe, dass sich beide Gruppen vor mehr als 17.000 Jahren getrennt haben, wenn sich die Kets und Ureinwohner Alaskas aus einer gemeinsamen Vorfahrenpopulation entwickelt haben. Angesichts der großen zeitlichen Tiefe von 17.000 Jahren können linguistische Werkzeuge eine gemeinsame Proto-Sprache für das Eyak-Athabaskische und Jenesische nicht beweisen.

Schließlich schlägt der Linguist Joseph Greenberg (1987: 323) vor, dass Amerind eine erste Migration nach Amerika darstellt und dass das Eyak-Athabaskische eine zweite, viel spätere Wanderung darstellt. Die bisherigen detaillierten archäologischen und linguistischen Betrachtungen liefern jedoch wenig Unterstützung für eine rezente Eyak-Athabaskische Expansion aus Asien. Wenn man einen Schritt weiter geht, hat sich das Eyak-Athabaskische wahrscheinlich in Nordamerika entwickelt. Nichtsdestotrotz gibt es aus anthropologischer und genetischer Sicht (siehe Abschnitte 7, 8 und 9) Hinweise auf einen rezenten kulturellen Kontakt zwischen den Ureinwohnern Alaskas und den indigenen Völkern Ostsibiriens. So könnte der Sprachkontakt möglicherweise die Ähnlichkeiten im Jenesischen und Eyak-Athabaskischen erklären. Dies erfordert jedoch Beweise, die die jenesisch sprechenden Menschen entlang der Küstenlinie Ostsibiriens verorten, was eindeutig nicht der Fall ist.

Abschnitt 7. Das Eskimo-Aleutische.

Laut *Ethnologue* (2019) besteht die eskimo-aleutische Sprachfamilie aus 11 Sprachen. Diese Sprachfamilie hat zwei Hauptabteilungen: Das Aleutische, ein einzelner Sprachzweig, und die Eskimo-Sprachen mit den zehn übrigen Sprachen. Die aleutische Sprache ist auf den Aleuten beheimatet. Die Eskimo-Sprachen hat zwei Unterzweige, das Inuit-Inupiaq mit fünf Sprachen und das Yupik mit fünf Sprachen. Die geografische Verbreitung der Inuit-Inupiaq-Sprachen folgt der Küstenlinie Alaskas nördlich von Unalakleet entlang des Beringmeers und des Arktischen Ozeans. Sie erstrecken sich weiter entlang der Küste des Arktischen Ozeans bis nach Kanada und in die Hudson Bay. Von der Hudson Bay aus erstreckt sich das Inuit-Inupiaq bis nach Grönland. Der Yupik-Untierzweig ist auf beiden Seiten des Beringmeers zu finden. Zwei Yupik-Sprachen, Naukan und Sirenik, werden auf der Tschuktschen-Halbinsel in Russland gesprochen. Drei Yupik-Sprachen werden in den Vereinigten Staaten gesprochen: das Zentral-Yupik an der Beringmeer-Küste im Westen Alaskas, das Pazifik-Yupik an der Pazifikküste im Süden Alaskas und St.-Lorenz-Yupik auf der St.-Lorenz-Insel in der Beringmeer.

Für diejenigen, die sich für mehr Details über die Sprachen der Ureinwohner Alaskas interessieren, ist das Alaska Native Language Center an der University of Alaska eine hervorragende Quelle. Deren Website kann über diesen Link aufgerufen werden: <https://www.uaf.edu/anlc/>. Außerdem haben ihre Forscher eine detaillierte Karte erstellt, die die Verbreitung der Athabaskan und Eskimo-Aleut-Sprachen, die über diesen Link aufzurufen ist: [Karte der einheimischen Sprachen Alaskas](#).

In seinem Nachschlagewerk für die Sprachen der amerikanischen Ureinwohner verortet Campbell (1997: 109) den geografischen Ursprung der eskimo-aleutischen Sprachen im Südwesten Alaskas nahe der Bristol Bay und dem Cook Inlet. In der Diskussion lehnt er eine enge sprachliche Verwandtschaft zwischen Eskimo-Aleutisch und der uralischen Familie Nordeurasiens ab. Ebenso hält er eine gemeinsame Vorgängersprache für die eskimo-aleutischen und tschuktscho-kamtschadalischen Sprachen problematisch.

Der archäologischen Perspektive zufolge ist das Wo und Wann der Ursprünge der eskimo-aleutischen Sprachen verwirrend. Verbinden die archäologischen Aufzeichnungen diese Sprachfamilie mit Paläo-Eskimos oder Neo-Eskimos? Die Paläo-Eskimos werden oft mit der kulturellen Tradition von Dorset in Verbindung gebracht. Vor etwa 5.000 Jahren entwickelte sich die arktische Kleingerätetradition (englisch: *Arctic small tool tradition* oder *ASTt*) in der zirkumpolaren Region des nordöstlichen Russlands (Tremayne 2015). Eine sekundäre Ausdehnung der arktischen Kleingerätetradition, die Dorset-Kultur, breitete sich dann über den Arktischen Ozean in Nordamerika aus, von Alaska bis Grönland. Dies geschah vor etwa 3.000 Jahren.

Wie bereits in Kapitel 15 erwähnt, haben etwa 50 Prozent der sibirischen Yupik die Haplogruppe N-M231, während diese Mutation bei den nordamerikanischen Eskimos nicht vorkommt. Möglicherweise haben die Ankunft von Rentierzüchtern in Nordostsibirien und der Bevölkerungsdruck einige der Paläo-Eskimos über die Beringmeer nach Alaska und darüber hinaus getrieben. Dies würde bedeuten, dass die Eskimo-Aleut vor der Domestizierung der Rentiere in Nordostsibirien entstanden sind. Nach der Überquerung des Beringmeers deuten die archäologischen Aufzeichnungen (Gillispie 2018: 30) darauf hin, dass die Paläo-Eskimos Nordamerikas sehr mobile Sammler waren. Sie wechselten bei ihrer Subsistenzstrategie zwischen den Ressourcen im Landesinneren und an der Küste. Im Winter ließen sie sich an der Küste nieder, um Robben zu jagen. Wenn das Wetter wärmer wurde, zogen sie ins Landesinnere, um wandernde Karibu- und Moschusochsenherden abzufangen.

Die Neo-Eskimo- oder Thule-Kulturtradition löste schließlich die Paläo-Eskimotradition ab. Fortescue (2013: 341) und Gillispie (2018: 23) gehen davon aus, dass dies vor etwa eintausend Jahren

geschah. Dieser Übergang war mit bedeutenden kulturellen Veränderungen verbunden. Die Thule wurden zu erfolgreichen Waljägern. Infolge dieser Nahrungsquelle errichteten sie dauerhafte Siedlungen und konzentrierten sich auf die Meeresressourcen. Diese Ressource trug auch dazu bei, die Bevölkerungsdichte zu erhöhen. Dauerhafte Siedlungen und eine größere Bevölkerungsdichte führten schließlich zu komplexeren sozialen Strukturen und damit zu Handelsbündnissen und Kriegen (Friesen 2013: 349-351).

Laut Fortescue (2013: 340) sind die sprachlichen Überreste der Paläo-Eskimos verschwunden. Dies deutet darauf hin, dass die Thule-Tradition eine Bevölkerungsexpansion und eine mögliche Assimilierung der Paläo-Eskimos beinhaltete. Danach breiteten sich die eskimo-aleutischen Völker und Sprachen in verschiedene Richtungen aus: nach Westen zu den Aleuten und nach Nordostasien, nach Osten entlang der südlichen Küste Alaskas, nach Norden entlang der östlichen Beringmeer-Küste Alaskas und schließlich entlang der Küste des Arktischen Ozeans Nordamerikas. Die verfügbaren genetischen Daten, die in Abschnitt 8 (unten) beschrieben werden, zeichnen jedoch ein anderes Bild. Die Sprachen der Eskimo-Aleuten reichen möglicherweise viel weiter zurück in die Zeit der Paläo-Eskimos.

Abschnitt 8. Das Beringmeer und der Austausch von Sprache, Genen und Kultur.

8.1. Die sprachlichen Daten.

Wie bereits in Abschnitt 6 erörtert, vermuten einige Forscher, dass das Eyak-Athabaskische und Jenisseische von einer gemeinsamen Vorgängersprache. Dieser Vorschlag ist jedoch auch unter den Sprachwissenschaftlern umstritten. Weit weniger umstritten ist die Vorstellung, dass die eskimo-aleutische Familie von den indigenen Völkern Nordamerikas und Nordostasiens geprägt wurde. Sprachwissenschaftler sind sich einig, dass die eskimo-aleutischen Sprachen auf beiden Seiten des Beringmeers gesprochen werden. Außerdem deuten linguistische Beweise darauf hin, dass das Eskimo-Aleutische auf der Halbinsel Kamtschatka von der Tschuktschen entlang der Küste gesprochen wurde (Fortescue 2004). Es ist anzumerken, dass sie heute tschuktscho-kamtschadalische Sprachen sprechen.

8.2. Die anthropologische Sichtweise.

Aus anthropologischer Sicht scheint die Waljagd den langfristigen kulturellen Austausch entlang der nördlichen Pazifikküste vermittelt zu haben. Savelle und Kishigami (2013) unterscheiden in ihrer Erörterung des prähistorischen Subsistenzwalfangs zwischen opportunistischem und aktivem Walfang. Den Forschern zufolge belegen archäologische Jomon-Fundstätten in Japan den opportunistischen Walfang vor etwa 9.000 Jahren. Der intensive oder aktive Walfang begann dann vor etwa 5.000 Jahren auf der Noto-Halbinsel in Japan. Später breitete sich der aktive Walfang über die Kurilen-Inseln nach Norden aus. Vor etwa 3.000 Jahren erreichte der aktive Walfang die Halbinsel Kamtschatka und Tschukotka (siehe Abbildung 17.4). Vielleicht schon vor 1.500 Jahren erreichte der Walfang Alaska. Vor etwa 800 Jahren schließlich hatte sich der Walfang im nördlichen Kanada ausgebreitet.

Heizer (1944) legt einen Bericht vor, der die Walfangmethoden im nördlichen Pazifik untersucht. Das japanische Volk der Jomon benutzte Netze, um Wale zu fangen. Doch die Ainu der Kurilen-Inseln und der südlichen Kamtschatka-Halbinsel verwendeten einen Pfeil oder eine Lanze, die mit Eisenhutgift bestrichen war. Eine einzelne Person oder eine kleine Jagdgruppe paddelte auf das Meer hinaus und stach nur ein einziges Mal auf einen Wal ein. Das Gift tötete den Wal schließlich. Die Jäger warteten dann, bis das tote Tier an Land getrieben war. Diese Ainu-Methode des Walfangs wurde später von den Bewohnern der Aleuten und den Alutiiq oder pazifischen Yupik auf den Kodiak-Inseln übernommen. Dies deutet darauf hin, dass die Aleuten den sprachlichen, kulturellen und genetischen Austausch zwischen Alaska und Nordostasien ermöglichten.

Abbildung 17.10. Japan, Russland und Alaska.
Quelle: University of Texas.



In seinem Bericht von 1944 stellte Heizer fest, dass die Koryak auf der Halbinsel Kamtschatka eine ganz andere Methode des Walfangs anwenden als die Ainu. Die Koryak-Methode verwendete eine größere Jagdgruppe und große Boote. Die Jäger ruderten auf das Meer hinaus und stachen wiederholt mit Harpunen auf einen Wal ein. Die Harpune hatte eine abnehmbare Spitze, an der eine Leine und ein Schwimmer am Wal befestigt waren. Schließlich erlag der Wal den Wunden und der Erschöpfung. Dann wurde er an Land geschleppt. Die Methode der Koryaks verbreitete sich später auf die Tschuktschen und die asiatischen Eskimos (Yupik) von Tschukotka und dann über das Beringmeer, wo sie von den alaskischen Eskimos entlang des Arktischen Ozeans übernommen wurde.

8.3. Die genetischen Beweise.

Forscher haben drei hochauflösende Mutationen identifiziert, die die bidirektionale Ausbreitung von Kultur, Sprache und Genen über das Beringmeer innerhalb der letzten 5.000 Jahre belegen könnten: Q1a-B143, Q1a-B277 und Q1b-B34. Es ist zu beachten, dass die Q1a-B143-Mutation eine stromabwärtige Variante der Q1a-F746-Mutation ist. Die Q1a-F746-Mutation wurde in Überresten identifiziert, die an der archäologischen Stätte Afontova-Gora-2 entlang des Flusses Jenissei in der Region Altai-Sajan gefunden wurden (siehe auch [ergänzende Tabelle 17.6](#)). Diese Überreste stammen von einem Mann, der vor etwa 17.000 Jahren starb.

Die Q1a-B143-Mutation wird bei heutigen Populationen in Alaska und Sibirien beobachtet (Karmin et al. 2015; Grugni et al. 2019). Unter den antiken Populationen wurde die älteste Q1a-B143-Probe an der archäologischen Stätte Duvanni Yar in Sibirien vom Kolyma-1-Mann gefunden, der vor etwa 10.000 Jahren starb. Auf dem amerikanischen Kontinent stammt die älteste Q1a-B143-Probe aus Grönland und vom so genannten „Saqqaq-Mann“, einem Paläo-Eskimo, der vor etwa 4.000 Jahren starb. Diese Daten aus Sibirien und Grönland unterstützen die linguistische und anthropologische Sichtweise, die die Ursprünge der Paläo-Eskimos in der arktischen Kleingerätetradition des nordöstlichen Eurasiens verortet. Zusätzliche Unterstützung für diese Position liefern die Datierungsschätzungen von Sun et al. (2019). Obwohl die Forscher Q1a-B143 nicht datiert haben, liefern sie eine Schätzung für Q1a-M120, eine phylogenetisch äquivalente Mutation. Die Schätzung für Q1a-M120, etwa 7.000 Jahre, bringt das Vorhandensein von Q1a-B143 in Nord- und Südamerika stark mit einem neueren Genfluss innerhalb der letzten 5.000 Jahre in Verbindung und nicht mit der ersten menschlichen Expansion über die Bering-Landbrücke.

Die Saqqaq-Daten unterstreichen auch die Idee, dass die Amerindianer genetisch weit von den Eskimo-Aleuten entfernt sind. Zu den Eskimo-Linien gehören die Linien, die sowohl von Q1a-F1096 als auch von Q1b-M346 abstammen. Die Abstammungslinien der Amerindianer hingegen liegen stromabwärts von Q1b-M346 und umfassen nicht die Q1a-F1096-Linien (siehe [ergänzende Abbildung 17.1](#)).

Was nun die Q1a-B277-Mutation betrifft, so stammen die Daten für diesen Marker von

archäologischen Stätten der Eskimos und Athabasker in Alaska und Yupik-Überresten aus Sibirien (siehe [ergänzende Tabelle 17.6](#)). Wie aus der [ergänzenden Abbildung 17.1](#) hervorgeht, ist Q1a-B277 stromabwärts von Q1a-M25. Die asiatischen Ursprünge von Q1a-B277 werden durch die zeitgenössische Verbreitung der Q1a-M25-Mutation unterstützt (siehe [ergänzende Tabelle 17.7](#)), die Turkmenen in Afghanistan und Mongolen in der westlichen Mongolei einschließt. Die älteste Q1a-B277-Probe stammt vom Ust'-Belaya-Mann, einem Yupik, der vor 4.200 Jahren in Tschukotka, Russland, starb. Das Vorhandensein dieser Mutation in den Überresten der Eskimos in Alaska ist ein weiterer Beleg dafür, dass die arktische Kleingerätetradition die Quelle der eskimo-aleutischen Sprachen. Darüber hinaus deuten die Q1a-B277-Daten unter den Überresten der Athabasker auf einen prähistorischen Genfluss zwischen dieser Bevölkerung und den Eskimos in Alaska hin.

Die Mutationen Q1a-B143 und Q1a-B277 spiegeln einen Genfluss aus Nordostasien nach Alaska wider, der vor mindestens 4.000 Jahren begann. Der Genfluss über das Beringmeer verlief jedoch nicht nur in eine Richtung. Vielmehr deuten die Daten von Q1b-B34 darauf hin, dass der Genfluss auch in die entgegengesetzte Richtung, von Alaska nach Nordostasien, erfolgte. Um die Evolutionsgeschichte dieser Mutation besser zu verstehen, wird der Leser auf die [ergänzende Abbildung 17.1](#) verwiesen. Wie die Abbildung zeigt, spaltet sich Q1b-M3 in Q1b-M848 und Q1b-Y4276 auf. Stromabwärts von Q1b-Y4276 liegt Q1b-B34. Grugni et al. (2019) skizzieren mehrere wichtige Punkte über die Q1b-Y4276-Mutation. Erstens: Sie ist von Sibirien bis Südamerika verbreitet. Zweitens entwickelte sich die Mutation vor etwa 9.300 Jahren in Amerika. Drittens stellt die Q1b-B34-Mutation eine Rückwanderung der amerikanischen Ureinwohner nach Nordostasien dar. Viertens wurde die Rückwanderung aufgrund von Datierungen aus Koryaks vor etwa 5.000 Jahren festgestellt. Schließlich stützt die alte DNA die Rückwanderung (siehe auch [ergänzende Tabelle 17.6](#)).

8.4. Schlussfolgerungen.

Es wird zur Vorsicht geraten, keine Schlussfolgerungen aus einem begrenzten Datensatz zu ziehen. Es werden mehr Daten für die Ureinwohner Alaskas und die indigenen Völker Sibiriens benötigt. Es sollte beachtet werden, dass eine erneute Sequenzierung der veröffentlichten Q1a-F746-Daten für die Ureinwohner Alaskas auch zusätzliche zeitgenössische Q1a-B143-Daten liefern könnte (siehe [ergänzende Tabelle 17.8](#)). Die erneute Sequenzierung von Q1-F903-Daten für die Yupik, Tschuktschen und Korjaken könnte zusätzliche Q1a-B143-, Q1a-B277- und Q1b-B34-Daten für Nordostsibirien liefern (siehe [ergänzende Tabelle 17.9](#)). Zusätzliche Proben von zeitgenössischen Ureinwohnern Alaskas und den indigenen Völkern Nordostasiens könnten auch den kulturellen Austausch zwischen beiden Regionen klären. Die derzeit verfügbaren Daten sprechen für einen kulturellen Austausch zwischen den alaskischen Eskimos und den indigenen Völkern Nordostasiens in den letzten 5.000 Jahren. Zusätzliche Daten könnten auch Hinweise auf Kontakte zwischen Nordostasiaten und Athabaskern liefern.

Abschnitt 9. Problematische Modelle zu den Ursprüngen der amerikanischen Ureinwohner.

9.1. Überblick.

In diesem Kapitel wird der Begriff „amerikanische Ureinwohner“ als eine kulturelle Tradition definiert, die etwa 11.000 Jahre nach dem Aussterben der Mammuts in Amerika begann. Dennoch hat sich die archäologische und genetische Debatte traditionell auf die Ursprünge der amerikanischen Ureinwohner konzentriert. Viele der Daten, die sich aus dieser Debatte ergeben, sind für Linguisten nützlich, die eine triangulierte Y-Chromosom-Perspektive der indigenen Sprachen Amerikas erforschen. Diese archäologische und genetische Debatte hat jedoch auch problematische Modelle über die Ursprünge der amerikanischen Ureinwohner hervorgebracht. Ziel dieser Diskussion ist es daher, Linguisten vor potenziell unzuverlässigen Daten zu warnen.

9.2. Die genetische Abstammung der amerikanischen Ureinwohner.

Der Begriff „ganzes Genom“ oder „whole genome“ spiegelt den Versuch wider, autosomale Daten als Instrument zur Entschlüsselung der menschlichen genetischen Geschichte zu nutzen. Wie bereits im ersten Kapitel erläutert, werden bei der autosomalen Forschung Allele und anstatt Mutationen als genetisches Werkzeug verwendet. mtDNA- und Y-Chromosom-Daten hingegen nutzen Mutationen, die in nicht rekombinanten Regionen des menschlichen Genoms zu finden sind. Die Analyse der autosomalen Daten erfordert daher eine komplexe statistische Analyse, um die Umverteilung der genetischen Karten zu überwinden, die durch die Rekombination entsteht. mtDNA- und Y-Chromosom-Daten hingegen überwinden dieses Problem, da sie aus nicht rekombinierenden Regionen des Genoms stammen. Y-Chromosom-Daten sind das Mittel der Wahl, da die größere Größe dieser Stelle ein viel detaillierteres Bild der genetischen Variation liefert.

Es sind genomische Berichte aufgetaucht, die Überreste prähistorischer Asiaten als genetische Vorfahren der heutigen Ureinwohner Amerikas ansehen. Raghavan et al. (2014) berichten zum Beispiel über Daten des sogenannten Mal'ta-Jungen. Es handelte sich um ein zweijähriges Kind, das vor etwa 24.000 Jahren am Ufer des Belaya-Flusses in Südsibirien starb. Die Studie legt nahe, dass die amerikanischen Ureinwohner einen erheblichen Teil ihrer genetischen Abstammung von diesem Individuum haben. Ein weiteres Beispiel ist der Bericht von Sikora et al. (2018). Sie präsentieren Daten für Kolyma-1, ein Individuum, das vor 10.000 Jahren in Nordostsibirien starb. Die Studie legt nahe, dass die amerikanischen Ureinwohner einen Teil ihrer genetischen Abstammung von diesem Mann haben.

Die genetische Geschichte der amerikanischen Ureinwohner ist eine legitime Forschungsfrage, und ihre genetische Geschichte hat sicherlich eine nordeurasische Komponente. Es sollte jedoch betont werden, dass die Gene nicht die ethnische Zugehörigkeit definieren. Vielmehr ist die Frage der Identität eine Angelegenheit, die die amerikanischen Ureinwohner für sich selbst definieren sollten. Daher ist es für die Forscher wichtig, zwischen genetischer Geschichte und ethnischer Zugehörigkeit zu unterscheiden. Mal'ta und Kolyma-1 mögen genetische Vorfahren sein, aber sie sind keine kulturellen Vorfahren. Darüber hinaus sollten die Forscher auch prüfen, ob die Daten die Position unterstützen, dass Mal'ta und Kolyma-1 tatsächlich genetische Vorfahren der amerikanischen Ureinwohner sind. Dies würde eine zu weit gehende Interpretation der Daten voraussetzen. Ein konservativerer Umgang mit den Mal'ta-Daten legt nahe, dass er lediglich einen Teil des genetischen Inventars (oder Genoms) der zur Zeit des letzten glazialen Maximums in Südsibirien lebenden Menschen darstellt. Kolyma-1 hingegen repräsentiert lediglich einen Teil des Genoms des nordöstlichen Sibiriens zu Beginn des Holozäns.

Das heikle Thema der Genetik, der amerikanischen Ureinwohner und der Abstammung taucht auch in Flegontov (2016a; 2016b; 2017; und 2019) auf. In diesen Beiträgen wird die genetische Geschichte der Ureinwohner Alaskas und der indigenen Völker Sibiriens aus einer Gesamtgenomperspektive untersucht. In der Arbeit von 2019 wird beispielsweise aus autosomaler Sicht ein Modell des bidirektionalen Genflusses vorgestellt, das dem oben in Abschnitt 8 vorgestellten Y-Chromosom-Modell ähnelt. Nichtsdestotrotz verdeutlichen diese Arbeiten die Grenzen der genomischen Werkzeuge für die Modellierung der Vorgeschichte der Sprache. Die in diesen Studien vorgestellten paläogenomischen Modelle verwenden komplexe statistische Instrumente zur Entschlüsselung der Frage der „Abstammung“. In Erweiterung des oben dargelegten Arguments ist die Abstammung eine kulturelle Angelegenheit, die Eskimos, Athabasker, Koryaks, Kets und Yupik selbst entscheiden sollten. Triangulierte Y-chromosom-basierende Modelle und der erfrischende Verzicht auf statische Analysen bieten eindeutig eine transparentere Methodik zur Entschlüsselung der sprachlichen Vorgeschichte der amerikanischen Ureinwohner und der sibirischen Ureinwohner. Darüber hinaus umgehen diese Modelle auf bequeme Weise die heikle Frage der ethnischen Identität.

9.3. Beringischer Stillstand.

Wer sich mit der Archäologie und der genetischen Geschichte der amerikanischen Ureinwohner beschäftigt, wird mit Sicherheit auf den Begriff „beringianischer Stillstand“ oder „Beringian Standstill“ stoßen. Dieses Modell wurde ursprünglich von Tamm et al. in ihrem Bericht von 2007 vorgeschlagen, in dem die Geschwindigkeit der ersten menschlichen Migrationswelle nach Amerika untersucht wurde. Sie untersuchten, ob es sich um eine schnelle „direkte Kolonisierung“ handelte oder ob sich die Menschen in einem Refugium in der Nähe der Bering-Landbrücke sammelten, bevor sie nach Amerika einwanderten. Auf der Grundlage eines Vergleichs der mitochondrialen DNA-Linien Asiens und der Neuen Welt sprachen sich die Forscher für eine „Inkubationszeit“ aus, was bedeutet, dass die ersten Menschen in Amerika bis zu 15.000 Jahre lang in einem nordostasiatischen Refugium genetisch isoliert waren, bevor sie über die Landbrücke nach Alaska wanderten.

Die beringische Stillstandshypothese kann nicht mit archäologischen Daten verteidigt werden (z. B. Buvit und Terry 2016; Potter et al. 2018). Die Hypothese ist auch aus einer Y-Chromosom-Perspektive problematisch. Wie von Wei et al. 2018a vorgeschlagen, lässt die Y-Chromosom-Diversität stromabwärts von Q1b-L54 auf eine rasche menschliche Migration aus Süd- und Zentralsibirien nach Alaska schließen, die vor etwa 16.000 Jahren begann.

9.4. Menschliche Migrationen in Amerika vor Clovis.

Abschnitt 3 dieses Kapitels liefert ein solides Besiedlungsmodell für Amerika, das durch eine Synthese aus archäologischen, klimatologischen und Y-Chromosom-Daten gut unterstützt wird. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass der *Homo sapiens* vor etwa 15.000 Jahren über das Beringmeer nach Alaska kam. Vor etwa 14.000 Jahren wanderten sie durch einen eisfreien Korridor nach Süden in die Great Plains von Nordamerika. Vor etwa 10.000 Jahren kamen sie in Südamerika an.

Wie bereits in diesem Kapitel erörtert, haben Archäologen traditionell den Begriff „Clovis“ verwendet, um die erste Kultur der amerikanischen Ureinwohner zu definieren. Dieser Begriff geht auf eine besondere Art von Speerspitze zurück, die vor etwa 13.000 Jahren auftauchte (siehe Abschnitt 4). In regelmäßigen Abständen tauchen archäologische Studien auf, die Beweise für „Vor-Clovis-Wanderungen“ liefern. Bourgeon, Burke und Higham (2017) berichten zum Beispiel von der Anwesenheit von Menschen in Nordamerika vor etwa 24.000 Jahren. Dies stützt sich auf Schnittspuren an Knochen, die an der Bluefish Caves Site im kanadischen Yukon gefunden wurden. Den Forschern zufolge wurden die Schnittspuren eindeutig mit von Menschen hergestellten Werkzeugen ausgeführt. Die Studie berücksichtigt jedoch nicht die Möglichkeit, dass Aasfresser die Schnittspuren zehntausend Jahre nach dem Tod der Tiere angebracht haben. In der Arktis sind die Bedingungen so, dass die Überreste von Tieren im Eis Tausende von Jahren gut erhalten bleiben und daher noch lange nach dem Tod der Tiere geborgen werden können.

