



Östliches Eden - Der versunkene Kontinent Südostasien

Aus: Stephen Oppenheimer, *Eden in the East – The Drowned Continent of Southeast Asia*

Wandern Ur-Mütter und -Väter in Richtung Westen?

Die mtDNA-Verteilung der F-Mutter, wie sie von Torroni und Mitarbeitern umrissen wurde, besitzt auch zwei isolierte Basen unter den kaukasischen Vertretern (die in Europa, im Mittleren Osten und unter den meisten Populationen auf dem indischen Subkontinent). Die eine von ihnen gehört zu einer Gruppe von Schweden und Finnen. Ein weiteres asiatisches Nebenmaximum findet sich in Skandinavien. Im allgemeinen haben kaukasische Bevölkerungen eine komplett andere mtDNA als Ostasiaten, immerhin leitet sich ein eigenständiger Beweis für ein asiatisches Eindringen ins arktische Europa aus dem väterlichen bzw. dem Chromosom des Y-Adams ab. Tatiana Zergal von der Universität Oxford hat zusammen mit ihren Kollegen eine Mutation eindeutig asiatischer Herkunft des Y-Chromosoms, die in uralischsprachigen Populationen Zentralasiens vorkommt, mit den sprachverwandten Finnen, Esten und Samen (Lappen) Nordeuropas und den Mari in Nordwestrußland in Verbindung gebracht. Einige Beispiele für diese Mutation treten auch in Norwegen zutage, was auf eine lokale Verbreitung in einigen norwegischsprachigen Bevölkerungen hindeutet. Aufgrund der Mutationsverteilung nehmen Zergal und ihre Kollegen eine hypothetische Herkunft aus dem Gebiet der Mongolei/Chinas an. Ein Individuum wurde sogar auf Japans Pazifikseite gefunden. Die Erklärung besagt, daß eine ursprünglich in Asien beheimatete Gruppe männlicher Migranten aus Innerasien ihre asiatische Sprache und männlichen Chromosomen bewahrte, aber viele ihrer ureigenen genetischen Eigenschaften mit europäischen Genen in Finnland, Estland und Nordwestrußland austauschte. Die Samen, die durch Felsgravuren bis 4200 v. Chr. zurückverfolgt werden können, sind genetisch die vielleicht engsten noch lebenden Verwandten jener ersten Migranten aus dem Osten: eine schamanistische Kultur, deren Legenden solche Migrationen festgehalten haben. Die finnische Mythologie besitzt, wie wir aus dem Epos Kalevala wissen, eindeutig asiatische und pazifische Wiederholungen. Ohne Zweifel leben diese Gene in einer viel ausgedehnteren Verteilung noch über Nordosteuropa fort.

Seltsamerweise erklärt der Beweis anhand des Y-Chromosoms den bemerkenswerten Unterschied im Erscheinungsbild zwischen den europäischstämmigen Finno-ugrisch-Sprechern und ihren Sprachvettern, den Uraliern, aus Zentral- und Nordasien – wahrscheinlich wegen der Ausdünnung ureigener asiatischer Genmerkmale in den ersteren. Es gibt noch andere mtDNA-



Verbindungen zwischen der asiatischen Pazifikregion und Europa, doch sind diese dürftig und bedürfen weiterer Untersuchungen. Das gesamte Ausmaß asiatischen Eindringens nach Europa während der Stein- und Bronzezeit, wie es durch Keramiktechniken und Rundschädelformen belegt ist, hat eine lange Tradition und bleibt kontrovers. Es liegt außerhalb des Umfangs dieses Buches.

Ich kann nun den Beweis für eine Ost-West-Ausbreitung anhand der genetischen Marker des Y-Adams und der Mutter-Eva wie folgt zusammenfassen: Die asiatische 9-bp-Deletion wurde von der südostasiatischen Mutter nach Südindien getragen, einer Frau, die möglicherweise von austronesischer Zunge war. Die Sippen der mütterlichen Haplogruppe *F* nach der Klassifizierung von Antonio Torroni, die weitaus deutlicher an die austroasiatischen Sprecher des asiatischen Festlands anknüpfen, breiten sich in nördlicher Richtung radial nach Indochina und Tibet und westwärts nach Nordindien aus, wie es das Modell des vorigen Kapitels vorschlägt. Die mütterlichen und väterlichen Spuren weisen auf eine mögliche weitere Ausbreitung dieser Leute bis nach Europa hin, entweder über Indien oder durch Zentralasien. Die heißesten Fährten sind in dieser Hinsicht diejenigen nach Finnland und Schweden.

Dieses vielversprechende Beweismaterial aus nicht miteinander verheirateten Genen des Ur-Adams und der Ur-Eva wird durch wissenschaftliche Studien an noch vielfältigeren und überaus fruchtbaren, ureigenen genetischen Markern reichlich unterstützt. Und wieder kommt einer der überzeugendsten Beweise auf Populationsgrundlage aus der Genkodierung des Hämoglobin-Moleküls, das für den Sauerstofftransport in unserem Blut verantwortlich ist.

