

Rezension zu: Reich, D. (2018). Who We Are and How We Got Here. Ancient DNA and the new science of the human past. Oxford: Oxford University Press 2018. xxviii, 340 S., 28 Abb. Hardcover: ISBN 978-0-19-882125-0; Paperback: ISBN 978-0-19-882126-7; auch als eBook.

Stefan Burmeister

Seit einigen Jahren schwappt aus dem Bereich der Genetik eine Flutwelle an wissenschaftlichen Publikationen über die Archäologie herein, die nicht nur aufgrund der Studienergebnisse verstärkt Aufmerksamkeit einfordert, sondern auch Deutungshoheiten der Archäologie auf ihrem ureigenen Terrain wegzuspülen scheint. Der Verlust an Deutungsmacht mag persönlich schmerzen, doch wo man aufgrund methodologischer Schwächen keine beanspruchen kann, ist dies zumindest wissenschaftlich hinnehmbar. Die Archäologie sieht sich hier besonders herausgefordert. Kristian Kristiansen (2014) sieht u. a. durch die Genetik einen grundlegenden Paradigmenwechsel auf die Archäologie zukommen und läutet in der Folge die nächste – in seiner Zählung die dritte – wissenschaftliche Revolution nach dem durch die Radiokarbondatierung erfolgten Umbruch innerhalb des Faches ein. Die Traditionalisten, die sich seinerzeit gegen die ¹⁴C-Methode stellten und heute nurmehr obskure Forschungsgeschichte sind, müssen als warnendes Beispiel gelten. Es gilt folglich, sich zu positionieren. Das Gros der wissenschaftlichen Publikationen aus der Archäogenetik liegt bislang in naturwissenschaftlichen, meist hochkarätigen Fachzeitschriften vor. Diese liegen abseits bisheriger archäologischer Publikations- und Lesezirkel und sind in ihrem gesamten Stil der Ergebnispräsentation den geisteswissenschaftlichen Diskursroutinen sehr fern. Das erschwert ebenso wie die persönliche Ferne zu den Methoden der genetischen Analytik deren Rezeption. Von daher ist es unbedingt zu begrüßen, dass jüngst drei monographische Abhandlungen vorgelegt wurden, die die Analyse von aDNA einem allgemeinen Lesepublikum nahebringen. In ihrer Habilitationsschrift befasst sich die Historikerin Elsbeth Bösl (2017) mit der aDNA als epistemisches Objekt und den Prozessen und Problemen der Erkenntnisproduktion in der Archäogenetik. Während Bösl sich dem Thema aus der kritischen Distanz nähert, stammen die beiden anderen Bücher von zwei der führenden Genetiker aus dem Zentrum der betrachteten Forschung. Neben dem hier zu rezensierenden Buch von David Reich legte Johannes Krause (2019) jüngst sein Überblickswerk vor. Bei

de Fachwissenschaftler bereiten ihr Thema so auf, dass es allgemeinverständlich ist – allein das ist ein großes Verdienst. Sie gehen im Wesentlichen von ihren eigenen Forschungen aus; da diese jedoch über weite Strecken parallel verliefen, zeigen Aufbau der Bücher und die Fallbeispiele große Übereinstimmungen. Dennoch haben die Forscher von beiden Seiten des Atlantiks auch eigene Forschungsschwerpunkte, die sich in der Zusammenschau gut ergänzen. Wer sich in das Thema einlesen will, ist gut beraten, auch die Bücher von Bösl und Krause zu lesen, da diese durchaus besser in die genetischen Grundlagen, die Methoden sowie die Forschungsgeschichte mit den diversen Rückschlägen in der Grundlagenforschung einführen als David Reich es vermochte. Dennoch ist auch Reichs Buch unbestritten lesenswert. Da er einer der führenden Forscher auf dem Gebiet der Archäogenetik ist und sich sein Laborteam an vielen maßgeblichen Forschungen auf diesem Feld beteiligt, spürt man bei der Lektüre förmlich den Pulsschlag der wissenschaftlichen Forschung. Und da er sicherlich als einer der prononciertesten Genetiker gelten kann, die auf dem Gebiet der aDNA arbeiten, bildet sein Buch auch eine Referenz für die weitere Diskussion.

In der obligatorischen Einführung führt der Autor grob in die Thematik und die zentralen Fragestellungen sowie die Gliederung des Buches ein. Das Buch richtet sich explizit ebenso an spezialisierte Fachwissenschaftler wie an Laien. Wer hier aus berufenem Munde eine aktuelle Überblicksdarstellung erwartet, wird jedoch gleich im Vorfeld enttäuscht: Das Forschungsfeld verändert sich derzeit derart schnell, dass keine Momentaufnahme einen Stand festhält, der über den Moment hinaus Bestand hätte. Was wir bekommen, ist ein Einblick in eine sich stetig wandelnde Wissenschaft. Bereits in seiner Einführung macht Reich allerdings auch unmissverständlich deutlich, dass mit Hilfe der aDNA-Analysen die bisher offene Frage nach dem „Was in der Geschichte geschah“ als gelöst gelten könne; es sei nun an der Archäologie, die Frage nach dem Warum zu beantworten. Das „Was“ der Geschichte beschränkt sich bei Reich jedoch auf Migrationsprozesse und Bevölkerungsvermischungen.

Das Buch ist in drei Teilen aufgebaut. Der erste besteht aus drei Kapiteln, die zunächst allgemein in die entwicklungsgeschichtliche Archivfunktion des Erbguts und die umfassende Dimension der genomischen Revolution einführen. Das hier erste Kapitel konfrontiert uns bereits mit einem plakativen wie programmatischen Titel: „How