Das Thema der „Vor-Clovis-Wanderungen“ taucht auch in Dillehay et al. (2015) und ihrer Diskussion über die archäologische Stätte Monte Verde in Südchile auf. Auf der Grundlage von Artefakten und Radiokarbondaten aus „kulturell erzeugten“ Brandflächen legen sie nahe, dass die Menschen vielleicht schon vor 33.000 Jahren in Südchile angekommen sind. In einer neueren Studie (Bennett et al. 2021), die in den Medien viel Beachtung fand, wird behauptet, dass der *Homo sapiens* vor etwa 21.000 bis 23.000 Jahren im heutigen New Mexico, in den Vereinigten Staaten, lebte. Die Daten stammen aus einem trockenen Seebett (oder Playa) im White Sands National Park, das vor 19.000 bis 36.000 Jahren Wasser führte. Der Seeboden besteht aus Gips, und heute sind Gipsabdrücke von menschlichen Fußabdrücken zu sehen. Den Forschern zufolge entstanden die Fußabdrücke, als die Menschen durch den flachen See liefen. Sie behaupten, dass die in den Fußabdrücken eingebetteten Samen Material für die Radiokohlenstoffdatierung liefern. Anhand der Radiokohlenstoffergebnisse lässt sich wohl feststellen, wann die Abdrücke entstanden sind. Der Leser kann selbst herausfinden, ob

diese Studien ein überzeugendes Argument darstellen. Ein großes Problem bei ihren Schlussfolgerungen ist jedoch, dass das Laurentid-Eisschild die menschliche Wanderung ins Innere Nordamerikas bis vor etwa 14.000 Jahren verhindert hat.

Letzten Endes handelt es sich bei Vor-Clovis-Wanderungen um eine kontroverse archäologische Debatte, die das Verständnis für die Sprachen der amerikanischen Ureinwohner nicht voranbringt. Ander gesagt haben Linguisten in diesem Kampf nichts zu suchen. Wir sollten „Vor-Clovis“ als eine strittige Frage betrachten. Vor-Clovis-Argumente bringen das Auftauchen von Clovis-Punkten mit den ersten amerikanischen Ureinwohnern in Verbindung. Jüngste archäologische und genetische Beweise ändern diese seit langer bestehender Annahme. Clovis stellt einfach das Ende einer langen kulturellen Tradition von Mammutjägern dar, die vor etwa 11.000 Jahren im nördlichen Eurasien und in Amerika endete.

9.5. Die Polynesier.

Campbell (1997: 261-262) nennt zahlreiche „weit hergeholte“ Makrofamilienvorschläge, die in der historischen Linguistik der amerikanischen Ureinwohner aufgetaucht sind: Amerindisch und Baskisch, Na Dené und Mongolisch, Maya und Türkisch; Ketschua und Tungusisch. Seine Liste der „weit hergeholten“ Vorschläge umfasst auch die indigenen Sprachen Amerikas und das Austronesische.

Leider halten sich trotz fehlender genetischer, linguistischer und archäologischer Beweise die Gerüchte über eine prähistorische polynesisch-einwanderung nach Amerika hartnäckig. Das polynesisch-einwanderung Gerücht wurde oft durch die Cephalometrie begründet. Dieser Zweig der Archäologie ist eine Studie und Messung des Kopfes. Eine Studie aus dem Jahr 1996 (Neves et al.) schlug beispielsweise vor, dass Polynesier zu den Gründungsvölkern Amerikas gehörten, und stützte sich dabei auf kranio-metrische Messungen von 53 Schädeln. Ein anderes, berühmteres Beispiel ist der „Kennewick-Mann“. Er starb vor etwa 8.000 Jahren in der Nähe von Kennewick, Washington in den Vereinigten Staaten. Mehrere Jahre lang wurden seine Überreste aufgrund Schädelabmessungen mit polynesischer oder Ainu-Abstammung in Verbindung gebracht (z. B. Taylor, Smith und Southon 2001). Wie Rasmussen et al. 2015 berichteten, gehört der Kennewick-Mann jedoch zu Q1b-M3, einer Abstammungslinie der Ureinwohner Amerikas.

Genomische Studien (Skoglund et al. 2015; Moreno-Mayar et al. 2018) haben das Gerücht von den polynesischen Ureinwohnern neu befeuert, indem sie eine australische Komponente unter den amerikanischen Ureinwohnern festgestellt haben. Die von Moreno-Mayar (2018) entwickelte statistische Modellierung nutzte einen Andaman-Islander mit der P-P295-Mutation als ihren polynesischen „Proxy“. Es sei darauf hingewiesen, dass P1-M45-Mutationen in Südasien (Gazi et al. 2013) und in Südostasien (Karafet et al. 2015) vorkommen. Die gleiche Mutation war jedoch Teil des genetischen Inventars von Nordeurasien während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. P1-M45 wurde kürzlich in paläolithischen Überresten aus Sibirien gefunden, den Yana-1-Kindern, die vor 32.000 Jahren starben (Sikora et al. 2018). Anstatt eines polynesischen Signals haben Skoglund et al. (2015) und Moreno-Mayar et al. (2018) wahrscheinlich ein prähistorisches nordeurasisches genetisches Signal bei den amerikanischen Ureinwohnern entdeckt, was zu erwarten ist.

9.6. Solutreaner.

Zu den zweifelhaftesten Modellen über die Ursprünge der amerikanischen Ureinwohner (Campbell (1997: 90-93)) gehört, dass sie von der verlorenen Insel Atlantis stammen. Dicht gefolgt von der solutréenischen Hypothese, wonach Clovis eine Fortsetzung des Solutréens, einer Kulturtradition, ist, das vor etwa 17.000 Jahren in Europa endete. Es erübrigt sich zu erwähnen, dass diese Hypothese nicht mit der herrschenden Meinung in der Archäologie übereinstimmt (siehe Straus, Meltzer und

Goebel 2005). Ein Teil des Problems ist die geografische Entfernung. Das Fehlen eindeutiger solutréenischer Artefakte in Amerika ist ebenfalls problematisch.

Trotz des Fehlens archäologischer Daten ist die solutréenische Hypothese aufgrund neuerer genetischer Daten, nämlich der Q1b-L804-Mutation, wieder aufgetaucht. An dieser Stelle wird der Leser auf die **ergänzende Abbildung 17.1** verwiesen. Wie die Abbildung zeigt, handelt es sich bei Q1b-M3 und Q1b-L804 um Mutationen stromabwärts Q1b-M930. Wie bereits erwähnt, ist Q1b-M3 eine Signaturlinie der amerikanischen Ureinwohner. Q1b-L804 hingegen ist in Nordosteuropa zu finden, wo es eine sehr geringe Häufigkeit unter den Männern dieser Region erreicht. Angesichts der engen phylogenetischen Verwandtschaft zwischen Q1b-M3 und Q1b-L804 sahen sich Wei et al. (2018) veranlasst, die Forscher zu warnen, dass Q1b-L804 nicht die solutréenische Hypothese unterstützt. Vielmehr unterstützen die genetischen Daten eine rasche Diversifizierung der Q1b-L54-Mutation vor etwa 16.000 Jahren in Südzentral-Sibirien. Q1b-L804 und Q1b-L330 blieben in der Region. Q1b-M3 und Q1b-Z781 sind die Überbleibsel der Q1b-L54-Diversifizierung auf dem amerikanischen Kontinent. Das sporadische Auftreten von Mutationen der Haplogruppen Q-M242 in Westurasien lässt sich durch spätpleistozäne Expansionen, Gründereffekte und genetische Drift erklären. Diese Erklärung steht im Einklang mit den in Kapitel 18 vorgestellten Daten und der Diskussion der Haplogruppe R-M207.

Abschnitt 10. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe Q-M242.

Die Mammutjäger des Jungpaläolithikums waren die ersten Menschen, die nach Amerika einwanderten. Sie gehörten einer kulturellen Tradition an, die vor 50.000 Jahren in Nordeurasien begann. Vor 11.000 Jahren, mit dem Beginn des Holozäns, verursachte das wärmere Wetter das weltweite Aussterben der Mammuts. Zu diesem Zeitpunkt endete die Tradition der pleistozänen Mammutjäger in Nordeurasien und Nordamerika. Diejenigen, die sich an das Holozän und den Klimawandel in der Neuen Welt anpassten, bildeten die kulturelle Tradition der amerikanischen Ureinwohner. Diese kulturelle Tradition markiert den Beginn der sprachlichen Vielfalt auf dem amerikanischen Kontinent.

Die unglaubliche Vielfalt der indigenen Sprachen in Amerika steht in engem Zusammenhang mit der breit gefächerten Subsistenzstrategie der Ureinwohner Amerikas. Sie nutzten die regionalen Ressourcen. Diese Ressourcen boten Möglichkeiten und schränkten sie ein. In einigen Gebieten entwickelten sich Nahrungssuche und Sprache an *Ort und Stelle*. Die Indianer der Pazifikküste sind ein Beispiel dafür. Einige Ernährungskulturen, wie z. B. die Athabasker, wanderten jedoch aus. In einigen Gebieten haben sich Landwirtschaft und Sprache gemeinsam entwickelt. Ein Beispiel dafür ist die gemeinsame Entwicklung von Landwirtschaft und Ketschua in den zentralen Anden. Es gibt jedoch auch Belege für die Ausbreitung der Sprache und des Ackerbaus. Das Arawakische ist ein gutes Beispiel dafür. Schließlich gaben einige Kulturen, wie die Numischen-Völker, die Landwirtschaft auf und kehrten zur Nahrungssuche zurück.

Amerindische Sprachen haben sich direkt aus der kulturellen Tradition der amerikanischen Ureinwohner entwickelt, die sich zu Beginn des Holozäns herausgebildet hat. Ihre Entwicklung blieb bis 1492 ungestört von äußeren Einflüssen. Das Eskimo-Aleutische hingegen wurde durch den Kontakt mit den Ureinwohnern Nordostasiens in den letzten 5.000 Jahren geprägt. Leider gibt es nur wenige genetische Daten, die es uns unmöglich machen, mehr über die Vorgeschichte der eyak-athabaskischen Sprachfamilie. So ist es beispielsweise schwierig, genetische Daten zu nutzen, um Greenbergs Vorschlag zu verteidigen oder zu verwerfen, dass das Eyak-Athabaskische auf eine zweite Migration nach Amerika zurückgeht. Außerdem bleibt die Frage des Genflusses zwischen den alaskischen Eskimos und den Athabasker offen.

Kapitel 18: Haplogruppe R-M207.

Abschnitt 1. Die heutige Verbreitung der Haplogruppe R-M207.

Die Haplogruppe R-M207 hat zwei Hauptabteilungen innerhalb ihrer Phylogenie, R1-M173 und R2-M479 (siehe auch die [ergänzende Abbildung 18.1](#)). Der Zweig R2-M479 findet sich vor allem bei den in Südasien lebenden Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 18.1](#)). Die Mutationen R1a-M420 und R1b-M343 definieren die beiden Hauptabteilungen innerhalb von R1-M173. R1a-M420-Mutationen finden sich in Skandinavien, Osteuropa, dem Baltikum, Südasien, Zentralasien und Nordeurasien (siehe [ergänzende Tabelle 18.2](#)). R1b-M343-Mutationen sind vor allem in Westeuropa und in der Sahelzone Afrikas zu finden ([ergänzende Tabelle 18.3](#)).

Abschnitt 2. Die Evolutionsgeschichte der Haplogruppe R-M207.

Vor etwa 29.000 Jahren endete die 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Dies markiert den Beginn der 2. zweiten Sauerstoff-Isotopenstufe. Kurz danach, vor etwa 27.000 Jahren, erreichten die eiszeitlichen Gletscher ihre maximale südliche Ausdehnung in ganz Eurasien. In der Literatur wird dieses Ereignis als letztes glaziales Maximum bezeichnet (siehe Clark et al. 2009 für eine ausführlichere Diskussion). In diesem klimatologischen Kontext entwickelten sich die Haplogruppen R-M207 und Q-M242 aus der Mutation P1-M45 vor etwa 33.000 Jahren (Poznik et al. 2016). Siehe auch die [ergänzende Abbildung 1.1](#) aus dem ersten Kapitel.

Die Haplogruppen R-M207 und Q-M242 sind die genetische Signatur kälteangepasster Populationen, die während des letzten glazialen Maximums gediehen und überlebten. Die Vereisung hatte diese Kulturen in den Süden Eurasiens getrieben, in Gebiete, die in der Literatur als „Refugien“ bezeichnet werden (z. B. Gavashelishvili und Tarkhnishvili 2016). Alte DNA-Daten, die diese Position unterstützen, stammen von dem sogenannten „Mal'ta-Jungen“. Er starb vor etwa 24.000 Jahren in der Nähe des Baikalsees in Südsibirien. Wie bereits in Kapitel 17 erwähnt, platzieren die Forscher das Y-Chromosom des Kindes irgendwo in der Nähe der Wurzel der Haplogruppe R-M207, wo die Haplogruppen R-M207 und Q-M242 von P1-M45 abzweigen.

Wenden wir uns nun den klimatologischen Aufzeichnungen zu: Zur Zeit des letzten glazialen Maximums blieben Nordeurasien und Osteuropa von der extremen Vergletscherung verschont, die in Westeuropa stattgefunden hatte (z. B. Velichko et al. 2009; Binney et al. 2016). In dieser riesigen Ausdehnung schufen kalte und trockene klimatische Bedingungen ein „hyperzonales offenes“ Biom, das die von den kälteangepassten Kulturen benötigten Nahrungsressourcen für große Säugetiere bot. Die Lage dieser sogenannten „Hyperzone“ entspricht für beide Regionen etwa 50 Grad nördlicher Breite (Velichko et al. 2009). Laut Kuzmin (2008) blieb die menschliche Bevölkerungsdichte in dieser Region aufgrund der großen Säugetiernahrungsressourcen, die die Hyperzone bot, relativ stabil. Darüber hinaus trugen mehrere Faktoren dazu bei, dass sich die Menschen entlang der Hyperzone erfolgreich an das kalte Wetter anpassen konnten: Werkzeuge mit Mikroklingen, geeignete Behausungen und Kleidung sowie die Verfügbarkeit von Knochen als Brennstoff.

Währenddessen schob sich der Eisschild in Westeuropa während des letzten glazialen Maximums viel weiter nach Süden, fast bis 40 Grad nördlich, was in etwa der heutigen französisch-spanischen Grenze entspricht. Kuzmin (2008) führt die stärkere Vergletscherung in Westeuropa auf eine

Verschiebung der atlantischen Sturmfront zurück, die mehr Feuchtigkeit in die Region brachte. Infolgedessen wurden Skandinavien und weite Teile Westeuropas entvölkert und die Menschen zogen sich auf die Iberische Halbinsel zurück. Interessanterweise könnte die menschliche Bevölkerungsdichte im iberischen Refugium im Gegensatz zu den Refugien in Süd- und Zentralsibirien und Osteuropa durch den Rückgang der Rentierpopulationen gelitten haben (Jochim et al. 1999; Morein 2008). Vielleicht erklärt ein Populationsflaschenhals das endgültige Aussterben der C1a-V20-Mutationen, die während des Paläolithikums nach Europa kamen. Damit bleibt natürlich die Haplogruppe I-M170 als die verbleibende Gründerlinie unter den heutigen Europäern übrig. Geht man noch einen Schritt weiter, so ist der größere Fortpflanzungserfolg während des letzten glazialen Maximums einer von mehreren Faktoren, die das allgegenwärtige Vorhandensein von R-M173-Mutationen in der heutigen Bevölkerung Eurasiens erklären.

Abschnitt 3. Die Erweiterung und Diversifizierung von R1-M173.

Die Mutation R1-M173 entwickelte sich vor etwa 30.000 Jahren (Poznik et al. 2016). Die zeitgenössische Verteilung der R2a-M124-Mutationen (siehe Abschnitt 10), zusammen mit den klimatologischen und archäologischen Beweisen, wie zuvor in Abschnitt 2 vorgestellt, legt nahe, dass dies in Südsibirien geschah. Dann, vor etwa 27.000 Jahren, teilten sich R1a-M420 und R1b-M343 von R1-M173 (Poznik et al. 2016). Underhill et al. (2015) vermuten aufgrund der Analyse zeitgenössischer Y-Chromosom-Daten, dass die Spaltung im Nahen Osten in der Nähe des Iran stattfand. Archäologische und antike DNA-Beweise belegen jedoch, dass die Diversifizierung von R1-M173 in der osteuropäischen Ebene in der Nähe von Kiew in der Ukraine stattfand. Archäologische Belege für dieses Modell stammen von Abramova et al. und ihrem Bericht von 2001 über oberpaläolithische Fundstellen im mittleren Dnjepr-Becken. Diese Fundstellen stammen aus der Zeit vor etwa 25.000 bis 12.000 Jahren und reichen somit bis zum letzten glazialen Maximum zurück. Die Unterstützung dieses Modells durch antike DNA ist in den [ergänzenden Tabellen 18.16](#) und [18.17](#) detailliert aufgeführt, in denen R1a-M420- und R1b-M343-Mutationen aus archäologischen Stätten in der baltischen Region und Osteuropa aufgeführt sind.

Abbildung 18.1. Osteuropäische Ebene.



Abschnitt 4. Diversifizierung von R1b-M343 in der osteuropäischen Tiefebene.

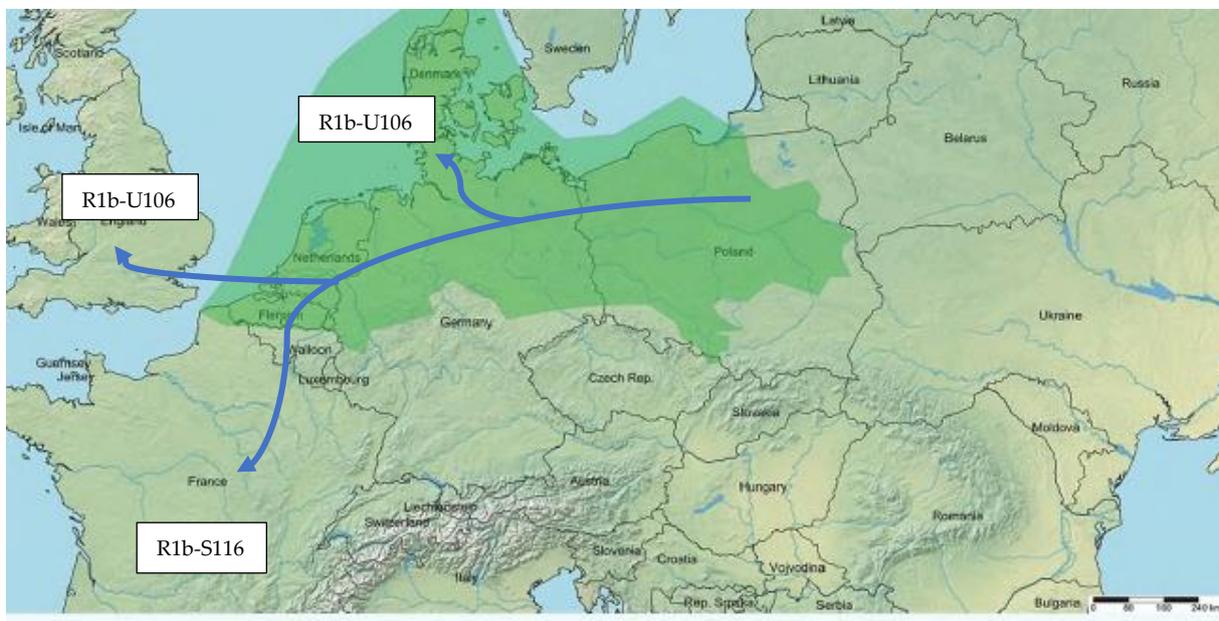
Dolukhanov (2009) erörtert die Jäger- und Sammlerkulturen zur Zeit des Übergangs vom

Paläolithikum zum Mesolithikum in Osteuropa vor etwa 12.000 Jahren. Aus klimatologischer Sicht markiert dieser Übergang den Beginn des Holozäns. Mit dieser Klimaveränderung verbunden war die Ausbreitung der menschlichen Populationen in der osteuropäischen Ebene nach Süden, von Nordosteuropa nach Südosteuropa. Die südosteuropäische Diversifizierung von R1b-M343 wird andererseits durch die zeitgenössische Verbreitung von R1b-M73 (siehe [ergänzende Tabelle 18.4](#)) sowie durch die Evolutionsgeschichte der Mutationen R1b-V88 und R1b-CTS1078 (siehe Abschnitte 9 und 14 unten) unterstützt.

Abschnitt 5. Die Ausbreitung von R1b-M269 in Westeuropa.

R1b-M269 hat sich wahrscheinlich in Nordosteuropa entwickelt. Zu Beginn des Holozäns breitete sich R1b-M269 westwärts über die nordeuropäische Tiefebene nach Westeuropa aus (siehe Abbildung 18.2 unten). Die Mutation wurde von Rentierjägern nach Skandinavien, auf die Britischen Inseln, nach Iberien und in den Mittelmeerraum getragen. Die archäologische Unterstützung für diese Position ergibt sich teilweise aus der Diskussion in Kapitel 10. Während des letzten glazialen Maximums hatten sich die menschlichen Populationen in Westeuropa in südliche Refugien zurückgezogen, darunter die Iberische Halbinsel. Auf der Grundlage von Radiokohlenstoffschätzungen begannen Jäger und Sammler sowie Rentiere in Westeuropa vor etwa 14.000 Jahren mit ihrer Expansion nach Norden (Housley et al. 1997). Die Gletscher zogen sich langsam zurück. In den zuvor vergletscherten Gebieten entstand nun Tundra. Die Tundra wurde schließlich von den Wäldern verdrängt, und die Tundralinie zog sich allmählich auf ihre heutige Position oberhalb des Polarkreises zurück. Die Rentiere folgten der sich zurückziehenden Tundra, und die Jäger und Sammler folgten den Rentieren (siehe Sommer et al. 2014 für weitere Einzelheiten). Vor etwa 12.000 Jahren kamen die Rentiere nach Dänemark, und vor 9.000 Jahren verschwanden sie in der arktischen Region Skandinaviens (Aaris-Sorensen et al. 2007).

Abbildung 18.2. Nordeuropäische Ebene und die Diversifizierung der R1b-L51-Mutationen.



Die archäologischen Belege deuten außerdem darauf hin, dass zu Beginn des Holozäns (vor 12.000 Jahren) fast alle Nahrungsressourcen der Megafauna Nordosteuropas, wie etwa Mammuts, verschwunden waren (z. B. Puzachenko und Markova 2019). Der letzte der großen Pflanzenfresser war das Rentier. Die Jäger und Sammler der osteuropäischen Ebene, die Swiderien-Kultur, wurden dann von Westeuropa angezogen, weil es in dieser Region Rentiere im Überfluss gab und die Ressourcen an Großtieren in anderen Teilen Eurasiens schwanden (siehe Dolukhanov 2009).

Die Daten deuten darauf hin, dass Jäger und Sammler zu Beginn des Holozäns die nordwärts gerichtete Wanderung der Rentiere in Westeuropa und Skandinavien auf zwei verschiedenen Wegen unterbrochen haben. Wie bereits in Kapitel 10 erläutert, stellt die Haplogruppe I-M170 die genetische Signatur der Süd-Nord-Wanderung dar. Die R1b-L51-Mutation hingegen repräsentiert die genetische Signatur der Ost-West-Bewegung. Die R1b-L51-Mutation ist eine nachgeschaltete Variante der R1b-M269-Mutation. Nach Myres et al. (2011) hat sich diese Mutation in Westeuropa entwickelt. In der gleichen Studie wird berichtet, dass sich während des frühen Mesolithikums R1b-U106 und R1b-S116 von R1b-L51 abspalteten. R1b-U106 spiegelt die genetische Diversifizierung von R1b-L51 in der nordeuropäischen Tiefebene, auf den Britischen Inseln und in Skandinavien wider. Diese Position wird durch die heutige Verbreitung von R1b-U106 unterstützt (siehe [ergänzende Tabelle 18.5](#)). Die Mutation R1b-S116 hingegen spiegelt die Diversifizierung von R1b-L51 auf der Iberischen Halbinsel wider. Valverde et al. (2016) verteidigen diese Position mit der Beobachtung, dass die höchste Frequenz von S116-Mutationen in Spanien und Portugal zu finden ist.

Abschnitt 6. R1b-S116 und das Baskenland.

R1b-S116 hat drei informative nachgeschaltete Mutationen: R1b-DF27, R1b-U152 und R1b-M529. Valverde et al. (2016) vermuten aufgrund ihrer Analyse der genetischen Belege, dass sich diese drei Mutationen vor etwa 12.000 Jahren, zu Beginn des Holozäns, auf der iberischen Halbinsel von R1b-S116 abspalteten. Sie sind auch der Meinung, dass die Mutation R1b-DF27 während der Bronzezeit, also vor etwa 4.000 Jahren, auf der Halbinsel erhalten blieb. R1b-U152 hingegen breitete sich ostwärts auf die italienische Halbinsel und dann nordwärts über die Alpen nach Deutschland aus. Wie R1b-U152 breitete sich auch R1b-M529 von der Iberischen Halbinsel aus. Diese Mutation breitete sich jedoch auf einem anderen Weg zu den Britischen Inseln aus. Dieses Expansionsmodell wird durch die zeitgenössische Verteilung aller drei Mutationen unterstützt (siehe [ergänzende Tabellen 18.6, 18.7 und 18.8](#)).

Eine interessante Beobachtung aus zwei genetischen Studien iberischer Populationen, Valverde et al. (2016) und Solé-Morata et al. (2017), ist, dass R1b-DF27-Mutationen eine hohe Häufigkeit bei den Basken Bevölkerung. Dies ist ein wichtiger Punkt für Linguisten, da die baskische Sprache ein potenzielles Relikt der europäischen Sprachenvielfalt vor der Ankunft der indoeuropäischen Sprachen ist (siehe Diskussion in Kapitel 10). Die Mutation R1b-S116, die etwa zu Beginn des Holozäns im Baskenland auftrat, und die Divergenz von R1b-DF27 und R1b-S116 in Iberien unterstützen diese Position zusätzlich.

Abschnitt 7. Die R1b-S116-Mutation und die keltischen Sprachen.

Auf der Grundlage zeitgenössischer und alter DNA Daten sind G-M201-Mutationen in Iberien ein genetisches Relikt des neolithischen Übergangs in dieser Region (siehe Kapitel 8). Die archäologischen Aufzeichnungen (siehe Martins et al. 2015) datieren die Einführung der Landwirtschaft und der Cardial-Ware-Tradition auf der Iberischen Halbinsel auf etwa 7.500 Jahre vor heute. Dies basiert hauptsächlich auf Radiokarbon-Ergebnissen aus den Überresten domestizierter Schafe und Ziegen, einer äußerst zuverlässigen Datenquelle für die Abgrenzung des Übergangs vom Neolithikum zum Mesolithikum. Die Daten deuten außerdem darauf hin, dass der neolithische Übergang zu einem raschen Bevölkerungswachstum in der Region führte. Noch einen Schritt weiter gehend, stützen diese Daten die Idee, dass der Bevölkerungsdruck eine Ausbreitung der Mutationen R1b-U152 und R1b-M529 auf der Halbinsel bewirkte.

Im heutigen Europa werden die keltischen Sprachen in Irland, im Vereinigten Königreich und in der Bretagne in Frankreich gesprochen. *Ethnologue* (2018) ordnet diese Sprachen in einen einzigen „insularen“ Zweig ein. Der insulare Zweig ist weiter unterteilt in Brythonisch und Goidelisch. Brythonisch besteht aus Bretonisch und Walisisch. Irisch und Schottisch-Gälisch bilden die

Goidelischen Sprachen. Im prähistorischen Europa hatten die keltischen Sprachen eine viel größere Verbreitung, die sich vom Atlantik bis nach Kleinasien erstreckte. Zu den historischen keltischen Sprachen gehörte nicht nur der insulare Zweig, sondern auch der ausgestorbene kontinentalkeltische Zweig der Sprachen. Beispiele für den kontinentalen Zweig sind das Keltiberische auf der Iberischen Halbinsel, das Gallische in Frankreich und das Leponische in Norditalien und der Schweiz.

Wie bereits in Abschnitt 6 (oben) erwähnt, sind R1b-DF27, R1b-M529 und R1b-U152 stromabwärts der Mutation R1b-S116 (siehe auch [ergänzende Abbildung 18.1](#)). Wie die [ergänzenden Tabellen 18.6, 18.7 und 18.8](#) zeigen, sind die verfügbaren Daten für stromabwärtige Varianten von R1b-S116 eher begrenzt. Nichtsdestotrotz bringen diese Daten R1b-U152 stark mit der historischen Verbreitung von dem Kontinentalkeltischen und R1b-M529 mit dem Insularkeltischen.

