

**ELSBETH BÖSL, Doing Ancient DNA. Zur Wissenschaftsgeschichte der aDNA-Forschung.** transcript Verlag, Bielefeld 2017. € 39,99. ISBN 978-3-8376-3900-1 (gedruckte Ausgabe). € 39,99. ISBN 978-3-8394-3900-5 (E-Book). 460 Seiten.

Mit ihrer Habilitation an der Universität der Bundeswehr in München im Jahr 2017 leistet Elsbeth Bösl einen Beitrag zu den wissenschaftshistorischen Auseinandersetzungen mit der historischen Genetik (molekulare Anthropologie, Humanpopulationsgenetik, genetische Geschichte etc.). Seit über zehn Jahren fragen Wissenschaftshistoriker und -historikerinnen: Wie kam es zur Entwicklung des Verständnisses von Proteinen und DNA-Sequenzen als historische Dokumente, und was bedeuteten die neuen Ansätze für das Verhältnis zu anderen geschichtlichen Disziplinen? Welche Rolle spielte dabei die Tatsache, dass die ‚neue Geschichte‘ als eine naturgemachte, in den Körper eingeschriebene präsentiert wurde, die mittels technologischer Verfahren und mathematischer Modelle ‚gelesen‘ wird und die damit hohe Geltungsansprüche hat? Wie werden aus Gensequenzen dann aber doch am Ende Narrative, und welche identitätspolitischen Folgen haben diese Geschichten im Körper? Führen sie zur Biologisierung von Gruppen oder gar zu Rassismus? Letztere Frage ist auch über die Analyse der Zirkulation des Wissens aus der historischen Genetik in der Öffentlichkeit sowie von sogenannten *ancestry-tracing*-Firmen angegangen worden. Solche Firmen nutzen die Erkenntnisse der Wissenschaft, um DNA-Analyse-Angebote zu vermarkten. Sie ordnen die Kundin oder den Kunden in den genetischen Stammbaum der Menschheit ein, identifizieren sie oder ihn als Abkömmling eines bestimmten antiken ‚Stamms‘ (z. B. Wikinger oder Kelten) und geben zum Beispiel auch Auskunft darüber, ob jemand genetisch betrachtet jüdischer Herkunft ist (s. z. B. M. SOMMER, *History in the gene: Negotiations between molecular and organismal anthropology*. *Journal Hist. Biol.* 41,3, 2008, 473–528).

Die genetische Geschichte ist ein Feld zwischen verschiedenen Wissenschaften, das Spannungen erzeugt und die geisteswissenschaftlichen Ansätze in Bedrängnis bringt. Es ist aber auch an der Schnittstelle zwischen Wissenschaft, Öffentlichkeit und Markt verortet, was sich in der kommerzialisierten DNA-Ahnensuche, an der sich Populationsgenetiker oder -genetikerinnen (mitunter sogar als Gründer eigener Start-ups) beteiligen, genauso zeigt wie in den globalen und nationalen Projekten zur populationengenetischen Rekonstruktion der Migrationsgeschichte der Menschheit und ihrer Verwandtschaftsstruktur – so etwa dem *Genographic Project* von National Geographic, das auch mit einem *ancestry-tracing*-Angebot aufwartet (zur Übersicht M. SOMMER, *DNA and cultures of remembrance: anthropological genetics, biohistories, and biosocialities*. *BioSocieties* 5,3, 2010, 366–390). Mittlerweile liegen buchlange Analysen insbesondere mit Fokus auf dem anglophonen Raum vor (N. ABU EL-HAJ, *The Genealogical Science. The Search for Jewish Origins and the Politics of Epistemology* [Chicago 2012]; C. NASH, *Genetic Geographies. The Trouble with Ancestry* [Minneapolis 2015]). Ebenso hat eine starke Historisierung und Situierung in einer längeren Entwicklung der biologischen Zugänge zur Geschichte seit der Institutionalisierung der Paläoanthropologie stattgefunden. Diese naturwissenschaftlichen Ansätze zur Geschichte haben stets Unruhe in disziplinäre Formationen gebracht und über sämtliche Medien und durch Museen politische und identitätsstiftende Angebote an Öffentlichkeiten gemacht (M. SOMMER, *History Within: The Science, Culture, and Politics of Bones, Organisms, and Molecules* [Chicago 2016]).