the Genome Explains Who We Are“. Nach knappem Grundkurs in Vererbungslehre und Forschungsgeschichte prähistorischer Genetik wird jedoch deutlich, dass es weniger um das Wesen des Menschen generell oder im Speziellen geht, sondern um die Zusammensetzung seines individuellen Erbguts. Selbstverständlich sind wir mehr als das Produkt unserer Gene, doch dieses Mehr liegt außerhalb der Reichweite der Genetik und wird hier deshalb nicht weiter berücksichtigt. Das Genom ist der gesamte Programmiercode, die Gene einzelne Programmierbefehle, die letztlich unseren physischen Bauplan ausmachen – und um den geht es. Mit jeder Fortpflanzung, das ist schulisches Grundwissen, werden unsere 46 Chromosomen durch die Rekombination der elterlichen Chromosomen neu zusammengesetzt. Da das Genom Erbinformationen direkter Vorfahren enthält, bietet es auch ein Archiv mit Informationen über das Erbgut früherer Generationen. Da jedoch nur die 46 Chromosomen rekombiniert werden können, steigt die Veränderungsrate linear, die Zahl genealogischer Vorfahren unterliegt jedoch einem exponentiellen Wachstum, so dass wir spätestens ab der zehnten Generation rechnerisch mehr Vorfahren haben als real Spender von Erbinformationen. Damit einher geht der Verlust an individuellen Erbinformationen: Nicht allen Menschen ist es vergönnt, ins genetische Archiv aufgenommen zu werden. Geht man jedoch noch weiter zurück in die Frühgeschichte des Homo Sapiens, so übersteigt die Rate rekombinierter Chromosomen bei weitem die damalige Populationsgröße, weswegen wir wiederum wohl Erbgut von jedem damals lebenden Menschen tragen, der sich nachhaltig fortgepflanzt hat. Die Archivfunktion unserer Genome ist letztlich der Schlüssel für die beeindruckenden Ergebnisse der Archäogenetik, die jedoch erst durch die jüngsten technischen Möglichkeiten der umfassenden Genomsequenzierung ihr volles Erkenntnispotenzial freisetzen konnte.

Den Startschuss für die moderne Archäogenetik gab die Erforschung des Neanderthaler-Genoms (Kap. 2). Diese Forschungen waren von vielen Rückschlägen gezeichnet, die vor allem durch die lange unerkannte und dann kaum in den Griff bekommene Kontamination des Probenmaterials geprägt waren. Erst ab 2007 war die Methodenentwicklung soweit, dass verlässliche Ergebnisse produziert werden konnten, die sogleich auch zeigten, was der Archäologie bislang nicht gelungen war: den Nachweis von Kreuzungen zwischen Neanderthalern und modernen Menschen vor rund 54-49.000 Jahren. Bis zu 2 % Neanderthaler-Gene tragen wir heute noch in uns;

die Menschen in Ostasien mit leicht höherem Anteil als jene in Europa.

Die Sequenzierung des Neanderthaler-Genoms war Voraussetzung für weitere Forschungen, die zuvor nicht möglich waren (Kap. 3). Als im Jahr 2008 in der Denisova-Höhle ein Knochenfund gemacht wurde, war dieser zunächst unbestimmt: die Datierung unsicher, anthropologisch möglicherweise modern, der archäologische Kontext ließ an Neanderthaler denken. Die Genetik offenbarte jedoch deutliche Unterschiede sowohl zu Neanderthalern als auch zum modernen Menschen. Damit wurde eine dritte Menschenart im paläolithischen Eurasien identifiziert, die inzwischen auch durch einen weiteren Fund bestätigt ist. Erst die vollständige Sequenzierung des Genoms erlaubt es, die genetische Uhr zu stellen: Anhand der Zahl der differierenden Mutationen lässt sich die Separierung von Neanderthalern und Denisova-Menschen zwischen 470-380.000 Jahren vor heute festmachen; beide separierten sich von den Vorfahren des modernen Menschen 770-550.000 Jahren vor heute. Doch damit nicht genug. Genomvergleiche zwischen Neanderthalern, Denisova-Menschen und heute in Eurasien und Afrika lebenden Menschen zeigten, dass es einen genetischen Rückfluss nach Afrika gegeben haben muss, nachdem die Vorfahren der Neanderthaler und Denisova-Menschen ausgezogen waren, und dass eine vierte Menschenart hier im Spiel gewesen sein muss, die bislang noch nicht identifiziert werden konnte, eine sog. Phantompopulation.

Im ersten Teil seines Buches führt Reich am Beispiel der Neanderthaler und seiner Zeitgenossen in das generelle Methodenrepertoire der gegenwärtigen aDNA-Analysen ein. Es bedurfte nur weniger Jahre von der ersten vollständigen Sequenzierung eines Neanderthaler-Genoms bis zum Abfassen einer neuen, erweiterten und revidierten Geschichte des Menschen. Diese stellt sich deutlich komplexer und komplizierter dar als bislang gedacht, mit neuen, zuvor unbekannt Menschenarten, mit Eurasien als Treibhaus für die Entwicklung des Menschen und möglichen Rückwirkungen auf die Genese des modernen Menschen in Afrika.

Der zweite Teil des Buchs befasst sich demgegenüber in sechs geographisch orientierten Einzelkapiteln mit der Ausbreitung des modernen Menschen ab ca. 50.000 vor heute. David Reich zeichnet in Kapitel 4 ein komplexes Szenario verschiedener Ausbreitungsschübe des modernen Menschen in Eurasien nach dessen Auszug aus Afrika. Am Anfang der archäogenetischen Forschung stand wie-

derum eine Phantompopulation, die inzwischen auch bestätigt werden konnte. Vergleiche zwischen modernen Westeuropäern, Amerikanern und Sibirer legten nahe, dass Westeuropäer und Amerikaner einen gemeinsamen Vorfahren haben mussten, der von den Vorfahren heutiger Sibirer zu unterscheiden sei. Die Vorfahren der heutigen Sibirer werden folglich erst nach der Übersiedlung einer Bevölkerungsgruppe auf den amerikanischen Kontinent Sibirien besiedelt haben. Nachdem diese Phantompopulation durch reale Knochenfunde verifiziert und deren Genom analysiert werden konnte, stieß man auf eine weitere Phantompopulation, die am Anfang der eurasischen Besiedlung stand und die man als basale Eurasier bezeichnet; eine Bestätigung dieser Population durch Skelettfunde steht bislang aus. Durch die zunehmende Sequenzierung früher aDNA ließen sich in der Folge fünf weitere Migrationsbewegungen identifizieren, die zwischen 45.000 und 14.000 Jahren vor heute Westeuropa erreichten. Diese Wanderbewegungen werden mit der Ausbreitung diverser archäologischer Kulturen parallelisiert. Auffällig ist der europäische Fokus, der Zentral- und Ostasien hier in einen toten Winkel stellt. Dies wird dem Forschungsstand geschuldet sein; ebenso wie die Zeit nach 14.000 vor heute, für die bislang kein Probenmaterial analysiert werden konnte. Auch am Ende der Eiszeit und danach werden weitere Wanderungen erfolgt sein, die jedoch noch im Dunkel der genetischen Geschichte zu liegen scheinen.

