



Bestimmung der keltotocharischen Abstammung

Seit es den Menschen gibt, wird über seine Abstammung gerätselt. Schließlich ist der *Homo sapiens* wie jede Art das Ergebnis von zahlreichen Mutationen, die zu den fundamentalen Wirkprinzipien des Lebens gehören und entscheidende Auswirkungen auf die Nachkommenchaft haben. Die Masse der heute lebenden Menschen ist das Produkt eines im wesentlichen unkontrollierten Wachstumsprozesses. Ein solcher besitzt die Eigenschaft, exponentiell zu sein, und eine Exponentialfunktion startet immer mit dem Wert Eins. Das wären dann in der Tat jener Adam und jene Eva, von denen uns die Schöpfungsgeschichte berichtet. Dieses Ur-Elternpaar sind aber nicht die einzigen damals lebenden Menschen gewesen. Durch die moderne Genetik wissen wir, daß die Evolution kein stetiger Prozeß ist, sondern sich in Quantensprüngen vollzieht. Alle Menschen einer Rasse (Haplogruppe) haben bis zu einem bestimmten Zeitpunkt den gleichen gemeinsamen Vorfahren, bis durch eine Mutation der DNA des Y-Chromosoms bzw. der mitochondrischen Eva ein neuer Stammvater bzw. eine neue Stammutter ins Leben gerufen werden. Da sich mit jedem dieser Quantensprünge auch eine Reihe vorteilhafter Mutationen ergeben, werden der alte Stammvater und die alte Stammutter zurückgedrängt, nachdem die Neumutationen Verbreitung gefunden haben. Diese Verdrängung kann partiell, aber auch total sein. Im Isolat können die Vorgängerhaplogruppen dennoch überdauern. Daß es im Verlauf der jüngeren Menschheitsgeschichte nicht zu mehr als etwa vier Dutzend solcher Mutationen gekommen ist, zeigt, wie selten sich diese Vorgänge in Wirklichkeit ereignen. Dennoch baut jede Mutation auf der vorhergehenden auf, ein Rückfall in ein früheres stammesgeschichtliches Entwicklungsstadium ist nicht möglich. Allerdings sind väterliche und mütterliche Linie völlig voneinander unabhängig, ein Rückschritt in stammesgeschichtlicher Hinsicht beim jeweils anderen Geschlecht ist also immer möglich. Bei Mischlingen hinkt eine der beiden Abstammungslinien der anderen stets hinterher, und demnach fehlen bei ihnen auch eine Reihe erfolgreicher Mutationen. In der Krone des Stammbaums können demnach nur etwa gleich moderne Haplogruppen ein optimales Fortpflanzungsergebnis liefern. Damit ist natürlich nicht gesagt, daß eine früher vom Hauptast der Stammbaums abzweigende Haplogruppe nicht auch Fortschritte gemacht haben kann, definitiv fest steht allerdings, daß sie diese nur später nachvollzogen haben kann. Ein Teil der Menschheit bleibt hinter dem anderen also stets zurück. Die Sieger in diesem Rennen stehen allerdings nicht a priori fest. Stark veränderte Umweltbedingungen können völlig veränderte Ausgangssituationen schaffen, das mag in der Vergangenheit schon so gewesen sein, und das ist heute noch so. Eins scheint aber ziemlich sicher, daß nämlich der Europide sich nicht vom Negriden herleitet, sondern umgekehrt der Negride aus dem Europiden hervorgegangen ist bzw. beide einen gemeinsamen, heute ausgestorbenen Vorfahren hatten. Wenn es sich aber bewahrheiten sollte, daß sich *Homo sapiens* und Neandertaler tatsächlich gekreuzt haben, dann wäre der Neandertaler keine eigene Menschenart, sondern lediglich eine ausgestorbene Menschenrasse gewesen. Das wiederum würde bedeuten, daß der Europide einen gemeinsamen Vorfahren nicht nur mit dem Afrikaner teilt, sondern auch mit dem Neandertaler, welcher sogar der für seine geistige Entwicklung ausschlaggebende Vorfahre war. Insbesondere wäre dann der sogenannte „Germane“ mit seinen rötlich-blonden Haaren und seinen blauen Augen wohl ein direkter,



heute noch lebender Nachfahre des Neandertalers, den es bekanntlich außer in Europa und im Nahen Osten nirgendwo sonst auf der Welt gegeben hat.