Vor diesem Hintergrund nähert sich Bösl, insbesondere mit Blick auf das Versprechen endgültiger Gewissheit, dem jüngeren Zweig der Analyse *fossiler* DNA (aDNA, *ancient DNA*). Bösl gliedert ihr Buch in ein Einleitungskapitel zu „Forschungsanlass und Leitfrage“ (S. 7–18), dem vier analytische Kapitel folgen: zu „aDNA-Research als Forschungsgegenstand der Wissenschaftsgeschichte“ (Kapitel 1, S. 19–106) und zur „Entstehung des Forschungsfeldes“ (Kapitel 2, S. 107–164), gefolgt von einer historischen Rückschau auf „Technische Rückschläge und Methodenforschungen“ (Kapitel 3, S. 165–236) und der Diskussion der „Anwendungen und Fragestellungen:

Grenzen und Herausforderungen der Quelle aDNA in der überfachlichen Diskussion“ (Kapitel 4, S. 237–338). Der Band schließt mit „Ergebnissen“ (S. 339–352) und „Anhang“ mit Quellen und Literatur (S. 353–460). Zu den Quellen gehören auch „Expertinneninterviews“ mit Vertreterinnen und Vertretern der Prähistorischen und Mittelalterlichen Archäologie, Archäogenetik und Anthropologie sowie aus den *Heritage* und *Material Culture Studies*: Gisela Grupe, Susanne Hummel, Joachim Burger, Stefanie Samida, Thomas Meier, Manfred K. H. Eggert, Ulrich Veit, Johannes Krause und Wolfgang Haak sowie Tobias Gärtner.

In der Archäogenetik, Paläogenetik und Bioarchäologie ist mit der aDNA-Analyse ein populationsgenetisches, bioarchäologisches oder (evolutions-)historisches Erkenntnisinteresse verbunden, aber aDNA-Daten werden auch in der Naturschutzbiologie, im Biodiversitätsschutz und in der Rechtsmedizin verwendet. Meist stellt die aDNA-Analyse dabei nur eines von vielen Verfahren dar. Die aDNA-Forschung hat sich also bis anhin nicht als eigenes Fach formiert, sondern eher als Ansatz, der von verschiedenen Fächern eingesetzt wird; es bestehen, wie Bösl für den deutschsprachigen Raum nachzeichnet, keine spezifischen Professuren und Periodika und nur wenige Studiengänge. Sie erklärt, dass aDNA aus Organismen von Viren und Bakterien bis Pflanzen, Tieren und Menschen gewonnen wird und geht auf alle diese Bereiche ein, insbesondere aber auf Forschung am Menschen. Menschliche Überreste liefern meist mitochondriale DNA, von der vorwiegend nichtcodierende Abschnitte, insbesondere STRs, verwendet werden. Die Arbeit mit aDNA ist generell kein einfaches Unterfangen, da in alten Überresten oft keine eigene DNA mehr gefunden wird, auch wenn DNA unter Optimalbedingungen ~700 000 Jahre lang haltbar ist. Bösl zeigt, wie das Feld darüber hinaus seit Beginn mit dem Problem der Kontaminierung kämpft. Ist es wirklich die DNA des Untersuchungsobjekts, die analysiert wurde, oder etwa jene des Forschers? Zudem kann es im PCR-Verfahren zur Produktion von Artefakten kommen, da jüngere exogene DNA besser erhalten ist und besser vervielfältigt wird. Solche Probleme führten mitunter zu einer kritischen Fremd- wie Selbsteinschätzung. Interessant ist aber für Bösl gerade auch das Mantra, dass aDNA-Studien es im Gegensatz zu Ansätzen, die von rezenten Samples auf historische Prozesse schließen, mit ‚direkten Zeugnissen der Geschichte‘ zu tun hätten, die Ereignisse ‚bezeugen‘ können, deren Spuren in rezenter DNA gar nicht mehr vorhanden sind.

