

# **Molekulargenetischer Beitrag zur Bevölkerungsgeschichte Tibets**

Horst Südkamp

## Inhalt

Einleitung.....	3
Tibeter im molekulargenetisch konzipierten Stammbaum von Cavalli-Sforza.....	13
Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren in China.....	16
Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren im Himalajaraum.....	27
Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren in Indien.....	34
Die Besiedlung Asiens.....	37
Das ethnogenetische Feld der Tibeter.....	45
Zusammenfassung.....	53
Anhang 1: Y-Chromosom.....	54
Anhang 2 Y-Chromosom Haplogruppen Stammbaum.....	55
Anhang 3 Stammbaumsegment der Y-SNPs in Ost-Asien.....	56
Anhang 4 Verbreitung der Y-Chromosom-Marker M89, M130, YAP+, etc.....	57
Litertaur.....	59

## Einleitung

Seit es die Möglichkeit gibt, genetische Unterschiede von Menschen auch zu messen, sammelten Biologen entsprechende Daten, welche ihnen Aussagen über Ursprung und Zusammenhang menschlicher Populationen gestatteten. Auf der Grundlage des Vergleichs biometrischer und anderer empirisch erhobener Daten (Blutgruppen, Hautleisten etc.) postulierte bereits der schwedische Anthropologe Lundman eine eigene tibetische Rasse, die sich von der mongoliden durch einen geringeren Anteil mongolider Merkmale und durch Merkmale eines deutlich erkennbaren Genaustausch mongolider und europider Merkmale unterscheidet.<sup>1</sup> Diese Beobachtung wird durch die molekulargenetische Analyse asiatischer Populationen bestätigt.

Das Kern-Genom<sup>2</sup> beinhaltet eine beachtliche Zahl menschlicher Polymorphismen<sup>3</sup>, darunter die klassischen der *Blutgruppen* oder *Proteine*, aber eben auch solche Einzel-Nukleotid-Varianten (SNPs<sup>4</sup>) wie die *Restriktionsenzymfragmentlängenpolymorphismen* (RFLP).<sup>5</sup>

---

<sup>1</sup> Siehe: B.Lundman, Geographische Anthropologie, Stuttgart 1967

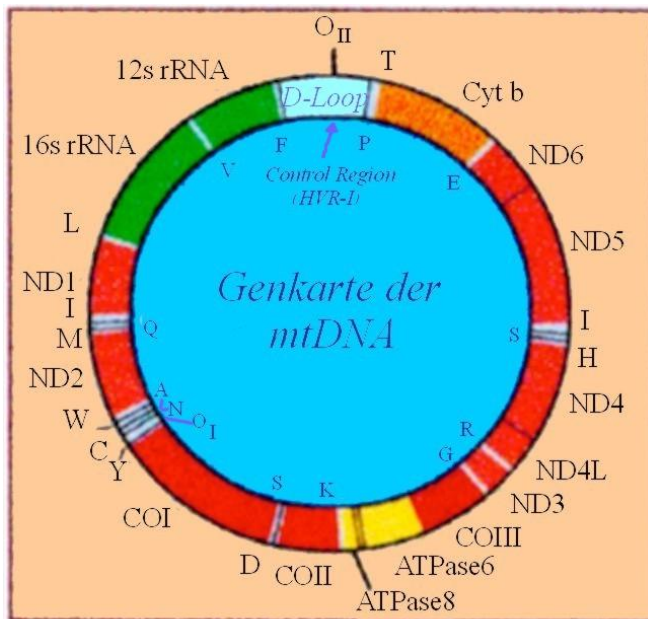
<sup>2</sup> **Genom**: Summe der Gene, die eine einzelne Gamete (Keimzelle, Spermium und Eizelle) trägt. Alle Gene in den Chromosomen eines Individuums. Das Genom besteht aus der Gesamtzahl der Basenpaare der DNA des Individuums, einschließlich aller 44 Autosomen und der 2 Geschlechtschromosomen sowie der mitochondrialen DNA.

<sup>3</sup> **Polymorphismus**= 1) Das Bestehen zweier oder mehrerer differenter Phänotypen, die durch zwei oder mehr **Allele** (= alternative DNA-Sequenz an einem locus) bedingt sind und jeder für sich mit abschätzbarer Frequenz auftritt, d.h. die Präsenz verschiedener DNA-Segmente am gleichen **locus** (= spezifische Position auf dem Genom) in einer Population; 2) Unterschiede der DNA-Sequenz von Individuen bei wenigstens 1% der Population, derer man sich bedient, um die Wahrscheinlichkeit gemeinsamer Vererbung (genetic linkage) einzuschätzen. Sie erfüllen in der Genetik die Funktion von sog. Markern. Ein **Marker** ist ein identifizierbarer physikalischer Ort (locus) auf einem Chromosom (z.B. ein Restriktions-Enzym, ein Gen), dessen Vererbung nachweisbar ist. Marker sind Bereiche auf der DNA-Kette oder auf Genen oder DNA-Kettensegmenten, deren Codierungsfunktion unbekannt, aber deren Vererblichkeit nachweisbar ist. Ein solcher Marker ist z.B. das RFLP, d.h. der *Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus*.

<sup>4</sup> Kleine genetische Veränderungen oder Variationen, die an der DNA-Sequenz einer Person an einem einzelnen Basenpaar (z.B. ATAC → ATAG) erscheinen. Die Mehrzahl der menschlichen Sequenz-Veränderungen sind auf Substitutionen zurückzuführen, die sich im Verlaufe der Menschheitsgeschichte an individuellen Basenpaaren ereignet haben (SNPs=Single Nucleotid Polymorphisms). Ein hypothetischer Genotyp: AT//AA//CG läßt sich in die folgenden drei SNPs gliedern: SNP1=AT, SNP2=AA, SNP3= CG.

<sup>5</sup> **Restriktionsfragmentlängenpolymorphismus= restriction fragment length polymorphism (RFLP)**: Variation zwischen Individuen hinsichtlich bestimmter DNA-Fragmentabschnitte, deren Abschnitte von bestimmten Restriktions-Enzymen hergestellt werden. Polymorphismen-Sequenzen, die als Marker gebraucht werden sowohl auf den physikalischen Karten als auch auf den **genetic linkage maps**= Chromosomenkarte, welche die relativen Positionen bekannter Gene auf den Chromosomen bestimmter Arten anzeigt. RFLP's entstehen durch Mutation an einem Fragmentabschnitt.

Man schätzt die Mutationsrate pro Generation für derartige Einzel-Nukleotide<sup>6</sup> auf etwa  $10^{-7}$  bis  $10^{-8}$ .<sup>7</sup> Die langsame Mutationsrate dieser Polymorphismen ermöglicht eher Aufschlüsse über die länger zurück liegende, ältere Geschichte der menschlichen Spezies, ist aber im Hinblick auf die jüngsten genetischen Veränderungen einzelner Populationen weniger aussagekräftig.



Schematische Darstellung des mitochondrialen Genoms (nach Th.G.Schurr; *A Molecular Anthropological Perspective on the Peopling of the Americas*, 2002)

Zu einer anderen Gruppe nuklearer Polymorphismen gehören die sog. Mikrosatelliten.<sup>8</sup> Darunter versteht man sich wiederholende DNA-Sequenzen von einer Länge zwischen 2 bis 5 Basenpaaren (z.B. des Basenpaars Cytosin und Adenin: CACACACA). Diese Mikrosatellitensysteme unterscheiden sich durch die Anzahl der Basenpaare und ihrer Wiederholungen von einem Individuum zum nächsten. Beim Menschen hat man bislang über 5000 von diesen

Mikrosatelliten identifizieren können.<sup>9</sup> Ihre Mutationsrate ist wesentlich höher als jene der RFLP's, sie liegt etwa bei  $10^{-3}$  pro Generation,<sup>10</sup> was

<sup>6</sup> DNS (DNA) werden Aminosäure-Stränge genannt, aus denen sich die Chromosomen bilden. Die Chromosomen setzen sich aus Einheiten zusammen, deren Bausteine aus vier basischen Aminosäuren: Adenin Guanin, Cytosin und Thymin, bestehen.

Adenin und Guanin sind **Purine (Purinbasen)**, Cytosin und Thymin **Pyrimidine (Pyrimidinbasen)**.

Das Gerüst eines DNA-Stranges bilden regelmäßig wechselnde Segmente aus **Phosphorsäure** und **Desoxiribose**, bei denen der Zucker (Desoxiribose) mit einer der Basen (A,G,C,T) verbunden ist. Die Reihenfolge dieser Basenverbindungen variiert mit jedem DNA-Segment.

Die Gliederung des DNA-Stranges nach Abschnitten, welcher jeweils ein Phosphor- und ein Desoxiribose-Molekül mit einer Base (A,G,C,T) enthält, differenziert ihn nach Einheiten, die **Nukleotide** genannt werden. In Übereinstimmung mit der Alternative der optionalen Basen gibt es also auch **vier Nukleotid-Typen**.

So kann man den DNA-Strang auch als eine **Kette von Nukleotiden** definieren, deren Reihenfolge die gesamte Biologie des Individuums bestimmt. Die DNA des Menschen setzt sich aus 3 Milliarden Nukleotidpaaren zusammen.

<sup>7</sup> Siehe: Nei, M. *Molecular Evolutionary Genetics*, New York 1987

<sup>8</sup> **Satellit**= Ein chromosomaler Abschnitt, der abzweigt von dem Rest des Chromosoms, aber durch feines Filament mit ihm verbunden bleibt. **Mikrosatelliten** sind hoch polymorphe Tandemwiederholungen von DNA-Sequenzen, die zwischen 2 bis 8 Nukleotiden lang sein können und auch in der Zahl ihrer Wiederholungen variieren. **Minisatelliten**= Wiederholung von Basenmustern (einigen hundert Basenpaaren).

<sup>9</sup> Siehe: Dib, C. et al. A comprehensive genetic map of the human genome based on 5.264 microsatellites, *Nature*, 380, 1996, p.152-4

<sup>10</sup> Siehe: Weber, J.L., Wong, C., Mutation of human short tandem repeats, *Hum.Mol.Genetics* 2, 1993, p.1123-8

diese Polymorphismen zu besseren Informanten über die rezenteren Ereignisse der Evolution von *homo sapiens sapiens* macht.

Wegen seiner besonderen Eigenschaften, einmal der rein mütterlichen Übertragung, zum anderen des Ausschlusses der Rekombination im Unterschied zur autosomalen DNA, bietet das mitochondriale Genom<sup>11</sup> die Möglichkeit über die Differenz ihrer DNA-Sequenzen, hervorgerufen durch jene Mutationen, welche sich seit der Trennung jeder einzelnen Sequenz von ihrem gemeinsamen Ahnen ereignet haben, auch den genetischen Abstand ihrer Träger abzuschätzen;<sup>12</sup> denn weil die mtDNA unverändert von der Mutter auf ihre Nachkommen übergeht, lassen sich ihre Veränderungen nur auf Mutation zurückführen. Das ermöglicht auch ihre Ordnung nach *Haplogruppen*<sup>13</sup>, die durch bestimmte Polymorphismen definiert werden und sich seit etwa 150.000 Jahren ausdifferenzieren.

Auf der *mtDNA* gibt es zwei Bereiche, welche die Aufmerksamkeit genetischer Analysen auf sich ziehen. Etwa 94% des *mtDNA*-Stranges besteht aus kodierenden Bereichen (coding regions), welche RNA-Gene einschließen, Transfer-RNA-Gene und Proteine für die oxidative Phosphorylation (OXPHOS= biochemischer Hauptprozeß im Mitochondrium). Der Rest des *mtDNA*-Genoms (ca 1.100 Nukleotid-Basenpaare) besteht aus nicht-kodierenden Kontrollbereichen (non-coding control region), welche den Replikationsstopp der *mtDNA* bewirken und steu-

---

<sup>11</sup> Das **Mitochondrium** ist eine Zellorganelle außerhalb des Zellkerns, die in allen Zellen höherer Organismen vorkommt, wahrscheinlich ursprünglich ein Bakterium, das sich zum Zellsymbiont entwickelt hat. Das Mitochondrium besteht aus einem oder mehreren DNA-Strängen, die jeder für sich **einen Ring**, d.h. ein ringförmiges Chromosom bilden. Das menschliche Mitochondrium setzt sich aus etwa 15.600 Nukleotiden zusammen (mtDNA= Mitochondriale DNA). Das Mitochondrium wird von der Mutter vererbt. Im Unterschied zur autosomalen DNA ist mtDNA nicht rekombinierbar, kann also nicht weiter wachsen und sich reduplizieren.

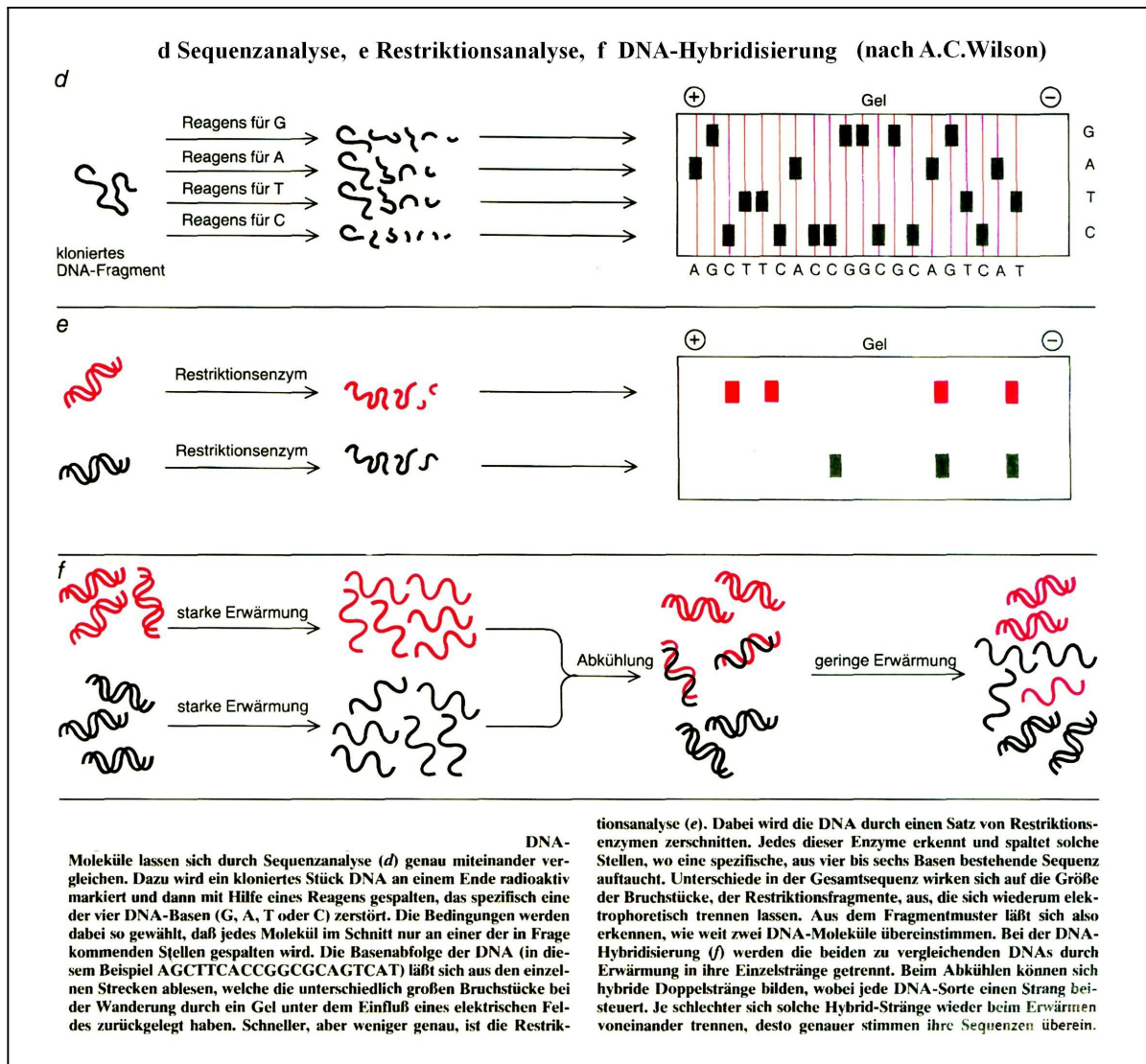
Kommt im Verlaufe der Fortpflanzung eine Mutation<sup>11</sup> vor, d.h. das Austauschen eines Nukleotids durch ein anderes, dann weisen die Nachkommen derselben Mutter auch eine um diese Veränderung verschiebende Form des Stranges mitochondrialer DNA auf. Analysiert man diese Unterschiede, dann kann man einen Stammbaum der Abweichung vom gemeinsamen Vorfahren ermitteln, und zwar so, daß sich Individuen, die sich nur durch ein Nukleotid voneinander unterscheiden, sich zeitlich näher stehen, also solche, die sich durch zwei oder drei oder n+1 verschiedene Nukleotide unterscheiden. Die Anzahl der Nukleotide, in denen sich Individuen voneinander unterscheiden, wird so zu dem Maß des zeitlichen Abstands, in dem ihre Eigenheit mit ihnen in Erscheinung tritt.

Der Unterschied zweier mtDNA-Sequenzen repräsentiert die Mutationen, denen sie seit der Abstammung vom ihrem gemeinsamen Ahnen unterlegen waren.

<sup>12</sup> **Genetische Distanz**= Der genetische Unterschied zweier Populationen in Korrelation zur Länge der Zeit, nach der sie sich von der gemeinsamen Ursprungspopulation getrennt haben.

<sup>13</sup> Die in einer mtDNA unterscheidbaren Mutationen, die sich in einem bestimmten Zeitintervall (5.800-10.000 Jahre) ereignen, lassen sich zusammenfassen nach **Haplogruppen**. Eine mtDNA-Haplogruppe wird durch **Polymorphismen** bestimmt, die sich vor einigen tausend Jahren gebildet haben, d.h. durch die möglichen alternativen genetischen Sequenzen eines gegebenen Genortes (locus). Die **Haplotypen** sind die Subcluster der Haplogruppen. Die Haplogruppe kann also auch definiert werden als monophyletisches Cladum eines mtDNA- Stammbaums, z.B. als eine Gruppe von Haplotypen, die alle Deszendenten ihres MRCA (most recent common ancestor) zusammenfaßt, und zwar nach Maßgabe der gemeinsam geteilten Mutationen.

ern. Die Kontrollbereiche mutieren 2 bis 10 mal schneller als die kodierenden. Zwei *hypervariable Segmente* (HSV-I und HSV-II) gelten als

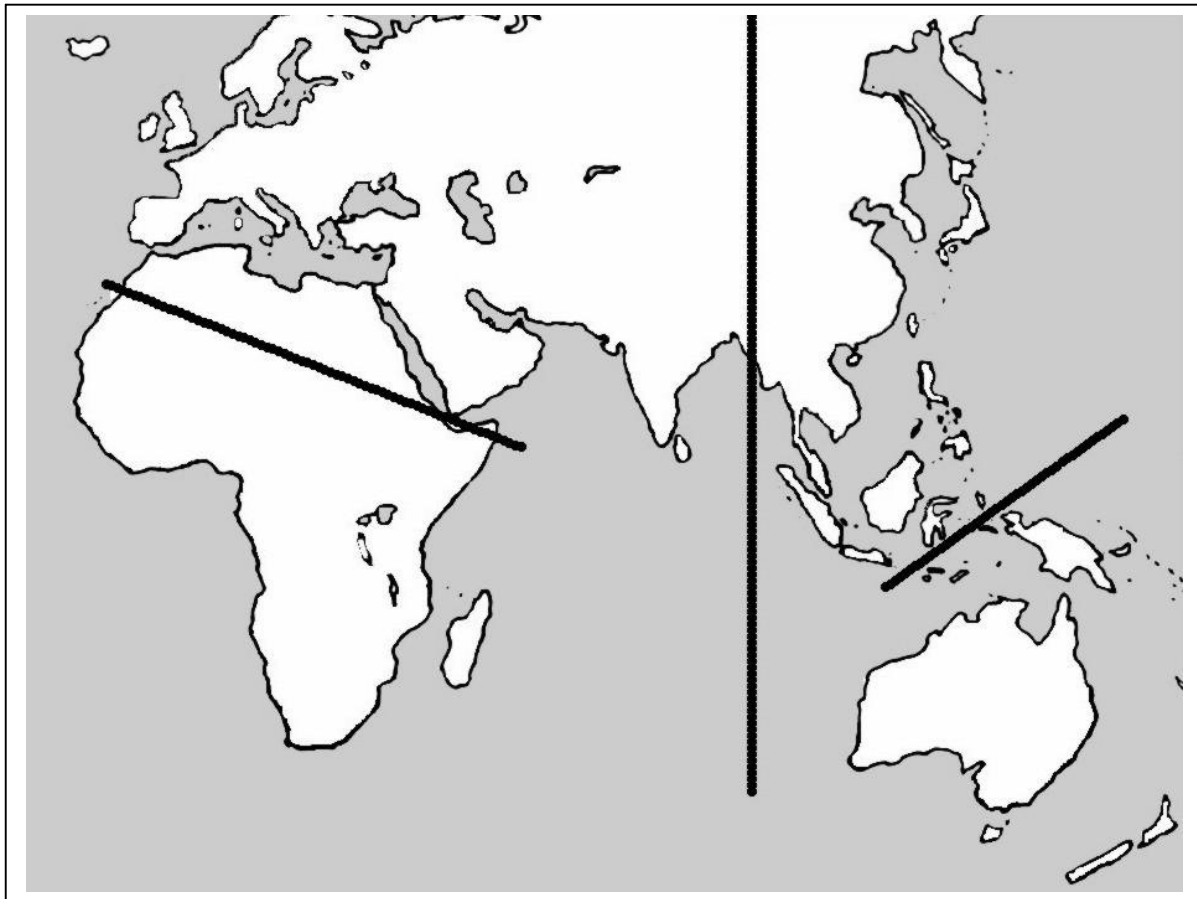


die am schnellsten changierenden Segmente dieser Kontrollbereiche.