Das folgende fünfte Kapitel befasst sich mit der Entstehung des modernen Europas – so die Überschrift in einer sehr auf das Genom reduzierten Sichtweise. Hier tauchen die in der europäischen Archäologie bereits breit diskutierten Fallbeispiele mit ihren Aufsehen erregenden Ergebnissen auf: die Ausbreitung des Ackerbaus durch eine anatolische Einwanderung und die lange kontrovers diskutierte Frage der Neolithisierung; die große Einwanderungswelle aus den nordkaukasischen Steppen, die mit der Yamnaya-Kultur und der Ausbreitung der Schnurkeramik in Zentraleuropa verbunden ist; die Besiedlung Großbritanniens durch Träger der Glockenbecherkultur. Bemerkenswert vor allem an den jüngeren Bevölkerungsbewegungen ist ihr scheinbar genozidaler Charakter, der zu einem weitgehenden Bevölkerungsaustausch geführt haben soll. Für mögliche Erklärungen sei hier insbesondere auf Krause (2019) verwiesen, der eine Pestepidemie für diesen Verdrängungsprozess verantwortlich macht. Diese Studien, vor allem zur Ausbreitung der kupferzeitlichen Steppenvölker, sind bereits kritisch kommentiert worden (siehe z. B. FURHOLT, 2018; HEYD, 2017; KRISTIAN-

SEN ET AL., 2017). Es sei hier aber doch noch einmal auf ein für archäologische Gewohnheiten kaum akzeptables Argumentationsmuster hingewiesen: 75 % des Erbguts zentraleuropäischer Schnurkeramiker gehe auf die Steppeneinwanderer zurück, was die Hypothese eines weitgehenden Bevölkerungsaustauschs rechtfertige. Begibt man sich in die Tiefen der Datengrundlage der Originalstudie (HAAK ET AL., 2015), so stellt man fest, dass diese Aussage auf vier Individuen eines mitteldeutschen Gräberfeldes zurückgeht, die zudem auch nicht am Beginn der Schnurkeramischen Kultur stehen (siehe BURMEISTER, 2016, 55 f.). Undiskutiert bleibt, wie repräsentativ diese vier Individuen für das vorgängige Geschehen überhaupt waren. Der vollmundigen Behauptung, dass die Schnurkeramiker ihre genetischen Wurzeln in der Steppe hätten und dies nun eine bewiesene Tatsache sei, wird man doch noch mit kritischer Distanz zu begegnen haben. Der sich hier abzeichnende kulturelle Prozess wird deutlich komplexer zu sehen sein als es durch die einfachen und groben Striche der Archäogenetik skizziert wird (siehe etwa die oben angeführten kritischen Kommentare). Es sei an dieser Stelle erwähnt – und unten weiter kritisch beleuchtet –, dass Reich die Ausbreitung der Yamnaya-Bevölkerung mit der Ausbreitung der indoeuropäischen Sprache parallelisiert; hinter der Yamnaya-Kultur verbergen sich somit die lange gesuchten und kontrovers diskutierten Sprecher der Proto-Indoeuropäischen Sprache.

Im folgenden Kapitel 6 wendet Reich den Blick auf den indischen Subkontinent und findet hier den unmittelbaren thematischen Anschluss zum vorigen Abschnitt. Zu Beginn des zweiten vorchristlichen Jahrhunderts erlebte die Indus-Zivilisation ihren Niedergang. Die Gründe werden seit langem kontrovers diskutiert; die Einwanderung indoeuropäischer Gruppen wurde hierfür immer wieder verantwortlich gemacht. Anhand moderner DNA aus Indien konnte Reich und sein Laborteam die indische Bevölkerung auf zwei Gruppen von Vorfahren zurückführen, die als Ancestral North Indians (ANI) und Ancestral South Indians (ASI) bezeichnet wurden. ANI hat einen deutlich höheren Anteil an westeurasischen Komponenten als ASI. Des Weiteren beobachtete die Arbeitsgruppe, dass die heutigen indischen Bevölkerungsteile, die indoeuropäische Sprachen sprechen, in stärkerem Maße auf ANI-Vorfahren zurückgehen als die Sprecherinnen und Sprecher nicht-indoeuropäischer, dravidischer Sprachen. Ebenso hätten Angehörige höherer Kasten in Indien einen größeren Anteil an ANI-DNA; das gälte insbesondere für die Kaste der Brahmanen.

Und auch Männer hätten in ihrer patrilinearen Linie der Y-Chromosomen einen höheren Anteil an ANI-DNA. Die Deutung dieser Befunde, die Reich vorschlägt, ist so einfach wie sie bereits im vorangehenden Kapitel war – und sich sinnbildlich in der Kapitelüberschrift ausdrückt: „*The Collision That Formed India*“. Im zweiten vorchristlichen Jahrtausend erlebte vor allem Nordindien eine Einwanderungswelle von Gruppen, deren Vorfahren oder sie selbst aus der Steppe kamen – hierbei ist zu berücksichtigen, dass die Analysen hier nicht auf aDNA basieren –, und die die Indus-Zivilisation in den Untergang trieben. Diese Einwanderung wurde jedoch in großen Teilen von Männern getragen, die Beziehungen mit einheimischen Frauen eingingen. Insgesamt hätten die Einwanderer die politische Kontrolle übernommen und fortan die soziale Elite gestellt.

Im siebten Kapitel befasst Reich sich mit der Besiedlung des amerikanischen Kontinents. Hier macht er vier Einwanderungswellen aus, die ihren Ausgangspunkt im ostasiatischen Sibirien nahmen. Die erste Einwanderung erfolgte – extrapoliert – vor rund 20.000 Jahren entlang der Eismassen in der heutigen Behringstraße. Erst die zweite Einwanderungswelle nutzte wohl die weitgehend eisfreie Landbrücke. Bei dieser Bevölkerungsgruppe handelt es sich jedoch um eine Phantompopulation („*Population Y*“), so dass eine Datierung dieser Einwanderung nicht näher bestimmbar ist. Beide Populationen mischten sich und stießen schnell bis nach Südamerika vor; wenngleich es heute noch Gruppen im Amazonas gibt, die einen deutlich höheren Anteil an Vorfahren der Population Y haben. In den letzten fünf Jahrtausenden gab es zwei weitere Einwanderungswellen, die jedoch weitgehend auf den arktischen und subarktischen Bereich Nordamerikas beschränkt blieben und als Vorfahren der heutigen Inuit gelten.