In ihrer historischen Schau (Kapitel 2 und 3) beschreibt Bösl, wie die aDNA-Forschung mit großen Erwartungen begann: Im Stil von „Jurassic Park“ hoffte man, selbst Jahrmillionen alte DNA zu finden, und es konnte darüber nachgedacht werden, ausgestorbene Spezies wieder zum Leben zu erwecken. Jedoch fiel der Ansatz wegen fragwürdiger Studien wie jener in Science von 1994, die eine ‚Dinosaurier-DNA-Sequenz‘ enthüllte, in Misskredit. Denn es stellte sich heraus, dass es sich um menschliche Kontaminierung handelte. Ab Mitte der 1990er Jahre besann man sich eher auf weniger Spektakuläres, wie zum Beispiel methodische Probleme. Als zur Mitte der 2000er Jahre das *Next Generation Sequencing* „das Sequenzieren günstiger, schneller, effizienter und stärker automatisierbar“ (S. 230) machte, sodass viel größere Datenmengen zur Verfügung standen, hatten daher jene Forschenden, die nach der ersten Ernüchterung im Feld verblieben waren, das Wissen über Fehlerquellen und die Erhaltungsbedingungen alter DNA erweitert. Allerdings etablierte sich erst in den 2010er Jahren ein Goldstandard für die Authentifizierung beziehungsweise die Abschätzung des Kontaminationsgrades von Proben. Im Laufe der Zeit wurden aus aDNA-Laboren Spezialeinrichtungen mit strengen Hygienevorschriften, wobei offenbar unklar blieb, inwieweit „die Kontrollkultur nur auf dem Papier bestand bzw. sich auf die Wünsche einer besonders kritischen Minderheit beschränkte“ (S. 204). Des Weiteren gewannen „statistische Verfahren, Modellierungen und probabilistische Denkweisen“ (S. 212) an Bedeutung.

Die aDNA-Forschung hat ihre Stars, die in der Öffentlichkeit als topmoderne Sherlock Holmes erscheinen, deren Arbeit die „eigentümliche Verbindung von Geheimnis, Rätsel und Rationalität,

Hochtechnologie und Zauber“ (S. 78) verspricht. Einer von ihnen ist Svante Pääbo, der heute unter den Direktoren der Abteilung Evolutionäre Genetik am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig ist und der seit langem zu einem Gegenstand forscht, der die Öffentlichkeit seit jeher im Bann hält: den Neandertalern, die Bösl als eines der Anwendungsfelder in Kapitel 4 bespricht. Sein Kollege Mark Stoneking hatte sich 1995 optimistisch gezeigt, dass die Sequenzierung der mtDNA eines einzigen Neandertalers die Frage nach der Durchmischung mit den anatomisch modernen Menschen abschließend klären würde. Tatsächlich berichtete das Team von Pääbo, damals an der Ludwig-Maximilians-Universität München, 1997 von der Isolation und Sequenzierung von 42 000 Jahre alter Neandertaler-DNA. Damit war ein Durchbruch geschafft, der den vielbeachteten Befund lieferte, dass sich Neandertaler und moderne Menschen nicht durchmischten hätten, denn diese mtDNA-Sequenz wurde beim modernen Menschen nicht gefunden. Pääbo startete schließlich am Max-Planck-Institut in Leipzig das „Neanderthal Genome Project“, in dem er Proben von 60 Neandertalerindividuen auf DNA untersuchte und mit einer eigens in Kooperation mit einer US-Herstellerfirma entwickelten Sequenzierungstechnik arbeitete. Rechtzeitig zum 150-jährigen Jubiläum des Neandertaler-Erstfundes publizierte das Team im Jahr 2006 vorläufige Ergebnisse. Aber trotz der Ausrufung eines neuen Zeitalters der Neandertalergenomik widersprachen die Befunde Forschungsergebnissen, die aus Großbritannien kamen. Schließlich publizierte das Max-Planck-Team 2010 in *Science* einen Entwurf des Neandertalergenoms (R. E. GREEN ET AL., A draft sequence of the Neandertal genome. *Science* 328,5979, 2010, 710–722. doi: <https://dx.doi.org/10.1126/science.1188021>). Es handelte sich um rund 60 Prozent des Genoms von drei etwa 38 000 Jahre alten Individuen aus dem kroatischen Fundort Vindija. Der Vergleich mit fünf Genomen lebender Menschen aus verschiedenen Weltregionen ergab nun, dass es vor circa 80 000 Jahren im Vorderen Orient zumindest zu einer geringen Durchmischung gekommen war. Die Neandertaler trugen also <1 % bis 3–4 % zum Genom heutiger Menschen bei, was zwar genetisch irrelevant, aber historisch bedeutsam sei (S. 306–313).