Die Abfrage der genetischen Eigenheiten der *mtDNA* geschieht über zwei methodische Verfahren. Die Analyse der *Restriktionsfragmentlängenpolymorphismen* macht über den Einsatz verschiedener DNA-Schnitt-Enzyme (*restriction endonuclease*) für individuelle *mtDNA*-Sequenzen die Variationen sichtbar, welche die *mtDNA*-Moleküle an spezielle Nukleotid-Sequenzen binden, die *Rekognitions-Orte* genannt werden.

Bei der Typisierung des Moleküls mittels RFLP wird das Molekül mit verschiedenen Restriktions-Enzymen (z.B. 12 verschiedene) gesättigt, die es in bestimmte Basenpaarensequenzen schneidet (z.B. AATT oder ATGCAT) und ein typisches Muster aufdeckt, das auch Restriktionskarte (*restriction map*) genannt wird. Im Falle genetischer Differenzen

zweier Individuen schneiden die Restriktionsenzyme deren DNA an verschiedenen Stellen der *mtDNA* in Fragmente unterschiedlicher Länge. Die mit den Restriktionsenzymen durchgeführte Analyse der RFLPs (diese stellen jeweils bestimmte Kombinationen von Fragmentlängen dar) ermittelt also genetische Polymorphismen innerhalb eines *mtDNA-Haplotypus*'. Die Zusammenstellung verwandter *Haplotypen*,<sup>14</sup> die durch einen bestimmten Satz gemeinsamer RFLPs definiert wird, heißt *Haplogruppe* oder *mtDNA-Lineage*. Mit dieser RFLP-Analyse konnte eine beachtliche genetische Variation innerhalb und zwischen menschlichen Populationen nachgewiesen werden. Wenngleich ein signifikanter Prozentsatz dieser Variationen von allen Populationen geteilt wird, finden sich bestimmte Variationen ausschließlich in geographisch definierbaren ethnischen Gruppen.



Das andere Verfahren untersucht die *mtDNA*-Variationen direkt auf einer oder auf beiden *hypervariablen Segmenten* des Kontrollbereichs

<sup>14</sup> **Haplotypus**= Ein Satz von Allelen an zwei oder mehreren Loci eines bestimmten Chromosoms. Von einem hypothetischen Genotypen AT//AA//CG mit den SNPs: SNP1=AT, SNP2=AA, SNP3=CG ließen sich zwei mögliche Haplotypenpaare ableiten: AAC/TAG oder AAG/TAC.

Subcluster einer Haplogruppe: 1) Eine Serie bekannter DNA-Sequenzen auf einem Chromosom; 2) Ein Satz von Restriktionsfragmentlängen auf einem Chromosom, die untereinander und mit einem Gen verbunden sind, das z.B. von analytischem Interesse ist.

(HVS-I und HVS-II). Diese direkte Analyse der Sequenzen kann nur durch unmittelbaren Vergleich, und zwar Nukleotid für Nukleotid, auf einem Bereich der *mtDNA* erfolgen. Weil die Mutationsrate in dem Kontrollbereich hoch ist, macht der direkte Sequenzvergleich eine detaillierte Analyse von kleinsten Veränderungen erforderlich, die erst kürzlich eingetreten sein können. Auch die Mutationen in der Kontrollregion ermöglichen es dank ihrer hohen Rate, spezifische *mtDNA*-Lineages in menschlichen Populationen zu ermitteln und machen die genetischen Unterschiede dieser Lineages in geographisch umschreibbaren Gebieten kenntlich.

Die gegenwärtig erhobenen *mtDNA*-Sequenzen (Abkürzung für mitochondriale DNA-Sequenzen) variieren deutlich kontinentenspezifisch,<sup>15</sup> d.h. sie lassen sich auch nach ihrem kontinentalen Verbreitungsgebiet gruppieren, nach Gruppen aus O-Asien, Europa und aus dem subsaharisch-afrikanischen Ursprungsherd.<sup>16</sup>

	Asien		Europa-N-Afrika	Afrika			Amerika	
mtDNA Haplogruppen	M	A, B, F	H,V,U,K,T,J,W,I,X	L			A, B	X
	C, D, E, G			L1	L2	L3	C, D	
Haplogruppencluster			HV, UK, TJ, WIX					
Proportion	77%	23%	99%	29%	34%	37%	95%	?

nach Torroni, Richards, Ballinger, Schurr u.a.

So repräsentieren z.B. die 9 *mtDNA-Haplogruppen* H, I, J, K, T, U, V, W und X mehr als 95% des westeurasischen und mediterran-afrikanischen *mtDNA*-Pools, während die *Haplogruppen* M, B, F und A typisch sind für die mongoloiden Populationen. Das *Haplogruppen*-Supercluster L mit den Subclustern L1, L2, und L3 ist repräsentativ für die Populationen Afrikas südlich der Sahara.<sup>17</sup> Alle *mtDNA*-Varianten außerhalb Afrikas stammen von einem einzigen panafrikanischen Cluster ab, dem Cluster L3a.<sup>18</sup>

<sup>15</sup> Siehe: T.Kivisild et al., The Place of Indian *mtDNA* Variants in the Global Network of Maternal Lineages and the Peopling of the Old World, in: Deka, R.Papiha, S.S.Kliver (ed.), *Genomic Diversity*, 1999, p.135

<sup>16</sup> Siehe: T.Kivisild et al., The Place of Indian *mtDNA* Variants in the Global Network of Maternal Lineages and the Peopling of the Old World, in: Deka, R.Papiha, S.S.Kliver (ed.), *Genomic Diversity*, 1999, p.135

<sup>17</sup> Chen et al., Analysis of *mtDNA* variations in African populations reveals the most ancient of all human continent-specific haplogroups, *American Journal of Human Genetics*, 57, 1995, p.133-149; Torroni et al., Classification of European *mtDNA*'s from an Analysis of three European populations, *Genetics* 144, 1996, 1835-1850; Watson et al., Mitochondrial footprints of human expansions in Africa, *Am.Journ.Human Genetics*, 61, 1997, p.691-704

<sup>18</sup> Siehe: Watson, E., Forster P., Richards M., Bandelt HJ, Mitochondrial footprints of human expansions in Africa, *Am.Journ.Human Genetics*, 61, 1997



Die nicht kodierenden mitochondrialen Kontrollsegmente sind besonders reich an Polymorphismen, deren Mutationsrate auf das Zwei- bis Dreifache von  $10^{-7}$  geschätzt wird.<sup>19</sup>

Schwieriger war es dagegen Polymorphismen im Y-Chromosom (siehe Anhang 1) zu identifizieren, von denen mittlerweile ebenfalls ein wachsende Zahl zur Verfügung stehen.<sup>20</sup> In diesem Zusammenhang mahnt die Möglichkeit einer Reduktion der Y-Chromosmen-Variation durch periodisch auftretende selektive Ausfälle aber zur Vorsicht.<sup>21</sup>

#### europäische mtDNA-Haplogruppen

	vor Jahren	aus/von/vom	verbreiteten sich nach
U	45.000	N-Griechenland	Frankreich, Britannien
X	25.000	Kaukasus	Europa, Nordamerika
H	20.000	Rhonetal	England, Europa
V	17.000	N-Spanien	Finnland, Norwegen (Saamen, Lappen)
T	17.000	N-Italien	W-Europa
K	15.000	nördl. Adria	Alpenraum
J	10.000	Euphrat	Cornwall, Wales, Schottland

Anders als das X-Chromosom, das der Rekombination durch Meiosis unterliegt, gibt es beim Y-Chromosom nur für 5%, d.h. nur für die sog. pseudoautosomale Region (PAR), eine Rekombination. Da das Y-Chromosom nicht paarweise erscheint wie das X-Chromosom, rekombiniert es in der überwiegenden Mehrzahl der Fälle nicht. Die einzige Möglichkeit der Veränderung dieser nicht-rekombinierbaren Anteile des Y-Chromosoms (NRY) besteht in ihrer Mutation. Da jeder Mann nur ein Y-Chromosom hat, erhält sein Sohn eine genaue Kopie von diesem Chromosom, das mehrheitlich nicht rekombiniert, weshalb sich an der Anzahl der stattgehabten Mutationen eine Geschichte seiner Veränderungen ablesen läßt, die genetische Geschichte männlicher Linien. Die Mutationsrate des Y-Chromosoms ist 2,8 mal höher als die des X-Chromosoms.<sup>22</sup>

<sup>19</sup> Siehe: Horai S. et al. Recent African origin of modern human revealed by complete sequences of hominoid mitochondrial DNAs, *Protoc. Nati Acad Sci USA*, 92, 1995, p.532-6

<sup>20</sup> Siehe: Hammer, M.F. et al., The geographic distribution of Y Chromosome variation, *Genetics*, 145, 1997, p.787-805

<sup>21</sup> Siehe: Whitfield, L.S. et al. Sequence variation of the human Y chromosome, *Nature* 378, 1995, p.379-380

<sup>22</sup> Y-Chromosomen mit Haplotypen, welche Allele an jedem der 20 bis 30 SSR-Polymorphismen (Single Sequence Repeat) des Chromosoms gemeinsam haben, haben auch in jüngerer Vergangenheit einen gleichen Y-Chromosomen-Vorfahren. Für Haplotypen die sich an einem Genort unterscheiden, ist die Verwandtschaft weniger eng und für solche die an zwei Orten variieren noch weniger. Über den Ähnlichkeitsvergleich der Haplotypen läßt sich also mithilfe der Polymorphismen Bevölkerungsgeschichte rekonstruieren, da die gemeinsamen Vorfahren von Haplotypen mit vielen gemeinsamen Allelen nicht so weit in der Vergangenheit zurückliegen wie jene, die weniger Allele gemeinsam haben.

Das Y-Chromosom Consortium (YCC) repräsentiert dank einer Normierung von Nomenklatur und Methoden eine internationale Kooperation, die u.a. einen phylogenetischen Stammbaum aus bis jetzt 18 Y-Chromosom-Haplogruppen zu ermitteln in der Lage war, und zwar zusammen mit deren Untergliederung in ihre Haplotypen (siehe: Anhang 2). In diesem Kontext gelten Lineages binärer Polymorphismen als Haplogruppen, während deren Haplotypen Sublineages darstellen, die durch ihre Variation der Mikrosatelliten definiert werden.

Durch das Zählen der Nukleotid-Differenzen miteinander zu vergleichender DNA-Sequenzen von verschiedenen Individuen sowohl auf der mtDNA als auch auf DNA-Abschnitten des Y-Chromosoms kann man, wie bereits gesagt, auch deren genetische Differenz bestimmen. Zählt man für zwei Sequenzen Unterschiede auf  $n$  Nukleotid-Orten, dann darf man unter bestimmten Voraussetzungen (Ausschluß der Möglichkeit multipler Mutationen am selben Nukleotid-Ort) davon ausgehen, daß

Y-Chromosom-Haplogruppen und ihre Verbreitung in Europa

Haplogruppen	Verbreitungsgebiet	seit Jahren	Kultur der Träger
HG1	Westeuropa	25.000	Wildbeuter
HG2	Mittel- u-Süd-Europa	12.000	Bauern
HG3	Osteuropa, Altai	7000	Nomaden, Kurgankultur
HG8	S-Frankreich, Sardinien		
HG9	Kaukasus, Anatolien	10.000	vorderasiat. Bauern
HG16	NO-Europa		Uralier ohne Ungarn*
HG21	N-Afrika, S-Europa, Türkei		
HG22	S-Frankreich, Baskenland		

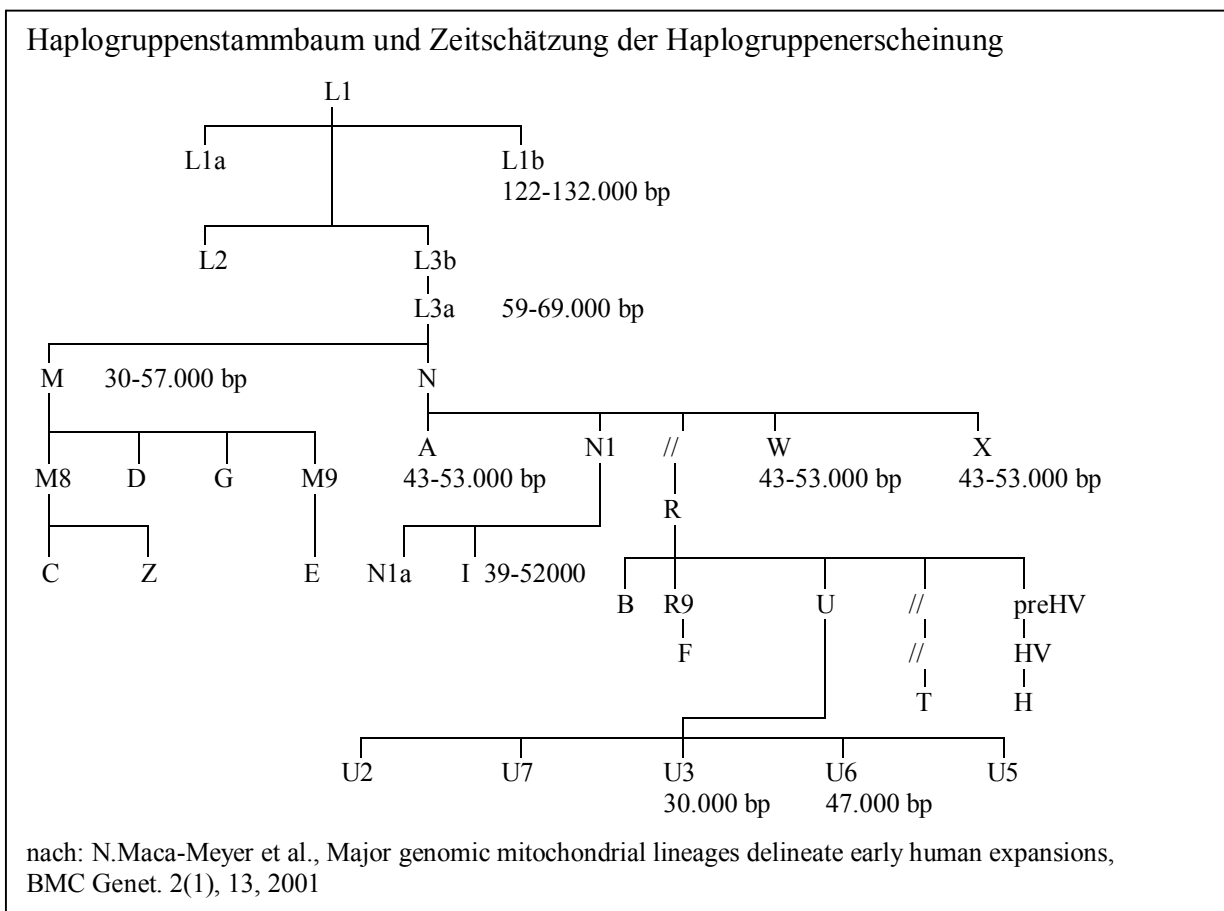
\*Finnen, Saami, Esten, Mari

seit der Abzweigung dieser DNA-Sequenzen von ihrem Ahnen diese  $n$  Mutationen sich ereignet haben. Wegen der relativ gleichmäßigen Taktfrequenz der Mutationsraten, hat man an den Mutationen ein Zeitmaß, mit dem man auf die Zeit des gemeinsamen Ahnen rückschließen kann (vorausgesetzt: selektive Auswirkungen auf die DNA-Sequenzen bleiben ausgeschlossen). Dieses Verfahren läßt sich auch auf ganze Populationen, ja auf die Spezies insgesamt anwenden, indem man von einer hinreichenden Anzahl von Individuen verschiedener Populationen entsprechende Daten über ihre DNA-Sequenzen erhebt und auf gemeinsame Ahnen zurückführt.

Betrachtet man die Zahl der Nukleotid-Unterschiede aller Individuenpaare einer Stichprobe, dann stellt man fest, daß die Zahl der meisten Unterschiede mit der Zahl der Mutationen korrespondiert, in welchen

diese Individuen von jenem gemeinsamen Ahnen abweichen, der unmittelbar vor ihrer Expansion gelebt hat. Diese Zahl reflektiert die Häufigkeitsspitze der Nukleotid-Differenzen und gibt die Expansionsgeschwindigkeit der Population an, die geschätzt werden kann anhand der bekannten Mutationsraten mitochondrialer oder anderer DNA. In Übereinstimmung mit den bekannten Mutationsraten entspräche jede Nukleotid-Differenz einem Zeitraum von etwa 5.800 Jahren.<sup>23</sup>

Für afrikanische Populationen wurde eine Häufigkeitsspitze von 17 Nukleotid-Differenzen ermittelt, was einem ungefähren Zeitraum von 99.000 Jahren vor der Gegenwart entspräche; für asiatische lag sie bei 9 Nukleotid-Differenzen entsprechend einem Zeitraum von 52.000 Jahren



vor der Gegenwart und für europäische bei 4 Nukleotid-Differenzen mit einem Zeitanatz von ca 23.000 Jahren. Diese Zeiträume reflektieren Kalküle, die archäologisch recht interessant erscheinen. „The European and Asian expansion dates are intriguing in that they coincide roughly

<sup>23</sup> Siehe: Harpending, H.C. et al., The genetic structure of ancient human populations, Curr. Anthropol., 34, 1993, p.483-496

with the replacement of Mousterian cultural assemblages by the more elaborate refined Upper Paleolithic technology.”<sup>24</sup>

Mit molekulargenetisch vergleichbar ermittelten Daten konnte auch gezeigt werden, daß z.B. die Ausbreitung des Ackerbaus in Europa nicht allein auf der Übernahme entsprechender Kulturtechniken beruhte, sondern von einer Migration ackerbauernder Populationen getragen wurde.<sup>25</sup> Quintana-Murci et al. (2001) wiesen z.B. darauf hin, daß die Ausbreitung des Neolithikums aus dem Mittleren Osten nach Südwest-Asien und in das Kaukasusgebiet mit der Verbreitung der Haplogruppe 9 (HG9) korreliert.<sup>26</sup> Auch die Ausbreitung des Hirtennomadismus hat seit dem Ende des Neolithikums und besonders im Verlaufe der Bronzezeit ihre genetischen Spuren hinterlassen.<sup>27</sup> Zerjal et al. (1999) haben beispielsweise auf die Korrelation der geographischen Verbreitung der Kurgan-Kultur und der Haplogruppe 3 (HG 3) aufmerksam gemacht.<sup>28</sup>

---

<sup>24</sup> L.B.Jorde et al., Using mitochondrial and nuclear DNA markers to reconstruct human evolution, *BioEssays* 20.2, 1998, p.134

<sup>25</sup> Siehe: Sokal, R.R., Oden N.L., Wilson C. Genetic evidence for the spread of agriculture in Europe by demic diffusion, *Nature* 351, 1991, p.143-5

<sup>26</sup> Siehe: L.Quintana-Murci et al., Y chromosome lineages trace diffusion of people and languages in southwestern Asia, *Am.J.Hum.Genet.* 68, 2001, p.537-542

<sup>27</sup> Siehe: L.L.Cavalli-Sforza, *Gene Völker und Sprachen*, München, Wien 1999, S.139-140

<sup>28</sup> T.Zerjal et al., The use of Y chromosomal DNA variation to investigate population history: recent male spread in Asia and Europe, in: S.S.Papiha et al., *Genomic diversity: applications in human population genetics*, New York 1999, p.91-101

## **Tibeter im molekulargenetisch konzipierten Stammbaum von Cavalli-Sforza**

Der erste Entwurf einer genetischen Geographie und Phylogenese des Menschen auf molekulargenetischer Basis stammt von L.L.Cavalli-Sforza, welcher auch die genetischen Distanzverhältnisse asiatischer Populationen vorstellte. Uns interessieren in diesem Zusammenhang speziell seine Aussagen, welche auch die tibetischen Populationen betreffen, einmal die Feststellung einer Zweiteilung der Populationen Ost-Asiens und damit auch Chinas in eine nördliche und eine südliche Gruppe, zum anderen seine Zuordnung der Tibeter zur nördlichen Gruppe.