Auch hier offenbart sich wiederum Reichs Faible für Sprachforschungen. Der US-amerikanische Linguist Joseph Greenberg hatte die amerikanischen Sprachen in drei Großgruppen unterteilt, von den zwei einen Teil der nordamerikanischen Sprachgruppen zusammenfassen; der Großteil gehört der dritten, der sog. amerindischen Sprachgruppe an. Dieses Konzept ist in der Sprachforschung durchaus umstritten. Reich sieht durch seine genetischen Studien, die vor allem auf rezenter DNA basieren, Greenbergs Modell bestätigt und die Kontroverse gelöst. Die amerindische Sprachgruppe korreliert mit seinen *First Americans* der beiden ersten Einwanderungswellen, was jedoch auch nicht verwundert, da beide Phänomene den Groß-

teil des Doppelkontinents erfassen. Die Mehrheit der Gesellschaften, die heute eine Na-Dené-Sprache (eine der beiden anderen Sprachgruppen) sprechen, leben im Norden Nordamerikas; doch es gibt auch eine Reihe von Gruppen im Südwesten der USA wie die Apachen und Navajos. Gehen diese ebenfalls auf die Paläo-Eskimos zurück? Auch die Originalstudie (REICH ET AL., 2012), die von Reich und seinem Laborteam selbst durchgeführt wurde, kam bereits zu dem Ergebnis, dass Abstammungsgruppen und Sprachgruppen korrelieren. Doch geht man in die Details, wird deutlich, dass von Na-Dené-Sprechern ausschließlich Angehörige der kanadischen Chipewyan in die Studie eingegangen sind. Die Navajos z. B. hatten per Stammesbeschluss eine Teilnahme an Reichs Studie abgelehnt – man bräuchte keine Gentechnologie um zu wissen, von wem man abstamme, man wüsste, dass die „*Changing Woman*“ sie erzeugt habe (REICH in seinem Buch S. 164). Die südwestlichen Na-Dené-Gruppen wären der Prüfstein, ob die Korrelation von Sprach- und Abstammungsgruppen gegeben ist. So ruht das gesamte Theoriegebäude vor allem auf einer Stammesgruppe, die in Nachbarschaft zu den Sprechern der dritten Sprachgruppe lebt und mit diesen gemeinsame Vorfahren teilt. Im wissenschaftlich Kleingedruckten der ergänzenden Informationen wird die Frage der Na-Dené-Gruppen durchaus kritisch gesehen: „*An important direction for future research will be to study additional Na-Dene speaking populations and Siberian populations. This will provide more power to test if the Asian ancestry in these two groups is different. It will also allow more general statements about whether the ancestry in the Chipewyan (related to the Saqqaq) is shared across Na-Dene speakers*“ (REICH ET AL., 2012, Suppl. Inf. S. 24). Unterm Strich wird hier deutlich, dass Reich eine weitreichende wissenschaftliche Aussage vorträgt, die von den Daten bislang keinesfalls getragen wird. Die schwache Argumentation und wenig aussagekräftige Grafik (Abb. 20), die Reichs Lösung des Sprachkonflikts untermauern sollen, mag man eines renommierten Wissenschaftlers als kaum würdig ansehen. Sie sollen aber Reichs Grundannahme stützen, dass Sprachwandel in der Regel mit Masseneinwanderung und Bevölkerungsverdrängung einhergeht. Auf dieser Grundlage ist weder Reichs Theorie bestätigt noch die linguistische Kontroverse beigelegt.

Ein knappes Kapitel (Kap. 8) ist dem genetischen Ursprung der ostasiatischen Bevölkerung und der Besiedlung des südpazifischen Raumes gewidmet. Um 50.000 vor heute scheinen sich die Vorfahren der heutigen Ostasiaten und der

Westeurasier bereits getrennt zu haben. Weitere Einwanderergruppen folgten bis 10.000 Jahre vor heute. In der Folge bildeten sich zwei separierte Populationen aus, wovon die nördliche am Gelben Fluss, die südliche am Jangtsekiang siedelte. Von der südlichen Gruppe ging die weitere Besiedlung Südasiens und des Pazifischen Raums in den letzten 5.000 Jahren in mehreren Wellen aus. Das Bild, das hier gezeichnet wird, ist noch recht vage; dann aber wieder erstaunlich konkret: Teile des südpazifischen Raums werden von Gruppen bevölkert, deren Vorfahren aus Papua-Neuguinea stammen, die dort bereits vor über 40.000 Jahren einwanderten. Diese Gruppen verdrängten die Vorbevölkerung, die als Träger der Lapita-Kultur gelten, dennoch sollen sie deren Sprache übernommen haben – „genetic data show that this is what happened“ (S. 201). Auch hier verwundert wiederum die Einschätzung des Erkenntnispotenzials gentechnisch erhobener Daten, die in Reichs Sicht, so muss man an dieser Stelle schlussfolgern, auch Aussagen zur gesprochenen Sprache zu erlauben scheinen. Zu einem späteren Zeitpunkt (S. 217) macht Reich unmissverständlich klar, dass weder Gene bestimmen, welche Sprache gesprochen wird, noch ermöglichen Genomanalysen zu erkennen, wie sich Sprachen ausbreiten; auch könnten diese Analysen keine Entscheidungshilfe in der Diskussion kontroverser Sprachtheorien liefern. Diese generelle Einsicht Reichs tritt hier jedoch bei der Darstellung konkreter Fallbeispiele regelmäßig in den Hintergrund.

Das letzte geographische Kapitel (Kap. 9) führt quasi an den Ursprung zurück: nach Afrika. Die Bewohner dieses Kontinents zeichnen sich durch eine sehr variantenreiche DNA aus. Hier dürfte es für den Laien z. B. auch interessant sein, dass die DNA der *East African Foragers* eine größere Übereinstimmung mit heutigen Nicht-Afrikanern hat als mit jeder anderen Bevölkerungsgruppe südlich der Sahara. An der Basis der afrikanischen Bevölkerung stehen zwei Verwandtschaftslinien, die sich bereits vor rund 300.000 Jahren separiert haben müssen. In langen Phasen lebten sie getrennt voneinander, dann kam es aber auch immer wieder zu starken Vermischungen. Der größte Genaustausch erfolgte in den jüngsten Jahrtausenden im Zuge von mindestens vier großen Expansionswellen. Diese Migrationen waren mit der Ausbreitung der Landwirtschaft und von Sprachgruppen verbunden. Auch hier vermisst man abermals die kritische Diskussion der verschiedenen Quellengattungen (für das Beispiel der Bantu-Migration z. B. Eggert, 2012), so dass erneut ein genereller Zweifel an den vorgetragenen Ergebnissen hängen bleibt.