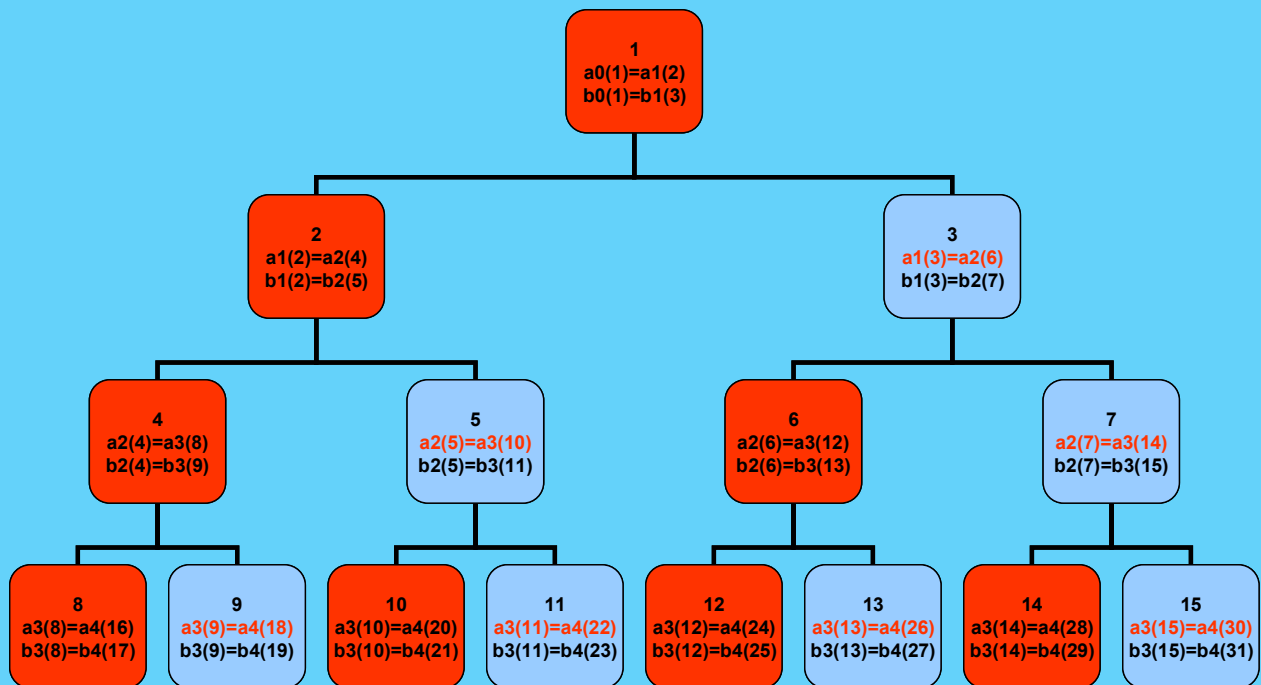


Abbildung 1: Leerformular für keltotocharische Abstammung

Als der Begriff »Indogermanen« geprägt wurde, wußte man noch nicht, daß Keltisch eine indogermanische Sprache ist. Auch wußte damals niemand, daß das in Ostturkestan lebende, heute ausgestorbene Volk der Tocharer wie die Kelten und Germanen zu den indogermanischen Kentumsprechern zählte. Folglich benannte man die heute als indogermanisch bekannte Sprachfamilie nach ihren westlichsten und östlichsten Vertretern: das waren im Westen die Germanen und im Osten die Inder. Aus moderner Sicht ist diese Definition allerdings veraltet und durch keltotocharisch zu ersetzen. Dabei ist das Wort tocharisch nicht mit arisch zu verwechseln, denn die Arier waren ein im Norden Persiens beheimatetes, relativ unbedeutendes Volk, das erst in der jüngsten Vergangenheit systematisch für Abstammungsnachweise mißbraucht wurde. Während der Zeit des Nationalsozialismus mußten Parteiangehörige und Beamte die sogenannte arische d.h. nichtjüdische Abstammung nachweisen. Dieser Nachweis beruhte ausschließlich auf Eintragungen in Kirchenbüchern, denn die moderne Genetik gab es damals noch nicht. Über die wahre Herkunft ließ sich durch diese Art der Bestimmung allerdings nur wenig aussagen, denn zum einen ließen sich damit leicht falsche Schlußfolgerungen ziehen, wenn beispielsweise Anhänger der jüdischen Religion einfach zum katholischen oder evangelischen Glauben konvertierten oder wenn die Geburt unehelich war und das Kind automatisch die Religion der Mutter übernahm und getauft wurde. Zum andern ging es den Na-