In diesen Kontext gehört auch ein weiterer Anwendungsfall, den Bösl bespricht: die spektakuläre Identifizierung einer neuen archaischen Population, der sogenannten Denisova-Menschen, die vor 40 000 Jahren im südlichen Sibirien gelebt haben sollen und mit den Neandertalern vor rund 640 000 Jahren den letzten gemeinsamen Vorfahren teilten. Es schien, dass die Neandertaler im selben Ausmaß zu deren Erbgut beigetragen hatten wie zu jenem der modernen Menschen. Mit den Denisova-Funden wurde erstmals eine archaische Menschenart allein molekulargenetisch, nicht morphologisch bestimmt, allerdings anhand von nur zwei Individuen, was zu Kritik führte. Auch die aDNA-Forschung an Neandertalern beruht auf einer Handvoll Individuen, während Archäologinnen und Archäologen Hunderte bis Tausende von Artefakten zur Verfügung stehen und die Morphologie an Dutzenden bis Hunderten Individuen untersucht werden kann. Die Befunde aus der Genetik sind daher nicht einfach mit jenen aus der Prähistorischen Archäologie in Verbindung zu bringen, mit einem Feld, das eine Debatte um die ‚Massendinghaltung‘ führt (das Ausgraben und Magazinieren von riesigen Mengen an Material). Dennoch wurde am Max-Planck-Institut in Leipzig 700 000 Jahre alte mtDNA eines *Homo heidelbergensis* aus Sima de los Huesos, Spanien, sequenziert, und man spekulierte, es könnte sich dabei um den gemeinsamen Vorfahren von Denisova-Menschen und Neandertalern handeln. Heute ist die aDNA-Forschung Teil der Entwicklung hin zur *Big-Data*-Wissenschaft und sie teilt damit das Problem, dass sich die Technologie rascher entwickelt als entsprechende Fragen und Hypothesen generiert werden können. So betrachte man an den Max-Planck-Instituten in Jena und Leipzig seit Mitte der 2010er Jahre genomweite Sequenzierungen „bereits wieder als in vielen Fällen unnötig und ineffektiv“ (S. 318), während die Vergrößerung der Samples ein Desiderat bleibt (S. 313–318).

Nebst der Quellenkritik bleiben also die Herausforderungen, genetische Daten wie Veränderungen von Allelfrequenzen geographisch-kulturell zu interpretieren und mit Artefaktquellen und