Im dritten Themenblock (Kap. 10-12) diskutiert Reich abschließend den gesellschaftlichen Bezug der genetischen Forschung wie er sie betreibt. In Kap. 10 problematisiert er den offensichtlichen *Sex Bias*, der sich bei den diversen genetischen Analysen abzeichnete. Es scheint offensichtlich, untersucht man gezielt die Y-Chromosomen und die mitochondriale DNA, dass Männer sich stärker im allgemeinen Erbgut niedergeschlagen haben als Frauen. Dafür können mehrere Gründe verantwortlich sein. Wandern z. B. vornehmlich Männer in eine Gesellschaft ein und gelingt es diesen, die politische Macht an sich zu ziehen (wie es etwa für die bronzezeitliche Einwanderung in Indien angenommen wird), verbinden sie sich mit den einheimischen Frauen; die Verlierer in diesem Fall sind die einheimischen Männer. Dieses Phänomen wird mit zahlreichen weiteren historischen Beispielen belegt. So ist etwa der genetische Anteil von europäisch-amerikanischen Männern an den Erbanlagen der heutigen afro-amerikanischen Bevölkerung viermal höher als jener von europäisch-amerikanischen Frauen. Männer der weißen Oberschicht gingen demnach eher geschlechtliche Beziehungen mit farbigen Frauen der unteren Schichten ein als weiße Frauen dies taten. Der geschlechtsspezifische Aspekt von Migrationen ist ebenso vielfach untersucht wie das Fortpflanzungsverhalten mächtiger Männer historisch gut bekannt ist; das alles ist nicht neu, nun aber auch durch Genomanalysen attestiert. Sicherlich neu ist jedoch der Nachweis sog. *Star Cluster*: einzelne Personen, die eine weit überdurchschnittliche Nachkommenschaft haben. Hierbei handelt es sich bislang ausschließlich um Männer, die aufgrund ihrer gesellschaftlichen und politischen Vormachtstellung eine hohe Nachkommenschaft zeugen konnten. Durch die Extrapolation von Mutationsraten lassen sich diese in der Vergangenheit zeitlich fixieren (siehe dazu unten) und werden als Beleg einer deutlichen gesellschaftlichen Asymmetrie gedeutet.

Der Diskurs um Genetik ist immer mit dem Aspekt der Differenz verbunden. Reich macht unmissverständlich klar, dass die Genomanalysen von den biologischen und historischen Konzepten der Rasse abzugrenzen sind (Kap. 11). Mit dem Genom erfasst man kategorial Abstammung (*ancestry*). Die Perspektive auf genetische Abstammung gibt den Blick frei auf die genetische Mischung, aus der die Menschen heute zusammengesetzt sind. Alle Bevölkerungsgruppen sind miteinander verbunden und teilen eine gemeinsame Geschichte. Damit möchte Reich vor allem rassistischen Konzepten und deren politischer In-

strumentalisierung eine Absage erteilen; hierin sieht er einen emanzipativen Charakter der historischen Genomanalyse.

In dem letzten Kapitel (12) gibt Reich einen knappen Ausblick auf die Zukunft der historischen Genom-Forschung. Das Potenzial vor allem von aDNA-Analysen ist in den letzten Jahren überaus deutlich geworden. Selbstverständlich sind hier weitere Entwicklungen und Grenzverschiebungen des Möglichen zu erwarten – vor allem wenn man bedenkt, dass der Großteil der Ergebnisse, die Reich zusammengestellt hat, in den letzten zehn Jahren zusammengekommen sind. Und so endet sein Buch mit dem Schlusssatz, dass die Forschungen an der aDNA ein Feld eröffnen, das nicht allein eines der Genetiker sei, sondern ebenso von der Archäologie und Öffentlichkeit begangen werden sollte.

Das Buch ist insgesamt sehr klar geschrieben und somit auch für Fachfremde gut zu lesen. Etwas irritierend ist der mitunter sehr auf den Autor fixierte Stil. Dass seine Frau Eugenie Reich maßgeblichen Anteil an dem Buchmanuskript hatte, erfährt man auch nur bei genauer Lektüre des Impressums und der Danksagung. Die legendäre Sparkassenwerbung der 1990er Jahre „Mein Haus, mein Auto, mein Boot“ findet hier eine neue Adaption: „mein Labor, meine Ergebnisse, ICH“. Doch das kann natürlich die wissenschaftlichen Leistungen der Genom-Forschung nicht schmälern. Die Archäologie wird sich als Disziplin zunehmend mit ihr auseinandersetzen müssen; Bücher wie das von Reich bieten dafür einen guten Ausgangspunkt. Knüpfen wir an den oben genannten Schlusssatz an, mit dem Reich die Archäologie explizit in die Forschungen mit hineinziehen will, muss man allerdings auch klar feststellen, dass ihre mögliche Rolle – außer als Probenlieferantin – nicht deutlich geworden ist. Die Frage nach dem „Was in der Geschichte geschah“ hatte Reich eingangs ja bereits der Archäologie entzogen. Welche Rolle jenseits allgemeiner wissenschaftspolitischer Verlautbarungen kann die Archäologie als Partnerin der Genetik im praktischen Forschungsfeld und in der Diskussion von Forschungsergebnissen einnehmen? Es lohnt deshalb, sich noch einmal genauer mit zwei Aspekten näher zu befassen, die die Möglichkeiten einer interdisziplinären Zusammenarbeit berühren: den Umgang mit Daten und deren Interpretation.

Die Anthropologinnen/Genetikerinnen Gisela Grupe und Susanne Hummel hatten in Interviews ihre Bedenken geäußert, dass Archäologen die von den Naturwissenschaften gewonnenen Daten vielfach nicht richtig einordnen könnten. Bei natur-

wissenschaftlichen Daten handele es sich um Proxydaten, die seitens der Archäologie allzu oft als exakte Daten verstanden würden. Hier forderten sie ein Umdenken bei den Kulturwissenschaften ein (siehe BÖSL, 2017, 92 f.). Dem soll hier nicht grundsätzlich widersprochen werden, doch ist das allein ein Problem auf archäologischer Seite?