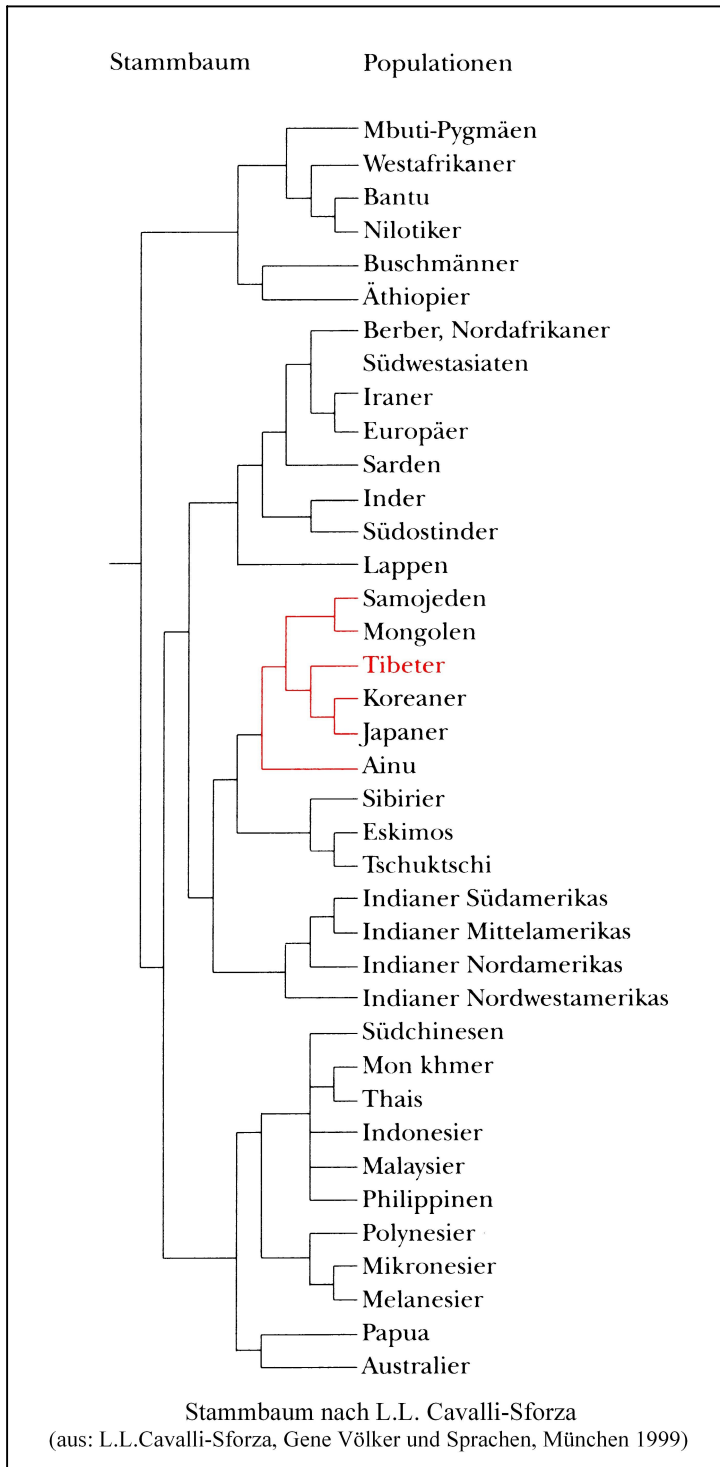
„Schon im späten Paläolithikum unterschieden sich der Norden und der Süden Chinas in ihrer Bevölkerung stark voneinander, und das ist bis heute so geblieben. Nordchina ähnelt genetisch seinen Nachbarländern, der Mongolei, Korea und Japan. Südchina ähnelt dem Südosten Asiens. Obwohl China seit zweitausend Jahren ein einheitlicher Staat ist und zahlreiche innerstaatliche Migrationen erlebte, ist es kulturell und genetisch in einen Nord- und einen Südteil getrennt geblieben. Das sind zwei Welten, die zwar die Sprache und eine Grundkultur gemeinsam haben, dennoch bestehen, auch wenn es für Fremde, die nur kurz dort verweilen, nicht leicht zu bemerken ist, trotz der großen internen Migrationen viele der alten Unterschiede weiter fort.

In den letzten Jahrtausenden gingen dank der technologischen Unterstützung durch die von der Tierhaltung geprägten Wirtschaftsform, die in dieser Region bedeutsame Entwicklungen erlebte, die wichtigsten Expansionen von Zentralasien aus. In den asiatischen Steppen spielte der Ackerbau nur eine Nebenrolle; die Domestizierung des Pferdes hingegen verschaffte den asiatischen Hirten außerordentliche Möglichkeiten zur Fortbewegung und für militärische Angriffe. Sie ermöglichte viele Expansionen, die für die Geschichte Europas und Asiens von großer Bedeutung waren. Die erste Expansion in Asien war vermutlich jene, die vor 5000 Jahren von den Kurgangemeinschaften im Nordosten des Kaukasus und des Kaspischen Meeres ausging.“<sup>29</sup>

---

<sup>29</sup> L.L.Cavalli-Sforza, Gene Völker und Sprachen, München, Wien 1999, S.139-140

Der kulturgeschichtliche Charakter der Tibeter läßt sich ohne Rücksicht auf diese zentralasiatischen Expansionsbewegungen gar nicht verstehen. Der Kontakt tibeto-burmesischer Prototibeter mit Gruppen dieser Völkerbewegung hat die Ausbildung tibetischer Populationen nachhaltig geprägt, und zwar aus der Sicht von Cavalli-Sforza so stark, daß er die Tibeter der nördlichen Bevölkerungsgruppe Ostasiens zurechnet.



„Die Tibeter gehören genetisch zur Gruppe der Mongoliden des Nordens; wie die Chinesen sprechen sie sino-tibetische Sprachen, doch die Chinesen unseres Stammbaums kommen aus dem Süden Chinas und sind genetisch den Mongoliden des Südens ähnlicher. Auch hier kommt uns die Geschichte zu Hilfe. Nach den chinesischen Historikern sind die Tibeter im dritten vorchristlichen Jahrhundert als nomadische Hirten von Nordchina aus nach dem Süden, nach Tibet, gezogen. Hier haben sie nach der Migration ihre Ursprungssprachen beibehalten. Die Vereinigung Chinas begann um das dritte vorchristliche Jahrhundert mit der Qin-Dynastie (...) und wurde vollendet von der Han-Dynastie, die in den

nächsten vier Jahrhunderten regierte. Beide Dynastien regierten im Norden mit der Hauptstadt Xian, und sie waren verantwortlich für die Verbreitung ihrer aus dem Norden stammenden Sprache in fast dem

ganzen chinesischen Reich. In den zweitausend folgenden Jahren kam es zu einer Differenzierung dieser Sprache in zahlreiche andere Sprachen. Dennoch findet man in China, namentlich im Süden, viele ethnische Minderheiten (...), die ihre ursprünglichen Sprachen beibehalten haben. Die große Mehrheit der Chinesen (mehr als 90%) nennt sich Han und spricht aus dem Norden stammende Sprachen oder Dialekte; genetisch sind es aber gewöhnlich Menschen mit einer Physiognomie, die derjenigen der lokalen ethnischen Minderheiten ähnelt. Trotz der inneren Migration, die in China im Verlauf von mehr als dreitausend Jahren aufeinander folgten, haben der Norden und der Süden viele ihrer genetischen Unterschiede behalten. Nur die Chinesen des Südens sind im Stammbaum enthalten; sie weisen Ähnlichkeiten mit dem Südosten Asiens auf. Die Nordchinesen hingegen ähneln mehr den Japanern, Koreanern, Mongolen und Tibetern.<sup>30</sup>

Dieser erste Befund von Cavalli-Sforza, speziell die Zuschreibung der Tibeter zur nördlichen Gruppe der ostasiatischen Populationen, ließ verschiedene Fragen über die Herkunft der einzelnen Populationen noch offen, speziell hinsichtlich der genetischen Abstände der Tibeter von den nördlichen Chinesen, die erst von später durchgeführten molekulargenetischen Studien beantwortet werden konnten.

Ein Grund für Cavalli-Sforzas Zuordnung der Tibeter in die Gruppe der nördlichen Populationen war deren Kontakt mit den Populationen der zentralasiatischen Steppe und der Expansion des Nomadismus, die von diesen Populationen ausging. Die demographische Vorgeschichte bis zu diesem Ereignis wurde von ihm allerdings nicht mehr erörtert.

---

<sup>30</sup> L.L.Cavalli-Sforza, *Gene Völker und Sprachen*, München, Wien 1999, S.164-5

## Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren in China

Eine Studie aus dem Jahre 1994<sup>31</sup> und eine weitere aus dem Jahre 1998, die sich mit der genetischen Differenzierung von Populationen innerhalb der Staatsgrenzen der Volksrepublik China beschäftigt hatten, bestätigten zunächst das Bild der Zweiteilung der Populationen Chinas, das Cavalli-Sforza bereits konstatiert hatte.<sup>32</sup>

„The distinction between northern and southern Chinese populations (Han and minority alike) has been observed in the analysis of genetic markers as well as somatometric and nonmetric features.“<sup>33</sup>

Die phylogenetische Interpretation des genetischen Verhältnisses von 28 Populationen in China auf der Grundlage von 30 Mikrosatelliten<sup>34</sup> bestätigte zunächst die Aufteilung der Bevölkerung in zwei große Cluster, welche jeweils die Bevölkerungen Nord- und Südchinas zusammenfassen und deren Differenz markieren, hier kurz mit N und S bezeichnet.

Diese Cluster differenzieren sich ihrerseits nach ihrer genetischen Distanz in weitere Cluster: das nördliche Cluster N in die Cluster N1 und N2, das südliche Cluster in die Cluster S1, S2 und S3.

Zum Cluster N1 aus dem nördlichen Cluster N gehören die folgenden, altaische Sprachen sprechenden Völker der *Burjaten*, *Jakuten*, *Uiguren* und *Mandschu*, außerhalb Chinas die *Koreaner* und *Japaner* und aus den Populationen, welche den *Han* zugeordnet werden, zwei *Han*-Populationen.

Zum Cluster N2 des Clusters N gehören die *Ewenki*, die ebenfalls eine altaische Sprache sprechen, dann aber die *Tibeter*, *Tujia* und *Hui*, die heute im Westen Chinas sitzen. Außer den *Ewenki* stammen die anderen hier genannten Populationen des Subclusters N2 von Populationen ab, die zum Cluster der Bevölkerungen Südchinas (S) zählen, sich von diesen aber wiederum durch genetische Beimischungen unterscheiden, die sie mit dem nördlichen Cluster (N) teilen.

<sup>31</sup> “Tibetans originated from the north. According to the dendrogram and principal axes analysis made on the basis of genetic distances it can be conclusively said that the Tibetans are close to northern ethnic groups in China and are originated from the north.” Du Ruofu, Fourteen-years studies on the genetic diversity of ethnic groups in China, Second South-North Human Genome Conference, Beijing 1994, p.87

<sup>32</sup> Eine weitere Studie aus dem Jahr 2002 bestätigt die typische Nord-Süd-Differenzierung der ostasiatischen Populationen, siehe: T.Kivisild et al. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree, *Molecular Biology and Evolution*, 19, 2002, 1737-1751

<sup>33</sup> J.Y.Chu et al., Genetic relationship of populations in China, *Proc.Natl.Acad.Sci.USA*, Vol 95, 1998, p.11763

<sup>34</sup> J.Y.Chu et al., Genetic Relationship of populations in China, *Proc.Natl.Acad.Sci.USA* Vol.95, 1998, pp 11763-11768

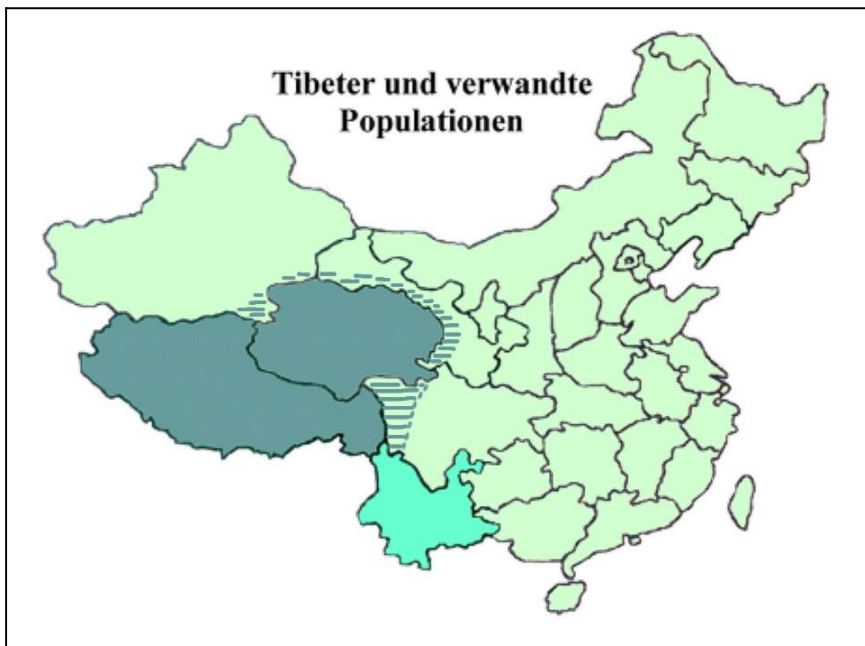


Die drei südchinesischen Subcluster fassen unter S1 die *Blang* (austrasiatische Sprache sprechend), die *Deang*, *Aini*, *Lahu* und *Dai* aus SW-Yunnan zusammen mit drei taiwanesischen Populationen: *Paiwan*, *Atayal* und *Yami*.

Das Subcluster S2 gruppiert drei *daische* Populationen von Jenxiu (*Li*, *Dong*, *Yao*), zwei *Hmong-Mien* Populationen (*She* und *Ya* sprechende *Punu*) und eine kambodschanische Population (austrasiatische Sprache sprechend) zusammen mit den *Yi* und den *Han* von Henan.

Das Subcluster S3 faßt die *Jingpo* und die *Wa* zusammen.<sup>35</sup>

Auch Chu et al. suchten ihre Ergebnisse mit den Erkenntnissen der Ar-



chäologie und Frühgeschichte abzugleichen. „The comparison of the regional Han mtDNA samples revealed an obvious geographic differentiation in the Han Chinese... The south-to-north cline observed in the frequencies of haplogroups F1, B, and D4 is quite similar

to the distributions of immunoglobulin Gm allotypes Gm 1,3;5 and Gm 1;21 in Chinese Populations... Intriguingly, despite the numerous historically recorded migrations and substantial gene flow across China from Bronze Age to present time, differences between geographic regions have been maintained.”<sup>36</sup>

Die Differenz der nördlichen und der südlichen Gruppe der Populationen führen Chu et al. auf zwei Einflußfaktoren zurück: “The current analysis suggests that the southern populations in East Asia may be derived from the populations of Southeast Asia that originally migrated from Africa, possibly via mid-Asia, and the northern populations were under strong genetic influences from Altaic populations from the

<sup>35</sup> J.Y.Chu et al., Genetic Relationship of populations in China, Proc.Natl.Acad.Sci.USA Vol.95, 1998, pp 11764-11766

<sup>36</sup> Yong-Gang Yao et al., Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese, Am.J.Hum.Genet. 70, 2002, p.649

north.”<sup>37</sup> Nordwestchina und die im Westen liegenden Anrainergebiete sind bis in die Gegenwart hinein eine Kontaktzone dieser beiden geographisch definierten Einflußfaktoren geblieben.

Obgleich diese Studie ihre Gründe für die Aufstellung des Subclusters N2 kaum näher begründet, ja die Verbindungen der tibeto-burmesischen Völker dieses Clusters (Tibeter, Tujia, Hui) zu der Gruppe der S-Cluster mehrfach betont, sahen sich die Autoren doch veranlaßt, jene drei Völker, deren südostasiatische Herkunft für sie keinem Zweifel unterliegt, der nördlichen Gruppe zuzuordnen, und zwar wegen einiger Merkmale, die diese eben nur mit jenen Populationen aus dem Norden teilen. Eine ungebrochene Abstammung der nördlichen ostasiatischen Populationen (NEAS) von den südlichen ostasiatischen Populationen (SEAS) wurde auch von Karafet et al. (2001) ganz entschieden bezweifelt.<sup>38</sup>

Spätere Analysen, welche Populationen aus Yunnan (Tibeter, Va, Dai und Lahu) verglichen haben, konnten diese Zuordnung der Tibeter zu den nördlichen Populationen auch im Vergleich zweier mtDNA-hypervariabler Segment-Sätze (HVS-I) untermauern, und zwar mit dem Hinweis auf die mtDNA-Haplogruppen D und G2a. „Generally, Tibetan populations have more north-prevalent haplogroups (clades of the mtDNA phylogeny), while Dai and Lahu populations have high frequencies of south-prevalent haplogroups.”<sup>39</sup>

Speziell die archäologischen und kulturgeschichtlichen Beschreibungen dieser Völker unterstreichen deren Kontakte zu eben jenen zentralasiatischen Völkern, deren genetische Merkmale den Anlaß gaben, sie in einem nördlichen Cluster zusammenzufassen. Auch in diesem Zusammenhang wiesen Karafet et al. (2001) daraufhin, daß die NEAS-Populationen (nördliche ostasiatische P.) mit den zentralasiatischen Populationen (CAS-P.) genetisch deutlich verwandter sind als mit den SEAS (südliche ostasiatische)-Populationen. “The MDS (multidimensional scaling/H.S.) plot in figure 3 shows that the majority of SEAS populations are clearly differentiated from NEAS populations. Despite the extremely high internal diversity in the SEAS region (within-population variance  $p \sim 91\%$ , table 2), the results of both the MDS plot and AMOVA (Analysis of Molecular Variance/ H.S.) are consistent in demonstrating

<sup>37</sup> J.Y.Chu et al., Genetic relationship of populations in China, Proc.Natl.Acad.Sci.USA, Vol 95, p.11767

<sup>38</sup> Siehe: T.Karafet et al., Paternal Population History of East Asia: Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes, Am. J. Hum. Genet. 69, 2001, p.619

<sup>39</sup> Y.G. Yao/ Y.P.Zhang, Phylogeographic analysis of mtDNA variation in four ethnic populations from Yunnan Province: new data and a reappraisal, Journ.Hum.Gen., 47, 6, 2002, p.311

a closer genetic relationship between CAS- and NEAS populations than between either of the former groups and SEAS populations. This fact alone makes it clear that the genetic history of CAS populations must be considered in any analysis of the origins of East Asian populations (Ding et al. 2000).<sup>40</sup>

Um welche genetischen Hinweise es sich dabei handelt, erfahren wir z.B. auch aus den von Bing Su et al. (2000)<sup>41</sup> oder von K.E. Yuehai et al. (2001)<sup>42</sup> durchgeführten molekulargenetischen Analysen.

Yuehai et al. führten das Auftreten des Y-SNPs<sup>43</sup> YAP+<sup>44</sup> in China auf den Kontakt mit tibetischen Populationen zurück und begreifen diesen Marker daher als einen Indikator für den tibetischen Einfluß auf die chinesischen Populationen. „The higher frequency of YAP+ in southern and northwestern populations indicates the influence of Tibetan populations in recent times.“<sup>45</sup>

Diesen Einfluß der Tibeter reflektiert auch eine Studie aus dem Jahre 2002 welche sich mit einigen Minoritäten-Populationen aus Yunnan beschäftigt hat.

Tibetische Gene wurden nämlich auch unter den Moso (Mosou) am Lugu See im NW der Provinz Yunnan nachgewiesen. Deren (Moso) verwandtschaftsrechtliche Verfassung ist in der Deszendenz matrilinear und in der Residenz matriloal. Den Moso wurde bislang eine nicht un widersprochene Verwandtschaft mit den Nakhi unterstellt. B. Wen et al. (2002)<sup>46</sup> zogen in 5 Minoritäten-Populationen von Yunnan (Tibeter, Nakhi, Moso, Bai und Yi) genetische Stichproben und konnten auf diesem Wege die bisher vermutete Verwandtschaft zwischen den Moso und Nakhi bestätigen, stellten aber eben auch einen deutlichen Zufluß tibetischer Gene speziell in den männlichen Linien der Moso fest, was seinerseits eine Bestätigung ethnologischer und kulturhistorischer Aussagen über das Verhältnis dieser Völker zueinander darstellt.

<sup>40</sup> T.Karafet et al., Paternal Population History of East Asia: Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes, *Am. J. Hum. Genet.* 69, 2001, p.622

<sup>41</sup> Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.582-590

<sup>42</sup> Siehe: K.E. Yuehai et al., Y-chromosome evidence for no independent origin of modern human in China, *Chinese Science Bulletin*, vol 46, No 11, 2001

<sup>43</sup> Y-SNP= Y-Chromosom Single Nucleotide Polymorphism

<sup>44</sup> YAP= Y-Chromosom-Alu-Polymorphismus. Alu ist eine Sequenz aus annähernd 300 Basenpaaren, die sich selbst in einer bestimmten Region der DNA eingestet hat. Es gibt ungefähr eine halbe Million Alu-Insertionen in der menschlichen DNA; von diesen gehört YAP zu einer der jüngeren Varianten.