ANTHROPOLOGIE



tionalsozialisten genaugenommen gar nicht um Religion, sondern um die dubiose Feststellung jüdischer bzw. nichtarischer Rassenmerkmale. Aufgrund äußerer Anzeichen können diese aber nur sehr vage festgestellt werden. Nur wenn man die mitochondrische DNA bzw. die DNA des Y-Chromosoms unter die Lupe nimmt, kann man zweifelsfrei jüdische Haplogruppen anhand ihrer geographischen Verteilung mehr oder weniger gut lokalisieren. So sind etwa die Haplogruppen *J* und *T* im System der mitochondrischen Eva eindeutig dem Urvolk der Kanaaniter zuzuordnen, aber auch bestimmte Mutationen der Haplogruppe *H* deuten auf sephardische Linien hin. Beim Adam des Y-Chromosoms ist es die Haplogruppe *J*, welche im wesentlichen, wenn auch nicht ausschließlich, auf jüdische Herkunft hinweist.

Abstammung	Y-Adam	Alter	Abstammung	Ur-Eva	Alter
khoisanid	<i>A</i>		khoisanid	<i>L1</i>	174-107.600
bambutid	<i>B</i>		palänegrid	<i>L2</i>	104-84.000
australid	<i>C</i>	60.000	äthiopid	<i>L3</i>	104-84.000
sudanid	<i>ExE3b</i>	52.000	australid	<i>N</i>	71.000
ainuid	<i>D</i>	50.000	austronesisch	<i>R</i>	66.000
gondid	<i>F</i>	45.000	palämongolid	<i>M</i>	60.000
weddid	<i>H</i>	45-20.000	tungusid	<i>C</i>	60.000
papuasid	<i>K</i>	40-35.000	eskimid	<i>A</i>	60.000
indid	<i>R</i>	35-30.000	hasarisch	<i>Z</i>	
sinid	<i>O</i>	35-20.000	mongolid	<i>D</i>	60.000
paläosibirid	<i>P</i>	34-25.000	papuasid	<i>P</i>	
drawid	<i>L</i>	30-25.000	ugrisch	<i>U</i>	55.000
orientalid	<i>J</i>	30-25.000	polynesid	<i>B</i>	50.000
hamitisch	<i>T</i>	30-25.000	palämelanesid	<i>Q</i>	50.000
berberid	<i>E3b</i>	30.000	mesopotamisch	<i>J</i>	45.000
neomelanesid	<i>M</i>	30-10.000	proto-malayid	<i>F</i>	43.300
osteuropid	<i>R1a</i>	26.800	kurdisch	<i>K</i>	40-22.000
mediterranid	<i>R1b</i>	26.800	deutero-malayid	<i>E</i>	30.000
nordid, dinarid	<i>I</i>	25-23.000	turanid	<i>HV</i>	30.000
indianid	<i>Q</i>	20-15.000	altaisch	<i>X</i>	30.000
saamid	<i>N</i>	20-15.000	niwchisch	<i>Y</i>	
armenid, alpin	<i>G</i>	20-9.500	itelmanisch	<i>G</i>	
			indogermanisch	<i>H</i>	30-25.000
			kaukasisch	<i>I, W</i>	26.300
			finnisch	<i>V</i>	12.000
			ägyptisch	<i>T</i>	10.000

Tabelle 1: Haplogruppenklassifikation des Menschen

Man kann im engeren Sinne nur die Haplogruppen *R1a*, *R1b*, *H* und *V* als indogermanisch bezeichnen. Nicht zu den indogermanischen Haplogruppen zählen in Europa die Haplogruppe *N* der Samen, die Haplogruppe *E* der Berber, die Haplogruppe *I* der Germanen, die Haplo-