David Reich (S. 235) zitiert eine Studie aus dem Jahr 2003. Diese stelle fest, dass 8 % aller heutigen Männer auf dem Gebiet des früheren Mongolischen Reiches, das sich einst von Osteuropa bis nach China erstreckte, auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen. Geht man von den wenigen Mutationen innerhalb dieser Gruppe aus, muss dieser gemeinsame Vorfahre zwischen 1.300 und 700 Jahren vor heute gelebt haben. Hinter diesem sechshundert Jahre weit geöffneten Zeitfenster lebte einst auch Dschingis Khan († 1227). Reichs Schlussfolgerung: „*The date coincides with that of Genghis Khan, suggesting that this single successful Y chromosome may have been his.*“ Das Team, das die Studie durchgeführt hatte, resümierte bereits zuvor: „*Increased reproductive fitness, transmitted socially from generation to generation, of males carrying the same Y chromosome would lead to the increase in frequency of their Y lineage, and this effect would be enhanced by the elimination of unrelated males. Within the last 1,000 years in this part of the world, these conditions are met by Genghis (Chingis) Khan (c. 1162-1227) and his male relatives*“ (ZERJAL ET AL., 2003, 719). Die von der Genetik erzeugten Proxydaten wurden in der Auslegung der Naturwissenschaftler selbst ohne größere Diskussion zum absoluten historischen Datum. Man bekommt den Eindruck, dass es hier mehr um den öffentlichkeitswirksamen Effekt des historischen Namens ging als um eine solide, aber vielleicht weniger konkrete Wissensproduktion. In ihrer Wochenendausgabe vom 18.5.2019 druckte die Süddeutsche Zeitung einen kleinen Wissensschnipsel: „16 Millionen heute lebende Männer sind direkte Nachkommen des mongolischen Eroberers Dschingis Khan / 3 Millionen Einwohner hat heute die Mongolei“. So werden ‚Fakten‘ in die Welt gesetzt. Das erhöht vielleicht die Aufmerksamkeit der Genetik in der öffentlichen Wahrnehmung, aber kaum deren wissenschaftliche Seriosität.

Die Studien, die Reich selbst durchgeführt hat bzw. die er in seinem Buch präsentiert, bescheiden sich nicht damit, genetische Daten vorzulegen, sondern sie betten diese Daten immer auch in einen kulturhistorischen Kontext ein. Das ist eine interpretatorische Leistung, welche die Ergebnisse für uns so interessant macht, die aber auch jenseits der eigentlichen fachlichen Expertise der Naturwissen-

schaften liegt. Diese Feststellung bietet nicht den Anlass, disziplinäre Felder zu markieren, Grenzen abzustecken und Deutungshoheiten zu definieren, sondern kann nur eine Hinwendung zur interdisziplinären Zusammenarbeit sein. David Reich bezieht sich vielfach auf die entsprechenden Disziplinen, um seine weitreichenden kulturhistorischen Schlussfolgerungen zu untermauern, was ein besonderes Augenmerk verdient. Archäologie und Linguistik haben hier einen besonderen Stellenwert; in der Frage des Ursprungs der indoeuropäischen Sprachen münden Genetik, Archäologie und Linguistik in eine kongeniale Zusammenschau. Wie oben bereits angerissen, sieht Reich – und mit ihm weitere Genetiker (HAAK ET AL., 2015; ALLENTOFT ET AL., 2015) – in der Yamnaya-Migration die Ausbreitung der indoeuropäischen Sprache nach Europa. Die lange gesuchte Urheimat der Indoeuropäer wäre damit im angestammten Siedlungsgebiet der Yamnaya-Kultur zu suchen, was bereits zuvor schon auf linguistischer und archäologischer Grundlage von James Mallory (1989) und David Anthony (2007) formuliert wurde. Reichs Stichwortgeber ist der Archäologe Anthony (2007), der auf sprachlicher Basis die Ausbreitung der indoeuropäischen Sprachen ins 4.-3. vorchristliche Jahrtausend datiert. Dieses Zeitfenster findet auch unter Linguisten breite Anerkennung, erlaubt jedoch allenfalls die zeitliche, nicht jedoch die geographische Einordnung der Ausbreitung. Nach der zeitlichen Festlegung dieses Prozesses, deren Diskussion sich immerhin noch auf eine halbe Seite erstreckt, kommt Reich schnell zur nächsten Schlussfolgerung: „*The obvious candidate for dispersing most of today's Indo-European languages is thus Yamnaya, who depended on the technology of wagons and wheels that became widespread around five thousands years ago*“ (S. 119 f.). Und damit ist die ‚Beweisführung‘ auch schon abgeschlossen.

Die Terminologie aus dem Wortfeld „Wagen“ wird als zentrales Argument bei der chronologischen Festsetzung der Ausbreitung angeführt und ist damit ein schlagendes Argument gegen Renfrews These der Ausbreitung der indoeuropäischen Sprache im Zuge der Neolithisierung. Da Rad und Wagen jedoch bereits vor der Ausbildung der Yamnaya-Kultur in dem weiten Gebiet zwischen Nordsee und Hindukusch bekannt waren, kann die Kenntnis des Wagens auf dem Gebiet der Yamnaya-Kultur weder Anthonys noch Reichs These stützen. Der Komplexität der linguistischen Diskussion wird hier in keiner Weise Rechnung getragen. Die Indogermanistik selbst steht der Suche nach der Urheimat in Teilen durchaus sehr kritisch bis ablehnend gegenüber

(z. B. SIMON, 2008). Die indoeuropäische Ur- oder Grundsprache bzw. das Proto-Indoeuropäisch ist ein Konstrukt, das aus späteren Sprachderivaten erschlossen ist; es ist keinesfalls mit einer natürlichen Sprache gleichzusetzen (ZIMMER, 2006, 191). Es ist nicht einmal klar, ob sich die einzelnen rekonstruierten Sprachelemente in ihrer Summe auf einen gemeinsamen Sprachraum und auf einen einheitlichen Zeitpunkt zurückführen lassen (SCHMITT, 2000, 388; SEEBOLD, 2000, 410 f.). Von daher überrascht es auch nicht, dass die Frage, inwieweit die linguistische Rekonstruktion hier überhaupt eine historische Realität widerspiegelt, in der Indogermanistik sehr kontrovers diskutiert wurde und immer noch wird (z. B. MALLORY & ADAMS, 2006, 50-53; UNTERMANN, 1985). Der Indogermanist Jürgen Untermann (1985, 148-150) hebt unmissverständlich hervor, dass die sprachliche Sachbezeichnung nur belegt, dass für die jeweilige Sache in der Sprachgemeinschaft ein kulturelles Konzept vorlag, nicht jedoch, dass diese Sache selbst auch zwingend dort existierte. Damit erübrigen sich auch Bemühungen, anhand des rekonstruierten Lexikons die Heimat der Sprachgruppe zu erschließen. Keine der bisherigen Versuche, die indoeuropäische ‚Urheimat‘ auf linguistischem Wege zu identifizieren, vermochte zu überzeugen – alles zwischen Rhein und Hindukusch ist denkbar (siehe z. B. DRESSLER, 1965; SIMON, 2008; ZIMMER, 1990). Nach wie vor gilt Wolfgang Dresslers frühe Feststellung: „*Wenn bedeutende Wissenschaftler aus demselben Material diametral entgegengesetzte Ergebnisse gewinnen ..., so wird eine Frage vordringlich: die Methodenfrage*“ (DRESSLER, 1965, 26). Auch jüngere Versuche, das Feld abzustecken, kommen nicht darüber hinaus (SIMON, 2008). Genau diese Methodenfrage ist bislang jedoch ungelöst. Die indoeuropäische Ur- oder Grundsprache ist damit ein rein linguistisches Phänomen, das sich einer methodisch und theoretisch soliden Adaption durch andere Wissenschaftsdisziplinen bisher verweigert hat. Schmitt (2000, 389 f.) warnt deshalb eindringlich vor dem hemmungslosen Vermischen von sprachwissenschaftlichen mit z. B. archäologischen und anthropologischen Befunden – die Genetik, die er seinerzeit noch nicht im Blick hatte, ist hier mit einzubeziehen.