Der Thalassämiegürtel von Pazifisch-Asien bis Europa

Hämoglobin besteht aus vier Protein-Untereinheiten, ähnlich den Knäuelketten, die als Globine bekannt sind. Im fertigen Hämoglobin sind diese aus Sätzen von je zwei Alpha-Globinen und Beta-Globinen zusammengesetzt (Abb. 28). Mutationen in den Genen, die für diese zwei Globine und einige andere Vertreter verantwortlich sind, können als populationsgenetische Marker Verwendung finden. In mancher Hinsicht gibt es ein Zuviel an Information über die geographische Mutationsverteilung in den Globin-Genen. Die meisten Untersuchungen beschäftigen sich mit Mutationen der Alpha- (α -) und Beta- (β -) Globin-Gene, die zur Thalassämie führen, einer Gruppe von erblichen Blutmerkmalen, die wie in Kapitel 6 beschrieben unterschiedliche Grade von Anämie hervorrufen. Karten über die Verbreitung der Alpha- und Beta-Thalassämie spiegeln die Verteilungskarten der Schöpfungsmythen wider, die ich in Teil II beschreiben werde. Obwohl einige der Thalassämieverteilungen Afrika getrennt ausweisen, sind Westindien nicht vertreten, und die betroffenen Regionen verteilen sich in einem Band vom Südpazifik im Südosten über Südostasien, Südchina, Indien, Arabien, den Mittleren Osten und schließlich den Mittelmeerraum im Nordwesten.

Die meisten dieser Mutationen sind in der Vergangenheit durch natürliche Selektion entstanden, weil sie den Träger malariaresistenter machen. Deswegen ist das ost-westliche Thalassämieband überwiegend durch die historische Verbreitung der Krankheit in Eurasien bestimmt. Malaria hängt umgekehrt von tropischen und subtropischen Temperaturen ab, verbunden mit ausreichend Niederschlag; diese Regionen haben naturgemäß auch steinzeitliche Küstenmigrationen miterlebt. Unter diesem Gesichtspunkt wäre es schwierig festzustellen, ob die ähnlichen

ANTHROPOLOGIE



südost-nordwestlichen Verteilungsbänder der Schöpfungsmythen, der strukturellen Sprachverbindungen und der Mutationen zufällig sind oder ein gemeinsames Migrationsmuster widerspiegeln.

Die außergewöhnlichen Kernmutationsmarker des Globins sollten hierbei helfen. Sie tun es, jedoch gibt es viele verschiedene Marker, die Thalassämie hervorrufen. Gut über einhundert β -Thalassämie-Marker sind beschrieben worden, und noch mehr α -Thalassämie-Defekte werden ständig neu entdeckt. Mit einer solch mächtigen, durch die Malaria ausgelösten selektiven Wirkung ist es durchaus wahrscheinlich, daß einige der häufigeren populationsgenetischen Marker durch Mutation mehr als einmal passiert sein können. Dies könnte geographische Links zwischen Markern dafür verwendbar machen, Migrationswege unter gewissen Umständen als trügerisch herauszustellen.

Die Überzeugungskraft dieses Arguments mehrfacher Mutationen variiert in Abhängigkeit von der jeweiligen Mutation und ist bis zu einem gewissen Grad etwas Unwägbares. Gewisse Mutationen, etwa die, welche das anomale Hämoglobin *E* und verschiedene α - und β -Thalassämien verursachen, tauchen in unterschiedlichem Umfeld auf und scheinen somit mehr als einmal aufgetreten zu sein. Die Mehrfach-Mutationshypothese erklärt jedoch nicht, warum dieselben Mutationen in derselben geographischen Nachbarschaft mit größerer Wahrscheinlichkeit gefunden werden als jede andere, anstatt zufällig über die Welt verteilt zu sein.

Einige auf diesem Gebiet arbeitende Genetiker schlagen eine andere Erklärung vor, warum dieselbe Mutation mehr als einmal in einem unterschiedlichen Umfeld im selben geographischen Raum gefunden wird. Adrian Hill, ein weiterer Oxforder Genetiker, hat dies »ein kleines Rekombinations- (Genumwandlungs-)ereignis genannt, welches die Mutation von einem Chromosom auf ein anderes überträgt. Dies scheint mit besonders hoher Wahrscheinlichkeit dort passiert zu sein, wo eine auf eine bestimmte geographische Region beschränkte Mutation mit mehr als einem System in Zusammenhang gebracht werden kann.« Er argumentiert ferner, daß sich dieser Prozeß schon über geraumere Zeit in Asien abgespielt zu haben scheint. Je länger eine Mutation besteht, desto wahrscheinlicher erscheinen Kopien von ihr in unterschiedlichen Umgebungsbedingungen. Wenn daher zwei gleiche Mutationen in demselben genetischen Gefüge in zwei verschiedenen Ländern aufgefunden werden, haben sie höchstwahrscheinlich denselben Ursprung; wenn dieselben Mutationen in verschiedenem Umfeld gefunden werden, ist es immer noch möglich, daß sie gemeinsamen Ursprungs waren, jedoch vor langer Zeit. Trotz dieses Chromosomenkunstgriffs gibt es ausreichend Möglichkeiten für dieselbe Mutation in demselben über den Indischen Ozean verbundenen Gefüge, um ein Argument für ein beträchtliches, vorzeitliches südostasiatisches Eindringen nach Assam, Westbengalen, Andhra Pradesh und auf den Arabischen Golf sowie in den Mittelmeerraum zu liefern.