ANTHROPOLOGIE



gruppe *G* der Armenier und die Haplogruppe *J* der Juden. Im Sinne der genetischen Abstandsbestimmung sind *R1a* und *R1b* so eng miteinander verwandt, daß sie beide als indogermanisch angesehen werden müssen. Ebenso ist die Haplogruppe *I* der nordischen Rasse mit der Haplogruppe *J* der semitischen so eng verwandt, daß sie faktisch nicht unterschieden werden können. Streng genommen wird man selbst die Haplogruppe *R*, von der sich die beiden herleiten, und die heute überwiegend in Persien vorkommt, dazuzählen müssen. Damit muß man auch akzeptieren, daß sie in einem Teil der negriden Bevölkerung Kameruns auftritt. Im System der mitochondrischen Eva wären demnach nur die Haplogruppen *H* und *V*, die über *HV* miteinander verwandt sind, als indogermanisch zugelassen, die Haplogruppen *U* und *K* indes, die in Europa ebenfalls signifikant vorkommen, wird man ausschließen müssen. Wer also unter seinen Ahnen nur die Haplogruppen *R1a*, *R1b*, *I*, *H* oder *V* vorfindet, ist mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit indogermanischer Abstammung, also entweder Kelte, Hellene, Romane, Slawe, Sikh, Perser, Finne oder Germane.

Auch wenn keine schriftlichen Aufzeichnungen existieren, so kann dennoch jeder heute lebende Mensch seine Abstammung bis zum ersten lebenden *Homo sapiens*, der genetische Spuren hinterlassen hat, zurückverfolgen.

Das Erbgut eines jeden Menschen stammt bekanntlich zur Hälfte vom Vater, zur anderen Hälfte von der Mutter. Geschwister haben den gleichen Vater und die gleiche Mutter, und somit besitzt nicht jeder von uns einen eigenen, nur für ihn maßgeblichen Vorfahren, denn sonst würden wir uns nach n Generationen auf insgesamt 2^n verschiedene Urahnen zurückführen, was eine unglaublich große Zahl ergäbe.

Blutsverwandte definieren sich bekanntlich dadurch, daß sie einen oder mehrere gemeinsame Ahnen teilen, mit denen sie in einem Vergleich genetischer Merkmale übereinstimmen. Gewisse dieser Merkmale, die statistisch gesehen mit jeder weiteren Generation mit 50prozentiger Wahrscheinlichkeit wieder verlorengehen, bleiben indes immer erhalten, egal, über wie viele Generationen man sie zurückverfolgt. Es sind dies die Haplogruppe der mitochondrischen Eva, die nur von der Mutter vererbt werden kann, und die vom Vater auf den Sohn übertragbare, nur mit dem Y-Chromosom vererbte Haplogruppe des Adam des Y-Chromosoms. Frauen, die ihren Vater nicht kennen, können demnach nur ihre mütterliche Herkunft bestimmen. Da über eine DNA-Analyse die verwandtschaftlichen Beziehungen äußerst genau festgestellt werden können, ist es stets möglich, gemeinsame Vorfahren zu ermitteln. Deren gibt es nur begrenzt, auch wenn man noch so weit zurückgeht, d.h. die gesamte heute lebende Menschheit führt sich auf endlich viele, überschlägig etwa vier Dutzend gemeinsame Ahnen zurück, und das sowohl auf seiten der mütterlichen als auch der väterlichen Linie. Diese genetischen Urahnen unterscheiden sich jeweils nur durch eine oder mehrere Mutationen, die zwischen ihnen liegen, und es baut eine auf der anderen auf. Der Stammbaum des Menschen hat nämlich eine dendritische Struktur, um es in den Worten der Chaostheorie auszudrücken. Daß alle Menschen über nur wenige Personen miteinander verwandt sind, heißt natürlich nicht, daß zu Lebzeiten dieser gemeinsamen Vorfahren nur diese allein gelebt haben, es heißt nur, daß die Nachfahren aller anderen mittlerweile ausgestorben sind, da deren Mutationen offenbar nicht überlebensfähig waren. Wenn in einer Haplogruppe nur vier pathologische Gene gleichverteilt auftreten, stirbt sie statistisch gesehen aus. Es zeigt sich auch, daß erfolgreiche Mutationen sich nicht jeden Tag, sondern nur in längeren Zeitabständen er-