Eine Synthese verschiedener Datenquellen, die zuvor in diesem Kapitel und in Kapitel 8 vorgestellt wurden, legt nahe, dass Bauern aus Südwestasien und proto-indoeuropäische Sprachen während des Neolithikums gemeinsam auf die Iberische Halbinsel ausbreiteten. In dieser Region entwickelte sich das Proto-Keltische aus der Sprache der neolithischen Bauern. Das Keltiberische stellt eine spätere Diversifizierung des Proto-Keltischen in derselben Region dar. Die anderen Sprachen des kontinentalen Zweigs, wie Gallisch und Lepontisch, sowie die Sprachen des insularen Zweigs stellen eine gemeinsame Ausbreitung der keltisch sprechenden Bauern aus Iberien und eine anschließende Diversifizierung ihrer Sprache in anderen Regionen Europas dar. Dieses Modell der keltischen Ursprünge ähnelt auffallend einem Modell, das sich auf die mitochondriale DNA stützt (siehe McEvoy et al. 2004). Darüber hinaus legt dieses Modell nahe, dass das Keltische durch mesolithische nicht-indoeuropäische Sprachen geprägt worden sein könnte. Ein ähnliches Argument wurde für das Germanische in Kapitel 10.

Abschnitt 8. Ausbreitung von R1b-V88 im mediterranen Europa und Nordafrika.

Interessanterweise stammt die älteste R1b-M343-Probe aus den Überresten von Villabruna, die in den Dolomiten in Norditalien gefunden wurden (siehe [ergänzende Tabelle 18.15](#)). Die Überreste stammen von einem Mann, der vor etwa 14.000 Jahren starb. Die Forscher stellten fest, dass er zu R1b1-L278 gehört, der Vorläufermutation von R1b-M269 und R1b-V88. Diese Überreste stützen ein Modell der R1b-M343-Variation in Europa, das die Mutationen R1b-M269 und R1b-V88 mit dem Zusammenbruch der oberpaläolithischen Mammutjäger-Tradition in Eurasien in Verbindung bringt.

Die höchsten Häufigkeiten der R1b-V88-Mutation in heutigen Populationen finden sich in der Sahelzone Afrikas, einer Zone, die Nordafrika und Subsahara-Afrika trennt (siehe [ergänzende Tabelle 18.9](#)). Eine Synthese aus genetischen, archäologischen und klimatologischen Erkenntnissen legt nahe, dass sich die R1b-V88-Mutation in Osteuropa während des Paläolithikums entwickelte. Während des Mesolithikums breitete sich die Mutation in Italien aus. Eine zweite mesolithische Expansion trug die Mutation dann von Sardinien nach Nordafrika. Unterstützt wird diese Position durch eine Studie aus dem Jahr 2018 (D'Atanasio et al.), die die Entwicklung von R1b-V88 in Europa auf etwa 12.000 Jahre zurückdatiert. Darüber hinaus weisen alte DNA-Daten auf die Entwicklung von R1b-V88 in der osteuropäischen Tiefebene hin. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 18.17](#) hervorgeht, werden R1b-V88-Überreste aus Osteuropa auf etwa 11.000 Jahre vor heute datiert.

D'Atanasio et al. (2018) vertreten den Standpunkt, dass R1b-V88-Mutationen in Afrika ein genetisches Relikt des nordafrikanischen Mesolithikums und der sogenannten "feuchten Phase" sind. Wie sich der Leser vielleicht aus der Diskussion in Kapitel 2 erinnert, hat sich das Klima in Nordafrika vor etwa 10.000 Jahren dramatisch verändert. Der Klimawandel im Holozän brachte Regen in die Region. Die Saharawüste wurde zu einer Savanne mit zahlreichen Seen und Flüssen. In diesem komplexen System von Flüssen und Seen vermehrten sich Flusspferde, Krokodile und Fische. Die Menschen, die diese Tiere jagten, gediehen und überlebten.

Die gemeinsame Ausbreitung von Jägern und R1b-V88 könnte möglicherweise über Südwestasien nach Nordafrika gelangt sein. Kuper und Kröpelin (2006) vermuten jedoch, dass der Nil während der feuchten Phase ein Sumpfbereich war. Eine mesolithische Ausbreitung von R1b-V88 über den Nahen Osten und das nordöstliche Afrika wäre demnach schwierig gewesen. Andererseits belegen paläohydrologische Daten aus Satellitenbildern (Drake et al. 2011) das Vorhandensein von Flusssystemen in Nordafrika während der feuchten Phase. Wenn man einen Schritt weiter geht, könnten Jäger und Sammler eine Wasserüberquerung von Sardinien nach Nordafrika unternommen haben. Von der nordafrikanischen Mittelmeerküste aus könnten diese Flüsse eine südwärts gerichtete Wanderung zu Nahrungsressourcen in der Nähe des Tschadsees ermöglicht haben. Unterstützung für dieses Modell kommt von D'Atanasio et al. (2018). Laut dieser Studie sind R1b-V88-Mutationen bei den heutigen Sarden älter als afrikanische Rb-V88-Mutationen. Darüber hinaus wurde R1b-V88 in einer sardischen Probe aus dem Neolithikum nachgewiesen (siehe [ergänzende Tabelle 18.17](#)), was das mögliche Vorhandensein der Mutation bei mesolithischen Sarden unterstützt.

Abschnitt 9. R1b-V88 und die Vorgeschichte der afrikanischen Sprachen.

Für Sprachwissenschaftler helfen R1b-V88-Mutationen in Nordafrika bei der Entschlüsselung der Vorgeschichte des Tschadischen einem Zweig der afroasiatischen Sprachfamilie. In einer Studie aus dem Jahr 2010 schlugen Cruciani et al. vor, dass R1b-V88 eine genetische Signatur für die tschadischen Sprachen ist, da diese Mutationen in den tschadisch sprachigen Bevölkerungen Afrikas sehr häufig vorkommen. Eine solche Position erscheint aus mehreren Gründen problematisch. Haber et al. (2016) bestritten die Schlussfolgerung von Cruciani et al. (2010) und behaupteten, dass die ältesten R1b-V88-Mutationen bei den Laal-Sprechern, einer isolierten Sprache Nordafrikas, zu finden sind. Daten für zeitgenössische afrikanische Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 18.9](#)) zeigen auch, dass R1b-V88 bei Sprechern semitischer und Berber Sprachen zu finden ist, die ebenfalls zur afroasiatischen Sprachfamilie gehören. Außerdem ist R1b-V88 in mehreren Populationen vertreten, die entweder das nicht-bantoide Niger-Kongo oder das Nilo-Saharanische sprechen. Schließlich deuten die Mutationen E1b-M34, E1b-M81 und J1-M267 zusammen mit den archäologischen Daten darauf hin, dass sich das Afroasiatische während des Neolithikums aus dem Nahen Osten nach Afrika ausgebreitet hat (siehe Kapitel 5 und 11). R1b-V88 hingegen ist eindeutig ein mesolithisches Relikt unter den afrikanischen Populationen.

Abschnitt 10. Diversifizierung von R1a-M420-Mutationen.

Wie bereits in Abschnitt 4 erläutert, haben sich R1a-M420 und R1b-M343 vor etwa 25.000 Jahren in der osteuropäischen Ebene von R1-M173 getrennt. Wie R1b-M343 (siehe Abschnitt 3) fand die erste Diversifizierung der R1a-M420-Variante in Nordosteuropa und Südosteuropa statt. R1a-M420 hat zwei Hauptvarianten, R1a-Z282 und R1a-Z93 (siehe [ergänzende Abbildung 18.1](#)). Auf der Grundlage heutiger Bevölkerungsdaten (siehe [ergänzende Tabelle 18.11](#)) scheint die Mutation R1a-Z282 eine Diversifizierung von R1a-M420 in Nordosteuropa darzustellen. Begrenzte Unterstützung für diese Position kommt von alten DNA-Daten (siehe [ergänzende Tabelle 18.16](#)). Zeitgenössische Daten hingegen deuten darauf hin, dass sich R1a-Z93 in Zentralasien entwickelt hat (siehe [ergänzende Tabelle 18.14](#)).

Abschnitt 11. Die Mutation R1a-Z282 und die slawischen Sprachen.

R1a-Z282 hat drei informative stromabwärtige Marker: R1a-Z284, R1a-M458 und R1a-M558. R1a-Z284 ist fast ausschließlich auf Skandinavien beschränkt, wo es unter Norwegern eine Häufigkeit von etwa zwanzig Prozent erreicht (Underhill et al. 2015). Basierend auf Schätzungen der Koaleszenzzeit (Underhill et al. 2015) scheint die Evolutionsgeschichte von R1a-Z284 der von R1b-U106 zu ähneln (siehe Abschnitt 5). Insbesondere sind beide genetische Relikte von mesolithischen

Rentierjägern.

Die Mutationen R1a-M448 und R1a-M558 sind in Osteuropa zu finden. Ausgehend von zeitgenössischen Daten scheint R1a-M448 eine höhere Häufigkeit unter westslawischen Sprechern (siehe [ergänzende Tabelle 18.12](#)) und R1a-M558 scheint bei ostslawischen Populationen am häufigsten aufzutreten (siehe [ergänzende Tabelle 18.13](#)). Es sollte betont werden, dass die heutige Verbreitung der Mutationen R1a-M448 und R1a-M558 nicht mit der historischen slawischen Expansion zusammenhängt. Vielmehr erklärt der Sprachkontakt in historischer Zeit ihre heutige Verbreitung (siehe Kapitel 10 für weitere Details).

Abschnitt 12. R1a-Z93 und südasiatische Sprachen.

Wie bereits in Kapitel 9 und bei der Erörterung der Haplogruppe H-M2713 erwähnt, ist die *Hypothese der zentralasiatischen Steppennomaden* in mehreren Studien aufgetaucht, die über Y-Chromosom-Variationen im südasiatischen Genpool berichten. In ihren Analysen wird untersucht, ob eine bronzezeitliche Invasion aus Zentralasien indoarische Sprachen nach Südasien brachte. Damit wird R1a-Z93 zu einem besonders wichtigen Marker für die Entschlüsselung der sprachlichen Vorgeschichte Südasiens.

Die Genetiker haben größtenteils jeden Zusammenhang zwischen der Y-Chromosom-Variation in Südasien und einer massiven bronzezeitlichen Invasion von Steppennomaden aus Zentralasien abgelehnt (z. B. Sahoo et al. 2006; Sengupta et al. 2006). Vielmehr weist die Bevölkerungsgeschichte der Region paläolithische, mesolithische und neolithische Komponenten auf (siehe Kapitel 6, 8, 9, 11, 12 und 16). Die Mutation R1a-Z93 stellt eine mesolithische Komponente dar. Diese Schlussfolgerung wird von Pamjav et al. (2012) unterstützt. Laut dieser Studie hat sich R1a-Z93 vor etwa 10.000 Jahren während des Mesolithikums von R1a-M420 abgespalten.

Die in diesem Kapitel vorgestellten Daten bringen die Evolutionsgeschichte der Mutationen der Haplogruppe R-M207 mit dem Klimawandel im Holozän in Verbindung. Die Tradition der Mammutjagd in den eurasischen Steppen brach wegen des wärmeren Wetters zusammen. Die Mutation R1a-Z93 ist ein mesolithisches genetisches Relikt von Jägern und Sammlern, die aufgrund des Klimawandels in Zentralasien oder Osteuropa nach Südasien vertrieben wurden. Archäologische Unterstützung für diese Position kommt von Virendra Nath Misra (2001), einem Experten auf diesem Gebiet für Südasien. Er berichtet, dass die Bevölkerungsdichte in Indien während des Jungpaläolithikums gering war. Trockenes und kaltes Wetter hatte die Verfügbarkeit von Nahrungsmitteln eingeschränkt. Im Mesolithikum kam es jedoch zu Monsunregenfällen. Mehr Feuchtigkeit führte zu mehr Nahrungsressourcen, was letztlich zu einer höheren Bevölkerungsdichte führte.

Abschnitt 13. Die R2-M479-Mutation und südasiatische Sprachen.

Wie bereits in Abschnitt 1 erwähnt, bilden R1-M173 und R2-M479 die beiden wichtigsten nachgeschalteten Abteilungen der Haplogruppe R-M207. Daten von Poznik et al. (2016) deuten darauf hin, dass sich die R2-M479-Mutation vor etwa 30.000 Jahren entwickelt hat, etwa zur Zeit des letzten glazialen Maximums. Wie in Abschnitt 2 angedeutet, scheint dies in Südsibirien geschehen zu sein.

Zeitgenössische Daten für die R2-M479-Mutation bestehen fast ausschließlich aus Häufigkeitsergebnissen für die stromabwärtigen R2a-M124-Mutation. Wie aus der [ergänzenden Tabelle 18.1](#) hervorgeht, stammen fast alle berichteten Daten für R2a-M124 aus Südasien. Sengupta et al. (2006) legen nahe, dass etwa neun Prozent der indischen und 7 Prozent der pakistanischen Männer die R2a-M124-Mutation aufweisen. Außerdem erreicht die Mutation eine mäßige Häufigkeit unter indoarisch und drawidisch sprechenden Populationen (siehe [ergänzende Tabelle 18.1](#)).

Wie die R1a-Z93-Mutation ist auch die R2-M479-Variante in Südasien eine mesolithische Komponente in den Populationen dieser Region. Der Klimawandel trieb auch diese Mutationen und Jäger und Sammler in die Region. Diese Position wird durch alte DNA gestützt. Wie die [ergänzende Tabelle 18.18](#) zeigt, wurde R2a-M124 aus einer 10.000 Jahre alten Probe extrahiert, die in Ganj Dareh im nordwestlichen Iran gefunden wurde.

Abschnitt 14. Problematische paläogenomische Modellierung des Indoeuropäischen.

Bei der „paläogenomischen Modellierung“ wird versucht, die Geschichte der menschlichen Population zu modellieren, indem alte DNA und insbesondere autosomale DNA-Marker, die von beiden Eltern vererbt werden, statistisch analysiert werden. Die statistischen Methoden werden eingesetzt, um das Problem der Rekombination zu lösen. Diese „Umschichtung“ genetischer Merkmale kann evolutionäre Beziehungen verzerren und auslöschen, die zur Entschlüsselung der menschlichen Bevölkerungsgeschichte erforderlich sind. Bei den Y-Chromosom-Daten wird dieses Problem natürlich umgangen, da sie aus einer nicht rekombinierenden Region des menschlichen Genoms gewonnen werden (siehe Kapitel 1).

Ein besonders problematisches paläogenomisches Modell der indoeuropäischen Sprachen in Europa wurde 2015 von Haak et al. veröffentlicht. Die in der Fachzeitschrift *Nature* veröffentlichte Studie unterstützt die *Steppennomaden-Hypothese* für die Ursprünge der indoeuropäischen Sprachen auf der Grundlage einer statistischen Analyse alter autosomaler Marker. Darüber hinaus wird in dem Bericht behauptet, dass die Steppennomaden 75 Prozent der vorher existierenden Bauerngene in Mitteleuropa ersetzt haben. Eine solche Schlussfolgerung steht in krassem Widerspruch zu den archäologischen Aufzeichnungen. Eine solche Schlussfolgerung ist auch mit den Y-Chromosom-Daten unvereinbar. Nach den alten DNA-Daten ist die genetische Signatur dieser Nomaden die Mutation R1b-CTS1078 (siehe [ergänzende Tabelle 18.19](#)). Die zeitgenössischen Daten zeigen, dass die R1b-CTS1078-Mutation in den heutigen europäischen Populationen praktisch nicht vorkommt (siehe [ergänzende Tabelle 18.10](#)). Wenn das Genom der heutigen Europäer eine große Steppennomaden-Komponente aus der Bronzezeit enthält, wie von Haak et al. (2015) berichtet, sollte die R1b-CTS1078-Mutation eine viel höhere Häufigkeit in der Bevölkerung des europäischen Kontinents aufweisen, was eindeutig nicht der Fall ist.

Trotz Unstimmigkeiten mit den archäologischen und genetischen Daten wird die Position von Haak et al. (2015) weiterhin von mehreren nachfolgenden paläogenomischen Studien vertreten, die in wissenschaftlichen Fachzeitschriften mit Peer-Review veröffentlicht wurden (z. B. Allentoft et al. 2015; Jones et al. 2015; Cassidy et al. 2016; Jones et al. 2017; Olalde et al. 2018; Narasimhan et al. 2019; Egjford et al. 2021). Für Linguisten ist die Wahl klar. Wir können ein Modell des indoeuropäischen Ursprungs befürworten, das auf der statistischen Analyse eines kleinen Datensatzes beruht. Alternativ können wir uns für eine triangulierte, auf dem Y-Chromosom basierende Perspektive entscheiden, die eine Synthese aus genetischen, linguistischen, archäologischen und klimatischen Daten verwendet, die aus einem viel größeren Datensatz stammen.

Abschnitt 15. Schlussfolgerungen für die Haplogruppe R-M207.

Nach der triangulierten Y-Chromosom-Perspektive ist die heutige Verbreitung von R-M207 ein genetisches Relikt demografischer Prozesse, die am Ende des letzten Eiszeitmaximums begannen: Ausbreitung aus eiszeitlichen Refugien, das Ende der Nahrungsressourcen der Megafauna auf den eurasischen Steppen und das schnelle Bevölkerungswachstum im Zusammenhang mit dem Übergang zum Neolithikum. Für Linguisten sind die Haplogruppe R-M207 und ihre stromabwärtigen Varianten besonders nützlich, um die Vorgeschichte des Indoeuropäischen, Drawidischen, Afroasiatischen und Nilo-Saharanischen sowie des Baskischen und Laal-Sprachisolate. Eine interessante Beobachtung aus den genetischen und archäologischen Daten ist, dass der Sprachkontakt die Vorgeschichte der

indoeuropäischen und afroasiatischen Sprachfamilien teilweise zu erklären scheint. R-M207 war bereits in Südasien und Europa vorhanden, als indoeuropäisch sprechende Bauern in diese Regionen kamen. Ebenso befand sich R-M207 in Nordafrika, als die afroasiatisch sprechenden Bauern dort ankamen.

Die Daten dieses und des vorangegangenen Kapitels (Kapitel 17) enthalten eine weitere interessante Beobachtung für die Anthropologen. Die Tradition der Mammutjäger aus dem Jungpaläolithikum scheint nicht still und leise von der Bühne gegangen zu sein. Vielmehr kämpften die Jäger und Sammler in Eurasien und Amerika bis zum bitteren Ende gegen den holozänen Klimawandel und passten sich dann an.

Kapitel 19: Empfehlungen, Beobachtungen und zukünftige Forschung.

Abschnitt 1. Empfehlungen.

Da Y-Chromosom-Daten für die Modellierung der Vorgeschichte der Sprache nützlich sind, wäre es im besten Interesse der Linguisten, Bemühungen zu fördern, die Daten von Populationen sammeln, die das gesamte Spektrum der sprachlichen Vielfalt repräsentieren. Gegenwärtig ist die Menge an zeitgenössischen Y-Chromosom-Daten von einer Region zur anderen sehr unterschiedlich. Die europäischen Populationen wurden zum Beispiel umfassend untersucht. Andererseits gibt es vergleichsweise wenig Daten für Afrika südlich der Sahara, Südostasien (insbesondere Myanmar, Vietnam und Malaysia), die Hochlandregion von Neuguinea und die indigenen Völker Nordamerikas (insbesondere Alaska). Außerdem stammen die meisten Daten über die australischen Ureinwohner aus staatlichen Datenbanken, in denen die Gruppenzugehörigkeit nicht erfasst ist.

In einigen Fällen kann der Mangel an Daten für eine Region auf die Verfügbarkeit von Finanzmitteln für Bevölkerungsstudien zurückzuführen sein. Die europäischen Länder verfügen beispielsweise über die finanziellen Mittel für solche Studien, während es einem Land wie Papua-Neuguinea möglicherweise an diesen Mitteln mangelt. Außerdem ist zu betonen, dass die Ureinwohner Nordamerikas und die australischen Aborigines aufgrund ihres historischen Misstrauens gegenüber Europäern die Teilnahme an genetischen Studien generell abgelehnt haben. Diese Gruppen stellen sicherlich eine Schlüsselkomponente für das Verständnis der Evolution der Sprache dar. Hoffentlich können wir in Zukunft mit ihnen zusammenarbeiten.

Abschnitt 2. Verschiedene Beobachtungen.

2.1. Überblick.

Die nicht-rekombinante Region des menschlichen Y-Chromosoms fungiert als „Falle“, die erfolgreich wichtige demografische Meilensteine der Evolutionsgeschichte des *Homo sapiens* aufgefangen hat. Warum dies geschieht, ist nicht vollständig geklärt, da Y-Chromosom-Mutationen selektiv neutral sind, was bedeutet, dass sie den Fortpflanzungserfolg weder begünstigen noch beeinträchtigen. Nichtsdestotrotz dokumentieren Y-Chromosom-Mutationen durchweg den Fortpflanzungserfolg unserer Spezies, was wiederum unser Verständnis der Vorgeschichte der Sprache erheblich verbessert.

2.2. Sprachverschiebung und Y-Chromosomvielfalt.

Wir erben die Muttersprache und die Gene von unseren Eltern. Sprache und Genetik stehen trotz des beobachteten Phänomens der Sprachverschiebung in einer stabilen Wechselbeziehung. Y-Chromosomale Beweise für die Sprachverschiebung sind atypische Y-Chromosom-Mutationen, die in einer Population gefunden werden. Beispielsweise tritt die Mutation N1a-M46 immer wieder in uralisch sprachigen Populationen auf. Das unerwartete Auftreten dieser Mutation bei Litauern und Letten wird mit der Sprachverschiebung vom Uralischen zum Baltischen erklärt. Das Fehlen von N1a-M46 bei den Ungarn lässt sich durch eine Sprachverschiebung von einer unbekanntem Sprache zum Uralischen erklären.

2.3. Linguistisch aufschlussreiche Mutationen.

Die Y-Chromosom-Daten erklären zumindest teilweise das heutige Muster der weltweiten Sprachenvielfalt. In den Kapiteln 2 bis 18 wird die Vorgeschichte der Sprache aus einer Y-Chromosom-Perspektive untersucht. Die Daten legen nahe, dass triangulierte Y-Chromosom-basierte Modelle der Sprachvorgeschichte sehr zuverlässig sind. Der erste Schritt beim Aufbau solcher Modelle besteht darin, informative Y-Chromosom-Mutationen in zeitgenössischen Populationen zu identifizieren, bei denen die Sprache eine starke ethnische Komponente aufweist. „Informativ“ bedeutet im Allgemeinen, dass eine Mutation eine mittlere bis hohe Häufigkeit (> 10 Prozent) unter den Sprechern einer bestimmten Sprachfamilie aufweist. In dieser Monografie wird 110 sprachlich informative Y-Chromosom-Mutationen identifiziert: A1b-V50, A1b-M51, A1b-M13, B2a-M150, B2b-M112, D1a-F6251, D1b-M55, D1c-Y34638, E1a-M33, E1b-M81, E1b-M293, E1b-V13, E1b-V22, E1b-V32, E1b-M34, E1b-U174, E1b-U175, E2a-M41, C1a-M356, C1a-M8, C1b-M38 (x M208), C1b-M208, C2b-M48, C2b-F1918, C2b-F7171, C2b-F5484, C2c-CTS2657, G1-M285, G2a-L91, G2a-L497, G2a-L406, G2a-M527, G2b-M377, G2a-P16, G2a-U1, H1a-M69, I1-M253, I2a-M423, I2a-M26, I2a-M223, J1-M267, J1a-P58, J2a-M410, J2a-M67, J2a-M47, J2a-M68, J2a-M319, J2a-L24, J2b-M12, J2b-M24, L-M20, L1a-M27, L1a-M357, L1b-M317, T1a-M70, M-P256, S-B254, M1a-P34, S1a-M254, S1a-P308, M1a-P87, M2-M353, M3-P117, S1a-P79, N1b-F2930, N1a-P43, N1a-M46, N1a-B211, N1a-Z1936, N1a-M2019, N1a-VL29, N1a-F4205, N1a-B202, N1a-M128, N1a-B187, N1a-B479, O2a-002611, O2a-M117, O2a-F114, O1a-M307, O1a-M110, O2a-P164, O1b-M95, O2a-M7, O2a-M133, O1b-SRY465, O1b-47z, O1b-F1252, O1b-M111, O1b-M1283, O1a-M119, Q1b-M3, Q1b-Z780, C2b-P39, Q1a-M25, Q1a-F746, R2a-M124, R1a-M420, R1a-Z282, R1a-M458, R1a-M558, R1a-Z93, R1b-M343, R1b-M73, R1b-U106, R1b-DF27, R1b-U152, R1b-M529, R1b-V88, und R1b-CTS1078

Der nächste Schritt in der Modellbildung besteht darin, zu erklären, warum eine Mutation eine signifikante Häufigkeit erreicht. Um diese Frage zu klären, werden Daten aus phylogenetischen Beziehungen, alter DNA, Sprachbeziehungen, archäologischen Aufzeichnungen, paläoklimatologischen Aufzeichnungen und anderen relevanten Quellen wie anderen genetischen Markern extrapoliert. Die N1a-M46-Mutation erreicht beispielsweise eine signifikante Häufigkeit bei uralisch sprachigen Populationen, weil die Domestizierung von Rentieren den Fortpflanzungserfolg einer auf der Taymyr-Halbinsel lebenden Population vor etwa 8.000 Jahren verbesserte.

2.4. Prähistorische Bevölkerungsexpansion und Klimawandel.

Prähistorische Bevölkerungsexpansionen helfen, das heutige Muster der Sprachvariation zu erklären. Zu den wichtigsten Expansionen gehören der Exodus aus Afrika während der 5. Sauerstoff-Isotopenstufe, die Besiedlung Ostasiens und Europas während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe, Expansionen aus eiszeitlichen Refugien nach Amerika während des späten Pleistozäns und neolithische landwirtschaftliche Expansionen, die unabhängig voneinander in verschiedenen Regionen der Welt stattfanden. Interessanterweise wurden die prähistorischen menschlichen Expansionen zum Teil durch den Klimawandel motiviert. Weniger Niederschläge begünstigt zum Beispiel die Auswanderung aus Afrika. Wärmere Klimabedingungen begünstigten die menschliche Besiedlung Europas, Ostasiens und Australiens während der 3. Sauerstoff-Isotopenstufe. Die spätpleistozäne Deglazialisierung trieb die menschliche Besiedlung Amerikas voran. Das ostasiatische Neolithikum folgte der Rückkehr des Monsunregens während des Holozäns.

2.5. Fortpflanzungserfolg und Sprache.

Die Landwirtschaft hat den Fortpflanzungserfolg des *Homo sapiens* drastisch verbessert. Aus evolutionärer Sicht unterstützt diese Überlebensstrategie weit mehr Menschen pro Quadratkilometer als die Nahrungssuche. Reis zum Beispiel ernährt über eine Milliarde Menschen in Ostasien. Für Sprachwissenschaftler ist die Landwirtschaft ein wichtiger Punkt, da die neolithische Revolution zu einem raschen Bevölkerungswachstum führte. Infolgedessen breiteten sich Sprache und Landwirtschaft

in mehreren Regionen der Welt gemeinsam aus. Diese Ausbreitung von Sprache und Landwirtschaft wiederum erklärt zum Teil die Entwicklungsgeschichte der folgenden Sprachfamilien: Indo-Europäisch, Niger-Kongo, Afroasiatisch, Uralisch, Sinotibetisch, Austroasiatisch, Drawidisch, Austronesisch, Trans-Neuguinea und Arawak.

2.6. Evolutionäre Anpassungen des Menschen und Sprache.

Evolutionäre Anpassungen des Menschen helfen, die sprachliche Vielfalt zu erklären. Die Vermischung von Neandertalern und *Homo sapiens* könnte das menschliche Immunsystem gestärkt haben. Der Erfolg der tibeto-birmanischen Sprachen ist auf eine evolutionäre Anpassung zurückzuführen, die es den Tibetern ermöglicht, den geringen Sauerstoffgehalt auf dem tibetischen Plateau zu nutzen. Sie können Hypoxie und Höhenkrankheit überwinden, die für die Bewohner dieser Region ein erhebliches Gesundheitsrisiko darstellen. In ähnlicher Weise waren die Austronesier in der Lage, die Küstengebiete von Neuguinea zu bewirtschaften, weil sie aufgrund einer evolutionären Anpassung resistent gegen das tropische Splenomegalie-Syndrom waren, eine massive und tödliche Vergrößerung der Milz, die als Folge einer chronischen Malariaexposition auftritt.