<sup>45</sup> K.E. Yuehai et al., Y-chromosome evidence for no independent origin of modern human in China, *Chinese Science Bulletin*, vol 46, No 11, 2001, p.937

<sup>46</sup> B. Wen et al., The origin of Mosuo people as revealed by mtDNA and Y chromosome variation, *Science in China Series C-Life Sciences*, Vol 47 (1) 2004, 1-10

Region	Population	Sprachfamilie
Nordchina	Hui, Han	sinitische
Zentralchina	Bo'an, Dongxiang, Salar	altaische
S und SW-Cchina S-China	Bai, Kuchong, Tibeter Miao, Yao	tibeto-burmesische Yao-Miao

“We showed that the maternal lineages of the Mosuo bear the strongest resemblance with those found in Naxi while its paternal lineages are more similar to those that are prevalent in Yunnan Tibetan. The marked difference between paternal and maternal lineages may be attributable to the genetic history, matriarchal structure, and visiting marriage.”<sup>47</sup>

Anzahl der Allele und einzelne Allele pro Locus von den durch Bittles et al. untersuchten Populationen

	STR auf chr.13		und chr.15							
	D13S126	D13S133	D13S192	D13S270	D13S11	D15S97	D15S96	D15S101	D15S108	GABRB3
Hui	0	0	0	0	3	0	2	1	0	0
Bo'an	0	3	0	1	1	1	2	3	1	3
Dongxiang	0	3	0	0	0	0	0	2	1	0
Salar	1	0	5	2	0	1	0	0	0	0
Bai	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Kuchong	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Miao	0	2	0	1	0	0	0	0	1	0
Yao	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tibeter	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Han	0	2	0	0	2	1	0	4	2	0
Allele/Loc.	8	25	21	14	17	11	17	19	17	14

In ihrer genetischen Analyse von 9 Populationen (siehe folgende Tabelle) aus Zentral-, Nord- und Südchina verglichen A.H.Bittles et al. (2001)<sup>48</sup> die DNA-Auszüge ihrer Stichproben hinsichtlich der PCR<sup>49</sup>-Bedingungen bei den dinucleotiden STR<sup>50</sup> Markern auf chr.13 und chr.15.<sup>51</sup>

Ihre Ergebnisse reflektieren nicht nur die Nord-Süd-Differenzierung der Populationen in China, sondern korrespondieren außerdem auch mit der geographischen Verteilung der Gruppen, und mit einer Ausnahme (*Kuchong*, die neuerdings den tibeto-burmesischen *Lahu* zugeordnet werden) auch mit der linguistischen Gliederung der untersuchten Völker.

<sup>47</sup> B. Wen et al., The origin of Mosuo people as revealed by mtDNA and Y chromosome variation, Science in China Series C-Life Sciences, Vol 47 (1) 2004, 1

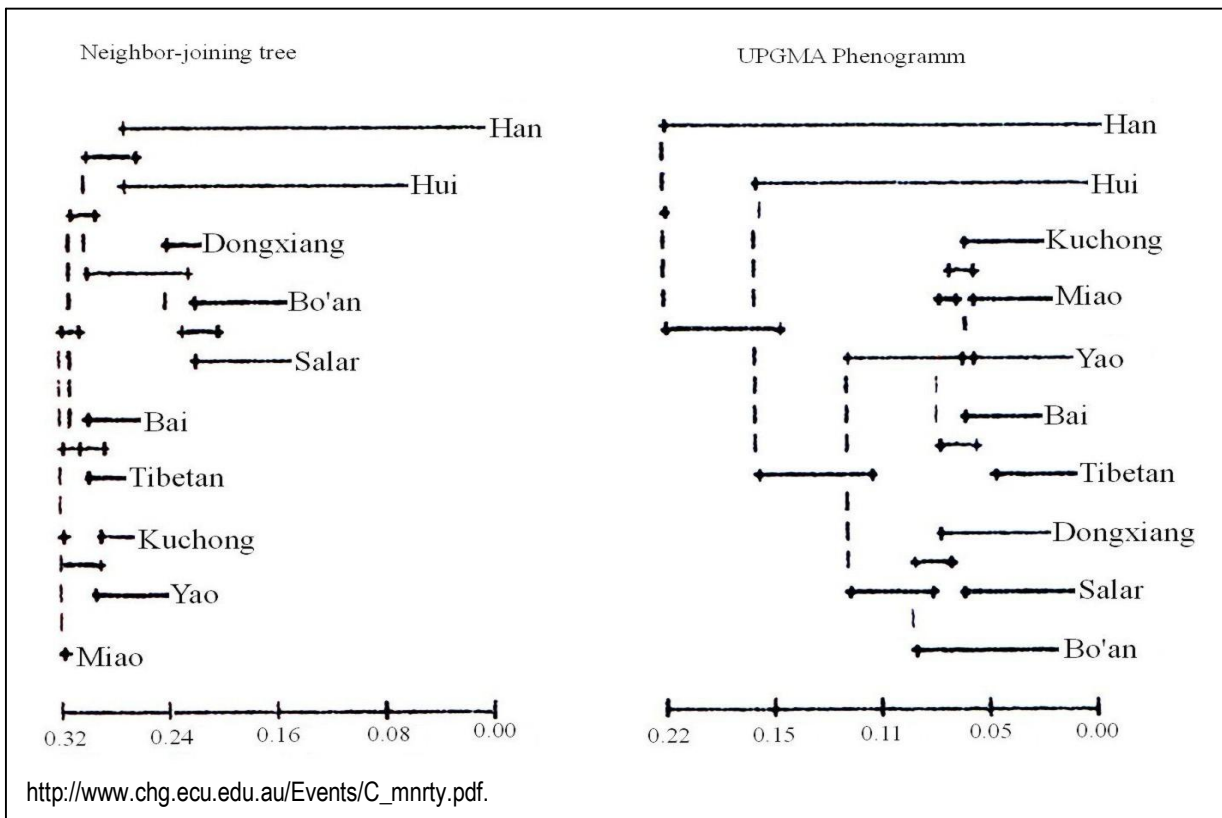
<sup>48</sup> [http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C\\_mnrty.pdf](http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C_mnrty.pdf).

<sup>49</sup> PCR= Polymerase Chain Reaction

<sup>50</sup> STR= Short Tandem Repeats, die zu Haplogruppen zusammengefaßt werden.

<sup>51</sup> chr 13 und chr 15= Chromosomen 13 und 15

Genauso deutlich wie die Nord-Süd-Verteilung macht sich in dieser Stichprobe auch eine Ost-West-Verteilung der Populationen bemerkbar,



in welcher die Tibeter als die direkten Nachbarn der turkomongolischen Völker im Südwesten von diesen angetroffen werden, was sie als die nordwestlichsten Vertreter tibeto-burmesischer Völker für die zentralasiatischen Völker zu dem Kontaktvolk par excellence macht. Aus dem nördlichen Zentralchina haben Bittles et al. Stichproben von den Salar, Bo'an und Dongxiang gezogen.

Die Salar sind türkische Muslime, die Bo'an und Dongxiang mongolische Muslime, die in der heutigen Autonomen Region Kansu leben und konsequent eine religiös und ethnisch bedingte Endogamie praktizieren, was sich auch in den Inzuchtskoeffizienten ( $F_{is}$ ) ihrer Populationen spiegelt: Salar: 0,16, Bo'an: 0,12, Dongxiang: 0,01. „Intracommunity inbreeding estimates ( $F_{is}$ <sup>52</sup>) for these three communities were 0,390, 0,140 und 0,105 respectively, in keeping with their traditions of endogamy and consanguineous unions.“<sup>53</sup>

Die Differenzierung der genetischen Distanzen dieser Studie reflektiert, wie bereits gesagt, mit Ausnahme der Kuchong, deren Sprache tibeto-burmesisch ist, die aber genetisch den Yao-Miao näher stehen, auch die

<sup>52</sup>  $F_{is}$ = Korrelation der Gene von Individuen innerhalb einer Population

<sup>53</sup> [http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C\\_mrty.pdf](http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C_mrty.pdf).

Differenzierung der Gruppen nach ihren Sprachfamilien und damit auch die Bevölkerungsgeschichte des politischen Raums der PR China, denn über alle Völkergruppen, aus denen die Stichprobenpopulationen von Bittles et al. (2001) stammen, gibt es frühgeschichtliche und vorge-schichtliche (archäologische) Nachrichten.

Die Distanzbestimmung sowohl mit der *Neighbor-Joinig*-Methode (NJ) als auch mit der *Unweighed Pair Group* Methode (UPGMA) zeigt deutlich die Zugehörigkeit der Kuchong zur Gruppe der Yao-Miao-Völker,<sup>54</sup> so daß man davon ausgehen muß, daß dieses Volk seine Sprache im Prozeß der Auseinandersetzung mit tibeto-burmesischen Völkern von einem der Völker dieser Sprachfamilie adoptiert haben muß.

Die Analysen von Bittles et al. führten zu einer phylogenetischen Gliederung der Stichproben-Populationen nach vier Gruppen: 1) Han und Hui, 2) Bo'an, Dongxiang und Salar 3) Bai und Tibeter, sowie 4) Kuchong, Miao und Yao.<sup>55</sup> Das Verhältnis der genetischen zur linguistischen Gliederung der Populationen ist der Tabelle oben zu entnehmen.

Auch Bittles et al. (2001) unterstreichen in ihrer Studie die genetische Sonderstellung der Tibeter: „However, unique *mtDNA* lineages are present in Tibetans, resulting in their clear differentiation from each of the other populations examined.“<sup>56</sup>

Xiao et al. veröffentlichten im Jahr 2000 eine der umfangreichsten Studien vergleichender Populationsgenetik, die im Bereich der PR China durchgeführt wurde. Dieser Studie ging es vor allem um den Aufweis der Verteilung dreier genetischer Merkmalskomplexe, die sie unter den Begriffen *kaukasoid*, *nord-* und *südmongoloid* zusammengefaßt hatte, und um die Herausarbeitung ihrer Epizentren, von wo aus sich diese genetischen Merkmalsgruppen über den ostasiatischen Raum und speziell über China hin ausgebreitet haben, welche hier deshalb von Interesse sind, weil die von Xiao et al. dargestellten Faktoren und ihre Wechselwirkungen auch für die tibetischen Populationen charakteristisch sind, was weiter unten zu zeigen sein wird (siehe das Kapitel: „Das ethnogenetische Feld der Tibeter“).

“From the Han subpopulations living in 31 provinces, cities or autonomous regions, there are 704 sets and from 55 ethnic groups 1190 sets of data which can be used for analysis. When we put the data of Han subpopulations and ethnic minorities together for analysis, we calculated the

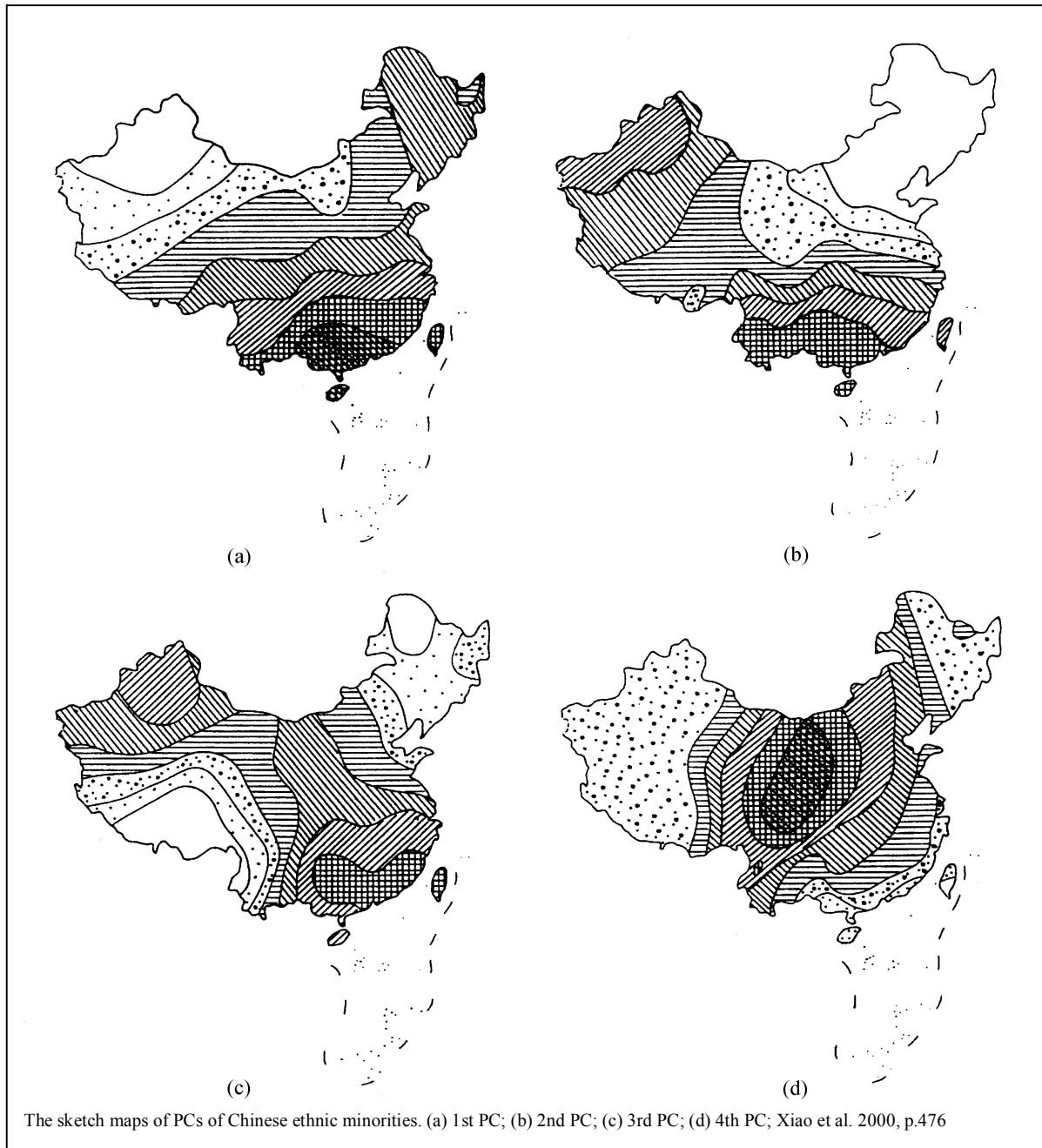
<sup>54</sup> [http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C\\_mnrty.pdf](http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C_mnrty.pdf).

<sup>55</sup> [http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C\\_mnrty.pdf](http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C_mnrty.pdf).

<sup>56</sup> [http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C\\_mnrty.pdf](http://www.chg.ecu.edu.au/Events/C_mnrty.pdf).

weighted averages of gene frequencies from Han and ethnic groups on the same longitude and altitude. Thus, we got 1606 sets of data for analysis. The gene frequency data were collected from more than 600 papers. ...<sup>57</sup>

Für die Gewichtung der unterschiedlich erhobenen und in ihrer Qualität



verschiedenen Daten wurde die „*Principal Component Analysis*“ (PC) in ihrer Weiterbildung durch Cavalli-Sforza und Edwards angewandt. “Because the distributions of alleles of different loci among populations change greatly, it is difficult to discover the trends and patterns common

<sup>57</sup> Xiao et al., Principal component analysis of gene frequencies of Chinese populations, Science in China (Series C), Vol.43,5, 2000, p.473

to many genes that are the outcome of events influencing their geographic distribution.

The principal components (PCs) analysis is of great help in solving the problem mentioned above. It was first developed by Hottelling in 1933, and first applied to anthropometrics by Rao (1948) and to human gene frequencies by Cavalli-Sforza and Edwards (1964)<sup>58</sup> „<sup>59</sup>

Diese Methode wurde z.B. beschrieben in der bereits zitierten Arbeit von Cavalli Sforza.<sup>60</sup>

Die kartographische Wiedergabe der *Principal Component Analysis* (PC maps) der ethnischen Minoritäten Chinas (siehe die folgenden Kartenbilder) korrespondiert in dieser Studie mit jener der Han, was auf einen wechselseitigen, wenn auch nicht ausgewogenen Genaustausch dieser Populationen mit den Han hinweist. Dennoch weisen die Daten der Minoritäten Eigenheiten auf, die auf andere Ursachen hinweisen. Sowohl die Hinweise auf den Genaustausch zwischen Kaukasoiden und Mongoloiden (PC map 1) als auch zwischen den nördlichen und südlichen Mongoloiden (PC map 2) machen die Unterschiede im Vergleich mit den Han deutlich. „The first PC map of ethnic minorities has a clear northwest to east, then to south gradient (fig.2(a)), which is definitely caused by gene flow between Caucasoids and Mongoloids. The studies on gene frequency of many loci and anthropological characters have shown clearly that among the Chinese ethnic minorities, those living in northwest region have the highest fraction of Caucasoid genes.“<sup>61</sup>

Im Verhältnis der nördlichen und der südlichen Mongoloiden zeigt sich, daß der genetische Einfluß der südlichen Mongoloiden gen Westen und dann gen Nordosten deutlich abnimmt. „The second PC map of ethnic minorities accounts for 18.6% of the total variance. The gradient in this map starts from the northeast, first descending towards the west, then bending towards the south. The extreme light color is in northeast, while the darkest in Guangdong, Guangxi, Yunnan and Southern Fujian. This result, like the first PC map of the Han, reflects gene flow between Southern and Northern Mongoloids (fig. (b)).“<sup>62</sup>

<sup>58</sup> Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P., Piazza, A., *The History and Geography of Human Genes*, Princeton: Princeton Univ. Press, 1994, 541

<sup>59</sup> Xiao et al., *Principal component analysis of gene frequencies of Chinese populations*, *Science in China (Series C)*, Vol.43,5, 2000, p.472-3

<sup>60</sup> Cavalli-Sforza, L. L., Menozzi, P., Piazza, A., *The History and Geography of Human Genes*, Princeton: Princeton Univ. Press, 1994, 518

<sup>61</sup> Ch.Xiao et al., *Principal Component analysis of gene frequencies*, *Science of China, Series C*, Vol 46, 2000, p.475

<sup>62</sup> Ch.Xiao et al., *Principal Component analysis of gene frequencies*, *Science of China, Series C*, Vol 46, 2000, p.476



Im dritten Vergleich prinzipieller Komponenten (PCs) zeichnen sich im Nordwesten und Südosten die Gravitationszentren der Minderheitenvölker-Ethnogenese ab. „The third PC map of ethnic minorities, accounting for 13.6% of the total variance, shows that Northeast and Southwest have the extreme light color, while Southeast and Northwest the darkest (fig. 2(c)). These poles, perhaps, are the major origin places of modern Chinese ethnic minorities.”<sup>63</sup>

Die Betrachtung der ethnischen Minoritäten hinsichtlich der prinzipiellen Komponenten (PC) zeigt außerdem, daß die Nation der Han alles andere als genetisch homogen ist. Im Kontaktbereich der Han mit den Minoritätenpopulationen gleichen diese sich mehr als die Han-Populationen untereinander, die für sich genommen teils größere Differenzen aufweisen als zu den Minderheiten-Populationen. „The fourth PC map conveys 7.5% of the original variation. It significantly shows a peak with concentric gradients toward the middle portion of the Yellow River, which corresponds approximately to area of early development of the Han composed of Yan and Huang tribes to form Hua-Xia group some 5 000 years ago (fig. 2(d)). Thus, the fourth PC map may reflect the result of the radiation of the Han to their neighboring ethnic groups.