Was wir bei Reich beobachten, ist das kritisierte „*hemmungslose Vermischen*“ seiner genetischen Daten mit linguistischen Rekonstruktionen und archäologischen Befunden; Mallory und Adams (2006, 454) sprechen in so einem Fall von einer selektiven Amnesie, die alles ausblendet, was den eigenen Aussagen entgegensteht. Auf diese Weise wird eine scheinbar schlüssige und zwingende Argu-

mentationskette erstellt, die die zu Grunde liegenden Daten vollkommen überfordert. Wir können gar nicht bewerten, ob das von Reich und anderen vorgetragene Modell der Yamnaya-Expansion als Träger der indoeuropäischen Grundsprache richtig oder falsch ist, da uns sowohl das methodologische Rüstzeug als auch das theoretische Verständnis fehlt, die unterschiedlichen Quellengattungen aus Genetik, Linguistik und Archäologie überhaupt in Deckung zu bringen (hier etwas optimistischer PERELTSVAIG & LEWIS, 2015). Selbstverständlich ist es legitim, Hypothesen jenseits des wissenschaftlich klar Fassbaren zu formulieren, doch müssen dabei die methodischen und theoretischen Probleme der beteiligten Disziplinen zumindest im Blick behalten werden. Was darüber hinaus meist nicht realisiert wird ist die Tatsache, dass in der Summe mehrerer leidlich wahrscheinlicher Behauptungen der Grad der Wahrscheinlichkeit abnimmt, nicht zunimmt (z. B. DRESSLER, 1965, 34). In dem Vorgehen Reichs offenbart sich eine deutliche Diskrepanz zwischen dem hohen methodischen Standard bei der Genomanalyse und der auffällig laxen kulturhistorischen Interpretation seiner Analyseergebnisse.

Bei Reich gewinnt man zudem den Eindruck, dass er die Ratio der von ihm rezipierten Wissenschaften nicht wirklich erfasst hat. Auch er problematisiert den siedlungsarchäologischen Ansatz von Gustaf Kossinna (S. 111 f.), der sich einst ebenso dafür ausgesprochen hatte, dass die Träger der schnurkeramischen Kultur Indoeuropäer waren, diese jedoch als Ausgangspunkt der indoeuropäischen Wanderung und Sprachausbreitung sah. Es ist heute ein Allgemeinplatz, dass Kossinna einer der geistigen Väter der völkischen Archäologie in Deutschland gewesen ist, deren Ziel die politische Instrumentalisierung der Archäologie war (GRÜNERT, 2002). Auf der Behauptung der mitteldeutschen Schnurkeramiker als Ur-Indoeuropäer wurde eine nationalistische Identitäts- und Raumpolitik begründet, die es selbstverständlich zu kritisieren gilt. Doch das Problem der Kossinna'schen Methode wird nicht damit behoben, den Wirkungspfeil einfach umzudrehen und die Schnurkeramiker nicht an den Anfang, sondern ans Ende der indoeuropäischen Wanderung zu setzen. Das wissenschaftliche Problem der siedlungsarchäologischen Methode Kossinnas ist nicht in erster Linie die darauf aufbauende Identitätspolitik, sondern sein Kulturkonzept, das eine Einheit von archäologischer Kultur und Volksgruppen postulierte. Damit gab er der ethnischen Interpretation archäologischer Kulturen ihr Paradigma. Kossinna stand mit seiner völkischen Archäologie in der Tradition

einer Reihe von Historikern, die ihre Wurzeln in den politischen Auseinandersetzungen im Vormärz und der Revolution von 1848/1849 hatten (dazu SCHRAMM, 2014). Entkleiden wir das nationalistische Geschichtsverständnis dieser Gruppe von seinen ideologischen Anreicherungen, so bleibt als Kondensat die generelle Setzung, dass sich eine Nation durch gemeinsame Kultur, Sprache und Abstammung auszeichne. Dieser Konnex findet sich sowohl bei Reich als auch in etlichen anderen einschlägigen Genom-Studien. Es ist ein Postulat nicht nur in langer Tradition, sondern auch mit großer Sprengkraft. Von daher sollte man sorgfältig damit operieren. Diese Sorgfalt sucht bei man bei Reich jedoch vergebens.