eigenen. Jede der heute existierenden Haplogruppen war auf ihre Weise erfolgreich, diejenigen, die es nicht waren, gibt es inzwischen nicht mehr. Der selektive Erfolg einer Haplogruppe bemisst sich allerdings nur bis zum Ablauf des geschlechtsreifen Alters, weil nach diesem die Selektion nicht mehr wirksam ist. Man kann beispielsweise nicht argumentieren, die mtDNA-Haplogruppe *H* sei nicht erfolgreich gewesen, nur weil ein Viertel ihrer Träger an Altersdemenz erkranken. Der langfristige Erfolg einer Haplogruppe erweist sich vielmehr darin, wie sehr sie sich durchgesetzt hat, und genau aus diesem Grund ist die Haplogruppe *H* der Indogermanen die wohl erfolgreichste gewesen, auch wenn sie sich mittlerweile, der veränderten Lebensbedingungen wegen, auf dem absteigenden Ast befindet. Die bevölkerungsreichste mtDNA-Haplogruppe der Welt dürfte allerdings die in Indien und China stark vertretene Haplogruppe *M* sein, die sich aber in viele Unterhaplogruppen aufspaltet.

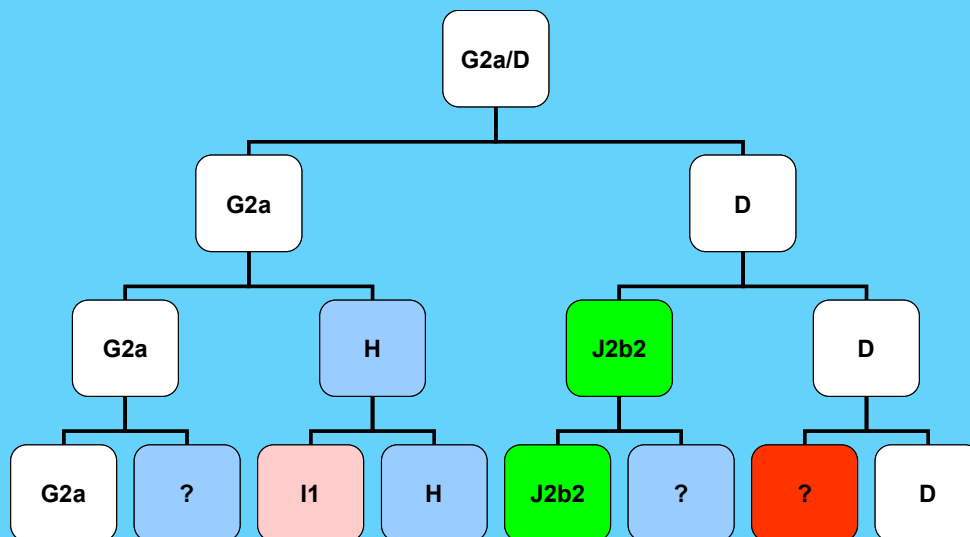


Abbildung 2: Beispiel eines Abstammungsbaumes nicht keltotocharischer Abstammung

Menschen, die in ihren genetischen Merkmalen übereinstimmen, müssen bis zu einer bestimmten Generation einen gemeinsamen Vorfahren gehabt haben. Durch Vergleich genetischer Marker lassen sich ganze Stammbäume erstellen, deren Zweige irgendwo auseinanderlaufen. Für die Bestimmung der eigenen Abstammung können daher auch weitläufige Verwandte herangezogen werden, sofern man mit ihnen nur gemeinsame Vorfahren sprich gleiche Haplogruppen teilt. In der Regel kann jeder Mann bei sich seine eigenen Haplogruppen bestimmen lassen, die mitochondrische Eva durch einen mtDNA-Test, den Adam des Y-Chromosoms durch einen Y-DNA-Test. In der nächsten Generation überträgt man die Y-Haplogruppe automatisch auf den Vater, von dem man sie ja erbt, und die mitochondrische Eva analog auf die Mutter. Nun hat jeder Mensch aber auch vier Großeltern, allerdings haben sowohl der Großvater mütterlicherseits als auch die Großmutter väterlicherseits keine unmittelbar der Messung zugänglichen genetischen Spuren in unseren Mitochondrien bzw. auf dem Y-Chromosom hinterlassen. Das gilt indes nicht für unsere Eltern, denn die mitochondrische Eva unserer Großmutter väterlicherseits und der Adam des Y-Chromosoms unse-