But the distribution maps of 1st, 2nd, 3rd, and 4th principle components of Han ethnic group do not show any evident influence of Hua-Xia group on the gene frequencies of Han subpopulations in different places of China. The most possible explanation of this result may be that the gene frequencies of Han subpopulations were effected greatly by the local neighboring ethnic groups other than Han, but not by the Hua-Xia group. It has been demonstrated also by the genetic distances between Han subpopulations and ethnic minorities in China as the average genetic distance between Han subpopulations and their neighboring ethnic minorities is much smaller than that between Han subpopulations.”<sup>64</sup>

Die Bedeutung des kaukasoid-mongoloiden Genaustauschs stellt sich in dem Vergleich der Minoritäten Völker für sich, im Vergleich der Minoritäten-Völker mit den Han und im Vergleich der Han-Populationen für sich allein besonders klar heraus. Ist er nämlich unter den Han-Populationen von sekundärer Bedeutung, so kommt ihm unter den Minderheiten Völkern und in derem Verhältnis zu den Han eine signifikante Rolle zu. “There are two points in this paper to be sure. First, the genetic dif-

<sup>63</sup> Ch.Xiao et al., Principal Component analysis of gene frequencies, Science of China, Series C, Vol 46, 2000, p.476-7

<sup>64</sup> Ch.Xiao et al., Principal Component analysis of gene frequencies, Science of China, Series C, Vol 46, 2000, p.477

ference caused by gene flow between Caucasoids and Mongoloids is only of secondary importance among Han subpopulations, while the most important is the difference between Southern and Northern Mongoloids. But among Chinese ethnic minorities or Han plus ethnic minorities, the difference caused by gene flow between Caucasoids and Mongoloids is in the first position, which is in contrast with that of the Han only.”<sup>65</sup>

Unter den Populationen der PR China ist der kaukasoide Genanteil am größten im Nordwesten, während er im Süden kaum noch konstatierbar ist. Die Verbreitung vom Nordwesten folgt zunächstfolgt einer östlichen Richtung, um dann gen Süden stetig abzunehmen. Aus dem Charakter der Merkmale und der Art ihrer Verbreitung schließen Xiao et al. (2000), daß die Verbreitung dieser Merkmale kaum auf den Handel der Seidenstraße und den Kontakt mit den persischen Kaufleuten zurückgehen, in keinem Falle aus Indien nach China eingedrungen sein können, sondern hauptsächlich über das konstatierte nordwestliche Epizentrum eingedrungen sind, und zwar schon in vorgeschichtlichen Zeiträumen. „Among Chinese populations, the northwestern populations have the highest component of Caucasoid blood, while those in the most south of China, including Guangdong, Guangxi and Hainan provinces, the least. The genetic gradient caused by gene flow between Caucasoids and Mongoloids tends to show an expansion from Northwest China, first towards the east and then south, and ultimately, most southern China. This indicates that a very small component of Caucasoid genes were brought by the Persian merchants in Guangzhou and Quanzhou into Chinese populations after the Tang and Song Dynasties, while nearly no Caucasoid blood from India mixed into Chinese populations. The flow of Caucasoid genes into China happened nearly all in north China, from west to east, then towards the south, and mainly in the prehistoric age, not after the Silk Road had been opened.”<sup>66</sup>

---

<sup>65</sup> Ch.Xiao et al., Principal Component analysis of gene frequencies, Science of China, Series C, Vol 46, 2000, p.480

<sup>66</sup> Ch.Xiao et al., Principal Component analysis of gene frequencies, Science of China, Series C, Vol 46, 2000, p.480

## Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren im Himalajaraum

Im Hinblick auf 19 *Y-Chromosom-bi-allele*<sup>67</sup> Marker und 3 *Y-Chromosom-Mikrosatelliten*-Marker untersuchten 1999 Bing Su et al.<sup>68</sup> 31 sino-tibetische Populationen aus Ost-, Südost- und Südasiens auf deren genetische Distanz. Dabei stellte sich heraus, daß bei allen sino-tibetischen Populationen eine T und C Mutation des Locus M122 überwog, was deren genetische Affinität unterstrich, d.h. die genetische Affinität der Populationen der sino-tibetischen Sprachfamilie und deren Herkunft aus Ost-Asien.<sup>69</sup>

Unter diesen Populationen fand man weiter eine äußerst hohe Frequenz des H8 Haplotyps, einem Derivat von M122C (der C Mutation des Locus M122), was die Autoren dieser Studie als Hinweis auf einen sog. *Flaschenhalseffekt* deuteten, der sich im Verlaufe der West- und Süddrift der Gründerpopulation der tibeto-burmesisch sprechenden Völker ereignet haben sollte, und sie zu dem Schluß führte, daß jene Träger des ostasiatischen Frühneolithikums im Hoang-Ho-Flußgebiet um 8000 v.Chr. auch die Vorfahren der heutigen sino-tibetischen Populationen gewesen sein müßten.<sup>70</sup>

Die 17 Haplotypen, ausgewiesen durch 19 bi-allele Y-Chromosom-Marker in der Bing Su-et al. (2000) Studie

H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	H9	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17
	M1	M15	M89	M9	M122	M7	M134	M119	M50	M95	M88	M20	M45	M3	M17	M5
									M110		M111					
									M103							

Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.583f

Während der letzten Eiszeit, um 55.000v.Chr. erreichte *homo sapiens* den südlichen Teil Ostasiens, d.h. den kontinentalen Teil Südostasiens. Von hier aus zweigte ein Migrationsstrom ab nach Norden, dessen Populationen das restliche Ostasien besiedelten. Von den 19 *Y-Chromosomen bi-allelen* Markern, die in dieser Untersuchung verglichen wurden, zeichneten sich 10 als ostasienspezifische Marker aus (siehe Ta-

<sup>67</sup> Ein Polymorphismus, der im Allel entweder anwesend ist oder fehlt.

<sup>68</sup> Siehe: Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.582-590

<sup>69</sup> Siehe: Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.582

<sup>70</sup> Siehe: Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.582-3

belle oben), welche in den restlichen Teilen der Erde nicht vorkommen (weder in Afrika, noch in Europa, noch in Ozeanien), was diese zehn zu wichtigen Indikatoren der Migration ostasiatischer Populationen macht.<sup>71</sup>

Die meisten der im Himalajaraum lebenden Menschen sprechen eine sino-tibetische Sprache, eine Sprache der zweitgrößten Sprachfamilie der Welt, die sich in etwa 360 Einzelsprachen gliedert, die in neun Ländern Asiens gesprochen werden, darunter China, Myanmar, Thailand, Laos, Vietnam, Bangladesh, Indien, Nepal und Bhutan.<sup>72</sup>

Diese Sprachfamilie gliedert sich weiter in zwei große Subfamilien, in die chinesische und die tibeto-burmesische.<sup>73</sup> Das Chinesische zählt in Ost-Asien die meisten Sprecher und hat sich in den letzten dreitausend Jahren in verschiedene Dialekte ausdifferenziert.

Seiner kulturellen Bedeutung wegen nahm das Chinesische während der neolithischen Expansion der Han-Völker und auch danach einen erheblichen Einfluß auf die benachbarten Sprachen.

Die andere Subfamilie versammelt etwa 250 deutlich differenzierte Einzelsprachen, die man wiederum in vier Zweigen zusammenfaßt, den barischen, bodischen, karenischen und lolo-burmesischen.

Die Völker, die tibeto-burmesische Sprachen sprechen, leben in der Mehrzahl in Tibet und Nordost-Indien, West-Myanmar, Nepal, Bhutan, Sze-chuan, Yünnan und im Himalajaraum.

Archäologischen Indizien zufolge siedelten proto-sino-tibetische Völker um 4000 v.Chr. im Gebiet der großen Schleife des Gelben Flusses. Nach Wang<sup>74</sup> trennten sich die Populationen mit tibeto-burmesischen Sprachen in diesem Zeitraum von den sinitischen Populationen.

Neben sino-tibetischen Sprachen, werden in Ost-Asien auch altaische, daische, austro-asiatische, austronesische und Hmong-Mien-Sprachen gesprochen. Die altaischen Völker findet man in der Regel im nördlichen Ost-Asien, meistens in Sibirien, die anderen vier Sprachfamilien werden in Südchina, SO-Asien und Ozeanien gesprochen.

---

<sup>71</sup> Siehe: Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.582

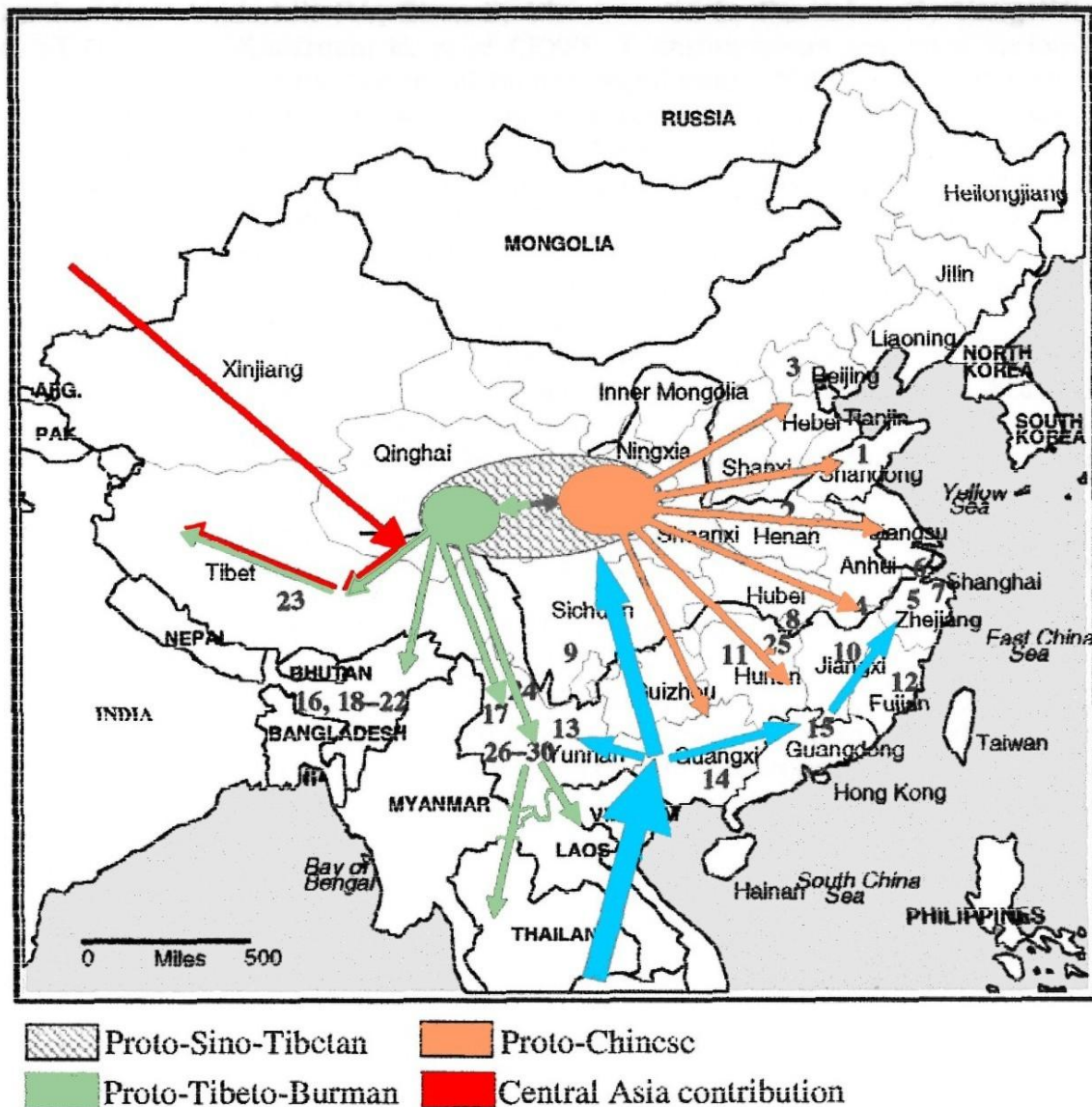
<sup>72</sup> Siehe: J.A.Martisoff, Sino-Tibetan linguistics: present state and future prospects, *Annu Rev Anthropol*, 20, 1991, p.469-504

<sup>73</sup> Siehe: J.A.Martisoff, Sino-Tibetan linguistics: present state and future prospects, *Annu Rev Anthropol*, 20, 1991, p.469-504

<sup>74</sup> Siehe: W.S.Y.Wang, In the Bronze Age and Early Iron Age peoples of Eastern Central Asia, University of Pennsylvania Museum Publications, 1998, p.508-534

Auf der Grundlage ihrer molekulargenetischen Analysen entwerfen Su et al. das folgende Bild der Besiedlungs- Bevölkerungsdynamik in Ost-Asien.

“The ancestors of the Sino-Tibetan populations were originally from southern East Asia. Around 20.000-40.000 years ago, a population with dominant M122C Y chromosomes finally reached the upper and middle



nach Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistoric migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.589

nach Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistoric migrations to the Himalayas, 2000, p.589

Yellow River basin. However, the exact geographic location of the first settlement of Sino-Tibetans is unknown. About 10.000 years ago, the Neolithic culture began to proliferate in this area with the advent of millet agriculture. Population growth triggered the need for exploring new habitats.

The splitting of the two language subfamilies happened about 5000-6000 years ago (das entspräche dem Zeitraum der Ausdifferenzierung der neolithischen Kulturen Nordwest- und Nordchinas um 4000 v. Chr./H.S.).

A subgroup of the Proto-Sino-Tibetan, now called the Proto-Tibeto-Burman people left their Yellow River homeland, marching westwards and then southwards, leading to the inhabitants of the Himalayas. The ancient migrations of the Proto-Tibeto-Burman people probably followed the well known route, called the Zang (Tibet)-Mien corridor, the most frequently used route to enter the Himalayas from the east. This route starts in the upper Yellow River region, moves westward to Quinghai province and then southward to the Himalayas.

The Baric branch moved its way southward, crossing the Himalayan mountains, and reached the southern Himalayan area, resulting in the peopling of Bhutan, Nepal, northeastern India and northern Yunnan.

Subsequently, after having a substantial admixture with a population carrying YAP<sup>+</sup>, possibly from central Asia/ southwest Siberia, the Bodic branch entered the Himalayas and eventually expanded all across Tibet.

The Burmese-Lolo and Karen branches went southward into northwestern Yunnan and finally reached Vietnam, Laos and Thailand in the middle of the first millenium.

In the past 5000 years, the Chinese subfamily expanded mainly to the east and south, and eventually inhabited all of China.”<sup>75</sup>

Diese Studie unterscheidet eine tibeto-burmesische Bevölkerungsbewegung in Richtung Norden, welche im Rahmen der neolithischen Kulturen Nordchinas auf zentralasiatische Populationen gestoßen sein muß, dann eine tibeto-burmesische Welle, welche den Südsaum des Himalaja besiedelte und nach Osten ein Gebiet bis Nord-Yünnan, die sie mit dem barischen Zweig dieser Sprachfamilie korreliert, und eine dritte Bewegung, welche von dem Epizentrum des nordwest-chinesischen oder nordost-tibetischen Neolithikums ausgehend gen Westen und dann gen Süden das tibetische Hochland und dessen Randgebiete besiedelte. Die tibeto-burmesischen Popopulationen dieser Migration werden vor allem von dem bodischen Zweig vertreten, bei dem Su et al. genetische Beimischungen aus zentralasiatischen Populationen feststellen (YAP+). „The Bodic branch, the so called Tibetans, are distinctiv from the other three

---

<sup>75</sup> Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.588-9

branches with a high frequency of YAP+. The predominant occurrence of both YAP+ and M122C in Tibetan populations indicates a multiple origin of Tibetan Y Chromosomes from both East Asia and Central Asia/Southwest Siberia.<sup>76 77</sup>

Eine vierte Migration verbinden Su et al. mit dem karenischen und lolo-burmesischen Zweig, welche um die Mitte des 1.Jt v.Chr. Nordwest Yünnan, Vietnam, Laos und Thailand erreicht.

In Übereinstimmung mit den archäologischen Befunden über die nordwest- und nordchinesischen Kulturen des Neolithikums lassen sie die Spaltung der sinotibetischen Völker in die tibeto-burmesischen und in die sinitischen Völker sich in diesem Gebiet ereignen, und zwar chronologisch früher als die Weiterdifferenzierung der tibeto-burmesischen Sprachfamilie und deren Völker, deren Expansion sie deswegen im Gegensatz zu den Befunden der Linguistik von diesem nördlichen Raum ausgehen sehen.

Die Linguistik der tibeto-burmesischen Sprachfamilie geht erstens von einem anderen Epizentrum der Protofamilie aus (Sze-chuan-Mesolithikum<sup>78</sup>) und nimmt zweitens an, daß die südliche Gruppe der tibeto-burmesischen Sprachen, die nach Nordost-Indien und in den Südsaum des Himalaja abwandert, sich früher herausdifferenziert hat als die nördliche Gruppe, aus der sich die bodischen und sinitischen Sprachen und deren Völker ableiten, welche dann eine westliche und eine östliche Gruppe bilden. Für die Annahme der früheren Ausdifferenzierung des süd-tibeto-burmesischen Sprachzweiges sprechen die molekulargenetischen Analysen indischer Populationen durch Majumder, nach dessen Schätzung die tibeto-burmesischen Einwanderer nach Indien dort zur zweitältesten Einwanderungsbewegung gehören.<sup>79</sup>

Zwar stimmen die von Su et al. genetisch ermittelten Abstände der tibeto-burmesischen Populationen mit der Differenzierung der tibeto-burmesischen Sprachfamilie in ihre einzelnen Zweige überein, doch die Vorstellungen über die Abfolge der Ausdifferenzierung ihrer Trägervölker unterscheiden sich ganz erheblich von denen der Linguistik. Die Ergebnisse Majumders, auf die bereits hingewiesen wurde, machen es

<sup>76</sup> Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.585

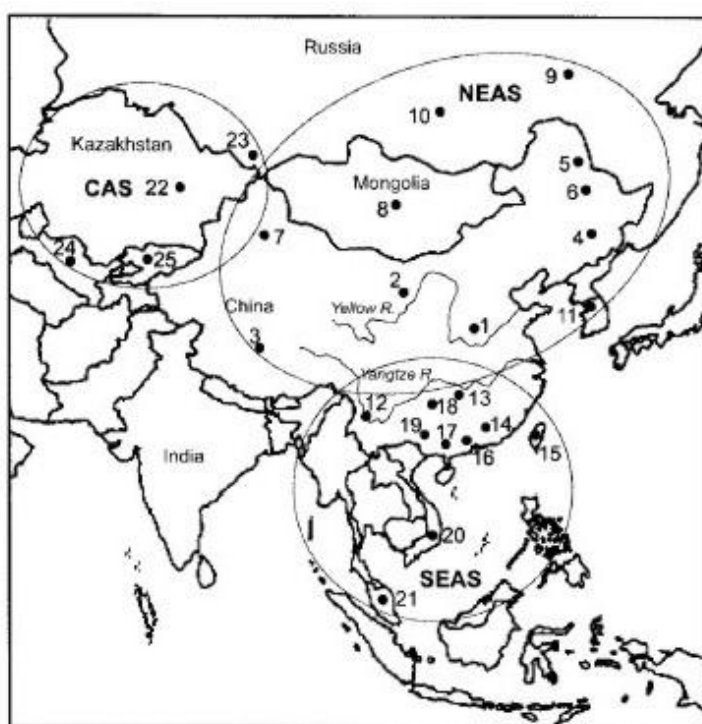
<sup>77</sup> Siehe auch: Y.P. u. B.Z.Quian et al., Multiple Origin of Tibetan Y-Chromosomes, *Human Genetics*, 106, 2000, p.453-4

<sup>78</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, *Archeology and Language II*, London, New York 1998, p.69ff

<sup>79</sup> Siehe: P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, *J.Biosci*, Vol.26,4, 2001, p.540

wahrscheinlich, daß diese Differenz zwischen der linguistischen Auffassung und der genetischen Analyse von Su et al. (1999) eben ihrer Methode anzulasten ist; denn, wenn der südliche Zweig sich auch im Hinblick auf genetische Indizien früher aus der tibeto-burmesischen Gemeinsprache herausdifferenziert hat als der nördliche-, respektive östliche- und westliche Zweig, dann erweist sich die Hypothese von Su et al. (1999), die sich auf die Annahme der ersten Ausdifferenzierung der sinitischen Sprachen und ihrer Völker beruft, in dieser Hinsicht als fragwürdig.

Sie selbst weisen auf eine mögliche frühere Besiedlung des südlichen Himalajaraumes durch barische, karenische und lolo-burmesische Sprachen sprechende Populationen hin, also auf eine frühere Besiedlung des



Map of 25 sampling localities, divided into three regional groupings (NEAS, SEAS, and CAS). Numbers indicate population numerical codes, given in table 1.

aus: Karafet et al. (2001)

demzufolge sie aus der Prävalenz der Haplotypen (respektive Marker) H11 (M95) und H12 (M88, M111) in den Populationen des karenischen und lolo-burmesischen Sprachzweiges auf Kontakte mit austro-asiati-

südlichen Tibet durch Völker dieser Zweige der tibeto-burmesischen Sprachfamilie,<sup>80</sup> welche jener der Tibeter vorausging. Doch ihre Annahme vom Gelben Fluß als dem Epizentrum der Völker sinotibetischer Sprachen widerspricht nicht nur der Chronologie Majumders und jener der Ausdifferenzierung der Sprachzweige der tibeto-burmesischen Linguistik, sondern präjudiziert auch die Interpretation ihres eigenen Befundes,

<sup>80</sup> "Therefore, the absence of YAP+ in Baric, Burmese-Lolo and Karen populations indicates that the Y chromosome contribution to Tibetans from central Asia is a relatively recent event as compared to the early habitation of populations with dominant East Asian Y chromosome haplotypes. If that is the case, then Baric people were probably the first residents of the Himalayan region while Tibetans arrived later. This is again consistent with the historical literature." Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Hum.Genet.* 107, 2000, p.588



schen Populationen schließen, die ja bekanntlich die älteste Einwandererschicht in Indien und Südostasien darstellen.

Karafet et al.'s (2001) Kritik an den Vorstellungen von Su et al (1999, 2000) läßt sich etwa so zusammenfassen: Su et al.'s (2000) Hypothese vom Ursprung der sinotibetischen Sprachfamilie im Hoangho-Gebiet (in der NEAS-Region, sie Abb. oben) und der Ausbreitung ihrer Sprachgruppen in den Raum der SEAS-Völker (siehe Abb. oben) führt zumindest jene Bedenken mit sich, die der Hinweis auf die Möglichkeit eines bidirektionalen Genaustausches impliziert, und zwar entlang des Yangtse während des Holozäns. Die Annahme einer relativ jungen bidirektionalen Migration widerspricht der Tatsache, daß die meisten Haplogruppen, die von M175 abstammen, im SEAS-Gebiet mit den höchsten Frequenzen erscheinen und auch im NEAS-Gebiet, aber kaum im CAS-Raum (siehe Abb. oben). Diese Haplogruppen mögen aus dem SEAS-Gebiet stammen und gen Norden sich ausgebreitet haben wie Su et al. (1999 und 2000) es annehmen.