Was bleibt am Ende zu sagen? David Reich präsentiert eine wissenschaftliche Methode von immenser Bedeutung; die Ergebnisse der Genetik sind wegweisend und erfordern unsere Aufmerksamkeit. Dies jedoch in zweierlei Hinsicht: Zum einen erweitern sie das Spektrum kulturhistorischer Erklärungen, zum anderen müssen sie kritisch betrachtet werden. Die naturwissenschaftlichen Verfahren liefern interpretationsbedürftige Daten, die zunächst nur Aussagen zu genetischen Codes bzw. zu Übereinstimmungen und Abweichungen in den Basenabfolgen der Chromosome machen. Wie Elsbeth Bösl (2017, 25) treffend formuliert, generieren molekulare Analyseverfahren Rohdaten, nicht Geschichte. Eine historische Erkenntnis liefern die naturwissenschaftlichen Ergebnisse alleine eben noch nicht; diese lassen sich erst im Rahmen einer kulturwissenschaftlichen Kontextualisierung erzielen. Dies erfordert jedoch eine offene und umfassende Diskussion mit den beteiligten Wissenschaften, die das Erkenntnispotenzial der jeweils eigenen Quellengattungen ebenso berücksichtigt wie die Kontroversen innerhalb der Disziplinen. All das leisten Reich und viele andere Genetiker nicht – und es ist auch nicht zu erwarten, dass sie das angesichts der Komplexität der Forschungsprobleme aller beteiligten Disziplinen können. So sieht man eine Verfahrensweise, die sich affirmativ im weiten Angebot relevanter Wissenschaften bedient und all das ignoriert, was nicht zu den eigenen Ergebnissen zu passen scheint. Darüber hinaus ist das Grundmuster der Narrative bemerkenswert, die Reich in großem Schwung vorträgt. Es ist im Wesentlichen die große Erzählung der Völkerwanderungen, die Kultur- und Sprachwandel mit sich bringen – eines seiner gängigen Bilder ist das von Migration als Flutwelle. Mehrfach betont er, dass Sprachwandel solche Massenwanderungen voraussetzt; ohne Rücksicht auf die Tatsache, dass

selbst Linguisten dies nicht unterstellen und eine große Bandbreite an Modellen diskutieren, wie sich Sprachen ausbreiten und verändern (siehe z. B. MALLORY & ADAMS, 2006, 458-460; NURSE, 1997, 375-377; ZIMMER, 1990, 24-36). Reich knüpft damit zwanglos – sicherlich unbewusst und ohne nähere Kenntnis – an die kulturhistorischen Narrative des 19. und frühen 20. Jahrhunderts an. Mit den Methoden des 21. Jahrhunderts werden hier nun die Fragen des 19. Jahrhunderts beantwortet. Es wird sich noch zeigen müssen, ob der Kaiser wirklich neue Kleider trägt oder nicht doch nackt ist.

Literatur

- Allentoft, M. E. et al. (2015). Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522, 167-172.
- Anthony, D. (2007). *The horse, the wheel and language. How Bronze-Age riders from the Eurasian steppes shaped the modern world*. Princeton/NJ: Princeton University Press.
- Bösl, E. (2017). *Doing Ancient DNA. Zur Wissenschaftsgeschichte der aDNA-Forschung*. Bielefeld: transcript.
- Burmeister, St. (2016). Archaeological Research on Migration as a Multidisciplinary Challenge. *Medieval Worlds* 4, 42-64.
- Dressler, W. (1965). Methodische Vorfragen bei der Bestimmung der „Urheimat“. *Die Sprache* 11, 25-60.
- Eggert, M. K. H. (2012). Bantu und Indogermanen: Zur vergleichenden Anatomie eines sprach- und kulturgeschichtlichen Phänomens. *Saeculum* 62(1), 1-63.
- Furholt, M. (2018). Massive Migrations? The Impact of Recent aDNA Studies on our View of Third Millennium Europe. *European Journal of Archaeology* 21, 159-191.
- Grünert, H. (2002). *Gustaf Kossinna (1858-1931). Vom Germanisten zum Prähistoriker; ein Wissenschaftler im Kaiserreich und in der Weimarer Republik*. Rahden/Westf.: Leidorf.
- Haak, W. et al. (2015). Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522, 207-211.
- Heyd, V. (2017). Kossinna's smile. *Antiquity* 91 (356), 348-359.
- Krause, J. (2019). *Die Reise unserer Gene. Eine Geschichte über uns und unsere Vorfahren*. Berlin: Propyläen.
- Kristiansen, K. (2014). Towards a New Paradigm? The Third Science Revolution and its Possible Consequences in Archaeology. *Current Swedish Archaeology* 22, 11-34.
- Kristiansen, K. et al. (2017). Re-theorising mobility and the formation of culture and language among the Corded Ware Culture in Europe. *Antiquity* 91 (356), 334-347.
- Mallory, J. P. (1989). *In Search of the Indo-Europeans. Language, Archaeology and Myth*. London: Thames & Hudson.
- Mallory, J. P. & Adams, D. Q. (2006). *The Oxford Introduction to Proto-Indo-European and the Proto-Indo-European World*. Oxford: Oxford University Press.
- Nurse, D. (1997). The Contributions of Linguistics to the Study of History in Africa. *Journal of African History* 38, 359-391.
- Pereltsvaig, A. & Lewis, M. W. (2015). *The Indo-European Controversy. Facts and Fallacies in Historical Linguistics*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Reich, D. et al. (2012). Reconstructing Native American population history. *Nature* 488, 370-374.
- Schmitt, R. (2000). Stichwort „Indogermanische Altertumskunde“, I. Sprachliches. *Reallexikon der Germanischen Altertumskunde* 15, 384-402.
- Schramm, N. L. (2014). *Konstrukteure der Nation. Geschichtswissenschaftler als politische Akteure in Vormärz und Revolution 1848/49*. Münster: Waxmann.
- Seebold, E. (2000). Stichwort „Indogermanische Sprache und Sprachfamilien“. *Reallexikon der Germanischen Altertumskunde* 15, 408-413.
- Simon, Z. (2008). How to find the Proto-Indo-European Homeland? A methodological essay. *Acta Antiqua Hungarica* 48, 289-303.
- Untermann, J. (1985). Ursprache und historische Realität: Der Beitrag der Indogermanistik zu Fragen der Ethnogenese. In: Rheinisch-Westfälische Akademie der Wissenschaften (Hrsg.), *Studien zur Ethnogenese*. (Abhandlungen der Rheinisch-Westfälischen Akademie der Wissenschaften 72). (S. 133-164). Opladen: Westdeutscher Verlag.
- Zerjal, T. et al. (2003). The Genetic Legacy of the Mongols. *American Journal of Human Genetics* 72, 717-721.
- Zimmer, St. (1990). *Ursprache, Urvolk und Indogermanisierung. Zur Methode der Indogermanischen Altertumskunde*. (Innsbrucker Beiträge zur Sprachwissenschaft, Vorträge und Kleinere Schriften 46). Innsbruck: Institut für Sprachwissenschaft der Universität Innsbruck.
- Zimmer, St. (2006). Indogermanisch und Indogermanen. *Sprachwissenschaft und Archäologie. Die Kunde N.F.* 57, 183-200.

Dr. Stefan Burmeister
VARUSSCHLACHT im Osnabrücker Land gGmbH
Museum und Park Kalkriese
Venner Straße 69
49565 Bramsche-Kalkriese
burmeister@kalkriese-varusschlacht.de

<https://orcid.org/0000-0001-8412-4753>