Schriftquellen zu kombinieren, die Bösl in Kapitel 4 diskutiert. „[G]enetische Diversität innerhalb einer Gruppe, Beziehungen zwischen Gruppen und deren demografische Strukturen sowie die Populationsdynamiken der Vergangenheit“ (S. 319) seien als rein populationsgenetische Gegenstände der aDNA-Forschung zwar nicht umstritten, aber Annahmen wie die Koevolution von Genen, Sprachen und Kulturen, wie sie einflussreich von Luigi Luca Cavalli-Sforza gemacht wurden, der ‚genetische Stammbäume menschlicher Populationen‘ als ‚Stammbäumen von Sprachen‘ parallel dachte, waren von Anfang an kontrovers und sorgten für Reibungen zwischen den Disziplinen. In der aDNA-Forschung wie bereits in der Analyse rezenter DNA-Samples drehen sich die Kontroversen also oft um die Rekonstruktion soziokultureller Vorgänge wie Migration und Kulturwandel sowie um ethnische Interpretationen, deren Zulässigkeit bereits bei Überresten der materiellen Kultur umstritten und bei genetischen Daten eventuell noch fraglicher ist. Aus dieser Perspektive seien archäologische Kulturen „nur als Verbreitung von Sachguttypen zu verstehen“ (S. 322) und weder mit sozialen oder biologischen Menschengruppen noch mit kulturellen oder politischen Entitäten oder bestimmten geographischen Räumen gleichzusetzen. In der Archäologie hatte sich die Kritik an ethnischen Interpretationsversuchen weitgehend durchgesetzt, als damit begonnen wurde, Populationen genetisch zu interpretieren. Bösl weist allerdings darauf hin, dass seit Ende der 2000er Jahre diese Kritik auch aus der Paläogenetik kommt, wenn zum Beispiel davor gewarnt wird, genetische Einheiten wie Haplogruppen als biologische Entsprechung von kulturellen / sozialen Gruppen zu deuten. So komme es denn vermehrt zu überfachlichen Verständigungen über die (Un-)Möglichkeit solcher Interpretationen. Zum Beispiel wurden die Methoden der aDNA-Wissenschaft auch auf die Frage der ‚Neolithisierung‘ angewandt, mit ähnlich komplexen Befunden, wie sie aus der Archäologie hervorgingen, was auf einen generellen Trend verweise: Forschungsfragen sowie Interpretationen werden komplexer, nicht einfacher – und schon gar nicht ein für allemal geklärt.

Elsbeth Bösl legt eine beeindruckende, tiefgreifende und ausführliche Studie zur Geschichte und Gegenwart der aDNA-Forschung vor, die vielleicht durch eine strikte chronologische Struktur noch an Leserfreundlichkeit gewonnen hätte. Dass das Thema weit über die humanistische und biologische Geschichte hinaus von Relevanz ist, zeigt die jüngste Debatte um die Frage nach menschlichen ‚Rassen‘ im Zusammenhang mit David REICHS *Who We Are and How We Got Here* (Corby 2018), die auch im deutschen Sprachraum heftig und öffentlich geführt wurde. Reich ist ein aDNA-Star aus dem Pääbo-Kreis, der an der federführenden Neandertaler-Forschung und der Identifizierung der Denisova-Menschen beteiligt war, und seine Behauptung der Signifikanz genetischer Unterschiede zwischen menschlichen Populationen verweist auf die, eingangs angesprochene, politische Brisanz der genetischen Geschichte. Die Debatte ist in den USA entfacht und die, ebenfalls eingangs erwähnte, zehnjährige Forschungstradition hat sich von Beginn an mit dieser Brisanz auseinandergesetzt. Bösl bringt die Geschichte und Entwicklung des in diesem Fall dahinterstehenden Feldes der aDNA-Forschung nun stärker in den deutschsprachigen Kontext (Forum: Genetic History, N. T. M. 26,3, 2018, 301–350. doi: <https://dx.doi.org/10.1007/s00048-018-0196-9>).

CH–6002 Luzern  
Frohburgstrasse 3  
E-Mail: [Marianne.Sommer@unilu.ch](mailto:Marianne.Sommer@unilu.ch)

Marianne Sommer  
Professur für Kulturwissenschaften  
Seminar für Kulturwissenschaften und  
Wissenschaftsforschung  
Universität Luzern