Doch es stammen viele der Haplogruppen von dem Stamm des Stammbaums, den sich die CAS- und die NEAS-Populationen teilen, und zwar die Mehrzahl der NEAS-Populationen, was auf eine Ausbreitung der Merkmale aus der Richtung der CAS-Völker hin zu den NEAS-Populationen hinweist, weshalb der geringere Anteil an Merkmalen, den diese mit den SEAS-Völkern teilen, auch auf eine Ausbreitungsrichtung vom Norden nach Süden hinweist, allerdings erst nach der Ausbildung der bodischen und sinitischen Sprachen, der aber bereits eine Ausbreitung tibeto-burmesischer Völker vom Süden gen Norden vorausgegangen sein muß.<sup>81</sup>

---

<sup>81</sup> siehe: T.Karafet et al., Paternal Population History of East Asia: Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes, *Am. J. Hum. Genet.* 69, 2001, p.626

## Molekulargenetisch-phylogeographische Spuren in Indien

Tibeto-burmesische Populationen finden sich auch im Gebiet des heutigen Indiens, repräsentieren also einen, wenn auch geringeren Teil der Besiedlungsgeschichte dieses Subkontinents, die nach genetischen und anders orientierten Studien in vier größeren Besiedlungswellen abgelaufen zu sein scheint mit vier verschiedenen Ausgangsherden:

- 1) altpaläolithische Einwanderungswelle. Ihre Vertreter sind wahrscheinlich ausgestorben.
- 2) Früh-neolithische Einwanderungswelle von Bauern aus dem östl. Horn des Fruchtbaren Halbmonds, wahrscheinlich Protodraviden.
- 3) Arische (idg.) Welle um 2000 v.Chr.
- 4) Austro-asiatische und tibeto-burmesische Einwanderungswelle nach Ost- und Nordost Indien (genetisch mit O-Asien verbunden).<sup>82</sup>

Die ältesten menschlichen Relikte, die man in Indien fand, stammen aus dem Spätpleistozän<sup>83</sup> (55.000-25.000 Jahre v.d.Gegenwart) und aus der Epoche der mittleren Altsteinzeit (50.000 bis 20.000 Jahre v.d. Gegenwart). Molekulargenetische Studien machen es wahrscheinlich, daß eine demographische Expansion moderner Menschen vor 60.000 bis 85.000 Jahren nach Indien und in Indien selbst stattgefunden hat<sup>84</sup>, welche den Migrationswellen nach Südost-Asien (50.000 bis 60.000 Jahre v.d. Gegenwart) und nach Australien (50.000 bis 60.000 Jahre v.d.Gegenwart) vorausgegangen ist.<sup>85</sup>

Heute geht man davon aus, daß die sog. „tribal people“, Stammespopulationen Indiens, welche etwa 8,08% der indischen Bevölkerung ausmachen (Census of India, 1991), die Ureinwohner Indiens sind,<sup>86</sup> die in schätzungsweise 461 Stammesgemeinschaften leben<sup>87</sup> und Sprachen sprechen, die zu drei verschiedenen Sprachfamilien gehören: zur austro-

<sup>82</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, *European Journal of Human Genetics*, 11, 2003, p.253-4

<sup>83</sup> Siehe: K.A.R.Kennedy et al., Upper pleistocene fossil hominids from Sri Lanka, *Am.J.Phys.Anthrop.*,72, 1987, p.4441-461

<sup>84</sup> Siehe: J.L.Mountain et al., Demographic history of India and mtDNA sequence diversity, *Am.J.Hum.Genet.*,56, 1995, p.979-992

<sup>85</sup> T.J.Crow, Was the speciation event on the Y chromosome?, *Abstracts of Contributions to the Dual Congress 1998*, Johannesburg 1998, p.109

<sup>86</sup> Siehe: N.Ray, *Nationalism in India*, Aligarh 1973 und R.Thapar, *A history of India*, Vol 1, Middlesex 1966

<sup>87</sup> Siehe: K.S.Singh, *People of India*, Calcutta 1992

asiatischen, zur drawidischen und zu tibeto-burmesischen. Man war sich bis vor kurzem noch nicht einig darüber, ob die protoaustraloiden Stämme der austrischen Sprachfamilie<sup>88</sup>, ob die Stämme der austro-asiatischen Familie (Subfamilie der austrischen Sprachfamilie)<sup>89</sup> oder ob die Völker drawidischer Sprachen<sup>90</sup> dieses Prädikat verdienen. Molekulargenetische Untersuchungen machen allerdings wahrscheinlich, daß die austro-asiatischen Völker die Ureinwohnerschaft Indiens repräsentieren. „The estimated expansion time of the Austro-Asiatics (~56.000 ybp<sup>91</sup>) is much older than that of the Dravidians (~39.000 ybp)... Our tentative estimate, in view of the limited sample size, of the expansion of the Tibeto-Burmans is ~52.000 ybp.”<sup>92</sup>

Die Stammespopulationen im Nordosten Indiens, welche eine tibeto-burmesische Sprache sprechen, sollen nach Guha aus Tibet und Myanmar dort eingewandert sein,<sup>93</sup> gehören also nicht zu den ältesten Einwohnergruppen Indiens. Wenn auch nicht aus Tibet, so werden sie doch aus dem südostasiatischen Epizentrum der Völker tibeto-burmesischer Sprachen nach Nordost-Indien eingewandert sein und das auch schon lange vor den drawidischen Völkern.

Majumder stellt fest: „Our data indicate that Austro-Asiatic speakers underwent a population expansion about 17.000 years prior to the Elamo-Dravidian speakers, and about 5000 years prior to the Tibeto-Burman speakers.”<sup>94</sup> D.h. die tibeto-burmesischen Populationen erscheinen 12.000 Jahre früher als die drawidischen in Indien.

Die Tibeto-Burmesen NO-Indiens stehen genetisch den ostasiatischen Populationen näher als den anderen indischen Populationen.<sup>95</sup> Dies zeigen die für sie typischen Haplogruppen A und F, welche in höherer Frequenz bei den ostasiatischen Populationen erscheinen, hingegen bei den nicht-tibeto-burmesischen Populationen Indiens sogar fehlen.<sup>96</sup>

<sup>88</sup> Siehe: R.Thapar, A history of India, Vol 1, Middlesex 1966, p.26

<sup>89</sup> Siehe: D.P.Pattanayak, The kanguage heritage of India, in: D.Balasubramanian, N.N.Rao (ed), The Indian human heritage, Heyderabad 1998, p.95-99

<sup>90</sup> Siehe: S.S.Sakar, Race and race movements in India: in: S.Chatterjee (ed), The Cultural Heritage of India, Vol 1, Calcutta 1958. p.17-32

<sup>91</sup> ybp= years before present

<sup>92</sup> P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, J.Biosci, Vol.26,4, 2001, p.540

<sup>93</sup> Siehe: B.Guha, The racial affinities of the people of India, in: Census of India, 1931, Part III-Ethnographical, Simla 1935

<sup>94</sup> P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, J.Biosci, Vol.26,4, 2001, p.540

<sup>95</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, European Journal of Human Genetics, 11, 2003, p.260

<sup>96</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, European Journal of Human Genetics, 11, 2003, p.260

Die von Cordaux et al. vorgenommene Analyse der mitochondrialen DNA und der Y-Chromosom-Polymorphismen (Y-SNPs) unter indischen Populationen unterstreicht, wie übrigens die linguistischen Analysen auch, diese Sonderstellung der tibeto-burmesischen Populationen unter den Populationen Indiens und verweist auf deren (der tibeto-burmesischen Populationen) ostasiatische Herkunft,<sup>97</sup> welche als Sprachfamilie seit etwa 5000 v.Chr. in O-Asien faßbar wird und nach ihrer Einwanderung in NO-Indien, dank relativer Isolation ihre genetische Differenz gegenüber der Restbevölkerung Indiens bis in die Gegenwart aufrechterhalten konnten.<sup>98</sup>

Sprachgeschichtlich gilt der südliche Zweig der tibeto-burmesischen Sprachfamilie als der älteste, d.h. als jener, der sich im Zuge der Südwärtsbewegung seiner Träger zuerst aus dem Epizentrum („Urheimat“) dieser Sprachfamilie herausdifferenziert hat. Dies bestätigt auch die genetisch früh konstatierbare Ankunft ihrer Träger in Indien.

---

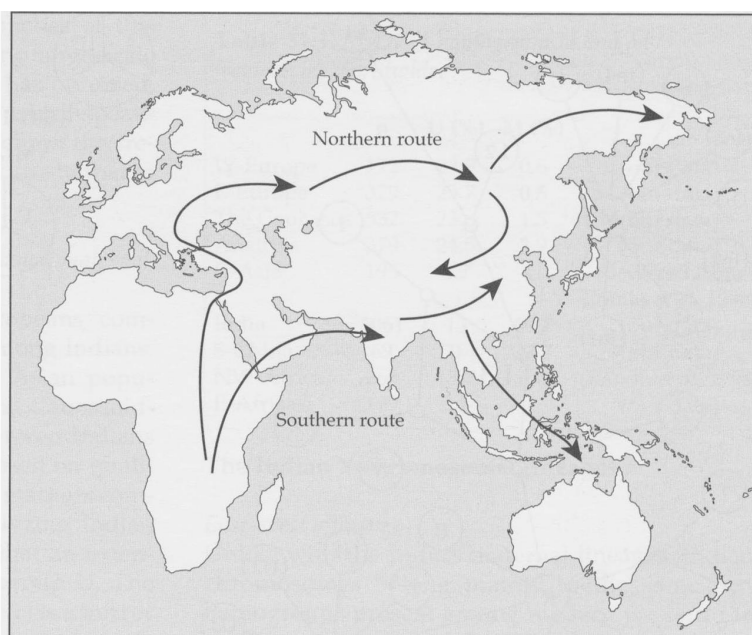
<sup>97</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, European Journal of Human Genetics, 11, 2003, p.260

<sup>98</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA Analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, Europ. Journ.of Human Genetics, 11, 2003, p.260

## Die Besiedlung Asiens

Cordaux et al. stellten fest, daß SO-Asien in zwei Wellen besiedelt wurde, deren eine ihren Ausgang in Indien nahm und deren andere in Südchina.<sup>99</sup>

Demgegenüber weisen Chu et al. auf eine dritte Migrationsmöglichkeit hin, auch wenn sie selbst für die südostasiatische Herkunft plädieren, nämlich “that the southern populations in East Asia may be derived from the populations in Southeast Asia that originally migrated from Africa, possibly via mid-Asia, and *the northern populations were under strong genetic influence from Altaic populations from the north*. But it is unclear how Altaic population migrated to Northeast Asia. It is possible that ancestral Altaic populations arrived there from middle Asia, or



aus :T.Kivisild et al. (2000), p.269

alternatively they may have originated from East Asia.”<sup>100</sup>

Kivisild et al (2000) fassen die bislang vorgestellten Hypothesen über die Migrationswege zusammen und unterzogen sie einer neuerlichen Revision.<sup>101</sup>

Bislang stellte man sich die Besiedlung Asiens im Gefolge verschiedener Einwanderungswellen und –wege, sowie im

Zuge einer oder verschiedener Migrationen vor, die von Afrika ihren Ausgang nahmen. Als ein Wanderweg käme eine Route infrage, die über den Sinai und über die zentralasiatischen Steppen sowie Südsibirien nach Ost-Asien führt, das wäre die nördliche Route. Ein anderer Weg würde über das südliche Arabien führen und dann entlang der Küstenli-

<sup>99</sup> Siehe: R.Cordaux, et al., Mitochondrial DNA Analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, *Europ. Journ. of Human Genetics*, 11, 2003

<sup>100</sup> J.Y.Chu et al., Genetic Relationship of populations in China, *Proc.Natl.Acad.Sci.USA* Vol.95, 1998, pp 11767

<sup>101</sup> Siehe: T.Kivisild et al. An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond, in: C.Renfrew, K.Boyle, *Archaeogenetics : DNA and the population prehistory of Europe*, Oxford, Oakville 2000

nien Süd-Asiens. In diesem Szenario würde ganz Eurasien entweder auf der Nordroute im Zuge einer Migration aus Afrika besiedelt worden sein oder Nordwesturasien und Osteurasien in zwei getrennten Migrationsschüben über die Südroute, welche beide im Spätpleistozän ihr Ziel erreicht haben würden (siehe Abbildung oben).

In ihrer bereits erwähnten Studie stellten sie die folgenden Schlußfolgerungen zusammen, zu welchen ihre Analysen der Haplogruppen M, U und R sowie der Y-Chromosom-Marker führten.

Die Betrachtung der M-Haplogruppen ergab vier Hinweise<sup>102</sup>:

- 1) die mtDNA Haplogruppe M ist äquifrequent in Süd-, Zentral- und Ost-Asien und unter den Uramerikanern.
- 2) Die M-Haplogruppen-Lineages Zentral- und Ostasiens gehören zu einem anderen Cluster als die M-Haplogruppen-Lineages Süd-Asiens.
- 3) Die Super-Haplogruppe M\* ist sowohl in Süd- als auch in Ost-Asien vertreten, d.h. die konstatierbaren Differenzen legen einen spätpleistozänen Ursprung nahe.
- 4) Die M-Haplogruppe ist virtuell abwesend in West-Eurasien.

Die M-Haplogruppenpräsenz in ost- und südasiatischen Populationen verweist deutlich auf eine Differenz der süd- und ostasiatischen Populationen zu den westeurasischen.

Sowohl die Verteilung der M-Haplogruppen als auch deren Ursprungsalter lassen sich am besten vereinbaren mit einer spätpleistozänen Migrationswelle, die einer südlichen Route folgte.

Drei Hinweise brachte die Betrachtung der U-Haplogruppen<sup>103</sup>:

- 1) Die U-Haplogruppe ist in Ost-Asien abwesend.
- 2) Die U-Haplogruppe ist die zweithäufigste mtDNA-Variante in Indien und West-Eurasien.
- 3) Die U-Haplogruppen von Indien und West-Eurasien unterscheiden sich deutlich. U2e (westeurasisch) unterscheidet sich von U2i (indisch) auf der Nukleotid Position (np) 16,129. Die Subcluster U1, U4, U5 und K sind spezifisch für Westurasien. In Indien verweisen sie auf den Zustrom „arischer“ Völker.<sup>104</sup>

<sup>102</sup> Siehe: T.Kivisild et al. An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond, in: C.Renfrew, K.Boyle, Archaeogenetics : DNA and the population prehistory of Europe, Oxford, Oakville 2000, p.272

<sup>103</sup> Siehe: T.Kivisild et al. An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond, in: C.Renfrew, K.Boyle, Archaeogenetics : DNA and the population prehistory of Europe, Oxford, Oakville 2000, p.272

<sup>104</sup> Siehe: P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, J.Biosci, Vol.26,4, 2001, p.541

Der Zeitpunkt des Auftretens dieser Differenz (U2i, U2e, U1) ist zeitgleich mit dem Auftreten der Differenz der M-Haplogruppen zwischen Indien und Ostasien, der für beide gut 50.000 Jahre zurückliegt.

Die Ahnen der U-Haplogruppen-Träger folgten einer nördlichen Migrationsroute, da U-Haplogruppen sowohl in indischen als auch in west-eurasischen Populationen vertreten sind. Mit Majumder wird man aber im Hinblick auf den Indikator der Haplogruppe U zwei Migrationswellen nach Indien unterscheiden müssen, von denen die zweite (Träger der Haplogruppen U4, U5, U7, K) die relativ späte Invasion indogermanischer Völker reflektiert.<sup>105</sup>

Die Untersuchung der R-Haplogruppe führte zu drei Hinweisen<sup>106</sup>:

- 1) Topologisch betrachtet, kann man sagen, daß alle deutlich kaukasoide-spezifischen mtDNA-Haplogruppen (H, T, J und U) ebenso wie die ost-asien-spezifischen Haplogruppen B und F einen gemeinsamen Ausgangspunkt in der Super-Haplogruppe R\* haben.
- 2) Die einzigen Gebiete in Eurasien (und weltweit), in denen man eine große Zahl an Unterschieden der „non-canonical“ Abteilungen dieser Ausgangsgruppe vorfindet, sind Indien und Süd-China.
- 3) Außerhalb der Berührungszone von Indien und Zentral-Asien gibt es keine extensiven Überlappungen der west- und osteurasischen mtDNA- Lineages.

Daraus darf man schließen, daß die Träger der R\*-Super-Haplogruppe Indien sehr früh erreicht haben und gleichfalls sehr früh auch gen Osten wanderten, wahrscheinlich zusammen mit den Trägern der Super-Haplogruppe M\*, wenngleich deren Expansionsphase später einsetzte und in Südost-Asien zur Ausbildung der Haplogruppen F und B führte.

In Indien entstand eine größere Variantenzahl der Super-Haplogruppe R\*, während in West-Eurasien sich als die Hauptvarianten die Haplogruppen H, T, J und U ausdifferenzierten. Von diesen gilt U als die älteste, was wiederum erklärt, warum einer der ältesten westeurasischen Zweige in Indien weit verbreitet und auch für Indien typisch ist.

Die Revision der Y-Chromosomen-Marker führte zu drei Hinweisen<sup>107</sup>:

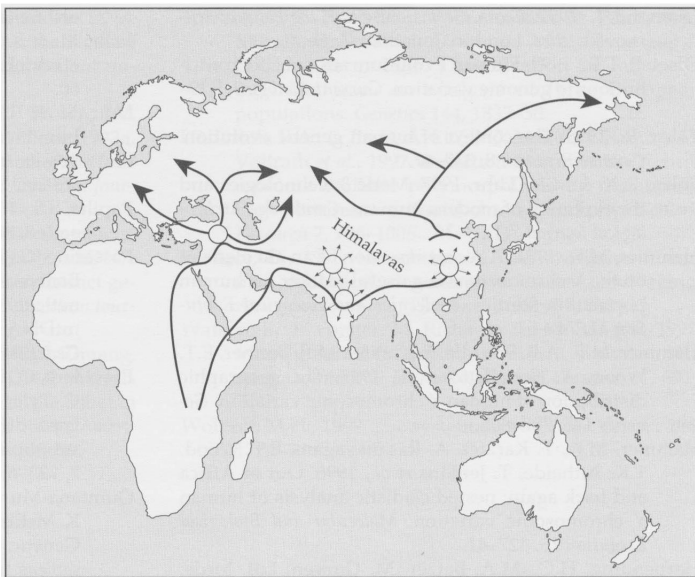
<sup>105</sup> Siehe: P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, J.Biosci, Vol.26,4, 2001, p.541

<sup>106</sup> Siehe: T.Kivisild et al. An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond, in: C.Renfrew, K.Boyle, Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe, Oxford, Oakville 2000, p.272

<sup>107</sup> Siehe: T.Kivisild et al. An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond, in: C.Renfrew, K.Boyle, Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe, Oxford, Oakville 2000, p.272-3

- 1) Es gibt keine direkte Überlappung zwischen indischen und südasiatischen (südchinesischen) Y-Chromosomen.
- 2) Die in Indien vorgefundenen Y-Chromosom-Haplogruppen sind ebenfalls häufig in West-Eurasien.
- 3) Nicht alle für West-Eurasien typischen Y-Chromosom-Haplogruppen sind auch in Indien in entsprechender Häufigkeit vertreten.

Diese Feststellungen verweisen auf einen signifikanten Unterschied der Verbreitung der y-chromosomalen und der mtDNA-Marker in Süd und Südost-Asien.



aus: T.Kivisild et al. (2000). p.273

Die Revision der Migrationsrouten durch Kivisild et al. (2000) ergab eine differenziertere Vorstellung über den Ablauf, den die Autoren auf der Karte (siehe Abbildung nebenan) zusammengefaßt haben. Er bestätigt ansonsten die Migration sowohl auf nördlicher als auch auf südlicher Route.