2.7. Sprachkontakttheorie.

Aus einer triangulierten Y-Chromosom-Perspektive bietet die Sprachkontakttheorie eine besonders robuste Erklärung für das globale Muster der heutigen Sprachvariation. Zum Beispiel ist die Evolutionsgeschichte der germanischen Sprachen auf den Sprachkontakt zwischen den mesolithischen Populationen Skandinaviens und den neolithischen Populationen Mitteleuropas zurückzuführen. Die Entwicklung des Indoarischen geht ebenfalls auf den Sprachkontakt zwischen neolithischen Bauern und mesolithischen Jägern und Sammlern zurück. Die Pygmäen des zentralafrikanischen Regenwaldes übernahmen die Niger-Kongo-Sprachen der Bantu-Bauern. Die Papuaner übernahmen die Sprachen der austronesischen Bauern an und breiteten sich dann nach Osten über den Pazifik aus. In Nord- und Ostafrika wechselten in prähistorischer Zeit die nilo-saharanisch sprechende Bevölkerungen zum Afroasiatischen und die afroasiatische Bevölkerung ins Nilo-Saharanische. Die Geschichte der austronesischen Sprachen in Westindonesien und Malaysia beinhaltet eine Sprachverschiebung vom Austroasiatischen zum Austronesischen. Schließlich erklärt der Sprachkontakt am besten die Ähnlichkeiten zwischen den so genannten altaischen Sprachen.

2.8. Trajektorien der prähistorischen Sprachevolution.

Die Sprache ist auf fünf verschiedenen Entwicklungslinien in die Geschichte eingegangen. Die erste Entwicklungslinie beinhaltet eine gemeinsame Ausbreitung von frühem Ackerbau und Sprache, ähnlich wie Bellwoods *Hypothese der frühen landwirtschaftlichen Ausbreitung*. Das Indo-Europäische, Niger-Kongo, Uralische, Sinotibetische, Austronesische, Austroasiatische und Arawakische sind Beispiele dafür. Der zweite Entwicklungslinie beinhaltet die Koevolution von Landwirtschaft und Sprache *in situ*. Das Koreanische, Japanische, Nahuatl, Maya und Ketschua sind Beispiele dafür. Die dritte Entwicklungslinie beinhaltet eine gemeinsame Ausbreitung von Jägern und Sammlern und der Sprache. Das Eyak-Athabaskische ist ein gutes Beispiel. Die vierte Entwicklungslinie beinhaltet die Koevolution von Jägern und Sammlern und der Sprache *in situ*. Gute Beispiele stammen aus Nordamerika und umfassen das Eskimo-Aleutische, Tsimshian, Wakashan und Salish. Die fünfte und letzte Entwicklungslinie beinhaltet die Rückkehr von der Landwirtschaft zur Nahrungssuche, ein selten beobachtetes Phänomen. Beispiele hierfür sind die finnischen und numischen Sprachen.

Abschnitt 3. Forschungsfragen für die Zukunft.

3.1. Einleitung.

Es war nie meine Absicht, eine neue Spezialisierung auf dem Gebiet der Linguistik zu schaffen. Ich empfehle dringend, dass sich angehende Linguisten auf eine der traditionellen Teildisziplinen der Linguistik spezialisieren, z. B. auf historische Linguistik, Semantik oder Morphologie. Wir sind Linguisten und keine Genetiker, Archäologen oder Klimatologen. Dennoch dient die Sprache als Hauptspeicher der Kultur. Diejenigen, die sich zu Linguisten hingezogen fühlen, erkennen, dass unsere Disziplin ein Forum für die Erforschung des riesigen Spektrums der kulturellen Vielfalt in Vergangenheit und Gegenwart sein kann. Die triangulierte Y-Chromosom-Modellierung ist ein Mittel, um dieses Paket zu liefern. Darüber hinaus können archäologische, historische, anthropologische, genetische und klimatische Daten nützliche Perspektiven für die Interpretation der linguistischen Daten bieten. Für diejenigen, die bereit sind, ein Risiko einzugehen, bietet die triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung der Sprachvorgeschichte eine aufregende Gelegenheit, in ein unerforschtes linguistisches Grenzgebiet vorzustoßen. Wenn Sie also die Welt verändern wollen, seien Sie ein Linguist, der es wagt, anders zu sein.

3.2. Die vergleichende Methode und die Vorgeschichte der Sprache.

Eine Frage betrifft die vergleichende Methode und den potenziellen Beitrag, den dieses linguistische Instrument zur Erhellung der Vorgeschichte der Sprache leistet. Der Linguist Lyle Campbell zum Beispiel tendiert zu einer konservativen Anwendung der vergleichenden Methode, um die Sprachenvielfalt zu klassifizieren. Der Linguist Robert Beekes hingegen setzt die vergleichende Methode ein, um die Kultur der „Indoeuropäer“ zu rekonstruieren, eines Volkes, das (offenbar) besonders gut dichten konnte, obwohl dies weder archäologisch noch historisch belegt ist. Vielleicht ist die vergleichende Methode ein robustes Instrument zur Klassifizierung von Sprachen und versagt kläglich als Instrument zur kulturellen Rekonstruktion.

3.3. Nicht-linguistische Daten und Sprachklassifikation.

Sollten wir nichtlinguistische Daten zur Klassifizierung von Sprachen heranziehen? Umstrittene Klassifizierungen wie das Nilo-Saharanische und Niger-Kongo scheinen robuster zu sein, wenn man die genetischen und anthropologischen Daten berücksichtigt. Das Nilo-Saharanische korreliert gut mit der Wüstenbildung in der Sahara und der Entwicklung der Viehzucht als Subsistenzstrategie in Ostafrika. Das Niger-Kongo korreliert gut mit der Ausbreitung des Ackerbaus von West- und Zentralafrika aus. Darüber hinaus bevorzugen nicht-linguistische Perspektiven das traditionelle „binäre“ Modell des Uralischen gegenüber dem modernen „Kamm-Modell“. Andererseits erscheinen Klassifizierungen wie das Sinotibetische weniger plausibel, wenn man nicht-linguistische Beweise berücksichtigt. Aus anthropologischer Sicht sind zum Beispiel die chinesischen Sprachen mit dem Erfolg des Reisanbaus in Ostasien in Verbindung gebracht werden. Das Tibeto-Birmanische hat sich dagegen aus dem Erfolg des Gerstenanbaus auf dem tibetischen Kontinent und einer evolutionären Anpassung der tibetischen Bauern entwickelt, die ihnen das Überleben in der Hypoxie ermöglicht.

3.4. Die neolithische Revolution und die Nivellierung der sprachlichen Vielfalt.

Die besondere Beziehung zwischen Sprachvariation und Landwirtschaft wirft eine interessante Forschungsfrage auf. Gibt es eine umgekehrte Beziehung zwischen Landwirtschaft und Sprache? Mit anderen Worten: Hat die neolithische Revolution die sprachliche Vielfalt eingeebnet? Diese Frage ergibt sich aus der Beobachtung, dass die sprachliche Vielfalt in Südamerika schwer zu klassifizieren ist. Im

Vergleich zu Eurasien und Afrika werden viele der südamerikanischen Sprachen in *Ethnologue* als Isolate oder als nicht klassifiziert geführt. Außerdem besteht die sprachliche Vielfalt in Südamerika aus zahlreichen kleinen Sprachfamilien, während die sprachliche Vielfalt in der Alten Welt aus vergleichsweise wenigen Sprachfamilien besteht, die in vielen Fällen Hunderte von Sprachen umfassen. Man könnte also argumentieren, dass die sprachliche Distanz bei den Sprachen der Neuen Welt größer ist als bei den Sprachen der Alten Welt. Wenn man dieses Argument weiter ausführt, könnte diese Dichotomie darauf zurückzuführen sein, dass im prähistorischen Südamerika weniger intensiv Landwirtschaft betrieben wurde. Andererseits könnte die Klassifizierung der indigenen Sprachenvielfalt in Südamerika die Verfügbarkeit von Ressourcen für die historische Sprachwissenschaft widerspiegeln. Oder aber die europäische Kolonisierung hat große Teile der sprachlichen Landkarte ausgelöscht und damit die sprachlichen Beziehungen verwischt, die die Klassifizierung der Sprachen erleichtern.

Abschnitt 4. Abschließende Überlegungen.

Das Interesse an der Vorgeschichte der Sprache zirkuliert in der linguistischen Debatte seit der Gründung unserer Disziplin vor über zweihundert Jahren. Dennoch sind einige der heutigen Linguisten der Meinung, dass die Frage der Vorgeschichte der Sprache viel zu spekulativ ist und sich einer empirischen Analyse entzieht. Die Vorgeschichte der Sprache zu ignorieren ist jedoch problematisch, weil die Vergangenheit die Gegenwart erklärt. Je mehr wir über die Vorgeschichte der Sprache wissen, desto mehr wissen wir über die heutigen Sprachen. Zu diesem Zweck haben einige Linguisten versucht, die Vorgeschichte der Sprache mit Hilfe linguistischer Instrumente zu modellieren. Diese Versuche haben jedoch zu Sprachmodellen geführt, die manchmal eindeutig unplausibel sind, wie etwa die Korrelation zwischen dem Baskischen und den Sprachen der Kaukasusregion. Linguistische Instrumente sind auch in ihrer zeitlichen Tiefe begrenzt. Die triangulierte Y-Chromosom-basierte Modellierung der Sprachvorgeschichte liefert dringend benötigte empirische Modelle der Sprachvorgeschichte, die sehr zuverlässig sind. Außerdem können wir viel tiefer in die Vorgeschichte der Sprache eindringen.

Index der Sprachen und Kulturen

- || **Gana** 21
- Aeta** 36, 118, 125
- Afroasiatisch** 8, 13-21, 42, 45-53, 72-74, 93, 100-104, 111-114, 132, 197-200, 203
- Ägäer** 12
- Ägyptisch** 11, 18, 45-47, 101, 103
- Ahrensburger-Kultur** 94
- Ainu** 35-36, 40, 68-69, 185-186, 190
- Aka** 20-22
- Akimel O'odham**, siehe Pima
- Akkadisch** 101-103
- Albanisch** 73, 109-110
- Aleutisch** 184
- Algisch** 172-173, 182
- Algonquin**, siehe Algisch
- Altäischen Sprachen** 62-68, 71, 137-138, 156, 203
- Alur** 21, 51
- Alutiiq** siehe Pazifik-Yupik
- Amharisch** 16, 103
- Anatolisch** 73, 101, 104
- Andamanisch** 35-37, 40, 125
- Änyu** 64
- Apache** 172, 181-182
- Arabisch** 103
- Aramäisch** 45, 101-103
- Arapahoe** 173
- Arawakisch** 74, 178-181, 203
- Arktische Kleingerätetradition** 184-187
- Armenisch** 73, 79, 105-108
- Aserbaidshanisch** 64, 79
- Atlantik-Kongo** 19-20, 51,
- Aurignacien-Kultur** 90
- Australisch** 30, 54, 59-62, 116-125, 201
- Austroasiatisch** 7, 13, 74, 83-86, 89, 141, 149-156, 161, 203,
- Austronesisch** 9, 13-15, 57-58, 61-62, 74, 110, 116-122, 124-125, 141-143, 147-162, 178-180, 190, 203
- Aymara** 176-178
- Bagvalal** 81, 104
- Baka** 20, 22
- Balkaren** 80
- Balti** 85
- Baltisch** 73, 126, 137, 201
- Bantoid** 19, 20, 22, 51,
- Bantu** 16, 20-25, 48-53, 203
- Barito-Sprachen** 149
- Baskisch** 90, 93, 98, 190, 195, 200, 205
- Beduinen** 103
- Belutschi** 78, 84,
- Berber** 45-47, 52-53, 101-103, 197
- Bosnisch** 97
- Brahui** 77, 84-86
- Bretonisch** 196
- Briten** 93
- Brythonisch** 195-196
- Bulgarisch** 97
- Burjaten** 138
- Burusho** 86
- Cardial-Ware-Kultur** 74-75, 109, 195
- Carib** 178
- Carrier** 182
- Cham** 155
- Champa-Zivilisation** 155
- Chanten** 131
- Cheyenne** 173
- Chibchan** 174
- Chimakuan** 172
- Chinesisch** 62, 65-67, 141-147, 156-161, 204
- Chocoan** 174
- Chumash** 172
- Comanche** 174
- Dabban** 43
- Dakelh** 182
- Damara** 21
- Damin** 25
- Dänisch** 73, 93, 96, 136
- Dapenkeng-Kultur** 147
- Datooga** 48
- Dawro** 45
- Deutsch** 73, 93, 96
- Dinka** 18
- Dodoth** 51
- Dogrib** 182
- Dolganisch** 64, 131
- Dorset-Kultur**, see Paläo-Eskimo
- Drawidisch** 77, 81-89, 100, 107, 113, 114, 141, 156, 199, 203
- Elamitisch** 101
- Elmenteitan** 49
- Emiran-Kultur** 43
- Englisch** 2, 8, 73, 81, 96, 131, 184
- Eskimo** 12, 139, 171, 181, 184-188, 191
- Eskimo-Aleutisch** 11, 70, 126, 138-139, 169-171, 182-187, 191, 203
- Estnisch** 126, 132, 136-137
- Ewen**, 64, 131

Index der Sprachen und Kulturen

- Ewenken** 64, 131
Eyak 181
Eyak-Athabaskisch 11, 70, 169-173, 181-185, 191, 203,
Fali 20
Farsi 78
Finnisch 93, 96, 126, 131-137, 140, 203
Finno-Ugrisch 133
Flämisch 93, 96
Formosasprachen 147
Gagauz 64
Gallisch 196
Germanisch 8, 73, 90-96, 110, 126, 136, 196, 203,
Goidelisch 195-196
Griechisch 50, 73, 79 108-110
Gwich'in 182
Gyele 20
Hadza 19-21, 24-25, 48
Haida 172
Han 143-145, 157-160
Harappan-Kultur 76
Hattisch 101
Hausa 52
Hazara 65
Hebräisch 45, 101, 103
Hema 51
Hethitisch 87, 101
Hindi 73, 84
Hissar-Kultur 78
Hlai 154
Hmongisch 155
Hmong-Mien 38, 141-143, 153-156, 161
Ho Hte 155
Hoabinhian 33-34, 40
Hopi 174
Hurro-Urartäische 101
Indoarischen 73, 78, 84-90, 107, 203
Indoeuropäisch 8, 11-13, 72-81, 84-87, 93-114, 123, 137, 195-196, 199-200
Indo-Iranisch 73, 76-79, 87, 107-108
Insularkeltisch 195-196
Inuit-Inupiaq 184
Iranisch 73, 77-87, 104, 107-109
Irish 12, 73, 196
Irokesisch 173, 182
Italienisch 11, 50, 75, 109, 195-196
Italisch 73, 109-110
Jakutisch 64-66, 131, 138,
Japanisch 35-37, 40, 60-62, 67-70, 127, 138, 141-143, 158-161, 178, 185-186, 203
Japonisch 40, 159-161
Jarawa 36, 125
Jean 178
Jejueo 156
Jemez 173
Jenisseisch 138-139, 166, 183-185
Jeulmun 156-157
Jie 51
Jomon 34, 40, 70, 159-160, 185
Jukagirisch 65, 131, 138-139
Kalascha 77, 86
Kammkeramisch-Kultur 96, 131, 135
Kam-Tai 154
Kanaanitisch 101
Kannada 77, 84
Karatschaier 80
Kareliern 126
Kartwelisch 79-81, 100, 105-107, 110
Kasachisch 64, 79, 108,
Kasachisch, 64
Keltiberisch 196
Keltisch 73, 96, 110, 195-196
Kets 139, 163-167, 183, 188
Ketschua 176-178, 190-191, 203
Khmer 85, 151
Khoe-Kwadi 16, 18,
Khoisan 2, 9, 14-21, 24-25, 48-49, 52,
Kinh 155
Kiowa-Tano 173
Kirgisisch 64
Komi 126, 131
Kontinentalkeltisch 196
Koptisch 45
Kordofanisch 19,
Koreanisch 62, 67-68, 138, 141-143, 156-161, 178, 203
Korjaken 70, 127, 131, 139, 187
Kotoko 52
Kra 154
Kroatisch 73, 97
Kurdisch 78, 108
Kurgan 12, 76, 87,
Kuschitisch 21, 45, 46, 50, 101
Kx'a 16, 18
Laal 197, 200
Laoten 155
Lapita-Kultur 124, 147

Index der Sprachen und Kulturen

- Lateinisch** 47
Leponisch 196
Lettisch 73, 126, 137, 201
Linearbandkeramik-Kultur 74-75, 94, 109
Litauisch 73, 126, 137, 201
Lolo-Birmanischen, siehe Ngwi-Birmanischen
Luwisch 101
Maasai 18, 48
Madagassisch 149
Magyaren 136
Maipurean, siehe Arawakisch
Malayalam 77
Malayo-Polynesische 147
Maltesisch 45
Mandan 173
Mande 19, 51
Mandschu 64
Maniq 36
Mansisch 136
Masa 52
Maya 174, 190, 203
Mbo 14
Mbuti 20, 22
Mehrgarh-Zivilisation 76, 86, 107
Mien 155
Mixe-Zoquean 174
Mixtec 174
Mogholi 64
Moldawisch 97
Mongolisch 64-68, 126-127, 137-141, 157-159, 166, 187, 190
Mon-Khmer, 85, 151-153
Mono 174
Mumun-Kultur 157
Munda 57, 85, 151-153
Mundari 85
Muskogeanisch 173, 182
Na-Dené, siehe Eyak-Athabaskisch
Nahuatl 174
Nanai 127, 138
Natufien 44, 50, 102
Naukan 184
Navajo 172, 181-182
Negrito 36, 88, 118, 124-125
Nenzen 131-133, 136
Neo-Eskimo 184, 185
Neupunisch 47
Nganasanen 131
Ng'arkarimojong 21, 51
Ngumba 20
Ngwi-Birmanischen 146
Niederländisch 96
Niger-Kongo 13-16, 18-20, 22, 25, 42, 48, 51-53, 149-150, 197, 203-204
Nilo-Saharanisch 7, 14-22, 42, 48-53, 149, 200, 203-204,
Niwchen 138
Nogais 81, 104
Nordgermanisch 73, 93, 96, 136
Nordkaukasisch 79, 80-81, 100, 106-107, 110
Norwegisch 93, 96, 136, 197
Numischen 174, 191, 203
Olmeken-Zivilisation 174
Omotisch 45-46, 101
Onge 36, 51, 125
Oromo 16
Ossetisch 81
Ostsemitisch 103
Ostslawisch 73, 126, 137, 198
Otomanguean 174
Otomi 174
Paiute 174
Paläo-Eskimo 12, 139, 184-186
Pano 178
Papago 173, 174
Papua-Sprachen 57, 61-62, 116-125, 147-151, 203
Paschtu 73, 77-78, 84-87, 108
Pazifikküste-Eyak-Athabaskische 181
Pazifik-Yupik 17, 171, 184-185
Persisch 73, 108
Phönizisch 101
Pima 173, 174
Polnisch 73
Portugiese 2
P'uman 152
Punjabi 84
Pygmäen 19-24, 52, 203
Pyu-Zivilisation 146
Ritwan 172
Romani 83, 88-90, 97
Römer 47
Russisch 73, 126, 137-138
Ryukyuan 159, 161
Sal 146
Salish 172, 203
Samisch 93, 96, 126, 131-137
Samojedisch 131-133, 137

Index der Sprachen und Kulturen

- Sandawe** 19-21, 24-25, 48
Sanskrit 87
Santhali 85
Sarden 12, 83, 197
Schottisch-Englisch 73
Schottisch-Gälisch 196
Schwedisch 73, 93, 96, 109, 136
Seima-Turbino 128
Selkupen 131
Semang 36
Semitisch 45-47, 50, 101-103, 197
Sentinelese 36
Serbisch 97
She-Sprache 155
Shoshoni 174
Sinotibetisch 13, 74, 84, 144-147, 150, 153, 203-204,
Siouanisch-Katawanisch 135, 173, 183
Sirenik 184
Slawisch 73, 90, 96-98, 110, 126, 137, 197-198
Slowenisch
Sojot 131
Soliga 88
Solutréen 190
Somali 45
Spanier 2, 177-178,
Südslawisch 73, 90
Sumerisch 101
Sumnagin 131-132
Swiderien-Kultur 194
Tadschiki 78, 87, 108-109
Tai-Kadai 38, 141-143, 153-156, 161
Taíno 180
Tamil 77, 84
Tanana 182
Tarascan 174
Tataren 126
Tats 81, 104, 117
Telugu 77, 84
Thai 154, 155
Thule-Kultur see Neo-Eskimo
Tibeto-Birmanisch 10, 35, 38, 40, 57, 85-86, 89,
144-147, 155-158, 161-162, 204
Tlingit 172, 181, 182
Tocharisch 73, 87, 109
Tofalaren 131
Tohono O'odham, siehe Papago
Transeurasisch 12, 68, 138, 159
Trans-Himalayisch 146
Trans-Neuguinea 13, 74, 120-125, 203
Tschadisch 45, 46, 52, 101, 197
Tschechisch 73, 97
Tschuktschen 127, 131, 139, 185-187
Tschuktscho-Kamtschadalisch 70, 126, 138-
139, 184-185
Tsimshian 172, 203
Tuareg 47
Tucano 178
Tungusisch 64-68, 126-127, 137-138, 141, 158-
159, 190
Tupi 178
Turkana 48
Türkisch 64-65, 81, 109, 190
Turkmenisch 64
Turksprachen 64-68, 79-80, 83, 87, 106-107, 126,
137-138, 159, 187
Tuu 16-18
Tuwiner 131, 138
Ubangi 22,
Uigurisch 64, 87, 109
Ukrainisch 97
Ungarisch 12, 50, 81, 88, 132, 136, 201
Uralisch 10, 13, 66, 90, 93, 96, 126, 132-139, 173,
201-204
Urdu 73, 84,
Usbekisch 64, 87, 109
Uto-Aztekisch 173-175
Utsat 155
Veps 126
Vietnamesisch 67, 85, 151, 155
Wakashan 172, 203
Walisisch 73, 196
Waorani 2, 9
Welayta 16
Westgermanisch 8, 93
Westsemitisch 103
Westslawisch 73, 198
Xhosa 25
Xinglonggou-Kultur 157
Yangshao-Kultur 146
Yayoi-Kultur 159
Yoruba 20
Yupik, 127, 139, 171, 184-188
Zapotec 174
Zentral-Yupik 184
Zuni 173

Abbildungen und Urheberrechtsinformationen

Abbildung 1.1. Die Struktur der DNA.

Quelle: Wikipedia und Madprime.

Abgerufen: 3. August 2021.

URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:DNA_chemical_structure.svg

Art der Copyright-Lizenz: CC BY-SA 3.0.

Abbildung 1.1. Sprachliche Karte von Afrika. Quelle: Wikipedia und Mark Dingemans

Quelle: Wikipedia and Mark Dingemans.

Abgerufen: 16. August 2021.

URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Khoi-San_NL.png

Bemerkungen: Die Original-Abbildung wurde unter Verwendung verschiedener Farben für die Sprachbereiche geändert. Der niederländische Text wurde ins Englische übersetzt.

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution 2.0 Generic License.

Abbildung 2.2. Buschmann-Jäger.

Quelle: Wikipedia and Andy Maano.

Abgerufen: 8. September 2023.

URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Bushmen_hunters_%28cropped%29.png

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0 International.

Abbildung 4.3. Zwei Ainu Männer, Dorf Tokoro, Insel Hokkaido, Japan, zwischen 1885 und 1895.

Quelle: Smithsonian Institution.

Abgerufen: 28. Oktober 2021.

URL: <https://edan.si.edu/slideshow/viewer/?eadrefid=NAA.PhotoLot.77-38>

Art der Copyright-Lizenz: In the Public Domain. Romy Hitchcock photographs of Ainu people, Japan, and Korea (NMNH-04753000b). National Anthropological Archives, Smithsonian Institution.

Abbildung 4.4. Andamanen Inselbewohner um 1911.

Quelle: Smithsonian Institution.

Abgerufen: 7. Oktober 2021.

URL: <https://sova.si.edu/details/NAA.PhotoLot.97#ref4676>

Art der Copyright-Lizenz: In the Public Domain. Lot 97 DOE Asia: Asiatic Islands: Andamans: People (NAA INV.04422400), National Anthropological Archives, Smithsonian Institution.

Abbildung 5.1. Der Fruchtbare Halbmond 7.500 v. Chr.

Quelle: Wikipedia and Bjoertvedt.

Abgerufen: 25. August 2021.

Page URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Fertile_crescent_Neolithic_B_circa_7500_BC.jpg

Bemerkungen: Rote Quadrate stehen für neolithische Stätten, schwarze Quadrate für vorneolithische Stätten.

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 3.0 Unported License.

Abbildung 5.3. Ausbreitung der Viehzucht im südlichen Afrika.

Quelle: Smith 1992: Figure 1.

Bemerkungen: Die Karte wurde geändert, indem die Tsetse-Region blau schattiert und ein goldfarbener Pfeil hinzugefügt wurde, um den tsetsefreien Korridor darzustellen.

Art der Copyright-Lizenz: Fair Use Exception of the US Copyright Act.

Abbildungen und Urheberrechtsinformationen

Abbildung 6.1. Sunda und Sahul.

Quelle: Wikipedia and Maximilian Dörrbecker (Chumwa).

Abgerufen: 28. August 2021.

Page URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Map_of_Sunda_and_Sahul.png

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 3.0 Unported License.

Abbildung 6.2. Insel-Südostasien, Australien und Ozeanien.

Quelle: United States Government and Central Intelligence Agency.

Abgerufen: 28. August 2021.

Page URL: https://www.cia.gov/the-world-factbook/static/97fb508232ccc526320d30d41033ca09/oceania_phy.jpg

Art der Copyright-Lizenz: In the Public Domain.

Abbildung 7.2. Eisschilde, Tundra und Steppe vor 20.000 Jahren.

Quelle: Wikipedia and Fährtenleser.

Abgerufen: 31. August 2021.

Page URL:

https://de.wikipedia.org/wiki/Letzteiszeitliches_Maximum#/media/Datei:Vegetationszonen_18.000_B_C.png

Bemerkungen: Der Karte wurde Text hinzugefügt: "Asien", "Europa" und "Nordamerika".

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0 International License.

Abbildung 8.2. Europäisches Neolithikum.

Quelle: Wikipedia.

Abgerufen: 1. September 2021.

Page URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Expansion_n%C3%A9olithique.png

Bemerkungen: Französischer Text wurde durch englischen Text ersetzt.

Art der Copyright-Lizenz: In the Public Domain.

Abbildung 9.1. Sprachfamilien in Südasien.

Quelle: University of Buffalo, Department of Linguistics.

Abgerufen: 1. Oktober 2021.

URL: https://www.acsu.buffalo.edu/~dryer/family_maps.htm

Art der Copyright-Lizenz: Fair Use Exception of the US Copyright Act.

Abbildung 9.2. Hethitische Keilschrift-Inschrift.

Quelle: Wikipedia and Mx. Granger.

Abgerufen: 13 September 2021.

Page URL: https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/thumb/a/a7/Hittite_Cuneiform_Tablet-Legal_Deposition%28%3F%29.jpg/1024px-Hittite_Cuneiform_Tablet-Legal_Deposition%28%3F%29.jpg

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons CC0 1.0 Universal Public Domain Dedication.

Abbildung 10.2. Foto eines norwegischen Rentieres.

Quelle: Wikipedia and Are G Nilsen.

Abgerufen: 30. Oktober 2021.

Page URL:

https://en.wikipedia.org/wiki/Reindeer#/media/File:Reinbukken_p%C3%A5_frisk_gr%C3%B8nt_beite_-_panoramio.jpg

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 3.0 Unported License.

Abbildungen und Urheberrechtsinformationen

Abbildung 10.3. Tundra.

Quelle: Wikipedia and Dr. Andreas Hugentobler.

Abgerufen: 15. September 2021.

Page URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Tundra_in_Siberia.jpg

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution 2.0 Germany.

Abbildung 11.1. Obelisk von Manishtusu und akkadische Inschrift.

Quelle: Wikipedia and Mbzt.

Abgerufen: 16. September 2021.