res Großvaters mütterlicherseits sind direkt oder indirekt bei ihnen vorhanden. Es reicht also nicht, nur das Erbgut unserer Eltern auszuwerten, denn um die väterliche Linie der Mutter in Erfahrung zu bringen, muß auf deren Brüder bzw. deren männliche Nachkommen oder Vorfahren zurückgegriffen werden. Hat die Mutter keinen Bruder oder Vater mehr, so kommen eben die Brüder ihres Vaters bzw. deren männliche Nachkommen für Vergleiche in Frage. Wenn eine männliche Linie ausgestorben ist, so muß man sie nur weit genug zurückverfolgen, um eines gemeinsamen Vorfahren fündig zu werden. Dieses Verfahren kann man auf jede frühere Generation anwenden, bis man von jedem männlichen als auch weiblichen Vorfahren dessen weitergegebene Haplogruppe festgestellt hat. Auf diese Weise erhält man ein gleichmäßig geschlossenes Abstammungsbild aller seiner Vorfahren.

Hat man nun in seiner eigenen Generation 2, in der Elterngeneration 4, in der Großeltern- generation 8 und in der n ten Generation 2^n Haplogruppen sicher bestimmt und in Anteile $z_1/2^n, z_2/2^n, \dots, z_m/2^n$ zerlegt, wobei $z_1 + z_2 + \dots + z_m = 2^n$, so läßt sich eine Folge $z_1/2^n > z_{l+1}/2^n > \dots > z_p/2^n$ konstruieren, welche in dieser Reihenfolge die Zuordnung zu den einzelnen Urvölkern festlegt. Die Zugehörigkeit zum Hauptvolk wird dabei durch $z_l/2^n$ beschrieben, aber von einer Reinrassigkeit läßt sich überhaupt nur dann sprechen, wenn dieser Wert größer oder gleich 87,5 % ist. Wer also in seiner Großeltern- generation 8 verschiedene Haplogruppen aufweist, ist keinem Volk wirklich zugehörig und kann nur als Mischling eingestuft werden. Es zeigt sich aber auch, daß das Auftreten nur einer rassenfremden Linie, sollte es dabei bleiben, ihren Einfluß schnell verliert, da ihr Beitrag im Limes n gegen Unendlich eine Nullfolge bildet, d.h.

$$\lim_{n \rightarrow \infty} 1/2^n = 0.$$

Selbst k identische Haplogruppen gehen im Grenzwert für große n immer noch gegen Null, solange $k < 2^n$. Natürlich hat der *Homo sapiens* seit seinem Bestehen nicht unendlich viele Generationen durchlaufen, denn man kann eine Art nur bis zur Entstehung der jeweils ersten Haplogruppe zurückverfolgen, danach muß man bei derjenigen fortsetzen, aus der sie hervorgegangen ist. Ohnehin würde man bei einem Zurückrechnen überraschende Effekte feststellen, denn nach dem Entropiegesetz müßte die genetische Reinheit zunehmen, ein einziges Urvolk sich immer stärker herauskristallisieren, indem die beigemischten Haplogruppen zunehmend verschwinden, bis das Stadium der Inzucht erreicht ist, das nur noch aus zwei Haplogruppen besteht: einem Adam des Y-Chromosoms und einer mitochondrischen Eva. Inzwischen ausgestorbene Haplogruppen lassen sich nur fossil untersuchen.

Quer durch alle Linien gibt es bei n Generationen 2^n Unbekannte. Jedem Menschen, der nur seine väterliche und mütterliche Linie kennt, fehlen also $2^n - 2$ Informationen über seine Herkunft: in der Elterngeneration ($n = 1$) 0, in der Großeltern- generation ($n = 2$) 2, in der Ur- großeltern- generation ($n = 3$) 6 usw. Wer hingegen auch seine großelternlichen Haplogruppen kennt, dem fehlen in der n ten Generation nur noch $2^n - 2^2$ Informationen, also in der Großeltern- generation ($n = 2$) 0, in der Ur- großeltern- generation ($n = 3$) 4, in der Urur- großeltern- generation ($n = 4$) 12 usw. Erst, wer alle seine Haplogruppen bis zur n ten Generation kennt, besitzt



alle Informationen, um eine Abstammungsbestimmung auch durchführen zu können. Wer ein halbwegs vernünftiges Ergebnis erzielen möchte, der sollte seine Haplogruppen über wenigstens 7 Generationen zurückverfolgen können, doch dazu wären abzüglich der eigenen Haplogruppen bei Männern 122 bzw. bei Frauen 123 zusätzliche Messungen erforderlich. Aber auch schon ab der 3. Generation lassen sich gewisse Tendenzen erkennen.