Die Rekonstruktion des Haplogruppenstammbaums von

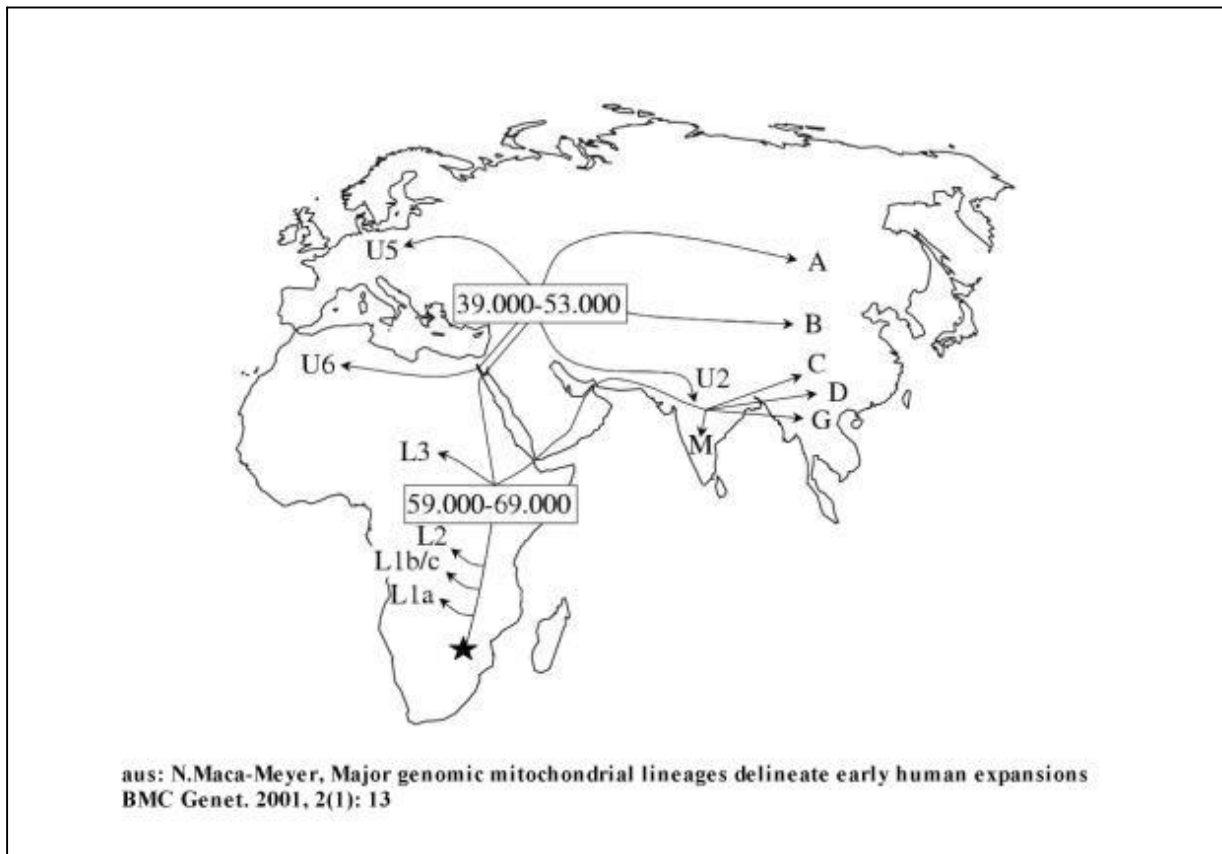
Maca-Meyer et al. (2001) führte allerdings zu etwas anderen Routenverläufen als jenen, die Kivisild et al. (2000) hier (nebenan) kartographisch wiedergegeben haben (siehe folgendes Kartenbild der Rekonstruktion nach Maca-Meyer).

Sowohl über die nördliche als auch über die südliche Route erfolgte auch die Besiedlung Zentralasiens. Die südliche Migrationsbewegung erreichte China vor 40.000 Jahren und die nördliche über West-Asien etwa zur gleichen Zeit. Zentralasien wurde also von verschiedenen paläolithischen Populationen aus dem Westen wie aus dem Osten besiedelt.<sup>108</sup>

<sup>108</sup> Siehe: T.Zerjal et al., A genetic landscape by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia, *Am.J.Hum.Genet.* 71, 2002, p.476



Die Herkunft einiger Y-Chromosom-Haplogruppen aus anderen Regionen verweist außerdem auf nach-paläolithische Migrationen. Während der genetische Beitrag aus China in allen zentralasiatischen Populationen für diesen neolithisch-bronzezeitlichen Zeithorizont bar jeder Signifikanz ist, lassen sich größere Beiträge aus dem Mittleren Osten und aus

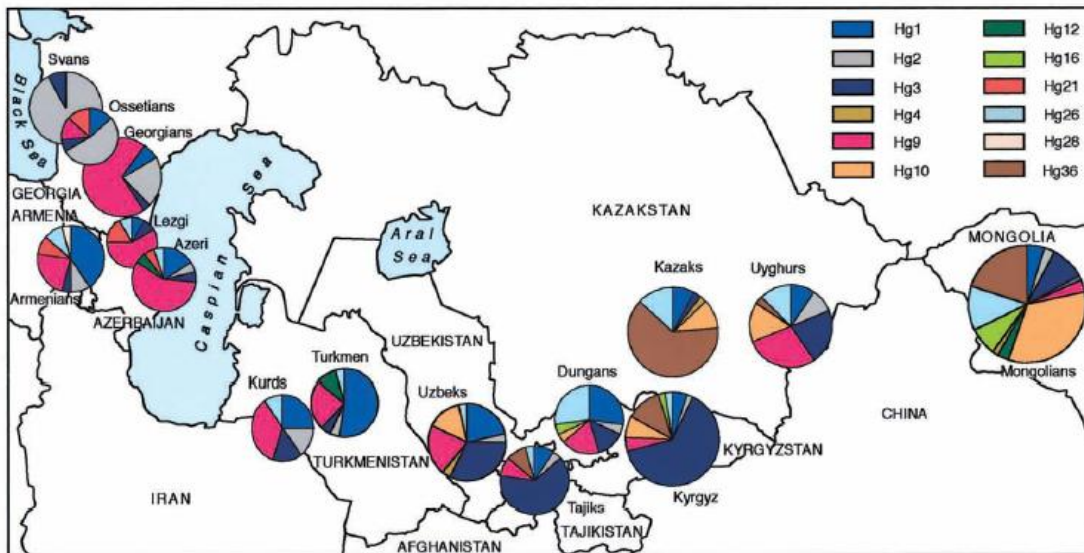


Mittel-Europa nachweisen. Der Beitrag des Mittleren Ostens, kenntlich an der Haplogruppe 9 (HG 9), ist im Kaukasus hoch und auch unter den Populationen des westlichen Zentralasiens, sinkt aber proportional mit der Entfernung gen Osten.<sup>109</sup> Nur die Uiguren bilden eine Insel dieser demischen Bewegung in einem Raum, in dem die mittelöstlichen Zumischungen eher gering ausfallen (siehe folgende Abbildung). Mit dieser Verbreitung der Haplogruppe 9 korreliert eine neolithische Kulturströmung, deren Träger, so Majumder, indogermanische Völker waren.<sup>110</sup> Den genetischen Beitrag Mittel-Europas reflektiert die Verbreitung der Haplogruppe 3 (HG 3). Die hohen Frequenzen der Haplogruppe 3 korrelieren mit der Ausbreitungswelle der Steppennomaden in das östliche Zentralasien, wo sie unter Kirgisen (63%) und Tadjiken (64%) die höch-

<sup>109</sup> Siehe: T.Zerjal et al., A genetic landscape by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia, *Am.J.Hum.Genet.* 71, 2002, p.477

<sup>110</sup> Siehe: P.P.Majumder, Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective, *J.Bioscience*, Vol.26,4, 2001, p.541

sten Werte erreichen und sich in den Populationen Sibiriens und Chinas wieder verlieren (siehe Abbildung oben).<sup>111</sup> Diese Haplogruppe (HG 3) ist in Polen, Ungarn, Rußland und in dem Altai-Gebiet stark vertreten. Die Zusammensetzung der Haplogruppen unter den heutigen Kasachen unterscheidet sich von jener der frühgeschichtlichen Vorläuferpopulationen, die vor etwa 700v.Chr. in ihrem Siedlungsraum saßen. Die



aus.T.Zerjal et al., A genetic landscape by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia, *Am.J.Hum.Genet.* 71, 2002, p.478

heute bei den Kasachen nachweisbaren mtDNA-Haplogruppen B, F, C, Z, D, R, J und Y finden sich bei den frühgeschichtlichen Vorläufervölkern nicht, während die Haplogruppen W und I, welche man bei den frühgeschichtlichen Vorläuferpopulationen fand, bei den heutigen Kasachen fehlen.<sup>112</sup>

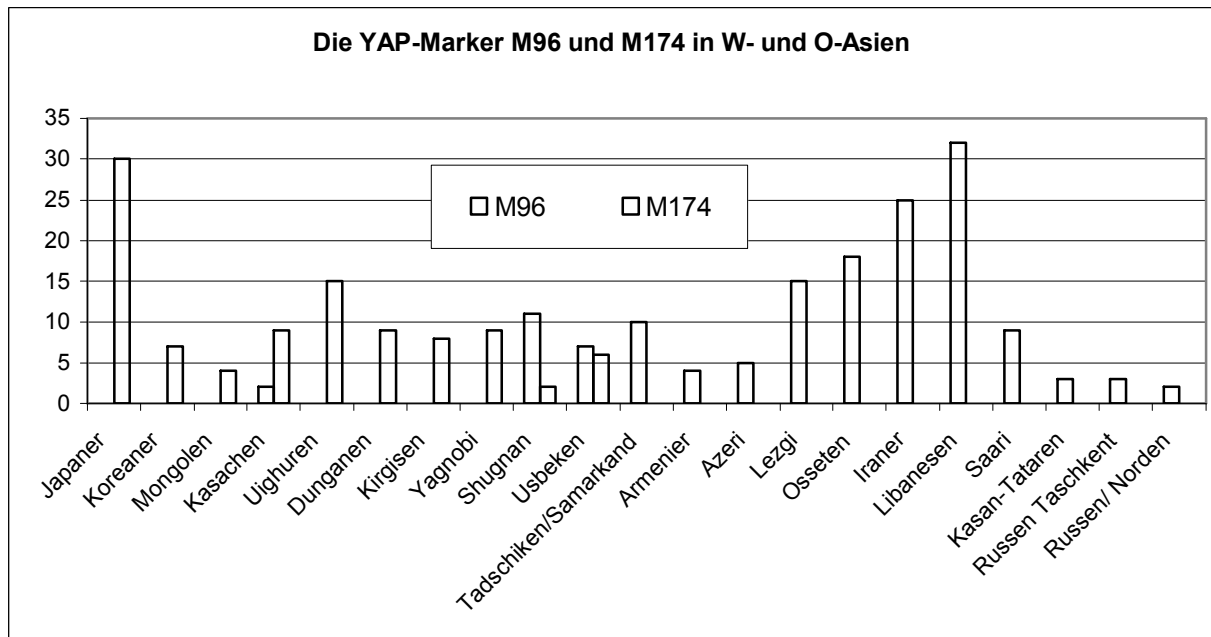
Das Fehlen osteurasischer Haplogruppen in den frühgeschichtlichen Populationen Kasachstans und in jenen der Umgebung (vor 700 v. Chr.) verweist auf eine prähistorische Migration westeurasischer Populationen nach Asien, die bis nach China vordrangen. Diese Migration läßt sich korrelieren mit den Populationen der kürzlich im Tarim-Becken gefundenen Trockenmumien, deren Alter zwischen 2000 v. Chr. und 200 n.Chr. datiert, und welche man auch als Träger des tocharischen Sprachzweiges begreift. Die Bewegung dieses Völkerkomplexes reflektieren auch alle jene genetischen Marker Zentral-Asiens, deren Verbreitung

<sup>111</sup> Siehe: T.Zerjal et al., A genetic landscape by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia, *Am.J.Hum.Genet.* 71, 2002, p.478

<sup>112</sup> Siehe: C.Lalueza-Fox et al., Unravelling migrations in the Steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asia, *Proc.R.Soc.Lond.*, 271, 2004, p.945

gen Westen bis in den Kaukasus und bis an das Mittelmeer festgestellt wurde.

Der Zeitraum, seitdem sich die osteurasische Marker in Kasachstan durchzusetzen begannen, korrespondiert mit dem Auftauchen der Hsiung-nu (seit dem 7. Jh. v. Chr.). Das Vorkommen der Haplogruppen-A-Sequenzen in Sibirien und einer Haplogruppen-G2-Sequenz unter Han-Chinesen verweist auf Sibirien und die Mongolei als dem Ausgangs-



nach: Spencer Wells et al. The Eurasian Heartland, Proc.Natl.Acad.Sci (2001), p.10245

raum der Hsiung-nu-Expansion.<sup>113</sup>

Yao et al (2002) konstatierten unter heutigen Han-Chinesen Residuen europäischer Haplotypen in Tsinghai (Sinkiang und Tibet) sowie in Yunnan.<sup>114</sup>

Die beiden westeurasischen Lineages unter heutigen Chinesen entsprechen den Haplogruppen T1 und HV<sup>115</sup>, die man auch bei den Kasachen fand, was darauf hinweist, dass die einstigen westeurasischen Populationen dieses Raumes von späteren Migrationen aus Ostasien verdrängt wurden und deshalb in den heutigen Populationen dieser Region kaum noch wahrgenommen werden können.<sup>116</sup>

<sup>113</sup> Siehe: C.Lalueza-Fox et al., Unravelling migrations in the Steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asia, Proc.R.Soc.Lond., 271, 2004, p.945

<sup>114</sup> Siehe: Yao, Y.G. et al., Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese, Am. J. Hum. Genet., 70, 2002

<sup>115</sup> Siehe: Yao, Y.G. et al., Reconstructing the evolutionary history of China: a caveat about inferences drawn from ancient DNA, Mol. Biol. Evol. 20, 2003

<sup>116</sup> Siehe: C.Lalueza-Fox et al., Unravelling migrations in the Steppe: mitochondrial DNA sequences from ancient Central Asia, Proc.R.Soc.Lond., 271, 2004, p.946

Ein französisches Team unter der Leitung von Christine Keyser-Tracqui extrahierte DNA-Proben von 62 Skelettresten aus der mongolischen Nekropole Egyin Gol, die zwischen 300v.Chr und 200n.Chr. als Bestattungsort gedient hatte und der Kultur der Hsiung-nu zuzuordnen ist.

Die Mehrzahl der Hsiung-nu Sequenzen, die man aus den Relikten der Nekropole von Egyin Gol gewinnen konnte, erwiesen sich als Vertreter typischer asiatischer Haplogruppen (A, B4, C, D4, D5 oder D5a und F1b), aber immerhin noch 11% von ihnen gehörten zu den europäischen Haplogruppen (U2, U5a1a und J1). Diese Tatsache verweist auf Kontakte europäischer und asiatischer Populationen, die zeitlich früher zu datieren sind als der Zeithorizont der Hsiung-nu-Kultur. Zu ähnlichen Schlüssen führte bereits eine Gen-Analyse von Clisson et al.<sup>117</sup> über Scytho-sibirische Populationen des frühen dritten vorchristlichen Jahrhunderts.<sup>118</sup>

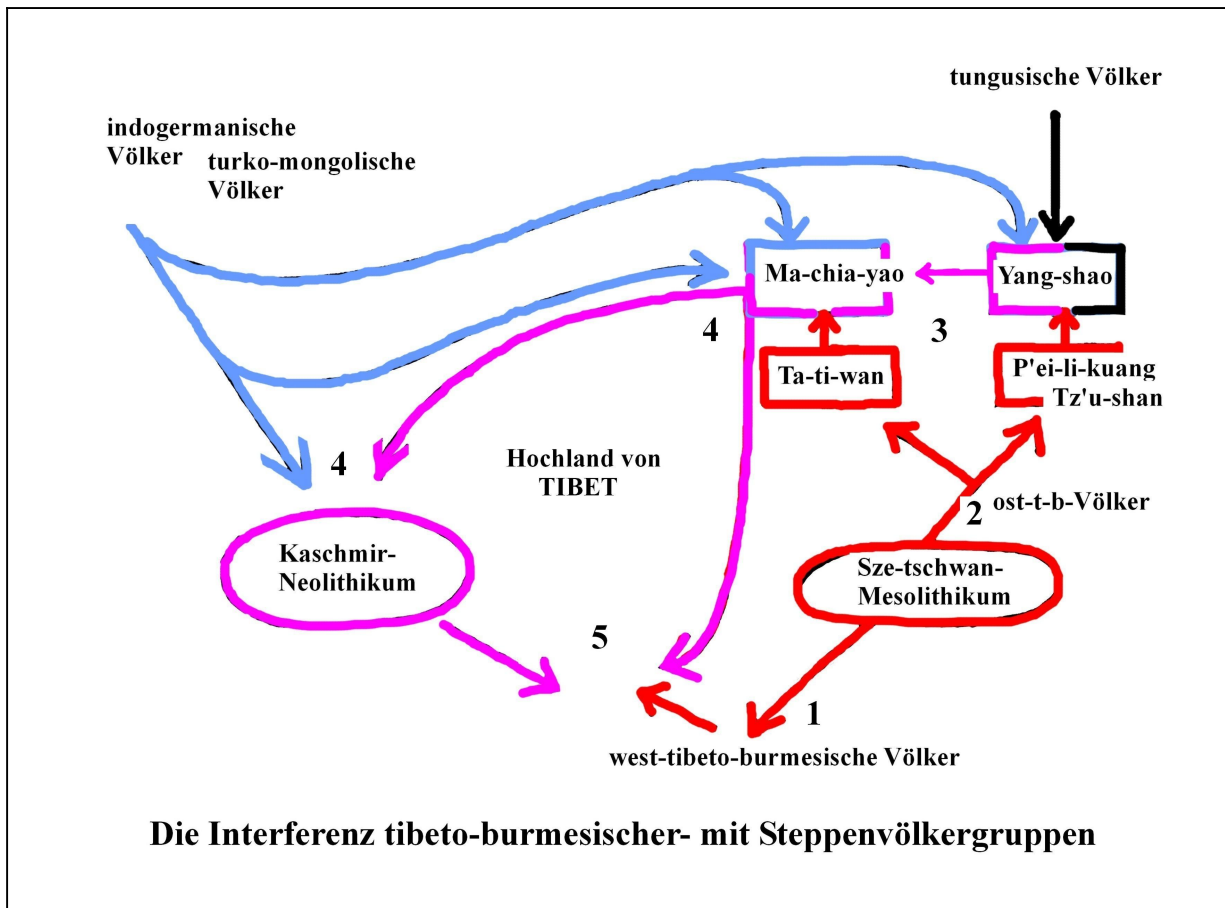
---

<sup>117</sup> Siehe: I.Clisson et al., Genetic analysis of human remains from a double inhumation in a frozen kurgan in Kazakhstan (Berel site, Early 3<sup>rd</sup> century BC), *Int.J.Legal Med.* 2002, 116 (5)

<sup>118</sup> Siehe: C. Keyser-Tracqui et al., Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia, *Am. J. Hum. Genet.*, 73:000, 2003

## Das ethnogenetische Feld der Tibeter

Von dem wahrscheinlichen Epizentrum der proto-tibeto-burmesischen Völker (Urheimat), der Kultur des Sze-tschuan Mesolithikums und Sze-tschuan Neolithikums (11.500-2000 v.Chr.) wanderten im 7.Jt. Gruppen nach Südwesten in den Raum des ostindischen Neolithikums aus, wo

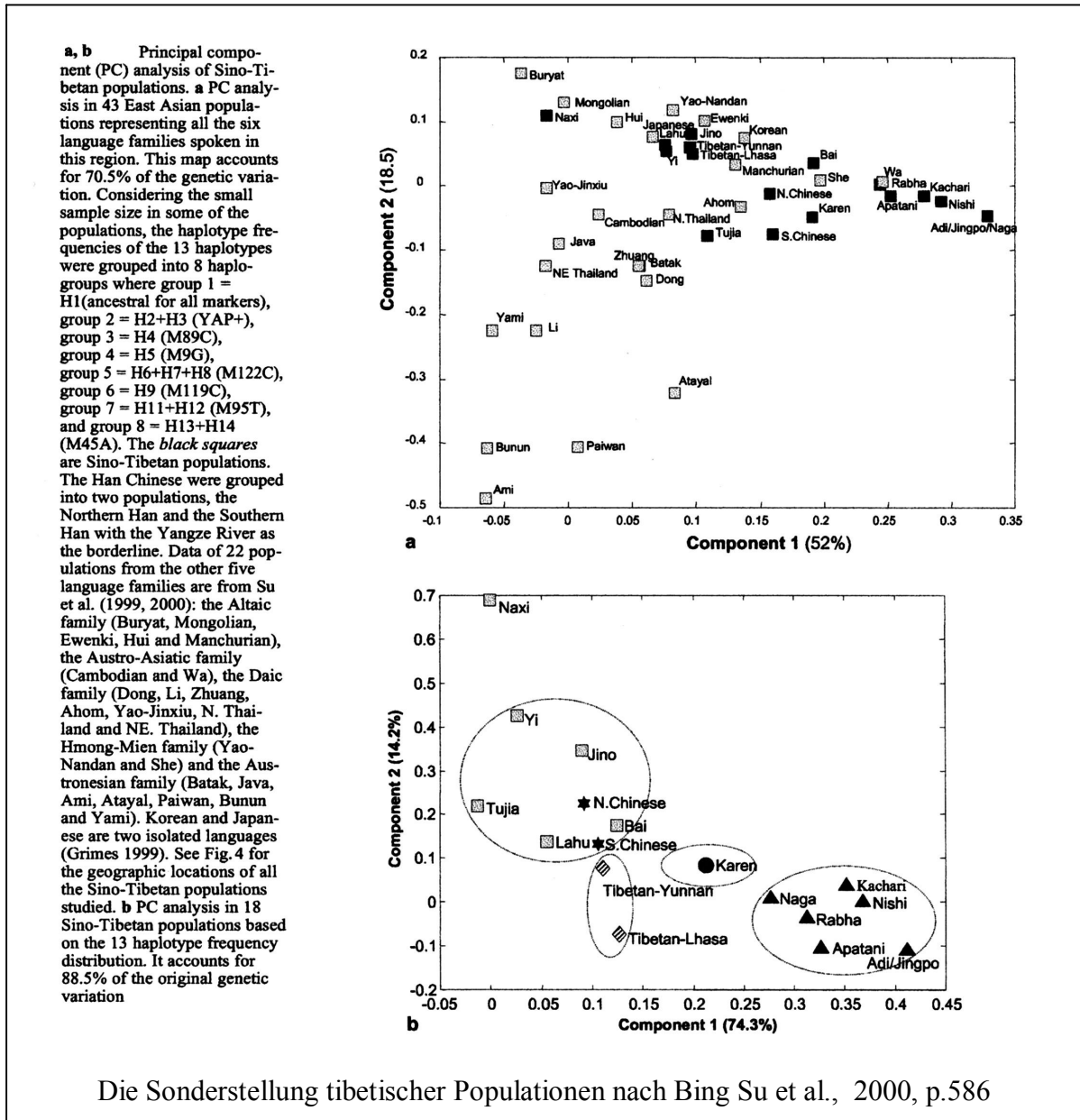


sich dann die Völker der proto-west-tibeto-burmesischen Sprachen ausdifferenzierten,<sup>119</sup> was auch genetische Studien bestätigen: „Within India, northeastern tribes are quite distinct from other groups, they are more closely related to east Asian than to other Indians. This is consistent with linguistic evidence in that these populations speak Tibeto-Burman languages of east Asian origin.“<sup>120</sup>