Page URL:

https://commons.wikimedia.org/wiki/File:P1050578_Louvre_Ob%C3%A9lisque_de_Manishtusu_d%C3%A9tail_rwk.JPG

Art der Copyright-Lizenz: GNU Free Documentation License, Version 1.2 and Creative Commons Attribution 3.0 Unported License.

Abbildung 11.2. Das Afroasiatische und seine wichtigsten Zweige vor 1.000-2.000 Jahren.

Quelle: Wikipedia and Tussna.

Abgerufen: 16. September 2021.

Page URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Afro-Asiatic_languages_-_Karte_der_Afroasiatischen_Sprachen.png#mw-jump-to-license

Bemerkungen: Das Bild wurde angepasst, indem die deutsche Schrift entfernt, die Legende entfernt und englischsprachige Bezeichnungen für die Sprachzweige hinzugefügt wurden.

Art der Copyright-Lizenz: GNU Free Documentation License, Version 1.2 and Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0 International License.

Abbildung 13.1. Uluru (Ayers Rock), Nordterritorium, Australien.

Quelle: Wikipedia and Stuart Edwards.

Abgerufen: 22 September 2021.

Page URL: https://en.wikipedia.org/wiki/Uluru#/media/File:Uluru_Panorama.jpg

Art der Copyright-Lizenz: Own work, copyleft: Multi-license with GFDL and Creative Commons CC-BY-SA-2.5 and older versions (2.0 and 1.0).

Abbildung 17.2. Bølling-Allerød Interstadial.

Quelle: Wikipedia; Platt, D. et al. 2017. "Mapping Post-Glacial expansions: the peopling of Southwest Asia. *Scientific Reports* 7: 40338. <https://www.nature.com/articles/srep40338>

Abgerufen: 26. September 2021.

URLs: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Evolution_of_temperature_in_the_Post-Glacial_period_according_to_Greenland_ice_cores.jpg

<https://www.nature.com/articles/srep40338>

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons 4.0 License.

Abbildung 17.4. Teosinte, Teosinte-Mais-Hybrid und Mais.

Quelle: Wikipedia and John Doebley

Abgerufen: 27. September 2021.

URL: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Maize-teosinte.jpg>

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution 3.0 Unported License.

Abbildungen und Urheberrechtsinformationen

Abbildung 17.5. Lamas.

Quelle: Wikipedia and Kallerna.

Abgerufen: September 27, 2021.

URL: https://en.wikipedia.org/wiki/File:Lama_glama_Laguna_Colorada_2.jpg

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 4.0 International License.

Abbildung 17.7. Amazonas-Einzugsgebiet.

Quelle: Wikipedia and Kmusser.

Abgerufen: 27 September 2021.

URL: <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Amazonrivermap.png>

Art der Copyright-Lizenz: Creative Commons Attribution-Share Alike 3.0 Unported License.

Abbildung 17.9. Verbreitung der athabaskischen Sprachen.

Quelle: National Park Service.

Abgerufen: 28 September 2021.

URL: <https://www.nps.gov/chir/learn/historyculture/pre-apache-wars.htm>

Art der Copyright-Lizenz: In the public domain.

Abbildung 17.10. Japan, Russland und Alaska.

Quelle: University of Texas and the Perry-Castañeda Library Map Collection.

Abgerufen: 28 September 2021.

URL: <https://maps.lib.utexas.edu/maps/asia.html>

Art der Copyright-Lizenz: In the public domain.

Bemerkungen: Eine kleinere Karte erstellt, den ursprünglichen Text gelöscht und einen größeren Text hinzugefügt.

Die übrigen Abbildungen in der Monographie sind Eigentum des Autors und stehen unter derselben Lizenz wie die Monographie selbst. Die Karten wurden mit SimpleMappr erstellt: Shorthouse, David P. 2010. SimpleMappr, an online tool to produce publication-quality point maps.

<https://www.simplemappr.net>.

Bibliographie.

Aaris-Sorensen, Kim et al. 2007. "The Scandinavian reindeer (*Rangifer tarandus* L.) after the last glacial maximum: time, seasonality and human exploitation." *Journal of Archaeological Science* 34(6): 914-923.

Abi-Rached, Laurent et al. 2011. "The shaping of modern human immune systems by multiregional admixture with archaic humans." *Science* 334 (6052): 89-94.

Abramova et al. 2001. "The age of Upper Paleolithic sites in the middle Dnieper River basin of Eastern Europe." *Radiocarbon* 43(2b): 1077-1084.

Abu-Amero, Khaled K. et al. 2009. "Saudi Arabian Y-chromosome diversity and its relationship with nearby regions." *BioMed Central Genetics* 10:59.

Adcock, Gregory J. et al. 2001. "Mitochondrial DNA sequences in ancient Australians: Implications for modern human origins." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 98(2): 537-542.

Ahn, Sung-Mo 2010. "The emergence of rice agriculture in Korea: archaeobotanical perspectives." *Archaeological and Anthropological Sciences* 2: 89-98.

Aikio, Ante 2020. "Loanwords from unattested Nordic source forms in Saami." *Finnisch-Ugrische Forschungen* 2020 (65), 5-24.

Aiko, Ante in Press. "Proto-Uralic." To appear in: *The Oxford Guide to the Uralic Languages*. Edited by Marianne Bakró-Nagy, Johanna Laakso, and Elena Skribnik. Oxford University Press. Retrieved from Academia on February 14, 2021. https://www.academia.edu/40193033/Proto_Uralic

Allen, Bryan 1992. "The geography of Papua New Guinea." In: *Human Biology in Papua New Guinea: the Small Cosmos*. Edited by Robert D. Attenborough and Michael P. Alpers. Oxford; New York; Tokyo; Melbourne: Clarendon Press, pp. 36-66.

Allen, Jim and James F. O'Connell 2008. "Getting from Sunda to Sahul." In: *Islands of Inquiry: Colonisation, Seafaring and the Archaeology of Maritime Landscapes*. Edited by Geoffrey Clark, Foss Leach, and Sue O'Connor. Canberra: ANU Press, pp. 31-46.

Allentoft, M. E. et al. 2015. "Population genomics of Bronze Age Eurasia." *Nature* 522: 167-172.

Ammerman, A.J. and L.L Cavalli-Sforza 1984. *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe*. Princeton: Princeton University Press.

Amos, William 2020. "Signals interpreted as archaic introgression appear to be driven primarily by faster evolution in Africa." *Royal Society Open Science* 7: 191900.

Amos, William 2021. "Correlated and geographically predictable Neanderthal and Denisovan legacies are difficult to reconcile with a simple model based on inter-breeding." *Royal Society Open Science* 8: 201229.

Anikovich, M.V. et al. 2007. "Early Upper Paleolithic in Eastern Europe and implications for the dispersal of modern humans." *Science* 315: 223-226.

Anthony, David W. 2007. *The Horse, the Wheel, and Language, How Bronze-Age Riders from the Eurasian Steppes Shaped the Modern World*. Princeton, N.J.; Woodstock: Princeton University Press.

Bibliographie

- Anthony, David W. and Don Ringe 2015. "The Indo-European homeland from linguistic and archaeological perspectives." *Annual Review of Linguistics* 1: 199-219.
- Anthony, David W. 2017. "Archaeology and Language: Why archaeologists care about the Indo-European problem." In: *European Archaeology as Anthropology: Essays in Memory of Bernard Wailes*. Edited by Pam J. Crabtree and Peter Bogucki. University of Pennsylvania Press, pp. 39-70.
- Arbuckle, Benjamin S. and Emily L. Hammer 2019. "The rise of pastoralism in the ancient Near East." *Journal of Archaeological Research* 27: 391-449.
- Arredi, Barbara et al. 2004. "A predominately Neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa." *American Journal of Human Genetics* 75: 338-345.
- Arrow, K.J., Panosian C., and Gelband H. (editors) 2004. *Saving Lives, Buying Time: Economics of Malaria Drugs in an Age of Resistance*. Washington (DC): Institute of Medicine (US) Committee on the Economics of Antimalarial Drugs. National Academies Press, pp. 125-135.
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK215638/>
- Arunkumar, Ganesh Prasad et al. 2012. "Population differentiation of southern Indian male lineages correlates with agricultural expansions predating the caste system." *Public Library of Science One* 7(11): e50269.
- Arunkumar, Ganesh Prasad et al. 2015. "A late Neolithic expansion of Y chromosomal haplogroup O2a1-M95 from east to west: late Neolithic expansion of O2a1-M95." *Journal of Systematics and Evolution* 53(6): 546-560.
- Arvidsson, Stefan 2006. *Aryan Idols: Indo-European Mythology as Ideology and Science*. Chicago: University of Chicago Press.
- Bahuchet, Serge 2012. "Changing language, remaining Pygmy." *Human Biology* 84 (1):11-43.
- Bailey, Geoff et al 2007. "Coastal prehistory in the Southern Red Sea Basin, underwater archaeology and the Farasan Island." *Proceedings of the Seminar for Arabian Studies* 37: 1-16
- Bailey, Robert C. et al. 1989. "Hunting and gathering in tropical rain forest: is it possible?" *American Anthropologist* 91: 59-82.
- Bajić, Vladimir et al. 2018. "Genetic structure and sex-biased gene flow in the history of southern African populations." *American Journal of Physical Anthropology* 167(3): 656-671.
- Balanovsky, O. et al. 2008. "Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context." *American Journal of Human Genetics* 82: 236-250.
- Balanovsky et al. 2011. "Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus region." *Molecular Biology and Evolution* 28(10): 2905-2920.
- Balanovsky, Oleg et 2015. "Deep phylogenetic analysis of haplogroup G1 provides estimates of SNP and STR mutation rates on the human Y chromosome and reveals migrations of Iranian speakers." *Public Library of Science One* 10(4): e0122968.
- Balanovsky, O. 2017a. "Toward a consensus on SNP and STR mutation rates on the human Y-chromosome." *Human Genetics* 136: 575-590.

Bibliographie

- Balanovsky, O. et al. 2017b. "Genetic differentiation between upland and lowland populations shapes the Y chromosomal landscape of West Asia." *Human Genetics* 136: 437-450.
- Balaresque, Patricia et al. 2010. "A predominantly Neolithic origins for European paternal lineages." *Public Library of Science Biology* 8(1): 1-9.
- Barbieri, Chiara et al. 2012. "Contrasting maternal and paternal histories in the linguistic context of Burkina Faso." *Molecular Biology and Evolution* 29(4): 1213-1223.
- Barbieri, Chiara et al. 2016. "Refining the Y chromosome phylogeny with southern African sequences." *Human Genetics* 135: 541-553.
- Barker, Graeme et al. 2007. "The 'human revolution' in lowland tropical Southeast Asia: the antiquity and behavior of anatomically modern humans at Niah Cave (Sarawak, Borneo)." *Journal of Human Evolution* 52: 243-261.
- Bar-Yosef, Ofer 1987. "Pleistocene connections between Africa and Southwest Asia: an archaeological perspective." *The African Archaeological Review* 5: 29-38.
- Bar-Yosef, Ofer 1998. "The Natufian culture in the Levant, threshold to the origins of agriculture." *Evolutionary Anthropology* 6(5): 159-177.
- Baskin, Leonid M. 1986. "Differences in the ecology and behavior of reindeer populations in the USSR." *Rangifer* Special Issue No. 1: 333-340.
- Baskin, Leonid M. 2003. "River crossings as principal points of human/reindeer relationship in Eurasia." *Rangifer* Special Issue No. 14: 37-40.
- Bates, J., C.A. Petriea, and R.N. Singh 2017. "Approaching rice domestication in South Asia: new evidence from Indus settlements in northern India." *Journal of Archaeological Science* 78: 193-201.
- Batini, Chiara et al. 2011. "Signatures of the preagricultural peopling processed in Sub-Saharan Africa as revealed by the phylogeography of early Y-chromosome lineages." *Molecular Biology and Evolution* 28(9): 2603-2613.
- Battaglia, Vincenza et al. 2009. "Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in southeast Europe." *European Journal of Human Genetics* 17: 820-830.
- Battaglia, Vincenza et al. 2013. "The first peopling of South America: new evidence from Y-chromosome haplogroup Q." *Public Library of Science One* 8(8): e71390.
- Bellwood, Peter 2005. *First farmers: the origins of agricultural societies*. Malden, MA; Oxford, UK; Victoria, Australia: Blackwell Publishing.
- Benedict, Paul K. 1987. "Early MY/TB loan relationships." *Linguistics of the Tibeto-Burman Area* 10(2): 12-21.
- Bennett, Matthew R. et al. 2021. "Evidence of humans in North America during the Last Glacial Maximum." *Science* 373 (6562): 1528-1531.
- Bergstrom, Anders et al. 2016. "Deep roots for Aboriginal Australian Y chromosomes." *Current Biology* 26: 809-813.
- Beridze, Tengiz 2019. "The 'Wheat Puzzle' and Kartvelians route to the Caucasus." *Genetic Resources and Crop Evolution* 66: 921-927.
- Berniell-Lee, Gemma et al 2009. "Genetic and demographic implications of the Bantu expansion: insights from human paternal lineages." *Molecular Biology and Evolution* 26(7): 1581-1589.

Bibliographie

- Beyer, Robert M. 2021. "Climatic windows for human migration out of Africa in the past 300,000 years." *Nature Communications* 12:4889.
- Binney, Heather et al. 2016. "Vegetation of Eurasia from the last glacial maximum to present: key biogeographic patterns." *Quaternary Science Reviews* 157: 80-97.
- Blench, Roger 2006. *The Niger-Saharan Macrophylum*. Cambridge, UK. Publisher: Author. <http://www.rogerblench.info/Language/Nilo-Saharan/NS%20page.htm>
- Blench, Roger 2010. "Evidence for the Austronesian voyages in the Indian Ocean." In: *The Global Origins and Development of Seafaring*. Edited by Atholl Anderson et al. Cambridge, UK: McDonald Institute for Archaeological Research, pp. 239-248.
- Blench, Roger 2013. "The Prehistory of the Daic- or Kra-Dai-speaking peoples and the hypothesis of an Austronesian Connection." In: *Unearthing Southeast Asia's Past: Selected Papers from the 12th International Conference of the European Association of Southeast Asian Archaeologists*. Edited by Marijke J. Klokke and Véronique Degroot. Singapore: NUS Press, pp. 3-15. <http://www.jstor.org/stable/j.ctv1qv3nd.6>.
- Blench, Roger 2014. *Linguistic and archaeological evidence for Berber prehistory*. <http://www.rogerblench.info/Language/Afroasiatic/AASOP.htm>
- Blockley, S.P.E. and R. Pinhasi 2011. "A revised chronology for the adoption of agriculture in the Southern Levant and the role of Late Glacial climatic change." *Quaternary Science Reviews* 30: 98-108.
- Blome, Margaret Whiting et al. "The environmental context for the origins of modern human diversity: A synthesis of regional variability in African climate 150,000-30,000 years ago." *Journal of Human Evolution* 62(5): 563-592.
- Blust, Robert 2013. *The Austronesian Languages*. Revised Edition. Canberra, Australia: Asia-Pacific Linguistics Research School of Pacific and Asian Studies. The Australian National University.
- Bocherens, Hervé and Dorothee G. Drucker 2021. "Isotopic insights on ecological interactions between humans and woolly mammoths during the Middle and Upper Palaeolithic in Europe." In: *Human-Elephant Interactions from Past to Present*. Edited by George E. Konidaris, Ran Barkai, Vangelis Tourloukis and Katerina Harvati. Tübingen University Press, Tübingen, Germany. <http://dx.doi.org/10.15496/publikation-55604>
- Bolnick, Deborah A. et al. 2004. "Problematic use of Greenberg's linguistic classification of the Americas in studies of Native American genetic variation" *American Journal of Human Genetics* 75: 519-523.
- Bolnick, Deborah A. et al. 2006. "Asymmetric male and female genetic histories among Native Americans from Eastern North America." *Molecular Biology and Evolution* 23(11): 2161-2174.
- Booth, Thomas J. 2019. "A stranger in a strange land: a perspective on archaeological responses to the palaeogenetic revolution from an archaeologist working amongst palaeogeneticists." *World Archaeology* 51(4): 586-601.
- Bosch, Elena et al. 2001. "High-resolution analysis of human Y-chromosome variation shows a sharp discontinuity and limited gene flow between northwestern Africa and the Iberian Peninsula." *American Journal of Human Genetics* 68: 1019-1029.
- Bostoen, Koen et al. 2015. "Middle to Late Holocene paleoclimatic change and the early Bantu expansion in the rain forests of western central Africa." *Current Anthropology* 56(3): 354-384.
- Bourgeon, Lauriane, Ariane Burke and Thomas Higham 2017. "Earliest human presence in North America dated to the Last Glacial Maximum: new radiocarbon dates from Bluefish Caves, Canada." *Public Library of Science One* 12(1): e0169486.

Bibliographie

- Bowler, James M. et al. 2003. "New ages for human occupation and climatic change at Lake Mungo, Australia." *Nature* 421: 837-840.
- Brackney, Noel C. 2007. *The Origins of Slavonic: Language Contact and Language Change*. Munich: LINCOM Europa.
- Brandt, Guido et al. 2015. "Human paleogenetics of Europe. The known knowns and the known unknowns." *Journal of Human Evolution* 79: 73e92.
- Brass, Michael 2018. "Early North African cattle domestication and its ecological setting: a reassessment." *Journal of World Prehistory* 31:81–115.
- Brown, Wesley M. 1980. "Polymorphism in mitochondrial DNA of humans as revealed by restriction endonuclease analysis." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 77(6): 3605-3609.
- Brunelli, Andrea et al. 2017. "Y chromosomal evidence on the origin of northern Thai people." *Public Library of Science One* 12(7): e0181935.
- Bruno, Maria C. 2006. "A morphological approach to documenting the domestication of *Chenopodium* in the Andes." In: *Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms*. Edited by Melinda A. Zeder et al. Berkeley and Los Angeles: University of California Press, pp. 32-45.
- Bučková, Jana et al. 2013. "Multiple and differentiated contributions to the male gene pool of pastoral and farmer populations of the African Sahel." *American Journal of Physical Anthropology* 151: 10-21.
- Buvit, Ian and Karisa Terry 2016. "Outside Beringia: why the Northeast Asian Upper Paleolithic record does not support a long standstill model." *Paleo America* 2(4): 281-285.
- Cadenas, Alicia M. et al. 2008. "Y-chromosome diversity characterizes the Gulf of Oman." *European Journal of Human Genetics* 16: 374 - 386.
- Cai, Xiaoyun et al. 2011. "Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during the last glacial maximum revealed by Y-chromosomes." *Public Library of Science One* 6(8): e24282.
- Campbell, Lyle and Terrence Kaufman 1976. "A linguistic look at the Olmecs." *American Antiquity* 41(1): 80-89.
- Campbell, Lyle 1997. *American Indian Languages: the Historical Linguistics of Native America*. New York: Oxford University Press.
- Campbell, Lyle and William J. Poser 2008. *Language Classification: History and Method*. Cambridge University Press.
- Campbell, Lyle 2011. "The Dené–Yeniseian Connection (Kari and Potter, eds.)." Book review. *International Journal of American Linguistics* 77(3): 445-451.
- Cann, Rebecca L., Mark Stoneking and Allan C. Wilson 1987. "Mitochondrial DNA and human evolution." *Nature* 325: 31-36.
- Capelli, C. et al. 2006. "Population structure in the Mediterranean Basin: a Y chromosome perspective." *Annals of Human Genetics* 70: 207-225.
- Capelli, Cristian et al. 2007. "Y chromosome genetic variation in the Italian peninsula is clinal and supports an admixture model for the Mesolithic-Neolithic encounter." *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44: 228-239.
- Capredon, Melanie et al. 2013. "Tracing Arab-Islamic inheritance in Madagascar: study of the Y-chromosome and Mitochondrial DNA in the Antemoro." *Public Library of Science One* 8(11): e80932.

Bibliographie

- Capriles, Jose M. et al. 2019. "Persistent Early to Middle Holocene tropical foraging in southwestern Amazonia." *Science Advances* 5: eaav5449.
- Carrión, J.S. et al. 2019. "The sequence at Carihuela Cave and its potential for research into Neanderthal ecology and the Mousterian in southern Spain." *Quaternary Science Reviews* 217: 194-216.
- Casanova, Myriam et al. 1985. "A human Y-linked DNA polymorphism and its potential for estimating genetic and evolutionary distance." *Science* 230(4732): 1403-1406.
- Cassidy, Lara M. et al. 2016. "Neolithic and Bronze Age migration to Ireland and establishment of the insular Atlantic genome." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113(2): 368-373.
- Cavalli-Sforza, L.L., Paolo Menozzi, and Alberto Piazza 1994. *The History and Geography of Human Genes*. Princeton, NJ: Princeton University Press.
- Cavalli-Sforza, Luigi Luca 2000. *Genes, Peoples and Languages*. Berkeley, CA; Los Angeles, CA: University of California Press.
- Chataigner, Christine et al. 2014. "The Neolithic of the Caucasus." *Oxford Handbooks Online*. DOI: 10.1093/oxfordhb/9780199935413.013.13
- Chaubey, Gyaneshwer et al. 2011. "Population genetic structure in Indian Austroasiatic speakers: the role of landscape barriers and sex-specific admixture." *Molecular Biology and Evolution* 28(2): 1013-1024.
- Chen, Lu et al. 2020. "Identifying and interpreting apparent Neanderthal ancestry in African individuals." *Cell* 180: 677-687.
- Chiaroni, Jacques et al. 2008. "Correlation of annual precipitation with human Y-chromosome diversity and the emergence of Neolithic agricultural and pastoral economies in the Fertile Crescent." *Antiquity* 82: 281-289.
- Chiaroni, Jacques et al. 2009. "Y-chromosome diversity, human expansion, drift, and cultural evolution." *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106(48): 20174-20179.
- Chiaroni, Jacques et al. 2010. "The emergence of Y-chromosome haplogroup J1e among the Arabic-speaking populations." *European Journal of Human Genetics* 18: 348-353.
- Chritz, Kendra L. et al. 2015. "Environments and trypanosomiasis risks for early herders in the later Holocene of the Lake Victoria basin, Kenya." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112(12): 3674-3679.
- Central Intelligence Agency. *World Factbook*. <https://www.cia.gov/the-world-factbook/countries/pakistan/> . Accessed October 3, 2021.
- Central Intelligence Agency. *World Factbook*. <https://www.cia.gov/the-world-factbook/countries/china/> . Accessed October 3, 2021.
- Cinniöglu, Cengiz et al. 2004. "Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia." *Human Genetics* 114: 127-14
- Clark, Jeffrey T. and Kevin M. Kelly 1993. "Human genetics, paleoenvironments, and malaria: relationships and implications for the settlement of Oceania." *American Anthropologist* 95(3): 612-630.
- Clark, Peter U. et al. 2009. "The Last Glacial Maximum." *Science* 325: 710-714.
- Comrie, Bernard 2008. "Linguistic diversity in the Caucasus." *Annual Review of Anthropology* 37: 131-143.

Bibliographie

- Connor, Simon E. and Eliso V. Kvavadze 2009. "Modelling late Quaternary changes in plant distribution, vegetation and climate using pollen data from Georgia, Caucasus." *Journal of Biogeography* 36(3): 529-545.
- Cooper, Alan and Hendrik N. Poinar 2000. "Ancient DNA: do it right or not at all." *Science* 289 (5482): 1139.
- Cordaux, Richard et al. 2004. "Independent origins of Indian caste and tribal paternal lineages." *Current Biology* 14: 231-235.
- Cox, Francis 2010. "History of the discovery of the malaria parasites and their vectors." *Parasites and Vectors* 3:5.
- Crowther, Alison et al. 2017. "Subsistence mosaics, forager-farmer interactions, and the transition to food production in eastern Africa." *Quaternary International* 489: 101-120.
- Cruciani, Fulvio et al. 2004. "Phylogenetic analysis of haplogroup E3b (E-M215) Y chromosomes reveals multiple migratory events within and out of Africa." *American Journal of Human Genetics* 74: 1014-1022.
- Cruciani, Fulvio et al. 2007. "Tracing past human male movements in northern/eastern Africa and western Eurasia: new clues from Y-chromosome haplogroups E-M78 and J-M12." *Molecular Biology and Evolution* 24(6): 1300-1311.
- Cruciani, Fulvio et al. 2010. "Human Y chromosome haplogroup R-V88: a paternal genetic record of early mid Holocene trans-Saharan connections and the spread of Chadic languages." *European Journal of Human Genetics* 18: 800-807.
- Cui, Yinqiu et al. 2020. "Bioarchaeological perspective on the expansion of Transeurasian languages in Neolithic Amur River basin." *Evolutionary Human Sciences* 2: e15.
- Currat, Mathias and Laurent Excoffier 2011. "Strong reproductive isolation between humans and Neanderthals inferred from observed patterns of introgression." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108(37): 15129-15134.
- D'Atanasio, Eugenia et al. 2018. "The peopling of the last Green Sahara revealed by high-coverage resequencing of trans-Saharan patrilineages." *Genome Biology* 19: 20.
- Darwin, Charles, 1809-1882. *On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life*. London: John Murray, 1859.
- De Graaf, Tjeerd and Hidetoshi Shiraishi 2013. "Documentation and revitalization of two endangered languages in eastern Asia: Aivkh and Ainu." In: *Sustaining Indigenous Knowledge: Learning Tools and Community Initiatives for Preserving Endangered Languages and Local Cultural Heritage*. Edited by Erich Kasten and Tjeerd de Graaf Fürstenberg/Havel: Kulturstiftung Sibirien, pp. 49-64.
- Debnath, Monojit et al. 2011. "Y-chromosome haplogroup diversity in the sub-Himalayan Terai and Duars populations of East India." *Journal of Human Genetics* 56: 765-771.
- Decker, Jared E. et al. 2014. "Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle." *Public Library of Science Genetics* 10(3): e1004254.
- Delfin, Frederick et al. 2011. "The Y-chromosome landscape of the Philippines: extensive heterogeneity and varying genetics affinities of Negrito and non-Negrito groups." *European Journal of Human Genetics* 19: 224-230.
- Delfin, Frederick et al. 2012. "Bridging Near and Remote Oceania: mtDNA and NRY variation in the Solomon Island." *Molecular Biology and Evolution* 29(2): 545-564.

Bibliographie

- Delfin, Frederick C. 2015. "The population history of the Philippines: a genetic overview." *Philippine Studies: Historical and Ethnographic Viewpoints* 63(4): 449-476.
- Demeter, Fabrice et al. 2012. "Anatomically modern human in Southeast Asia (Laos) by 46 ka." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 109 (36) 14375-14380
- Denham, T.P. et al. 2003. "Origins of agriculture at Kuk Swamp in the highlands of New Guinea." *Science* 301: 189-193.
- Dennell, Robin et al. 2020. "A demographic history of Late Pleistocene China." *Quaternary International* 559: 4-13.
- Di Cristofaro, Julie et al. 2013. "Afghan Hindu Kush: where Eurasian Sub-Continent gene flows converge." *Public Library of Science One* 8(10): e76748.
- Di Cristofaro, Julie et al. 2018. "Prehistoric migrations through the Mediterranean basin shaped Corsican Y chromosome diversity." *Public Library of Science One* 13(8): e0200641.
- Di Giacomo, F. et al. 2004. "Y chromosomal haplogroup J as a signature of the post-Neolithic colonization of Europe." *Human Genetics* 115: 357-371.
- Dillehay, Tom D. et al. 2015. "New archaeological evidence for an early human presence at Monte Verde, Chile." *Public Library of Science One* 10(11): e0141923.
- Dixon, R.M.W. and Alexandra Y. Aikenvald 1999. "Introduction." In: *The Amazonian Languages*. Edited by R.M.W Dixon and Alexandra Y. Aikenvald. Cambridge, UK: Cambridge University Press, pp. 1-21.
- Dodykhudoeva, Leyli R. 2003. "The sociolinguistic situation and the state of research of the Ossetic language." First MERCATOR International Symposium on Minority Languages and Research. Abstracts. Wales, United Kingdom, p. 42.
- Doi, Tran Tri 2012. "On the relationship between the Austroasiatic and Austronesian languages in Southeast Asia." *Vietnam National University Journal of Social Sciences* 28(5E): 35-39.
- Dolukhanov, Pavel M. 2003. "Hunter-gathers of the Last Ice Age in Northern Eurasia." *Before Farming* 2003(2): 1-25.
- Dolukhanov, P. 2009. "The Mesolithic of the East European Plain." In: *The East European Plain on the Eve of Agriculture*. Edited by Pavel M. Dolukhanov, Graeme R. Sarson and Anvar M. Shukurov. BAR International Series 1964. Oxford, UK: Archaeopress, pp. 23-34.
- Donohue, Mark and Tim Denham 2010. "Farming and language in Island Southeast Asia: reframing Austronesian history." *Current Anthropology* 51(2): 223-256.
- Douka, Katerina et al. 2014. "The chronostratigraphy of the Haua Fteah cave (Cyrenaica, northeast Libya)." *Journal of Human Evolution* 66: 39-63.
- Drake, Nick A. et al. 2011. "Ancient watercourses and biogeography of the Sahara explain the peopling of the desert." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108(2): 458-462.
- Driem, George van 2005. "Tibeto-Burman vs Indo-Chinese: implications for population geneticists, archaeologists and prehistorians." In: *The Peopling of East Asia: Putting Together Archaeology, Linguistics and Genetics*." Edited by Laurent Sagart, Roger Blench and Alicia Sanchez-Mazas. London and New York: Routledge, pp. 81-106.