In Abbildung 1 ist ein Leerformular eines genetischen Ahnenpasses veranschaulicht. Jedes Kästchen ist einem eigenen Vorfahren gewidmet. Männliche Vorfahren erhalten dabei eine geradzahlige Nummer, weibliche eine ungeradzahlige. Lediglich die Nummer 1 bleibt uns selbst vorbehalten, egal, ob wir männlichen oder weiblichen Geschlechts sind. In der Zeile darunter wird die Haplogruppe des Adam des Y-Chromosoms eingetragen, kenntlich am Buchstaben a . Für die mitochondrische Eva haben wir den Buchstaben b reserviert. Die entsprechende Haplogruppe tragen wir in der dritten Zeile ein. Dabei gelten hinsichtlich der Generationenerbfolge die folgenden Rekursionsformeln:

$$\begin{aligned} a_n(2^n + i) &= a_{n+1}(2^{n+1} + 2i) \\ b_n(2^n + i) &= b_{n+1}(2^{n+1} + 2i + 1) \end{aligned}$$

wobei der Index i von 0 bis $2^n - 1$ läuft, also in der 1. Generation 1, in der 2. Generation 4, in der 3. Generation 8 Werte aufweist usw. Der Grad der Zugehörigkeit zu einem bestimmten Urvolk läßt sich an folgender Formel festmachen,

$$H_n = \frac{1}{2^{n+1}} \sum_{i=0}^{2^n-1} (\alpha_n(2^n + i) + \beta_n(2^n + i)),$$

wobei im Falle der keltotocharischen Abstammung für die Koeffizienten gilt:

$$\alpha_n(2^n + i) = \begin{cases} 1 & \text{falls } a_n(2^n + i) \in \{R1b, R1a, I\} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

$$\beta_n(2^n + i) = \begin{cases} 1 & \text{falls } b_n(2^n + i) \in \{H, V\} \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$$

Bestätigt sich eine bestimmte Abstammung, so gilt im Grenzwert

$$\lim_{n \rightarrow \infty} H_n = 1.$$

Solange jedoch kein eindeutiger Grenzwert erreicht ist, bleibt die Herkunft unbestimmt. Eine gemischte Herkunft ist aber eher die Ausnahme, es sei denn, daß die eheliche Verbindung im ausgehenden 20. Jahrhundert eingegangen wurde, denn früher waren Mischehen eher selten. Ähnliche Abstammungstafeln kann man auch für jedes andere Urvolk festlegen, man muß nur



die richtige Zuordnung zwischen dem Adam des Y-Chromosoms und der mitochondrischen Eva treffen.

Eine zusammenfassende Übersicht über die verschiedenen Urvölker liefert Tabelle 1. Die meisten West- und Südeuropäer sind keltotocharischer Abstammung, während Osteuropäer in der Regel skythoslawischer Herkunft sind. Finno-ugrisch besetzte Regionen sind Nord- und Südosteuropa, aber auch Teile Mitteleuropas. Die Samen, Roma, Berber, Armenier und Juden sind aus dem Nahen Osten eingewandert bzw. umgesiedelt worden und stellen daher nicht die Urbevölkerung Europas dar. Lediglich die Finno-Ugrier, zu denen im Norden die Germanen, im Süden die Illyrer zählen, könnten noch früher in Europa ansässig gewesen sein, wie immer die Umschichtungen auch gewesen sein mögen, die später eingetreten sind.

In Abbildung 2 ist auch ein Beispiel für eine nicht keltotocharische Abstammung angegeben. Väterlicherseits liegt die alanische Haplogruppe *G* vor, während die Herkunft mütterlicherseits mesopotamisch ist. Der Großvater mütterlicherseits ist jüdischer Herkunft, die Mutter väterlicherseits Indogermanin, der Vater der Großmutter väterlicherseits Germane. Der Koeffizient H_0 ist gleich Null, eine keltotocharische Abstammung liegt nicht vor. Der Koeffizient H_1 ist gleich $1/4$, weitere keltisch-germanische Vorfahren lassen sich vermuten. Ob die Folge H_n deswegen schon gegen 1 konvergiert, läßt sich daraus noch nicht ableiten, vor allem, weil in der Großelterngeneration vier Haplogruppen noch nicht bestimmt sind. Sollte sich die keltotocharische Abstammung hingegen bestätigen, müßten mindestens noch zwei weitere indogermanische Haplogruppen festgestellt werden. Insbesondere fehlen ein Urgroßvater väterlicher- als auch mütterlicherseits sowie je eine Urgroßmutter väterlicher- und mütterlicherseits.