Bibliographie

- Driem, George van 2011. "Rice and the Austroasiatic and Hmong-Mien homelands." In: *Dynamics of Human Diversity*. Edited by N. J. Enfield. Canberra: Pacific Linguistics, Australian National University, pp. 361-390.
- Driem, George van 2014. "Trans-Himalayan." In: *Trans-Himalayan Linguistics*. Edited by Nathan Hill and Thomas Owen-Smith. Berlin: Mouton de Gruyter, pp. 11-40.
- Dulik, Matthew C. et al. 2012. "Mitochondrial DNA and Y chromosome variation provide evidence for a recent common ancestry between Native Americans and indigenous Altaians." *American Journal of Human Genetics* 90: 229-246.
- Dupuy, Berit Myhre et al. 2006. "Geographical heterogeneity of Y chromosomal lineage in Norway." *Forensic Science International* 164: 10-19.
- Dyke, Arthur S. 2004. "An outline of North American deglaciation with emphasis on central and northern Canada." *Developments in Quaternary Sciences* 2(B): 373-424.
- Egffjord, Anne Friis-Holm et al. 2021. "Genomic steppe ancestry in skeletons from the Neolithic Single Grave Culture in Denmark." *Public Library of Science One* 16(1): e0244872.
- Ehret, Christopher et al. 2004. "The Origins of Afroasiatic." *Science* 306: 1680-1681.
- El-Sibai, Mirvat et al. 2009. "Geographical structure of the Y-Chromosomal genetic landscape of the Levant: a coastal-inland contrast." *Annals of Human Genetics* 73: 568-581.
- Ennafaa, Hajer et al. 2011. "Mitochondrial and Y-chromosome microstructure in Tunisia." *Journal of Human Genetics* 56: 734-741.
- Erlandson, John M., Madonna L. Moss and Matthew Des Lauriers 2008. "Life on the edge: early maritime cultures of the Pacific Coast of North America." *Quaternary Science Reviews* 27: 2232-2245.
- Ethnologue* 2014. 17th edition. Edited by Lewis, M. Paul, Gary F. Simons, and Charles D. Fennig. Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2015. 18th edition. Edited by Lewis, M. Paul, Gary F. Simons, and Charles D. Fennig. Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2016. 19th edition. Edited by M. Paul Lewis, Gary F. Simons, and Charles D. Fennig. Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2017. 20th edition. Edited by Simons, Gary F. and Charles D. Fennig (Eds.). Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2018. 21st edition. Edited by Simons, Gary F. and Charles D. Fennig (Eds.). Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2019. 22nd edition. Edited by David M. Eberhard, Gary F. Simons, and Charles D. Fennig. Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Ethnologue* 2021. Edited by Eberhard, David M., Gary F. Simons, and Charles D. Fennig. Twenty-fourth edition. Dallas, Texas: SIL International. Online version: <http://www.ethnologue.com>.
- Fadhlaoui-Zid, Karima et al. 2011. "Genetic structure of Tunisian ethnic groups revealed by parental lineages." *American Journal of Physical Anthropology* 148: 271-280.
- Fadhlaoui-Zid, Karima et al. 2013. "Genome-wide and paternal diversity reveal a recent origin of human populations in North Africa." *Public Library of Science One* 8(11): e80293.

Bibliographie

- Fehér, T. et al. 2015. "Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations." *Molecular Genetics and Genomics* 290: 377-386.
- Fernandes, Daniel M. et al. 2021. "A genetic history of the pre-contact Caribbean." *Nature* 590:103-110.
- Fiedel, Stuart 2008. "Sudden deaths: the chronology of terminal Pleistocene megafaunal extinction." In: *American Megafaunal Extinctions at the End of the Pleistocene*. Edited by G. Haynes. Springer, pp. 21-37.
- Finocchio, Andrea et al. 2018. "A finely resolved phylogeny of Y chromosome Hg J illuminates the processes of Phoenician and Greek colonizations in the Mediterranean." *Scientific Reports* 8:7465.
- Filippo, Cesare de et al. 2011. "Y-chromosomal variation in Sub-Saharan Africa: Insights into the history of Niger-Congo groups." *Molecular Biology and Evolution* 28(3): 1255-1269.
- Fischer, Anders 2002. "Food for feasting? An evaluation of explanations for the neolithisation of Denmark and southern Sweden." In: *The Neolithisation of Denmark: 150 Years of Debate*. Eds. Anders Fischer and Kristian Kristiansen. Sheffield, England: J.R. Collins Publications, pp. 343-393.
- Flegontov, Pavel et al. 2016a. "Na-Dené populations descend from the Paleo-Eskimo migration into America." doi: <https://doi.org/10.1101/074476>
- Flegontov, Pavel et al. 2016b. "Genomic study of the Ket: a Paleo-Eskimo-related ethnic group with significant ancient North Eurasian ancestry." *Scientific Reports* 6:20768.
- Flegontov, Pavel et al. 2017. "Paleo-Eskimo genetic legacy across North America." doi: <https://doi.org/10.1101/203018>
- Flegontov, Pavel et al. 2019. "Palaeo-Eskimo genetic ancestry and the peopling of Chukotka and North America." *Nature* 570 (7760): 236-240.
- Florin, S. Anna et al. 2020. "The first Australian plant foods at Madjedbebe, 65,000–53,000 years ago." *Nature Communications* 11: 924.
- Forenbaher, Stašo and Preston T. Miracle 2005. "The spread of farming in the Eastern Adriatic." *Antiquity* 79: 514-528.
- Fortescue, Michael 2004. "How far west into Asia have Eskimo languages been spoken, and which ones?" *Etudes Inuit Studies* 28(2): 159-183.
- Fortescue, Michael 2013. "North America: Eskimo-Aleut linguistic history." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 340-345.
- Frachetti, Michael D. 2012. "Multiregional emergence of mobile pastoralism and nonuniform institutional complexity across Eurasia." *Current Anthropology* 53(1): 2-38.
- Francalacci, Paolo et al. 2015. "Detection of Phylogenetically informative polymorphisms in the entire euchromatic portion of human Y chromosome from a Sardinian sample." *BioMed Central Research Notes* 8:174.
- Fregel, Rosa et al. 2018. "Ancient genomes from North Africa evidence prehistoric migrations to the Maghreb from both the Levant and Europe." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115(26): 6774-6779.
- Friedlaender, Jonathan S. and Serena Tucci 2020. "Human migrations: tales of the Pacific." *Current Biology* 30: R1469–R1499.
- Friesen, T. Max 2013. "North America: Paleoeskimo and Inuit archaeology." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 346-353.

Bibliographie

- Frison, George C. 1998. "Paleoindian large mammal hunters on the plains of North America." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 95: 14576-14583.
- Fromm, Hans 1997. "Germanen in bronzezeitlichen Mittelschweden?" *Finnisch-Ugrische Forschungen* 54: 127-150.
- Frumkin, Amos et al. 2011. "Possible paleohydrologic and paleoclimatic effects on hominin migration and occupation of the Levantine Middle Paleolithic." *Journal of Human Evolution* 60: 437-451.
- Fu, Qiaomei et al. 2014. "Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia." *Nature* 514: 445-450.
- Fu, Qiaomei et al. 2016. "The genetic history of Ice Age Europe." *Nature* 534: 200-205.
- Fuller, Dorian Q. 2006. "Agricultural origins and frontiers in South Asia: a working synthesis." *Journal of World Prehistory* 20: 1-86.
- Fuller, Dorian Q. 2012. "Pathways to Asian civilizations: tracing the origins and spread of rice and rice cultures." *Rice* 4: 78-92.
- Gaffney, Dylan et al. 2021. "Small game hunting in montane rainforests: Specialized capture and broad spectrum foraging in the Late Pleistocene to Holocene New Guinea Highlands." *Quaternary Science Reviews* 253: 106742.
- Garcea, Elena A.A. 2016. "Dispersals Out of Africa and Back to Africa: Modern origins in North Africa." *Quaternary International* 408 (B): 79-89.
- Gavashelishvili, Alexander and David Tarkhishvili 2016. "Biomes and human distribution during the last Ice Age." *Global Ecology and Biogeography* 25: 563-574.
- Gayden, Tenzin et al. 2007. "The Himalayas as a directional barrier to gene flow." *American Journal of Human Genetics* 80: 884-894.
- Gazi, Nurun Nahar et al. 2013. "Genetic structure of Tibeto-Burman populations of Bangladesh: evaluating the gene flow along the sides of Bay-of-Bengal." *Public Library of Science One* 8(10): e75064.
- Gebremedhin, Gebremeskel Hagos and Abera Asefa Mebrahtu 2020. "Linguistic evolution of Ethiopic language: comparative discussion." *International Journal of Interdisciplinary Research and Innovations* 8(1): 1-9.
- Geppert, Maria et al. 2011. "Hierarchical Y-SNP assay to study the hidden diversity and phylogenetic relationship of native populations in South America." *Forensic Science International: Genetics* 5: 100-104.
- Gilbert, M. Thomas P. et al. 2005. "Assessing ancient DNA studies." *Trends in Ecology and Evolution* 20(10): 541-544.
- Gillispie, Thomas E. 2018. *An Overview of Alaska's Prehistoric Cultures*. Government publication. Office of History and Archeology Report 173. Anchorage, Alaska: Alaska Department of Natural Resources.
- Gimbutas, Marija 1997. "The Fall and Transformation of Old Europe: Recapitulation 1993." In: *The Kurgan Culture and the Indo-Europeanization of Europe: Selected Articles from 1952-1993*. Eds. Marija Gimbutas; Miriam Robbins Dexter and Karlene Jones-Bley. Washington D.C.: Institute for Study of Man. 351-372.
- Gluscock, Michael D. et al. 2011. "Obsidian provenance for prehistoric complexes in the Amur River basin (Russian Far East)." *Journal of Archaeological Science* 38: 1832-1841.

Bibliographie

- Glottolog 4.4. Edited by Hammarström, Harald et al. Leipzig: Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology. <https://doi.org/10.5281/zenodo.4761960>. Available online at <http://glottolog.org>.
- Gokhman, David et al. 2020. "Differential DNA methylation of vocal and facial anatomy genes in modern humans." *Nature Communications* 11:1189.
- Golitzko, Mark and Lawrence H. Keeley 2007. "Beating ploughshares back into swords: warfare in the Linearbandkeramik." *Antiquity* 81: 332–342.
- Gomes, Verónica et al. 2010. "Digging deeper into East African human Y-chromosome lineages." *Human Genetics* 127: 603-613.
- Gordon, Bryan 2003. "Rangifer and man: An ancient relationship." *Rangifer*, Special Issue 14: 15-28.
- Graf, Kelly E. 2009. "Modern Human Colonization of the Siberian Mammoth Steppe: A View from South-Central Siberia." In: *Sourcebook of Paleolithic Transitions*. Edited by M. Camps and P. Chauhan. Springer Science and Business Media.
- Green, Richard E. et al. 2010. "A draft sequence of the Neanderthal genome." *Science* 328: 710-722.
- Greenberg, Joseph H. 1987. *Languages in the Americas*. Stanford, CA: Stanford University Press.
- Grollemund, Rebecca et al. 2015. "Bantu expansion shows that habitat alters the route and pace of human dispersals." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112(43): 13296–13301.
- Grugni, Viola et al. 2012. "Ancient migratory events in the Middle East: new clues from the Y-Chromosome variation of modern Iranians." *Public Library of Science One* 7(7): e41252.
- Grugni, Viola et al. 2019. "Analysis of the human Y-chromosome haplogroup Q characterizes ancient population movements in Eurasia and the Americas." *BioMed Central Biology* 17:3.
- Guagnin, Maria et al. 2020. "The Holocene humid period in the Nefud Desert: hunters and herders in the Jebel Oraf palaeolake basin, Saudi Arabia." *Journal of Arid Environments* 178: 104146.
- Güldemann, Tom and Mark Stoneking 2008. "A historical appraisal of clicks: a linguistic and genetic perspective." *Annual Review of Anthropology* 37: 93-109.
- Gusmão, Al. et al. 2008. "A perspective on the history of the Iberian gypsies provided by phylogenetic analysis of Y-chromosome lineages." *Annals of Human Genetics* 72: 215-227.
- Haak, Wolfgang et al. 2010. "Ancient DNA from European early Neolithic farmers reveals their Near Eastern affinities." *Public Library of Science Biology* 8 (11).
- Haak, Wolfgang et al. 2015. "Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe." *Nature* 522: 207-211.
- Haaland, Randi and Gunnar Haaland 2013. "Early farming societies along the Nile." In: *Oxford Handbook of African Archaeology*. Edited by Peter Mitchell and Paul Lane. Oxford University Press, pp. 542-553.
- Haas R. et al. 2017. "Humans permanently occupied the Andean highlands by at least 7 ka." *Royal Society Open Science* 4: 170331.
- Haber, Marc et al. 2016. "Chad genetic diversity reveals an African history marked by multiple Holocene Eurasian migrations." *American Journal of Human Genetics* 99: 1316–1324.
- Haber, Marc et al. 2019. "A Rare Deep-Rooting D0 African Y-chromosomal haplogroup and its implications for the expansion of modern humans out of Africa." *Genetics* 212: 1421-1428.

Bibliographie

- Hajdinjak, Mateja et al. 2021. "Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry." *Nature* 592: 253-257.
- Hallast, Pille et al. 2021. "A Southeast Asian origin for present-day non-African human Y chromosomes." *Human Genetics* 140: 299-307.
- Hamilton, Marcus J. and Briggs Buchanan 2010. "Archaeological support for the three-stage expansion of modern humans across northeastern Eurasia and into the Americas." *Public Library of Science One* 5(8): e12472.
- Hammer, Michael F. 1994. "A recent insertion of an Alu element on the Y Chromosome is a useful marker for human population studies." *Molecular Biology and Evolution* 11(5): 749-761.
- Hammer, Michael F. et al. 2006. "Dual origins of the Japanese: common ground for hunter-gatherer and farmer Y-chromosomes." *Journal of Human Genetics* 51: 47-58.
- Hardigan, Michael A. et al. 2017. "Genome diversity of tuber-bearing Solanum uncovers complex evolutionary history and targets of domestication in the cultivated potato." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 114 (46): E9999-E10008.
- Harris, David R. 1997. "Jeitun and the transition to agriculture in Central Asia." *Archeology International* 1: 28-31.
- Harvati, Katerina et al. 2019. "Apidema Cave fossils provide earliest evidence of Homo sapiens in Eurasia." *Nature* 571: 500-504 (2019).
- Hassan, Hisham Y. et al. 2008. "Y-chromosome variation among Sudanese: restricted gene flow, concordance with language, geography and history." *American Journal of Physical Anthropology* 137: 316-323.
- Haws, Jonathan et al. 2020. "The early Aurignacian dispersal of modern humans into westernmost Eurasia." *Proceedings National Academy of the United States of America* 117(41): 25414-25422.
- He, Yungang et al. 2012. "Paleolithic contingent in modern Japanese: estimation and inference using genome-wide data." *Scientific Reports* 2: 355.
- He, Jun-Dong et al. 2012. "Patrilineal perspective on the Austronesian diffusion in mainland Southeast Asia." *Public Library of Science One* 7(5): e36437.
- Heckenberger, Michael 2013. "Amazonia: archaeology." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 392-400.
- Heggarty, Paul and David Beresford-Jones 2010. "Agriculture and language dispersals: limitations, refinements, and an Andean exception?" *Current Anthropology* 51(2): 163-193.
- Heggarty, Paul and David Beresford-Jones 2013. "Andes: linguistic history." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 401-409.
- Heizer, Robert F. 1944. *Aconite Poison Whaling in Asia and America: an Aleutian Transfer to the New World*. U.S. government document. Anthropological Papers, No. 24. Smithsonian Institution, Bureau of Ethnology, Bulletin 133.
- Henn, Brenna M. et al. 2008. "Y-chromosomal evidence of a pastoralist migration through Tanzania to southern Africa." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105(31): 10693-10698.
- Herrera, Kristian J. et al. 2012. "Neolithic patrilineal signals indicate that the Armenian plateau was repopulated by agriculturalists." *European Journal of Human Genetics* 20: 313-320.

Bibliographie

- Hershkovitz, Israel et al. 2015. "Levantine cranium from Manot Cave (Israel) foreshadows the first European modern humans." *Nature* 520: 216-219.
- Hershkovitz, Israel et al. 2018. "The earliest modern humans outside Africa." *Science* 359: 456-459.
- Hetzron, Robert 2009. Afro-Asiatic languages. In: *The World's Major Languages. Second Edition*. Bernard Comrie, Ed. Oxon, UK; New York: Routledge. 545-550.
- Heupink, Tim H. et al. 2016. "Ancient mtDNA sequences from the First Australians revisited." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113(25): 6892-6897.
- Higham, Charles (2002). "Languages and farming dispersals: Austroasiatic languages and rice cultivation." In: *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*. Edited by Peter Bellwood and Colin Renfrew. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, pp. 223-232.
- Higham, Charles 2013. "Hunter-gatherers in Southeast Asia: from prehistory to the present." *Human Biology* 85 (1-3): 21-44.
- Hill, A. V. S. et al. 1985. "Melanesians and Polynesians share a unique α -thalassemia mutation." *American Journal of Human Genetics* 37: 571-580.
- Hill, Jane H. 2001. "Proto-Uto-Aztecan: a community of cultivators in Central Mexico?" *American Anthropologist* 103(4): 913-934.
- Hirschenfeld, Ludwik and Hanka Hirschenfeld 1919. "Serological differences between the blood of different races." *The Lancet* 194 (5016): 675-679.
- Hoffecker, John F. 2009. "The spread of modern humans in Europe." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106 (38):16040-16045.
- Hofmanova, Zuzana et al. 2016. "Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113(25): 6886-6891.
- Hofreiter, Michael et al. 2001. "Ancient DNA." *Nature Reviews: Genetics* 2: 353-359.
- Holmes, Charles E. 2011. "The Beringian and transitional periods in Alaska: technology of the East Beringian tradition as viewed from Swan Point." In: *From the Yenisei to the Yukon: Interpreting Lithic Assemblage Variability in Late Pleistocene/Early Holocene Beringia*. Edited by Ted E. Goebel and Ian Buvit. Center for the Study of the First Americans. College Station, Texas: A&M University Press, pp. 179-191.
- Holst Pellekaan, Sheila van 2013. "Genetic evidence for the colonization of Australia." *Quaternary International* 285: 44-56.
- Horborg, Alf 2005. "Ethnogenesis, regional integration, and ecology in prehistoric Amazonia." *Current Anthology* 16(4): 589-620.
- Horsburgh, K. Ann and Mark D. McCoy 2017. "Dispersal, isolation, and interaction in the islands of Polynesia: a critical review of archaeological and genetic evidence." *Diversity* 9:37.
- Housley, R.A. et al. 1997. "Radiocarbon evidence for the late glacial human recolonisation of Northern Europe." *Proceedings of the Prehistoric Society* 63: 25-54.
- Hovhannisyan, Anahit et al. 2014. "Different waves and directions of Neolithic migrations in the Armenian Highland." *Investigative Genetics* 5:15.
- Hu, Kang et al. 2015. "The dichotomy structure of Y chromosome Haplogroup N." <https://arxiv.org/abs/1504.06463>

Bibliographie

- Huang, Yun Zhi et al. 2017. "Whole sequence analysis indicates a recent southern origin of Mongolian Y-chromosome C2c1a1a1-M407." *Molecular Genetics and Genomics* 293(3): 657-663.
- Huang, Yun-Zhi et al. 2018. "Dispersals of the Siberian Y-chromosome haplogroup Q in Eurasia." *Molecular Genetics and Genomics* 293:107-117.
- Hublin, Jean-Jacques et al. 2017. "New fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the pan-African origin of Homo sapiens." *Nature* 546: 289-292.
- Hublin, Jean-Jacques et al. 2020. "Initial Upper Palaeolithic Homo sapiens from Bacho Kiro Cave, Bulgaria." *Nature* 581: 299-302.
- Hudjashov, Georgi et al. 2007. "Revealing the prehistoric settlement of Australia by Y chromosome and mtDNA analysis." *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104 (21): 8726-8730.
- Hudson, Mark J. 2009. "Japanese Beginnings." In: *A Companion to Japanese History*. Edited by William M. Tsutsi. Wiley-Blackwell, pp. 13-29.
- Hudson, Mark J. 2013. "Japan: archaeology." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 224-229.
- Hudson, Mark J. 2017a. "The sea and early societies in the Japanese Islands." In: *The Sea in History - The Ancient World*. Edited by C. Buchet, P. Arnaud, and P. De Souza. Boydell and Brewer, pp. 102-113.
- Hudson, Mark J. 2017b. "The Ryukyu islands and the northern frontier of prehistoric Austronesian settlement." In: *New Perspectives in Southeast Asian and Pacific Prehistory*. Edited by Philip J. Piper, Hirofumi Matsumura and David Bulbeck. Acton, Australia: Australian National University Press, pp. 189-200.
- Hung, Hsiao-chun and Mike T. Carson 2014. "Foragers, fishers and farmers: origins of the Taiwanese Neolithic." *Antiquity* 88: 1115-1131.
- Ilumae, Anne-Mai et al. 2016. "Human Y chromosome haplogroup N: a non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families." *American Journal of Human Genetics* 99: 163-173.
- International Society of Genetic Genealogy*. <http://www.isogg.org>.
- Issar, Arie S. and Mattanyah Zohar 2007. *Climate Change - Environment and History of the Near East*. 2nd Edition. Berlin and Heidelberg: Springer Verlag.
- Janhunen, Juha 2003a. "Para-Mongolic." In: *The Mongolic Languages*. Edited by Juha Janhunen. Routledge: London., pp. 391-402.
- Janhunen, Juha 2003b. "Written Mongol." In: *The Mongolic Languages*. Edited by Juha Janhunen. Routledge: London, pp. 30-56.
- Janhunen, Juha 2009. "Proto-Uralic—what, where, and when?" *The Quasiquicentennial of the Finno-Ugrian Society*. Helsinki: Societe finno-ougrienne. pp. 57-78
- Jessen, Catherine A. et al. 2015. "Early Maglemosian culture in the preboreal landscape: archaeology and vegetation from the earliest Mesolithic site in Denmark at Lundby Mose, Sjælland." *Quaternary International* 378: 73-87.
- Ji, Xueping et al. 2016. "The oldest Hoabinhian technocomplex in Asia (43.5 ka) at Xiaodong rockshelter, Yunnan Province, southwest China." *Quaternary International* 400: 166-174.
- Jobling, Mark A. and Chris Tyler-Smith 2003. "The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age." *Nature Reviews: Genetics* 4: 598-612.

Bibliographie

- Jochim, Michael et al. 1999. "The Magdalenian colonization of southern Germany." *American Anthropologist* 101:129-142.
- Johanson, Lars 2006. "On the roles of Turkic in the Caucasus Area." In: *Linguistic Areas: Convergence in Historical and Typological Perspective*. Edited by Yaron Matras, April McMahon, and Nigel Vincent. Palgrave Macmillan, pp. 160-181.
- Jones, Eppie R. et al. 2015. "Upper Palaeolithic genomes of modern Eurasians." *Nature Communications* 6: 8912.
- Jones, Eppie R. et al. 2017. "The Neolithic transition in the Baltic was not driven by admixture with early European farmers." *Current Biology* 27: 576-582.
- Jota, Marilza S. et al. 2016. "New native South American Y chromosome lineages." *Journal of Human Genetics* 61(7): 593-603.
- Kahlke, Ralf-Dietrich 2015. "The maximum geographic extension of Late Pleistocene *Mammuthus primigenius* (Proboscidea, Mammalia) and its limiting factors." *Quaternary International* 379: 147-154.
- Kane, Daniel 1989. *The Sino-Jurchen Vocabulary of the Bureau of Interpreters*. Bloomington, Indiana: Indiana University Institute for Inner Asian Studies.
- Kang, Longli et al. 2012. "Y-chromosome O3 haplogroup diversity in Sino-Tibetan populations reveals two migration routes into the Eastern Himalayas." *Annals of Human Genetics* 76: 92-99.
- Karachanak, Sena et al. 2013. "Y-chromosome diversity in modern Bulgarians: new clues about their ancestry." *Public Library of Science One* 8(3): e56779.
- Karafet, Tatiana et al. 2008. "New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree." *Genome Research* 18: 830-838.
- Karafet, Tatiana M. et al. 2010. "Major east-west division underlies Y-Chromosome stratification across Indonesia." *Molecular Biology and Evolution* 27(8): 1833-1844.
- Karafet, Tatiana M. et al. 2015. "Improved phylogenetic resolution and rapid diversification of Y-chromosome haplogroup K-M526 in Southeast Asia." *European Journal of Human Genetics* 23: 369-373.
- Karafet, Tatiana et al. 2016. "Coevolution of genes and languages and high levels of population structure among the highland populations of Daghestan." *Journal of Human Genetics* (2016) 61: 181-191.
- Karlsson, Andreas O. et al. 2006. "Y-chromosome diversity in Sweden - a long-time perspective." *European Journal of Human Genetics* 14: 963-970.
- Karmin, Monika et al. 2015. "A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture." *Genome Research* 25: 459-466.
- Kayser, Manfred et al. 2003. "Reduced Y-chromosome, but not mitochondrial DNA, diversity in human populations from West New Guinea." *American Journal of Human Genetics* 72: 281-302.
- Kayser, Manfred et al. 2006. "Melanesian and Asian origins of Polynesians: mtDNA and Y chromosome gradients across the Pacific." *Molecular Biology and Evolution* 23(11): 2234-2244.
- Kayser, Manfred et al. 2008. "The impact of the Austronesian expansion: evidence from mtDNA and Y chromosome diversity in the Admiralty Islands of Melanesia." *Molecular Biology and Evolution* 25(7): 1362-1374.
- Keegan, William 2013. "Caribbean Islands: archaeology." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp 376-383.

Bibliographie

- Keller, Andreas et al. 2012. "New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing." *Nature Communications* 3: 698.
- Kelly, Kevin M. 1990. "GM polymorphisms, linguistics affinities, and natural selection in Melanesia." *Current Anthropology* 31(2): 201-219.
- Kemp, Brian M. et al. 2007. "Genetic analysis of Early Holocene skeletal remains from Alaska and its implications for the settlement of the Americas." *American Journal of Physical Anthropology* 132: 605-621.
- Kemp, Brian M. et al. 2010. "Evaluating the farming/language dispersal hypothesis with genetic variation exhibited by populations in Southwest and Mesoamerica." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 107(15): 6759-6764.
- Khlobystin, Leonid P. 2005. *Taymyr: The Archaeology of Northernmost Eurasia*. Edited by William W. Fitzhugh and Vladimir V. Pitulko. Translated from the Russian by Leonid Vishnyatski and Boris Grudinko. Arctic Studies Center, National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, DC.
- Khurana, Priyanka et al. 2014. "Y Chromosome haplogroup distribution in Indo-European speaking tribes of Gujarat, Western India." *Public Library of Science One* 9(3): e90414.
- Kılınc, Gulsah Merve et al. 2016. "The demographic development of the first farmers in Anatolia." *Current Biology* 26(19): 2659-2666.
- Kim, Nam-Kil 2009. "Korean." In: *The World's Major Languages*. Second edition. Bernard Comrie (Ed.). Oxon, UK; New York: Routledge, pp. 765-779.
- Kim, Seung-Og 2015. "Recent developments and debates in Korean prehistoric archaeology." *Asian Perspectives* 54(1): 11-30.
- Kim, Soon-Hee et al. 2011. "High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea." *Investigative Genetics* 2:10
- King, R.J. et al. 2008. "Differential Y-chromosome Anatolian influences on the Greek and Cretan Neolithic." *Annals of Human Genetics* 72: 205-214.
- Kistler, Logan et al. 2018. "Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America." *Science* 362, 1309-1313.
- Kivisild, T. et al. 2003. "The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations." *American Journal of Human Genetics* 72: 313-332.
- Kivisild, Toomas 2017. "The study of human Y chromosome variation through ancient DNA." *Human Genetics* 136(5): 529-546.
- Knapp, Michael et al. 2015. "Re-inventing ancient human DNA." *Investigative Genetics* 6:4.
- Knight, Alec et al. 2003. "African Y chromosome and mtDNA divergence provides insight into the history of the click languages." *Current Biology* 13: 464-473.
- Kolpaschikov, Leonid et al. 2015. "The role of harvest, predators, and socio-political environment in the dynamics of the Taimyr wild reindeer herd with some lessons for North America." *Ecology and Society* 20(1): 9.
- Kornfilt, Jaklin 2009. "Turkish and the Turkic languages." In: *The World's Major Languages*. Second edition. Bernard Comrie (Ed.). Oxon, UK; New York: Routledge 519-544.

Bibliographie

- Kosaka, Ryuichi. 2002. "On the affiliation of Miao-Yao and Kadai: can we posit the Miao-Dai family." *Mon-Khmer Studies* 32: 71-100.
- Krings, Matthias et al. 1997. "Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans." *Cell* 90: 19-30.
- Kristensen, Todd J., John W. Ives JW, and Kisha Supernant 2021. "Power, security, and exchange: Impacts of a Late Holocene volcanic eruption in Subarctic North America." *North American Archaeologist* 42(4): 425-472.
- Kumar, Vikrant et al. 2007. "Y-chromosome evidence suggests a common paternal heritage of Austro-Asiatic populations." *BioMed Central Evolutionary Biology* 7: 47.
- Kuper, Rudolph and Stefan Kroepelin 2006. "Climate-controlled Holocene occupation in the Sahara: motor of Africa's evolution." *Science* 313: 803-807.
- Kusuma, Pradiptajati et al. 2015. "Mitochondrial DNA and the Y chromosome suggest the settlement of Madagascar by Indonesian sea nomad populations." *BioMed Central Genomics* 16: 191.
- Kutanan, Wibhu et al. 2019. "Contrasting paternal and maternal genetic histories of Thai and Lao Populations." *Molecular Biology and Evolution* 36(7): 1490-1506.
- Kutanan, Wibhu et al. 2020. "Cultural variation impacts paternal and maternal genetic lineages of the Hmong-Mien and Sino-Tibetan groups from Thailand." *European Journal of Human Genetics* 28: 1563-1579.
- Kuzmin, Yaroslav V. 2008. "Siberia at the Last Glacial Maximum: environment and archaeology." *Journal of Archaeological Research* 16: 163-221.
- Kwon, So Yeun et al. 2015. "Confirmation of Y haplogroup tree topologies with newly suggested Y-SNPs for the C2, O2b and O3a subhaplogroups." *Forensic Science International Genetics* 19: 42-46.
- Lacau, Harlette et al. 2012. "Afghanistan from a Y-chromosome perspective." *European Journal of Human Genetics* 20: 1063-1070.
- Lahn, Bruce T. et al. 2001. "The human Y chromosome in light of evolution." *Nature Reviews Genetics* 2: 207-216.
- Laitinen, Virpi et al. 2002. "Y-chromosomal diversity suggests that Baltic males share common Finno-Ugric-speaking forefathers." *Human Heredity* 53:68-78.
- Lander, Faye and Thembi Russell 2018. "The archaeological evidence for the appearance of pastoralism and farming in southern Africa." *Public Library of Science One* 13(6): e0198941.
- LaPolla, Randy J. 2001. "The role of migration and language contact in the development of the Sino-Tibetan Language Family." In: *Areal Diffusion and Genetic Inheritance: Case Studies in Language Change*. Edited by R. M. W. Dixon and A. Y. Aikhenvald. Oxford: Oxford University Press, pp. 225-254.
- LaPolla, Randy J. 2013. "Eastern Asia: Sino-Tibetan linguistic history." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 204-208.
- LaPolla, Randy J. 2016. "Problems with the arguments for recasting Sino-Tibetan as 'Trans-Himalayan.'" *Linguistics of the Tibeto-Burman Area* 39:(2): 282-297.
- Lappalainen, Tuuli et al. 2006. "Regional differences among the Finns: a Y-chromosome perspective." *Gene* 376: 207-215.
- Lappalainen, T. et al. 2008. "Migration waves to the Baltic Sea region." *Annals of Human Genetics* 72: 337-348.

Bibliographie

- Larmuseau, M.H.D. et al. 2014. "Increasing phylogenetic resolution still informative for Y chromosomal studies on West-European populations." *Forensic Science International: Genetics* 9: 179-185.
- Lazaridis, Iosif et al. 2016. "Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East." *Nature* 25: 536 (7617): 419-424.
- LeBlanc, Steven A. 2013. "Mesoamerica and the southwestern United States: archaeology." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp 369-375.
- Lee, Ki-Moon and S. Robert Ramsey 2011. *A History of Korean Language*. Cambridge, UK: Cambridge University Press.
- Lewis J.P. et al. 2016. "The shellfish enigma across the Mesolithic-Neolithic transition in southern Scandinavia." *Quaternary Science Reviews* 151: 315-320.
- Li, Dongna et al. 2008. "Paternal genetic structure of Hainan aborigines isolated at the entrance to East Asia." *Public Library of Science One* 3(5): e2168.
- Li, Dong-Na et al. 2013. "Substitution of Hainan indigenous genetic lineage in the Utsat people, exiles of the Champa kingdom." *Journal of Systematics and Evolution* 51(3): 287-294.
- Li, Hui et al. 2007. "Y chromosomes of prehistoric people along the Yangtze River." *Human Genetics* 122: 383-388.
- Li, Mian et al. 2020. "Recent kuru-induced female gene flow disrupted the coevolution of genes and languages in the Papua New Guinea highlands." *American Journal of Physical Anthropology* 172(1): 87-98.
- Linstädter, Jörg 2008. "The Epipalaeolithic-Neolithic-transition in the Mediterranean region of Northwest Africa." *Quartär* 55: 41-62.
- Liu, Wu et al. 2015. "The earliest unequivocally modern humans in southern China." *Nature* 526: 696-699.
- Liu, Bing-Li et al. 2020. "Paternal origin of Tungusic-speaking populations: Insights from the updated phylogenetic tree of Y-chromosome haplogroup C2a-M86." *American Journal of Human Biology* e23462.
- Loikala, Paula. 1977. "The oldest Germanic loanword in Finnish and their contribution to German philology." *Studi italiani di linguistica teorica ed applicata*. 6 (1-2): 223-250.
- Lombard, Marlize 2012. "Thinking through the Middle Stone Age of sub-Saharan Africa." *Quaternary International* 270:140-155.
- López-Parra, A.M. et al. 2009. "In search of the pre- and post-Neolithic genetic substrates in Iberia: Evidence from Y-chromosome in Pyrenean populations." *Annals of Human Genetics* 73: 42-53.
- Loy, Dorothy E. et al. 2018. "Evolutionary history of human *Plasmodium vivax* revealed by genome-wide analyses of related ape parasites." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 115(36): E8450-E8459.
- Luis, J.R. et al. 2004. "The Levant versus the Horn of Africa: evidence for bidirectional corridors of human migrations." *American Journal of Human Genetics* 74: 532-544.
- Macholdt, Enrico et al. 2020. "The paternal and maternal genetic history of Vietnamese populations." *European Journal of Human Genetics* 28: 636-645.
- Mailhammer, Robert 2007. *The Germanic Strong Verbs: Foundations and Development of a New System*. Berlin; New York: Mouton de Gruyter.

Bibliographie

- Maley, Jean et al. 2018. "Late Holocene forest contraction and fragmentation in central Africa." *Quaternary Research* 89: 43–59.
- Malhi, Ripan Singh et al. 2008. "Distribution of Y chromosomes among native north Americans: a study of Athabaskan population history." *American Journal of Physical Anthropology* 137: 412-424.
- Mallory, J., A. Dybob, and O. Balanovsky 2019. "The Impact of Genetics Research on Archaeology and Linguistics in Eurasia." *Russian Journal of Genetics* 55(12): 1472-1487.
- Mann, Daniel H. et al. 2015. "Life and extinction of megafauna in the ice-age Arctic." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 112(46): 14301-14306.
- Marcheco-Teruel, Beatriz et al. 2014. "Cuba: exploring the history of admixture and the genetic basis of pigmentation using autosomal and uniparental markers." *Public Library of Science Genetics* 10(7): e1004488.
- Martinón-Torres, María et al. 2021. "Earliest known human burial in Africa." *Nature* 593: 95-100.
- Martins, Haidé et al. 2015. "Radiocarbon dating the beginning of the Neolithic in Iberia: new results, new problems." *Journal of Mediterranean Archaeology* 28(1): 105-131.
- Martirosyan, Hrach 2013. "The place of Armenian in the Indo-European language family: the relationship with Greek and Indo-Iranian." *Journal of Language Relationship* 10: 85-138.
- Matson, R. G. and M. P. R. Magne 2013. "North America: Na Dené /Athapaskan archeology and linguistics." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 333-339.
- McColl, Hugh. et al. 2018. "The prehistoric peopling of Southeast Asia." *Science* 361 (6397):88-92.
- McEvoy, Brian et al. 2004. "The longue durée of genetic ancestry: multiple genetic marker systems and Celtic origins on the Atlantic façade of Europe." *American Journal of Human Genetics* 75: 693-702.
- Mellars, Paul 2006. "Going east: new genetic and archaeological perspectives on the modern human colonization of Eurasia." *Science* 313: 796-800.
- Mendez, Fernando L. et al. 2011. "Increased resolution of Y chromosome haplogroup T defines relationships among populations of the Near East, Europe, and Africa." *Human Biology* 83(1): 39-53.
- Mendez, Fernando L. et al. 2013. "An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree." *American Society of Human Genetics* 92: 454-459.
- Mendez, Fernando L. et al. 2016. "The divergence of Neandertal and modern human Y chromosomes." *American Journal of Human Genetics* 98: 728-734.
- Mengoni Gonalons, Guillermo L. and Hugo D. Yaco Baccio 2006. "The domestication of South American camelids: a view from the South-Central Andes." In: *Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms*. Edited by Melinda A.Zeder et al. Berkeley and Los Angeles: University of California Press, pp. 228-244.
- Merrill, William L. 2009 et al. "The diffusion of maize to the southwestern United States and its impact." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States* 106(50): 21019-21029.
- Meyer, Christian et al. 2015. "The massacre mass grave of Schöneck-Kilianstädten reveals new insights into collective violence in Early Neolithic Central Europe." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112(36): 11217–11222.

Bibliographie

- Meyer, Christian et al. 2018. "Early Neolithic executions indicated by clustered cranial trauma in the mass grave of Halberstadt." *Nature Communications* 9:2472.
- Militarev, Alexander 2002. "The prehistory of a dispersal: the Proto-Afrasian (Afroasiatic) farming lexicon." In: *Examining the Farming/Language Dispersal Hypothesis*. Edited by Peter Bellwood and Colin Renfrew. Cambridge: McDonald Institute for Archaeological Research, pp. 135-150.
- Mirov, N. T. 1945. "Notes on the domestication of reindeer." *American Anthropologist* 47: 393-408.
- Misra, Virendra Nath 2001. "Prehistoric human colonization of India." *Journal of Biosciences* 26(4):491-531.
- Mitchell, Peter 2010. "Genetics and southern African prehistory: an archaeological view." *Journal of Anthropological Sciences* 88: 73-92.
- Mona, Stefano et al. 2007. "Patterns of Y-chromosome diversity intersect with the Trans-New Guinea hypothesis." *Molecular Biology and Evolution* 24(11): 2546-2555.
- Mona, Stefano et al. 2009. "Genetic admixture history of Eastern Indonesia as revealed by Y-chromosome and mitochondrial DNA analysis." *Molecular Biology and Evolution* 26(8): 1865-1877.
- Mondal, Mayukh et al. 2017. "Y-chromosomal sequences of diverse Indian populations and the ancestry of the Andamanese." *Human Genetics* 136(5):499-510.
- Montano, Valeria et al. 2011. "The Bantu expansion revisited: a new analysis of Y chromosome variation in Central Western Africa." *Molecular Ecology* 20: 2693-2708.
- Morein, Eugene 2008. "Evidence for declines in human population densities during the early Upper Paleolithic in western Europe." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105(1): 48-53.
- Moreno-Mayar, J. Víctor et al. 2018. "Early human dispersals within the Americas." *Science* 362 (6419): eaav2621.
- Moss, Madonna L. and Jon M. Erlandson 1995. "Reflections on North American Pacific coast prehistory." *Journal of World Prehistory* 9(1): 1-45.
- Müller, Ulrich C. et al. 2011. "The role of climate in the spread of modern humans into Europe." *Quaternary Science Reviews* 30: 273-279.
- Mulligan, Connie J. and Emoke J.E. Szathmary 2017. "The peopling of Americas and the origin of the Beringian occupation model." *American Journal of Physical Anthropology* 162: 403-408.
- Myres, Natalie M. et al. 2011. "A major Y-chromosome haplogroup R1b Holocene era founder effect in Central and Western Europe." *European Journal of Human Genetics* 19: 95-101.
- Nagle, Nano et al. 2016a. "Antiquity and diversity of aboriginal Australian Y-chromosomes." *American Journal of Physical Anthropology* 159: 367-381.
- Nagle, Nano et al. 2016b. "Mitochondrial DNA diversity of present-day aboriginal Australians and implications for human evolution in Oceania." *Journal of Human Genetics* 62: 343-353.
- Naidoo, Thijessen et al. 2020. "Y-Chromosome Variation in Southern African Khoe-San Populations Based on Whole-Genome Sequences." *Genome Biology and Evolution* 12(7):1031-1039.
- Naitoh, Sae et al. 2013. "Assignment of Y-chromosomal SNPs found in Japanese population to Y-chromosomal haplogroup tree." *Journal of Human Genetics* 58: 195-201.

Bibliographie

- Narasimhan, Vagheesh M. et al. 2019. "The formation of human populations in South and Central Asia." *Science* 365: eaat7487.
- Nasidze, Ivan et al. 2003. "Testing hypotheses of language replacement in the Caucasus: evidence from the Y-Chromosome." *Human Genetics* 112: 255-261.
- Nasidze, I. et al. 2004a. "Mitochondrial and Y-chromosome variation in the Caucasus." *Annals of Human Genetics* 68: 205-221.
- Neves, Walter Alves, Diogo Meyer, and Hector Mario Pucciarella 1996. "Early skeletal remains and the peopling of the Americas." *Revista de Anthropologia* 39(2): 121-139.
- Nikolskiy, Pavel and Vladimir Pitulko 2013. "Evidence from the Yana Palaeolithic site, Arctic Siberia, yields clues to the riddle of mammoth hunting." *Journal of Archaeological Science* 40: 4189-4197.
- Ning, Chao et al. 2016. "Refined phylogenetic structure of an abundant East Asian Y-chromosomal haplogroup O*-M134." *European Journal of Human Genetics* 24: 307-309.
- Nishiaki, Yoshihiro et al. 2015. "Chronological contexts of the earliest pottery Neolithic in the South Caucasus: Radiocarbon dates for Götepe and Haci Elamxanlı Tepe, Azerbaijan." *American Journal of Archaeology* 119(3): 279-294.
- Nogués-Bravo David et al. 2008. "Climate change, humans, and the extinction of the woolly mammoth." *Public Library of Science Biology* 6(4): e79.
- Norquest, Peter K. 2007. *A Phonological Reconstruction of Proto-Hlai*. Dissertation. University of Arizona, 2007.
- Olalde, Inigo et al 2018. "The beaker phenomenon and the genomic transformation of Northwest Europe." *Nature* 555: 190-196.
- Olsen, Kenneth M. and Barbara A. Schaal 1999. "Evidence on the origins of cassava: *Manihot esculenta*." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 96: 5586-5591.
- Oppenheimer, Stephen 2012. "Out-of-Africa, the peopling of continents and islands: tracing uniparental gene trees across the map." *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 367: 770-784.
- Orlova, L.A. et al. 2001. "Chronology and environment of woolly mammoth (*Mammuthus primigenius* Blumenbach) extinction in northern Asia." *The World of Elephants - International Congress, Rome 2001*
- Ostapirat, Weera 2018. "Macrophyletic trees of East Asian languages re-examined." *Senri Ethnological Studies* 98: 107-121.
- Ottoni, Claudio et al. 2011. "Deep into the roots of the Libyan Tuareg: a genetic survey of their paternal heritage." *American Journal of Physical Anthropology* 145: 118-124.
- Oven, Mannis van and Manfred Kayser 2008. "Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation." *Human Mutation* 30(2): E386-E394.
- Oven, Mannis van et al. 2014. "Seeing the wood for the trees: a minimal reference phylogeny for the human Y chromosome." *Human Mutation* 35:187-191.
- Pääbo, Svante 1985. "Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA." *Nature* 314: 644-645.
- Pääbo, Svante et al. 2004. "Genetic analyses from ancient DNA." *Annual Review of Genetics* 38: 645-679.
- Pakendorf, Brigitte et al. 2006. "Investigating the effects of prehistoric migrations in Siberia: genetic variation and the origins of the Yakuts." *Human Genetics* 120: 334-353.

Bibliographie

- Pamjav, Horolma et al. 2011. "Genetic structure of the parental lineage of the Roma people." *American Journal of Physical Anthropology* 145: 21-29.
- Pamjav, Horolma et al. 2012. "New Y-chromosome binary markers improve phylogenetic resolution within haplogroup R1a1." *American Journal of Physical Anthropology* 149: 611-615.
- Park, Myung Jin et al. 2012. "Understanding the Y chromosome variation in Korea—relevance of combined haplogroup and haplotype analyses." *International Journal of Legal Medicine* 126: 589–599.
- Parton, Ash et al. 2015. "Orbital-scale climate variability in Arabia as a potential motor for human dispersals." *Quaternary International* 382 82-97.
- Pavlov, B.M. et al. 1994. "Population dynamics of the Taimyr reindeer population." *Rangifer* Special Issue No. 9.
- Pawley, Andrew 2005. "The chequered career of the Trans New Guinea hypothesis: recent research and its implications." In: *Papuan Pasts: Cultural, Linguistic and Biological Histories of Papuan-Speaking Peoples*. Edited by Andrew Pawley et al. Canberra, Australia: Pacific Linguistics, pp. 67-107.
- Pedersen, Holger 1967. *The Discovery of Language: Linguistic Science in the Nineteenth Century*. Translated by John Webster Spargo. Bloomington: Indiana University Press.
- Pedro, Nicole et al. 2020. "Papuan mitochondrial genomes and the settlement of Sahul." *Journal of Human Genetics* 65: 875–888.
- Pereira, Luísa et al. 2010. "Linking the sub-Saharan and West Eurasian gene pools: maternal and paternal heritage of the Tuareg nomads from the African Sahel." *European Journal of Human Genetics* 18: 915-923.
- Petrejčiková, Eva et al. 2009. "Y-haplogroup frequencies in the Slovak Romany population." *Anthropological Science* 117(2): 89-94.
- Petrosyan, Armen 2007. "The problem of identification of the proto-Armenians: a critical review." *Journal of the Society for Armenian Studies* 16: 25-66.
- Pfeifer, Sebastian J. et al. 2019. "Mammoth ivory was the most suitable osseous raw material for the production of Late Pleistocene big game projectile points." *Scientific Reports* 9:2303.
- Piličiauskas, Gytis et al. 2019. "Comb ware culture in Lithuania: new evidence from Šventoji 43." *Lietuvos Archeologija* 45: 67-103
- Piličiauskas, Gytis et al. 2020. "Fishers of the Corded Ware Culture in the Eastern Baltic." *Acta Archaeologica* 91: 95-120.
- Pinotti, Thomaz et al. 2019. "Y chromosome sequences reveal a short Beringian standstill, rapid expansion, and early population structure of Native American founders." *Current Biology* 29: 149-157.
- Pitulko, V. V. and P. A. Nikolskiy 2012. "The extinction of the woolly mammoth and the archaeological record in Northeastern Asia." *World Archaeology* 44(1): 21-42.
- Pitulko, V.V. et al. 2004. "The Yana RHS site: humans in the Arctic before the Last Glacial Maximum." *Science* 303: 52-56.
- Pitulko, Vladimir V. et al. 2016. "Early presence in the Arctic: evidence from 45,000-year-old mammoth remains." *Science* 351(6270): 260-263.

Bibliographie

- Platt, Daniel E. et al. 2017. "Mapping post-glacial expansions: the peopling of Southwest Asia." *Scientific Reports* 7: 40338.
- Platt, Daniel E. et al. 2021. "Autosomal genetics and Y-chromosome haplogroup L1b-M317 reveal Mount Lebanon Maronites as a persistently non-emigrating population." *European Journal of Human Genetics* 29: 581-592.
- Poetsch, Micaela et al. 2013. "Determination of population origin: a comparison of autosomal SNPs, Y-chromosomal and mtDNA haplogroups using a Malagasy population as example." *European Journal of Human Genetics* 21: 1423-1428.
- Pokharia, Anil K. et al. "Altered cropping pattern and cultural continuation with declined prosperity following abrupt and extreme arid event at ~4,200 yrs BP: Evidence from an Indus archaeological site Khirsara, Gujarat, western India." *Public Library of Science One* 12(10): e0185684.
- Pope, Kevin O. and John E. Terrell 2008. "Environmental setting of human migrations in the circum-Pacific region." *Journal of Biogeography* 35: 1-21.
- Potter, Ben A. et al. 2014. "New insights into Eastern Beringian mortuary behavior: a terminal Pleistocene double infant burial at Upward Sun River." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 111(48): 17060-17065.
- Potter, Ben A. et al. 2018. "Current evidence allows multiple models for the peopling of the Americas." *Science Advances* 4: eaat5473.
- Poznik, G. David et al. 2016. "Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences." *Nature Genetics* 48(6): 593-600.
- Pringle, Heather 2006. *The Master Plan: Himmler's Scholars and the Holocaust*. New York: Hyperion.
- Prüfer, Kay et al. 2021. "A genome sequence from a modern human skull over 45,000 years old from Zlatý kůň in Czechia." *Nature Ecology and Evolution*. 5: 820-825.
- Puzachenko, A.Yu. and A.K. Markova 2019. "Evolution of mammal species composition and species richness during the Late Pleistocene - Holocene transition in Europe: a general view at the regional scale." *Quaternary International* in press.
- Qi, Xuebin et al. 2013. "Genetic evidence of Paleolithic colonization and Neolithic expansion of modern humans on the Tibetan Plateau." *Molecular Biology and Evolution* 30(8): 1761-1778.
- Qiu, Qiang et al. 2015. "Yak whole-genome resequencing reveals domestication signatures and prehistoric population expansions." *Nature Communications* 6: 10283.
- Quintana-Murci, Luís et al. 2008. "Maternal traces of deep common ancestry and asymmetric gene flow between Pygmy hunter-gatherers and Bantu-speaking farmers." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105(5): 1596-1601.
- Raghavan, Maanasa et al. 2014. "Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans." *Nature* 505: 87-91.
- Rai, Niraj et al. 2012. "The phylogeography of Y-chromosome haplogroup H1a1a-M82 reveals the likely Indian origin of the European Romani populations." *Public Library of Science One* 7(11): e 48477.
- Rampino, Michael R. and Stanley H. Ambrose 2000. "Volcanic winter in the Volcanic winter in the Garden of Eden: The Toba supereruption and the late Pleistocene human population crash." *Geological Society of America Special Papers* 345: 71-82.

Bibliographie

- Rasmussen, Morten et al. 2010. "Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo." *Nature* 463: 757-762.
- Rasmussen, Morten et al. 2014. "The genome of a Late Pleistocene human from a Clovis burial site in western Montana." *Nature* 506: 225-229.
- Rasmussen, Morten et al. 2015. "The ancestry and affiliations of Kennewick Man." *Nature* 523: 455-458.
- Ratliff, Martha 2010. *Hmong-Mien Language History*. Canberra, Australia: Pacific Linguistics.
- Reardon, Sara 2017. "Navajo Nation reconsidered ban on genetic research." *Nature* 550: 165-166.
- Redd, Alan J. et al. 2002. "Gene flow from the Indian Subcontinent to Australia: evidence from the Y Chromosome." *Current Biology* 12: 673-677.
- Regueiro, Maria et al. 2012. "High levels of Paleolithic Y-chromosome lineages characterize Serbia." *Gene* 498: 59-67.
- Regueiro, Maria et al. 2013. "On the origins, rapid expansion and genetic diversity of Native Americans from hunting-gatherers to agriculturalists." *American Journal of Physical Anthropology* 150: 333-348.
- Reich, David et al. 2011. "Denisova admixture and the first modern human dispersals into Southeast Asia and Oceania." *American Journal of Human Genetics* 89: 516-528.
- Reich, David 2020. Dataset Release V42.4 (March 1, 2020). <https://reich.hms.harvard.edu/>
- Renfrew, Colin 1987. *Archaeology and Language: the Puzzle of Indo-European Origins*. Cambridge; New York: Cambridge University Press.
- Renfrew, Colin 1989. "The origins of Indo-European languages." *Scientific American* 261(4): 106-115.
- Ricankova, Vera Pavelkova et al. 2014. "Ecological structure of recent and Last Glacial mammalian faunas in Northern Eurasia: the case of Altai-Sayan refugium." *Public Library of Science One* 9(1): e85056.
- Robbeets, Martine 2008. The historical comparison of Japanese, Korean and the Trans-Eurasian languages. *Rivista degli studi orientali* 81:(1-4): 261-287.
- Robbeets, Martine 2017a. "Proto-Trans-Eurasian: Where and When?" *Man in India* 97(1): 19-46.
- Robbeets, Martine 2017b. "Austronesian influence and Transeurasian ancestry in Japanese." *Language Dynamics and Change* 7: 210-251.
- Roberts, Patrick and Brian A. Stewart 2018. "Defining the 'generalist specialist' niche for Pleistocene Homo sapiens." *Nature Human Behaviour* 2: 542-550.
- Rocha, Jorge and Anne-Maria Fehn 2016. "Genetics and demographic history of the Bantu." In: Wiley eLS Online Library. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/9780470015902.a0022892/full>
- Røed, Knut H. et al. 2008. "Genetic analyses reveal independent domestication origins of Eurasian reindeer." *Proceedings of the Royal Society B* 275: 1849-1855.
- Roewer, Lutz et al. 2013. "Continent-wide decoupling of Y-chromosomal genetic variation from language and geography in Native South Americans." *Public Library of Science Genetics* 9(4): e1003460.
- Rohrlach, Adam B. et al. 2021. "Using Y-chromosome capture enrichment to resolve haplogroup H2 shows new evidence for a two-path Neolithic expansion to Western Europe." *Scientific Reports* 11: 15005.
- Roosevelt, A.C. et al. 1996. "Paleo-Indian cave dwellers in the Amazon: the peopling of the Americas." *Science* 272: (5260): 373-384.