Anhand der festgestellten Haplogruppen können wir uns ein recht aufschlußreiches Bild über die Herkunft der hier betrachteten Person machen und ihre Umgebung nach genetischen Übereinstimmungen absuchen. So ist beispielsweise die Haplogruppe *G* die derzeit jüngste Haplogruppe des Y-Adams. Ihr Maximum liegt in Ossetien sowie im benachbarten Georgien. Der Zeitpunkt ihrer Entstehung wird mit dem Übergang vom Jäger und Sammler zur Sesshaftigkeit in Verbindung gebracht. Das setzt die Domestizierung von „Getreide“ voraus. Die Kultivierung von Gräsern ist aber sicher nicht im Zweistromland geglückt, weil dazu erst die Idee der künstlichen Bewässerung geboren werden mußte, welche wiederum das Schöpfrad voraussetzt. Ebenso wie die Domestizierung des Pferdes und die Erfindung des Rades kann auch die Züchtung von Getreide nur in den grasreichen Ländern nördlich des Kaukasus und östlich des Schwarzen Meeres gelungen sein, im Land Sumer. Lange bevor die ersten skythischen Stämme nördlich des Kaukasus eintrafen, spaltete sich die Haplogruppe *G* von der Haplogruppe *F* ab, deren Verbreitungsgebiet bis weit nach Zentralasien reicht. Ins Zweistromland gelangte die Haplogruppe *G* vermutlich über Ostanatolien oder auf dem schon damals bekannten Weg der Seidenstraße. Es ist sicher falsch, die Haplogruppe *G* mit den Skythen, speziell den Alanen, in Verbindung zu bringen, denn der skythische Einfall in Mesopotamien passierte erst sehr viel später. Zudem sprachen die Alanen eine indogermanische Sprache, die grundlegend wesensverschieden von der Sprache der Sumerer ist. Auch die Armenier und Georgier sprechen indogermanische Sprachen, die aber von späteren Völkern dorthin gebracht wurden. Des weiteren war es nicht historische Tradition skythischer Völker, Festungen anzulegen. Dies ist eher der Kultur sumerischer Städtegründer zuzuschreiben. Im übrigen findet



sich die Haplogruppe *G* auch unter den Etruskern, die sich auf die Trojaner zurückführen, welche wiederum aus Kleinasien stammen, wo die Haplogruppe *G* ebenfalls recht häufig vorkommt.

Die Haplogruppe *J2* stammt aus Palästina und findet unter den Juden ihre größte Verbreitung. Sie wurde in ägyptischen Pharaonengräbern gefunden und bei Ausgrabungen in der Stadt Jericho, einem der ältesten dauerhaft besiedelten Plätze der Welt. Die mitochondrische Haplogruppe *J* schließlich stammt ebenfalls aus dem Nahen Osten und besitzt ihr Häufigkeitsmaximum im heutigen Mesopotamien. Die nordische Haplogruppe *I1* schließlich nimmt von den Germanen Nordeuropas ihren Ausgang. Durch vergleichende Merkmalsbestimmung können also die einzelnen Linien bis in ihr Ursprungsland zurückverfolgt werden und liefern somit eine Fülle für Forschungszwecke wichtiger Details.

Am effizientesten können Gentests demnach in der Familien- und Sippenforschung eingesetzt werden, wo man mit den klassischen, sich der Kirchenbücher bedienenden Methoden nicht weiter kommt als bis ins 16. Jahrhundert. Wenn alle Menschen sich einem solchen Abstammungstest unterziehen würden, wäre so manches Rätsel der Vergangenheit schnell gelöst. Die ganze Geschichte könnte aufgedeckt oder müßte teils neu geschrieben werden. Vor allem aber hätte man sichere Beweise für viele offene Fragen, denn Gene lügen nicht.