Bibliographie

- Rootsi, Siiri et al. 2004. "Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe." *American Journal of Human Genetics* 75: 128-137.
- Rootsi, Siiri et al. 2007. "A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe." *European Journal of Human Genetics* 15: 204-211.
- Rootsi, Siiri et al. 2012. "Distinguishing the co-ancestries of haplogroup G Y-chromosomes in the populations of Europe and the Caucasus." *European Journal of Human Genetics* 20: 1275-1282.
- Rosa, Alexandra et al. 2007. "Y-chromosome diversity in the population of Guinea-Bissau: a multiethnic perspective." *BioMed Central Evolutionary Biology* 7: 124.
- Roullier, Caroline et al. 2013. "Disentangling the origins of cultivated sweet potato." *Public Library of Science One* 8(5): e62707.
- Rowold, Daine J. et al. 2016. "On the Bantu expansion." *Gene* 593: 48-57.
- Rowald, Diane J. et al. 2020. "The Y-chromosome of the Soliga, an ancient forest-dwelling tribe of South India." *Gene* 763 (Supplement):100026.
- Ruhlen, Merritt 1998. "The origin of Na-Dené." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 95: 13994-13996.
- Ryan, William B.F. et al 2003. "A catastrophic flooding of the Black Sea." *Annual Review of Earth and Planetary Sciences*. 31: 525-554.
- Ryan, William B.F. et al. 1997. "An abrupt drowning of the Black Sea shelf." *Marine Geology* 138: 119-126.
- Rybin, Evgeny et al. 2016. "The impact of the LGM on the development of the Upper Paleolithic in Mongolia." *Quaternary International* 425: 69-87.
- Sagart, Laurent 2004. "The higher phylogeny of Austronesian and the position of Tai-Kadai." *Oceanic Linguistics* 43(2): 411-444.
- Sahoo, Sanghamitra et al. 2006. "A prehistory of Indian Y-chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103(3): 843-848.
- Salminen, Tapani 2007. "The Rise of the Finno-Ugric language family." In: *Early Contacts between Uralic and Indo-European: Linguistic and Archaeological Considerations*. Second edition. Edited by Christian Carpelan et al. Vammala, Finland: The Finno-Ugric Society and Authors, pp.385-396.
- Sanchez, J.J. et al. 2004. "Y chromosome SNP haplogroups in Danes, Greenlanders and Somalis." *International Congress Series* 1261: 347-349.
- Sankararaman, Sriram et al. 2012. "Date of interbreeding between Neandertals and modern humans." *Public Library of Science Genetics* 8(10): e1002947.
- Sankararaman, Sriram et al. 2014. "The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans." *Nature* 507 354-357 (2014).
- Sankararaman, Sriram 2020. "Methods for detecting introgressed archaic sequences." *Current Opinion in Genetics and Development* 62: 85-90.
- Sarac, Jelena et al. 2016. "Genetic heritage of Croatians in the Southeastern European gene pool - Y chromosome analysis of the Croatian continental and island population." *American Journal of Human Biology* 28:837-845.

Bibliographie

- Sato, Youichi et al. 2014. "Overview of genetic variation in the Y chromosome of modern Japanese males." *Anthropological Science* 122(3): 131-136.
- Savelle, James M. and Nobuhiro Kishigami 2013. "Anthropological research on whaling: prehistoric, historic and current contexts." *Senri Ethnological Studies* 84: 1-48.
- Schapper, Antoinette 2017. "Farming and the Trans-New Guinea family: a consideration." In: *Language Dispersal beyond Farming*. Edited by Martine Robbeets and Alexander Savelyev. John Benjamins Publishing Company, pp. 155-181.
- Schirmer, Alfred and Walther Mitzka 1969. *Deutsche Wortkunde* 6th edition. Berlin: Walter de Gruyter.
- Schleicher, August 1863. *Die Darwinsche Theories und die Sprachwissenschaft: Offenes Sendsschreiben an Herrn Dr. Ernst Häckel*. Weimar: Hermann Böhlau.
- Schurr, Theodore G. et al. 2012. "Clan, language, and migration history has shaped genetic diversity in Haida and Tlingit populations from Southeast Alaska." *American Journal of Physical Anthropology* 148: 422-435.
- Scozzari, Rosaria et al. 2012. "Molecular dissection of the basal clades in the human Y chromosome phylogenetic tree." *Public Library of Science One* 7(11): e49170.
- Semino, Ornella et al. 1996. "A view of the Neolithic demic diffusion in Europe through two Y chromosome-specific markers." *American Journal of Human Genetics* 59: 964-968.
- Semino, Ornella et al 2004. "Origin, diffusion, and differentiation of Y-chromosome haplogroups E and J: inferences on the Neolithization of Europe and later migratory events in the Mediterranean area." *American Journal of Human Genetics* 74: 1023-1034.
- Sengupta, Sanghamitra et al. 2006. "Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveals minor genetic influence of central Asian pastoralists." *American Journal of Human Genetics* 78: 201-221.
- Serdyuk, Natalia 2005. "The history of mammalian communities and paleogeography of Altai mountains in the Paleolithic." *Paleontological Journal* 39 (Suppl. 6): S645-S821.
- Shang, Hong et al. 2007. "An early modern human from Tianyuan Cave, Zhoukoudian, China." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104(16): 6573-6578.
- Shi, Hong et al. 2013. "Genetic evidence of an East Asian origin and Paleolithic northward migration of Y-chromosome haplogroup N." *Public Library of Science One* 8(6): e66102.
- Shibatani, Masayoshi 2009. "Japanese." In: *The World's Major Languages*. Second edition. Edited by Bernard Comrie. Oxon, UK; New York: Routledge, pp. 741-763.
- Shimoji, Michinori 2010. "Ryukyuan languages: an introduction." In: *An Introduction to Ryukyuan Languages*. Edited by Michinori Shimoji and Thomas Pellard. Tokyo: Research Institute for Languages and Cultures of Asia and Africa, pp. 1-13.
- Sidwell, Paul 2010. "The Austroasiatic central riverine hypothesis." *Journal of Language Relationship* 4: 117-134.
- Sidwell, Paul 2013. "Southeast Asian mainland: linguistic history." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 259-268.
- Siiräin, Ari 2003. "The Stone and Bronze Ages." In: *The Cambridge History of Scandinavia*, Vol. 1. Knut Helle (Ed). Cambridge University Press, pp. 43-59.

Bibliographie

- Sikora, Martin et al. 2017. "Ancient genomes show social and reproductive behavior of early Upper Paleolithic foragers." *Science* 358(6363): 659-662.
- Sikora, Martin et al. 2018. "The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene." *Nature* 570: 182-188.
- Silva, Fabio et al. 2015. "Modelling the geographical origin of rice cultivation in Asia using the rice archaeological database." *Public Library of Science One* 10(9): e0137024.
- Singh, Sakshi et al. 2016. "Dissecting the influence of Neolithic demic diffusion on Indian Y-chromosome pool through J2-M172 haplogroup." *Scientific Reports* 6: 19157.
- Singh, Prajval Pratap et al. 2021. "Dissecting the paternal founders of Mundari (Austroasiatic) speakers associated with the language dispersal in South Asia." *European Journal of Human Genetics* 29: 528-532.
- Skoglund, Pontus et al. 2015. "Genetic evidence for two founding populations of the Americas." *Nature* 525: 104-110.
- Slatkin, Montgomery and Fernando Racimo 2016. "Ancient DNA and human history." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 113(23): 6380-6387.
- Smalley, John and Michael Blake 2003. "Sweet beginnings: stalk sugar and the domestication of maize." *Current Anthropology* 44(5): 675-703.
- Smith, Andrew B. 1992. "Origins and Spread of Pastoralism in Africa." *Annual Review of Anthropology* 21: 125-141.
- Snow, Dean 2013. "Eastern North America: archeology and linguistics." In: *The Global Prehistory of Human Migration*. Edited by Peter Bellwood. West Sussex, UK: John Wiley and Sons, pp. 354-361.
- Solé-Morata, Neus et al. 2017. "Analysis of the R1b-DF27 haplogroup shows that a large fraction of Iberian Y-chromosome lineages originated recently in situ." *Scientific Reports* 7: 7341.
- Sommer, Robert S. et al. 2014. "Range dynamics of the reindeer in Europe during the last 25,000 years." *Journal of Biogeography* 41: 298-306.
- Spengler, Robert et al. 2014. "Early agriculture and crop transmission among Bronze Age mobile pastoralists of Central Eurasia." *Proceedings of the Royal Society B* 281: 20133382.
- Spooner, David M. et al. 2005. "A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102(41): 14694-14699.
- Sporrong, Ulf 2003. "The Scandinavian landscape and its resources." In: *The Cambridge History of Scandinavia*, vol. 1. Edited by Knut Helle. Cambridge University Press, pp. 15-42.
- St. Clair, Michael R. 2012. *Germanic Origins from the Perspective of the Y-chromosome*. Ph.D. dissertation. <http://oskicat.berkeley.edu/record=b20247897~S1>
- St. Clair, Michael R. 2014. "Population genetics and the humanities: Crimean Goths and contemporary European Romani." *Interdisciplinary Journal for Germanic Linguistics and Semiotic Analysis*. 19(1): 135-142.
- St. Clair, Michael R. 2017. "The co-evolution of agriculture, language and human genetic mutations." *Interdisciplinary Journal for Germanic Linguistics and Semiotic Analysis* 22(2): 229-239.
- Stevens, Chris et al. 2016. "Between China and South Asia: A Middle Asian corridor of crop dispersal and agricultural innovation in the Bronze Age." *The Holocene* 26(10): 1541-1555.

Bibliographie

- Stevens, Chris J. and Dorian Q. Fuller 2017. "The spread of agriculture in eastern Asia: archaeological bases for hypothetical farmer/language dispersals." *Language Dynamics and Change* 7: 152-186.
- Stevens, Rhiannon et al. 2009. "Palaeoenvironmental and chronological investigations of the Magdalenian sites of Goyet Cave and Trou de Chaleux (Belgium), via stable isotope and radiocarbon analyses of horse skeletal remains." *Journal of Archaeological Science* 36: 653-662.
- Stewart, J. R. and C. B. Stringer 2012. "Human evolution out of Africa: the role of refugia and climate change." *Science* 1317-1321.
- Stoneking, Mark et al. 1990. "Geographic variation in human mitochondrial DNA from Papua New Guinea." *Genetics* 124: 717-733.
- Stoneking, Mark and Frederick Delfin 2010. "The human genetic history of East Asia: weaving a complex tapestry." *Current Biology* 20: R188-R193.
- Straus, Lawrence Guy, David J. Meltzer and Ted Goebel 2005. "Ice Age Atlantis? Exploring the Solutrean-Clovis 'connection.'" *World Archaeology* 37(4): 507-532.
- Suihkonen, Pirkko (2002). The Uralic languages. *Fennia* 180(1-2): 165-176.
- Summerhayes, Glenn R. and Atholl Anderson 2009. "An Austronesian presence in southern Japan: early occupation in the Yaeyama Islands." *Bulletin of the Indo-Pacific Prehistory Association* 29: 76-91.
- Sun, Na et al. 2019. "Phylogeography of Y-chromosome haplogroup Q1a1a-M120, a paternal lineage connecting populations in Siberia and East Asia." *Annals of Human Biology* 46(3): 261-266.
- Sun, Jin et al. 2021. "Shared paternal ancestry of Han, Tai-Kadai-speaking, and Austronesian-speaking populations as revealed by the high resolution phylogeny of O1a-M119 and distribution of its sub-lineages within China." *American Journal of Physical Anthropology* 174(4) 686-700.
- Svoboda, Jiri et al. 2009. "Pavlov VI: An Upper Palaeolithic living unit." *Antiquity* 83: 282-295.
- Tajima, Atsushi et al. 2004. "Genetic origins of the Ainu inferred from combined DNA analyses of maternal and paternal lineages." *Journal of Human Genetics* 49: 187-193.
- Takakura, Jun 2012. "Emergence and development of the pressure microblade production: a view from the Upper Paleolithic of northern Japan." In: *The Emergence of Pressure Blade Making*. Edited by P. Desrosiers et al. Springer: Boston, MA. pp. 285-306.
- Takakura, Jun 2020. "Rethinking the disappearance of microblade technology in the terminal Pleistocene of Hokkaido, Northern Japan: looking at archaeological and palaeoenvironmental Evidence." *Quaternary* 3: 21.
- Takashi, Tsutsumi 2012. "MIS3 edge-ground axes and the arrival of the first Homo sapiens in the Japanese archipelago." *Quaternary International* 248: 70-78.
- Tamang, Rakesh et al. 2018. "Reconstructing the demographic history of the Himalayan and adjoining populations." *Human Genetics* 137(2): 129-139.
- Tambets, Kristina et al. 2004. "The western and eastern roots of the Saami - the story of genetic 'outliers' told by the mitochondrial DNA and Y Chromosome." *American Journal of Human Genetics* 74: 661-682.
- Tamm, Erika et al. 2007. "Beringian standstill and spread of Native American founders." *Public Library of Science One* 2(9): e829.
- Taylor, R.E., David Glenn Smith and John R Southon 2001. "The Kennewick skeleton: chronological and biomolecular contexts." *Radiocarbon* 43(2B): 965-976.

Bibliographie

- Taylor, William Treal Taylor et al. 2020. "Early pastoral economies and herding transitions in Eastern Eurasia." *Scientific Reports* 10: 1001.
- Tcherenkov, Lev and Stéphane Laederich 2004. *The Rroma: otherwise known as Gypsies, Gitanos, Gyphtoi, Tsiganes, Ṭigani, Çingene, Zigeuner, Bohémiens, Travellers, Fahrende, etc.* Schwabe Verlag.
- Thangaraj, Kumarasamy et al. 2003. "Genetic affinities of the Andaman Islanders, a vanishing human population." *Current Biology* 13: 86-93.
- Thomason, Sarah G. 2001. *Language Contact: An Introduction*. Washington, DC: Georgetown University Press.
- Thurgood, Graham 1994. "Tai-Kadai and Austronesian: the nature of the historical relationship." *Oceanic Linguistics* 33(2): 345-368.
- Tishkoff, Sarah A. et al. 2007. "History of click speaking populations of Africa inferred from mtDNA and Y chromosome genetic variation." *Molecular Biology and Evolution* 24(10): 2180-2195.
- Tofanelli, Sergio et al. 2009a. "On the origins and admixture of Malagasy: new evidence from high resolution analyses of paternal and maternal lineages." *Molecular Biology and Evolution* 26(9): 2109-2124.
- Tofanelli, Sergio et al. 2009b. "J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements." *European Journal of Human Genetics* 17: 1520-1524.
- Tranter, Nicholas 2012. "Introduction: typology and area in Japan and Korea." *The languages of Japan and Korea*. Edited by Nicolas Tranter. Oxon, UK: Routledge, pp. 3-23.
- Trask, R.L. 1996. *Historical Linguistics*. London: Arnold.
- Tremayne, Andrew 2015. "New Evidence for the timing of Arctic Small Tool Tradition coastal settlement in northwest Alaska." *Alaska Journal of Anthropology* 13(1): 1-18.
- Triki-Fendri, Soumaya et al. 2015. "Paternal lineages in Libya inferred from Y-chromosome haplogroups." *American Journal of Physical Anthropology* 57: 242-251.
- Trinkaus, Erik et al. 2003. "An early modern human from the Peștera cu Oase, Romania." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 100(20): 11231-11236.
- Trivedi, R. et al. 2008. "Genetic imprints of Pleistocene origins of Indian populations: a comprehensive phylogenetic sketch of Indian Y-chromosomes." *International Journal of Human Genetics* 8(1-2) 97-118.
- Trombetta, Beniamino et al. 2015. "Phylogeographic refinement and large-scale genotyping of human Y chromosome haplogroup E provide new insights into the dispersal of early pastoralists in the African continent." *Genome Biology and Evolution* 7(7): 1940-1950.
- Tumonggor, Meryanne K. et al. 2014. "Isolation, contact and social behavior shaped genetic diversity in West Timor." *Journal of Human Genetics* 59: 494-503.
- Turney, Chris S.M. and Heidi Brown 2007. "Catastrophic early Holocene sea level rise, human migration and the Neolithic transition in Europe." *Quaternary Science Reviews* 26: 2036-2041.
- Underhill, Peter A. et al. 1996. "A pre-Columbian Y chromosome-specific transition and its implications for human evolutionary history." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 93: 196-200.
- Underhill, Peter A. et al. 2000. "Y chromosome variation and the history of human populations." *Nature Genetics* 26: 358-361.

Bibliographie

- Underhill, P.A. et al. 2001. "The phylogeography of Y chromosome binary haplogroups and the origins of modern human populations." *Annals of Human Genetics* 65: 43-62.
- Underhill, Peter A. et al. 2007. "New phylogenetic relationships for Y-chromosome haplogroup I." In: *Rethinking the Human Revolution*. Edited by P. Mellars et al. Cambridge, UK: McDonald Institute for Archaeological Research, pp. 33-42.
- Underhill, Peter A. et al. 2015. "The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a." *European Journal of Human Genetics* 23: 124-131.
- United Nations Educational, Scientific and Cultural Organization (UNESCO). Gobustan Rock Art Cultural Landscape. Accessed September 11, 2021. <https://whc.unesco.org/en/list/1076/>.
- Vajda, Edward 2009. "The Languages of Siberia." *Language and Linguistics Compass* 3(1): 424-440.
- Valverde, Laura et al. 2016. "European paternal lineage M269: dissection of the Y-SNP S116 in Atlantic Europe and Iberia." *European Journal of Human Genetics* 24: 437-441.
- Varzari, Alexander et al. 2009. "Searching for the origins of Gagauzes: inferences from Y-chromosome analysis." *American Journal of Human Biology* 21: 326-336.
- Velichko, A.A. et al. 2009. "Initial human settlement of East European Plain." In: *The East European Plain on the Eve of Agriculture*. Edited by Pavel M. Dolukhanov, Graeme R. Sarson and Anvar M. Shukurov. BAR International Series 1964. Oxford, UK: Archaeopress, pp. 17-21.
- Venkateswar, Sita 1999. "The Andaman Islanders." *Scientific American* 280 (5): 82-88.
- Vennemann, Theo 1994. "Linguistic reconstruction in the context of European prehistory." *Transactions of the Philological Society*, 92(2): 215-284.
- Vennemann, Theo 2000. "Zur Entstehung des Germanischen." *Sprachwissenschaft* 25(3): 233-269.
- Völgyi, Antonia et al. 2008. "Haplogroup distribution of Hungarian population and the largest minority group." *Forensic Science International Genetics Supplement Series* 1: 383-385.
- Voskarides, Konstantinos et al. 2016. "Y-chromosome phylogeographic analysis of the Greek-Cypriot population reveals elements consistent with Neolithic and Bronze Age settlements." *Investigative Genetics* 7:1.
- Wang, Chuan Chao et al. 2013a. "Late Neolithic expansion of ancient Chinese revealed by Y chromosome haplogroup O3a1c-002611." *Journal of Systematics and Evolution* 51(3): 280-286.
- Wang, Chuan-Chao and Hui Li 2013b. "Inferring human history in East Asia from Y chromosomes." *Investigative Genetics* 4:11.
- Wang, Chuan-Chao et al. 2014. "Genetic structure of Qiangic populations residing in the Western Sichuan Corridor." *Public Library of Science One* 9(8): e103772.
- Waterman, John T. 1976. *A History of the German Language: with Special Reference to the Cultural and Social Forces that Shaped the Standard Literary Language*. Seattle: University of Washington Press.
- Waters, Michael R. et al 2011. "Pre-Clovis mastodon hunting 13,800 years ago at the Manis Site Washington." *Science* 334: 351-353.
- Wedage, Oshan et al. 2019. "Specialized rainforest hunting by Homo sapiens ~45,000 years ago." *Nature Communications* 10: 739.

Bibliographie

- Wei, Lan-Hai and Hui Li 2017. "Fuyan human of 120–80 kya cannot challenge the Out-of-Africa theory for modern human dispersal." *Science Bulletin* 62: 316-318.
- Wei, Lan-Hai et al. 2017a. "Phylogeography of Y-chromosome haplogroup O3a2b2-N6 reveals patrilineal traces of Austronesian populations on the eastern coastal regions of Asia." *Public Library of Science One* 5:12(4): e0175080.
- Wei, Lan-Hai et al. 2017b. "Phylogeny of Y-chromosome haplogroup C3b-F1756, an important paternal lineage in Altaic-speaking populations." *Journal of Human Genetics* 62: 915-918.
- Wei, Lan-Hai et al. 2018. "Paternal origin of Paleo-Indians in Siberia: insights from Y-chromosome sequences." *European Journal of Human Genetics* 26: 1687-1696.
- Wegwerth, Antje et al. 2021. "Black Sea hydroclimate and coupled hydrology was strongly controlled by high-latitude glacial climate dynamics." *Communications, Earth and Environment* 2: 63.
- Westaway, K. et al. 2017. "An early modern human presence in Sumatra 73,000–63,000 years ago." *Nature* 548: 322–325.
- White, Tim D. et al. 2003. "Pleistocene Homo sapiens from Middle Awash, Ethiopia." *Nature* 423: 742-747.
- Whitman, John 2012. "The relationship between Japanese and Korean." *The languages of Japan and Korea*. Edited by Nicolas Tranter. Oxon, UK: Routledge, pp. 24-38.
- Whitney, Bronwen et al. 2014. "Pre-Columbian raised-field agriculture and land use in the Bolivian Amazon." *The Holocene* 24(2): 231-241.
- Wilkin, Shevan et al. 2020. "Dairy pastoralism sustained eastern Eurasian steppe populations for 5,000 years." *Nature Ecology and Evolution* 4: 346–355.
- Wilkins, Jayne et al. 2020. "Innovative Homo sapiens behaviours 105,000 years ago in a wetter Kalahari." *Nature* 592: 248-252.
- Williams, Jack F. 2003. "Who are the Taiwanese? Taiwan in the Chinese diaspora." In: *The Chinese Diaspora. Space, Place, Mobility and Identity*. Edited by Laurence J.C. Ma and Carolyn Cartier. Rowman and Littlefield Publishers, pp. 163-189.
- Williams, Thomas J. and David B. Madsen 2020. "The Upper Paleolithic of the Americas." *PaleoAmerica*, 6(1): 4-22.
- Wilson, Samuel M. 2007. *The Archaeology of the Caribbean*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, pp. 59-136.
- Winford, Donald 2003. *An Introduction to Contact Linguistics*. Malden, MA: Blackwell.
- Winters, Clyde 2010. "Y-Chromosome evidence of an African origin of Dravidian agriculture." *International Journal of Genetics and Molecular Biology* 2(3): 30-33.
- Wood, Elizabeth T. 2005. "Contrasting patterns of Y chromosome and mtDNA variation in Africa: evidence for sex-biases demographic processes." *European Journal of Human Genetics* 13: 867-876.
- Wu, Tianyi, and Bengt Kayser 2006. "High altitude adaptation in Tibetans." *High Altitude Medicine and Biology* 7(3): 193-208.
- Wu, Qiao et al. 2020. "Phylogenetic analysis of the Y-chromosome haplogroup C2b-F1067, a dominant paternal lineage in Eastern Eurasia." *Journal of Human Genetics* 65: 823–829.

Bibliographie

- Xia, Zi-Yang et al. 2019. "Inland-coastal bifurcation of southern East Asians revealed by Hmong-Mien genomic history." bioRxiv preprint. <https://doi.org/10.1101/730903>.
- Xue, Yali et al. 2006. "Male demography in East Asia: a north-south contrast in human population expansion times." *Genetics* 172: 2413-2439.
- Yan, Shi et al. 2014. "Y chromosomes of 40% of Chinese descend from three Neolithic super-grandfathers." *Public Library of Science One* 9(8): e105691.
- Yanchilina, Anastasia G. et al. 2017. "Compilation of geophysical, geochronological, and geochemical evidence indicates a rapid Mediterranean-derived submergence of the Black Sea's shelf and subsequent substantial salinification in the early Holocene." *Marine Geology* 383: 14-34.
- Yang, Jian et al. 2017. "Genetic signatures of high-altitude adaptations in Tibetans." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 114(16): 4189-4194.
- Yang, Melinda A. et al. 2017. "40,000-year-old individual from Asia provides insight into early population structure in Eurasia." *Current Biology* 27: 3202-3208.
- Yanko-Hombach, Valentina et al. 2007. "Controversy over the great flood hypotheses in the Black Sea in light of geological, paleontological, and archaeological evidence." *Quaternary International* 167-168: 91-113.
- Yatoo, Mumtaz et al. 2020. "New evidence from the Kashmir Valley indicates the adoption of East and West Asian crops in the western Himalayas by 4400 years ago." *Quaternary Science Advances* (2): 100011.
- YCC 2002. "A nomenclature system for the tree of human Y-chromosome binary haplogroups." *Genome Research* 12: 339-348.
- Yi, Mingjie et al. 2015. "Rethinking the origin of microblade technology: A chronological and ecological perspective." *Quaternary International* 400: 130-139.
- Yunusbayev, Bayazit et al. 2012. "The Caucasus as an asymmetric semipermeable barrier to ancient human migrations." *Molecular Biology and Evolution* 29(1): 359-365.
- Zalloua, Pierre A. et al. 2008. "Y-chromosome diversity in Lebanon is structured by recent historical events." *The American Journal of Human Genetics* 82: 873-882.
- Zegura, Stephen L. et al. 2004. "High-resolution SNPs and microsatellite haplotypes point to a single, recent entry of Native American Y chromosomes into the Americas." *Molecular Biology and Evolution* 21(1): 164-175.
- Zerjal, Tatiana et al. 1997. "Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis." *American Journal of Human Genetics* 60: 1174-1183.
- Zhang Chi and Hsiao-chun Hung 2008. "The Neolithic of Southern China – origin, development, and dispersal." *Asian Perspectives* 47(2): 299-329.
- Zhang Chi and Hsiao-chun Hung 2010. "The emergence of agriculture in southern China." *Antiquity* 84: 11-25.
- Zhang, Chi and Hsiao-chun Hung 2012. "Later hunter-gatherers in southern China, 18000–3000 BC." *Antiquity* 86: 11-29.
- Zhang, Dong Ju et al. 2016. "History and possible mechanisms of prehistoric human migration to the Tibetan Plateau." *Science China Earth Science* 59(9): 1765-1778.

Bibliographie

Zhang, Xiaoming et al. 2015. "Y-chromosome diversity suggests southern origin and Paleolithic backwave migration of Austro-Asiatic speakers from eastern Asia to the Indian subcontinent." *Scientific Reports* 5:154 86.

Zhao, Zhijun 2011. "New archaeobotanic data for the study of the origins of agriculture in China." *Current Anthropology* 52(S4): S295-S306.

Zhivotovsky, Lev. A. et al. 2004. "The effective mutation rate at Y-chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time." *American Journal of Human Genetics* 74: 50-61.

Zhong, Hua et al. 2011. "Extended Y-chromosome investigations suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route." *Molecular Biology and Evolution* 28(1): 717-727.

Zvelebil, Marek 2006. "Mobility, contact, and exchange in the Baltic Sea basin 6000–2000 BC." *Journal of Anthropological Archaeology* 25: 178–192.

Zwyns, Nicolas et al. 2019. "The northern route for human dispersal in central and northeast Asia: new evidence from the site of Tolbor-16, Mongolia." *Scientific Reports* 9:11759.

Über Dr. St. Clair.



Dr. Michael St. Clair hat einen Dokortitel in German Linguistics von der University of California, Berkeley. Während seines Studiums belegte Dr. St. Clair Einführungskurse in Biologie, Chemie und Anthropologie. Dies bildete die Grundlage für die Erkundung des Potenzials genetischer Daten als Instrument für die Sprachforschung. Im Jahr 2012 hielt er einen Vortrag auf einer Linguistikkonferenz, um Daten aus seiner Dissertation vorzustellen. Er erklärte, dass die Y-Chromosomen-Variation in Europa dazu beiträgt, die Vorgeschichte der germanischen Sprachen zu entschlüsseln. Anschließend schlug ein Zuhörer vor, dass seine Argumentation noch überzeugender wäre, wenn er die Nützlichkeit von Y-Chromosom-

Daten für nicht-germanische Sprachen aufzeigen würde. Im Jahr 2013 begann er mit der Arbeit am Genetic-Linguistic Interface Project. Das Projekt verfolgte zwei Ziele. Das erste Ziel bestand darin, genügend Daten zu sammeln. Schließlich wurde eine Datenbank aufgebaut, um die große Menge an Informationen zu verwalten, die durch seine Forschung aufgedeckt wurde. Das zweite Ziel war die Entwicklung einer Methodik zur Nutzung genetischer Daten als Instrument für die Sprachforschung. Dr. St. Clair veröffentlichte im Dezember 2021 eine Open Access Monografie, die seine methodische Lösung erläutert. Eine deutsche Übersetzung der Originalmonografie von 2021 wurde 2023 veröffentlicht.