<sup>119</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.69ff

<sup>120</sup> Richard Cordaux et al., Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India, European Journal of Human Genetics, 11, 2003, p.253

Der verbleibende Rest der proto-tibeto-burmesischen Völker, die Völker mit den proto-ost-tibeto-burmesischen Sprachen, teilte sich dann in einen nördlichen und südlichen Zweig.<sup>121</sup> Die Auswanderung der Völker mit proto-nord-tibeto-burmesischen Sprachen, ebenfalls im 7.Jt. v.Chr., gab mit ihrer Ankunft im Raum des Gelben Flusses den Anstoß zum Übergang der mikrolithischen Kulturen dieser Region einmal in die Ta-



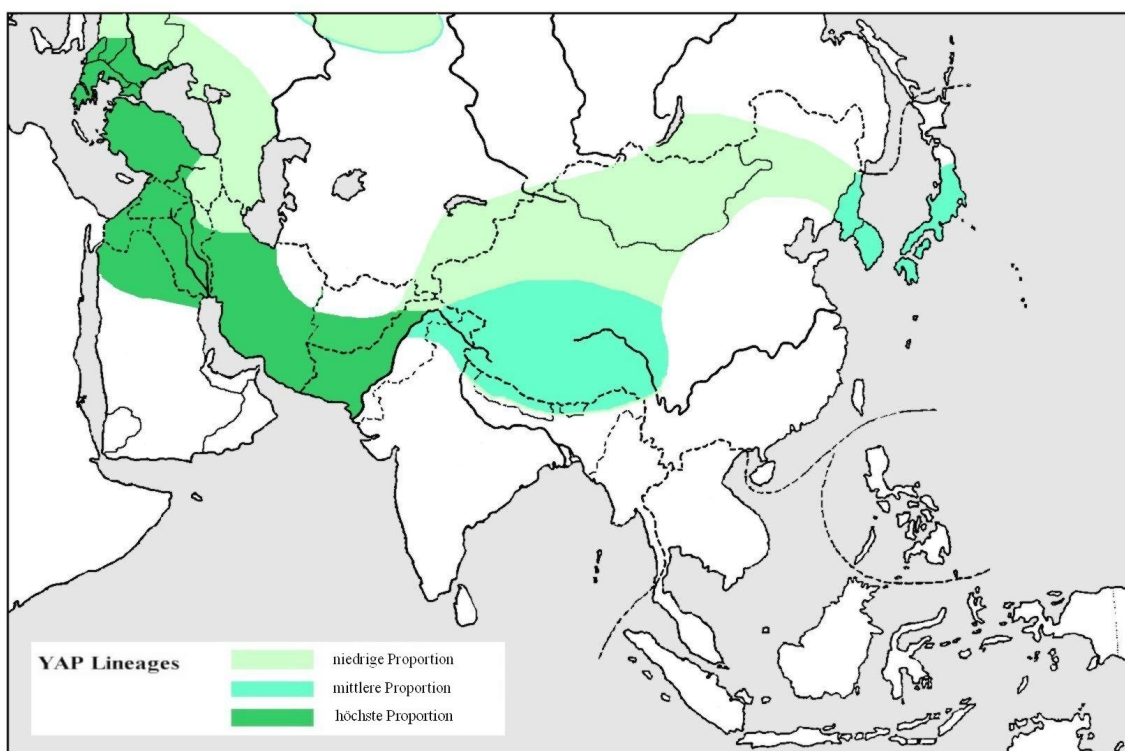
ti-wan-Stufe des Kansu-Neolithikums (6500-5200 v.Chr.) und zum anderen in die Stadien der mit ihr verbundenen P'ei-li-kuang- (6500-5800) und Tz'u-shan (6000-5600) Kulturen des chinesischen Tieflandes.<sup>122</sup>

<sup>121</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.74

<sup>122</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.74

Die Ta-ti-wan- und P'ei-li-kuang-Tz'u-shan-Kulturen gelten heute als die ältesten Kulturen des nordwestlichen Neolithikums auf dem Gebiet des heutigen China, deren Träger nach allen archäologischen und linguistischen Indizien Völker der proto-nord-tibeto-burmesischen Sprachfamilie (bodische und sinitische Sprachen) waren.<sup>123</sup>

Nicht zuletzt unter dem Einfluß indogermanischer und turko-mongolischer Steppenvölker wechselten die Ta-ti-wan Kultur in die Ma-chia-yao-Stufe von Kansu (sog. Kansu-Yang-shao) und die P'ei-li-kuang-Tz'u-shan-Kulturen in die Yang-shao-, respektive Lung-shan-Stufe des Neolithikums im Norden Chinas.<sup>124</sup>



Karte nach Informationen aus R.Spencer Wells et al. (2001) gezeichnet

Neuere molekulargenetische Studien zur Migrationsgeschichte des *homo sapiens* weisen darauf hin, daß der Y-Chromosom-Alu-Insertions-Polymorphismus (YAP) mit den höchsten Proportionen im Raum der ostkaspiischen Kultur (einschließlich Griechenland und Anatolien) vorkommt, die nächst höheren Proportionen unter Tibetern, Koreanern und Japa-

<sup>123</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.75

<sup>124</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.76

nern<sup>125</sup> zu verzeichnen sind, und daß er in niedrigeren Proportionen auch noch in einer Zone nördlich des Schwarzen Meeres und in einer weiteren Zone Ostfinnlands und Rußlands angetroffen wird.<sup>126</sup> Bing Su et al.<sup>127</sup> heben ausdrücklich hervor, daß sich die Tibeter von allen anderen tibeto-burmesischen Populationen speziell durch diesen Polymorphismus (YAP+) unterscheiden und daß diese jenes Merkmal mit Koreanern und Japanern teilen.<sup>128</sup> Den Anteil des Y-SNP<sup>129</sup> YAP+ unter den Tsangpa bezifferten Qian et al. mit 41,3% und den unter den Kham-pa mit 44,4%.<sup>130</sup> B.Wen et al. (2004) weisen noch höhere YAP-Frequenzen unter Tibetern auf. Im Gebiet der heutigen VR China sind die häufigsten Y-Chromosom- Haplogruppen (HG) die HG O (=M175) und die HG O3 (=M122). O3 findet sich besonders stark vertreten unter den Han (48%) und Miao (53%), während die HG D (=YAP; siehe: Anhang 2) repräsentativ ist sowohl für die Tibeter (55%) als auch für die Yao (57%). Für B.Wen et al. (2004)<sup>131</sup> und B. Su et al. (1999)<sup>132</sup> ist die HG D ein Hinweis auf eine gemeinsame Abstammung der Tibeter und der Yao von den in den alten Annalen erwähnten frühgeschichtlichen Ti- und Ch'iang-Stämmen.

Die Verbreitung dieses Polymorphismus oder Gen-Markers (YAP) korreliert mit dem von Heine-Geldern postulierten Migrationsweg der ostkaspischen Kultur nach Nordchina und Japan und stützt damit seine in letzter Zeit des öfteren kritisierten Annahmen über die Diffusion dieser Kultur. Von ähnlicher Bedeutung für die Hypothese von Heine-Geldern erweist sich auch die Verbreitung der Y-Chromosom-Marker M89 und M130= RPS4Y (siehe Anhang 3 und Anhang 4).

<sup>125</sup> „For example, the study of Y-chromosome markers led to the discovery of remarkable Korean and Tibetan influences on the Japanese population (Hammer and Horai 1995); and mtDNA HVS-I sequences also confirmed the Korean input (Horai et al. 1996) and closer affinities of the Japanese to Tibetans than to southern Asians (Qian et al. 2001).“ Masashi Tanaka et al., Mitochondrial Genome Variation in Eastern Asia and the Peopling of Japan, *Genome Research*, 14, 2004, p. 1833

<sup>126</sup> R. Spencer Wells et al, The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y chromosome diversity, *Proc.Natl.Acad.Sci.USA*, 98 (18), 2001, p.10244-9

<sup>127</sup> Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.585

<sup>128</sup> „YAP/M145/M203/M174 lineages are today mostly confined to Japan and Tibet, where they occur at high frequencies.“ P.A.Underhill, et al., The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations, *Ann. Hum. Genet.* 2001, p.52

<sup>129</sup> Y-SNP= Y-Chromosom Single Nucleotide Polymorphism

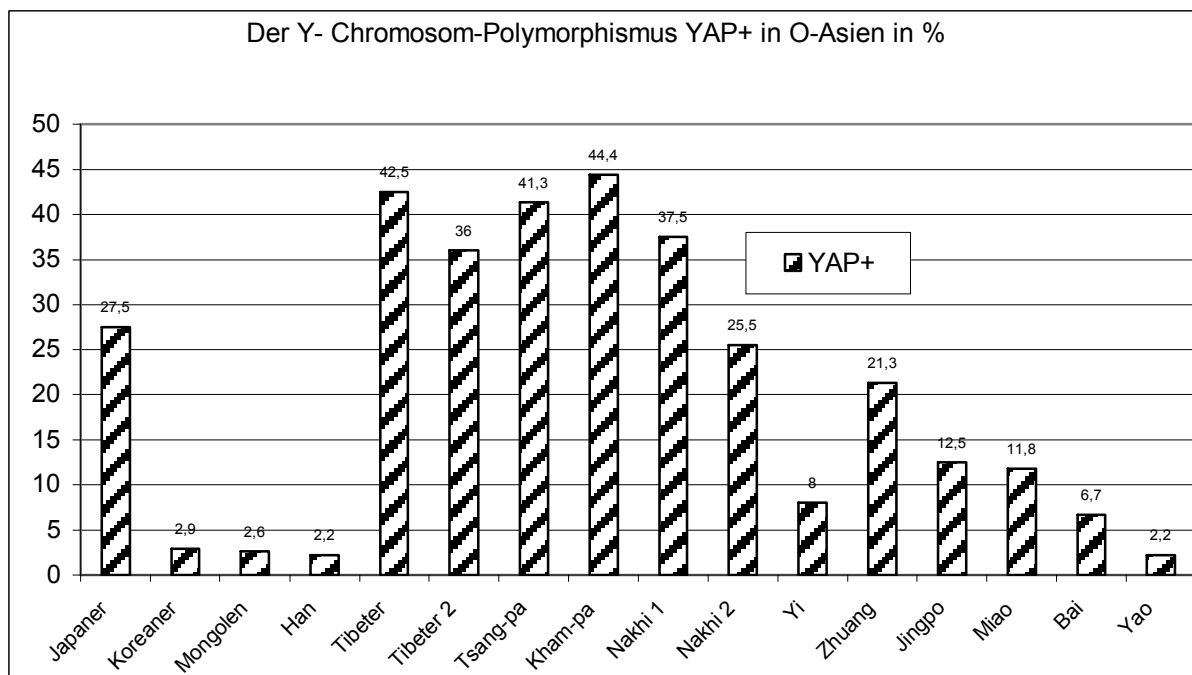
<sup>130</sup> Siehe: Y.P. u. B.Z.Quian et al., Multiple Origin of Tibetan Y-Chromosomes, *Human Genetics*, 106, 2000

<sup>131</sup> B.Wen et al., Analyses of genetic structure of Tibeto-Burman populations reveals sex-biased admixture in southern Tibeto-Burmans, *American Journal of Human Genetics*, 74, 2004, 856-865

<sup>132</sup> B.Su et al., Y-Chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last Ice Age, *American Journal of Human Genetics*, 65, 1999, 1718-1724



Mit der Teilung und Distribution dieser Kulturen (Yang-shao, Lungshan) korrelierte die Distribution der sino-bodischen Sprachen der tibeto-burmesischen Sprachfamilie.<sup>133</sup> Mit dem Auseinanderdriften der Ma-chia-yao- und der Yang-shao-Kulturen, in China speziell in der Fortsetzung der Lung-shan-Stufe, korrelierte die Ausdifferenzierung der bodischen oder nordwest- und der sinitischen oder nordost-tibeto-burmesischen Sprachen, deren einer Zweig, der bodische, sich über die innerasiatischen Migrationswege im Nordwesten entlang des Karakorum oder entlang des Gras-Steppengürtels auf dem tibetischen Hochland bis nach Kashmir (3000 v.Chr.) und in das Swat-Tal sowie im Südwesten über Ost- und Südost-Tibet, Bhutan und Sikkim ausbreitete und deren anderer Zweig, der sinitische, sich in den chinesischen Raum hinein entfaltete.<sup>134</sup>



nach W.Kim et al. (2000), B.Su et al.(1999), T.Karafet et al. (1997), H.Shi et al. (2003)

Auch dieses Ereignis findet seine genetische Reflexion, die speziell den tibetischen Zweig dieser Sprachfamilie betrifft. „The Bodic branch, the so called Tibetans, are distinctive from the other three branches (tibeto-burmesischer Sprachen, auf welche diese Studie Bezug nimmt/ H.S.) with a high frequency of YAP+.<sup>135</sup> The predominant occurrence of both

<sup>133</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.77

<sup>134</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.77-9

<sup>135</sup> YAP+ = Alu insertion polymorphism on the Y chromosome; auch: M1.

YAP+ and M122C in Tibetan populations indicates a multiple origin of Tibetan Y-chromosomes from both east Asia and central Asia/southwest Siberia.<sup>136</sup>

Indizien für die südwestliche Distributionslinie der Kansu-Kultur liefern die neolithischen Kulturen von Chab-mdo, Kong-po und Nord-Sikkim, und zwar mit den bei ihnen bemerkten Einflüssen der Ma-chia-yao-Kultur. Die Westdrift der Kansu-Kultur reichte also weit über Kansu hinaus, in der Ma-chia-yao-Periode wahrscheinlich sogar bis nach Kaschmir, von wo aus tibeto-burmesische Völker dann in Verbindung mit anderen Völkern, die sich aus der Karasuk-Kultur gelöst haben, auch bis Nepal in den Himalaja hinein vordrangen, und erfuhr regional bedingte Veränderungen sowohl des Kulturinventars als auch seiner Formen, zumal diese sich immer in den Höhenlagen hielten und die subtropischen und tropischen Höhenlagen mieden.<sup>137</sup>

Ein Faktor der Beschleunigung dieser Westdrift von Kansu war die Einführung der Reiterei und der Gespanne nebst Wagen mit Speichenrädern, welche der Kontakt mit den Steppenvölkern aus dem Steppenraum Innerasiens einbrachte.<sup>138</sup> Auf der gleichen Route in umgekehrter Richtung kamen die Viehzüchter der Karasuk-Kultur aus dem Pamir-Raum nach Nordost-Tibet, welche jene Kulturgüter mitbrachten, die sich dann mit den bodischen Völkern, in deren Bestand sie schließlich aufgingen, nach Westen über ganz Tibet hinweg ausbreiteten. Die Beteiligung von Vertretern der Steppenvölker an der Besiedlung Tibets läßt sich auch genetisch erkennen. „The mysterious occurrence of YAP+ in Tibetan populations always questions the east Asian origin of Tibetan populations because YAP+ is basically absent in almost all the other east Asian populations except in Japanese.“<sup>139</sup>

Das dank der Ch'iang-Völker von Kansu her stark beeinflusste Kaschmir-Neolithikum existierte gleichzeitig und in näherer Nachbarschaft

<sup>136</sup> Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.585 Karafet et al., Y Chromosome Markers and Trans Behring Strait Dispersals, *Am.Journ.of Physical Anthropology*, 102, 1997, P.305 geben eine YAP+ Frequenz bei Tibetern von 53% an.

<sup>137</sup> Siehe: G.van Driem, *Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations*, in: R.Blench, M.Spriggs, *Archeology and Language II*, London, New York 1998, p.81

<sup>138</sup> Siehe: G.van Driem, *Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations*, in: R.Blench, M.Spriggs, *Archeology and Language II*, London, New York 1998, p.81; Felsbildergalerien in A-mdo zeigen ähnlich gebildete Streitwagengespanne wie jene bronzezeitlichen Galerien in Schweden, Italien und der Mongolei.

<sup>139</sup> Bing Su et al., Y chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, *Human Genetics*, 107, 2000, p.588; “YAP/M145/M203/M174 lineages are today mostly confined to Japan and Tibet, where they occur at high frequencies, with fewer found scattered throughout southeast Asia (Su et al. 1999).“ P.A.Underhill et al. *The phylogeography of Y Chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations*, *Am. Hum. Genet.* (2001), 65, p.52

mit der Industalkultur, ohne aber in dessen Einflußsphäre zu geraten, von einigen Ausnahmen abgesehen. Ja die tibeto-burmesische Dominanz in der Südflanke des Himalaja, die bereits vor dem Erscheinen der Vorfahren der Burushaski Sprache dort schon stattgehabt haben muß und auch der indoiranischen Expansion nach Nordindien vorausging, scheint mit dem Erscheinen der indoiranischen Völker dort bereits im Rückzug begriffen gewesen zu sein.

Die Entstehung der tibetischen Kultur verdankt sich der Wechselwirkung zweier kultureller Epizentren, von denen das eine im Steppenraum, d.h. im Nordwesten von Tibet liegt und das andere südöstlich von Tibet in Sze-chuan, im Gebiet des Sze-chuan Mesolithikums, das aller Wahrscheinlichkeit nach die Urheimat der tibeto-burmesischen Völker darstellt.<sup>140</sup>

Von diesen Epizentren gehen entlang eines Kreises, den zwei gekrümmte Vektoren bilden, welche einmal Kaschmir längs des Kuenlun mit Kansu und zum anderen Kansu über Chamdo, Kongpo und Sikkim mit West-Tibet verbinden, nacheinander Impulse aus, zuerst die der Diffusion der tibeto-burmesischen Völker und dann die der Diffusion der Steppennomaden und der karasuk-kulturlichen Ch'iang-Völker, welche sich treffen und auf den gleichen Wegen aber in z.Teil entgegengesetzter Richtung sich ausbreiten und in einer Interferenzzone des Genaustauschs münden, die man mit dem ethnischen Tibet umreißen kann. Nachdem die nordwest-tibeto-burmesischen Völker sich in Kansu und im Nordosten von Tibet etabliert hatten, ja sogar in Kaschmir das dortige Neolithikum mitgeprägt hatten, traf auf sie eine Bewegung aus der Steppe und aus dem Hindukusch, getragen von Vertretern der Karasuk-Kultur, welche das Kulturgut der Steppenvölker sowohl nach Nordost-Tibet als auch über Kaschmir nach West-Tibet brachten und damit die Grundlage legten für die dauerhafte Besiedlung der Grassteppen des Hochlands von Tibet. Diese Völker wurden von jenen tibeto-burmesischen Völkern assimiliert, die sich dort vor ihnen bereits

---

<sup>140</sup> Siehe: G.van Driem, Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations, in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II, London, New York 1998, p.69; Diese Polarität wiederholt eine Polarität, die für ganz Ostasien typisch ist und speziell von den principal component analyses (PC) über die chinesischen Populationen herausgestellt wurde, so z.B. von Xiao et al.: "The genetic gradient caused by gene flow between Caucasoids and Mongoloids tends to show an expansion from Northwest China, first towards the east and then south, and ultimately, most southern China. This indicates that a very small component of Caucasoid genes were brought by the Persian merchants in Guangzhou and Quanzhou into Chinese populations after the Tang and Song Dynasties, while nearly no Caucasoid blood from India mixed into Chinese populations. The flow of Caucasoid genes into China happened nearly all in north China, from west to east, then towards the south, and mainly in the prehistoric age, not after the Silk Road had been opened." Ch.Xiao et al., Principal Component analysis of gene frequencies, Science of China, Series C, Vol 46, 2000, p.480

angesiedelt hatten und konnten in den meisten Fällen auch dank ihres Nomadismus und ihrer steppenkriegerischen Verfassung die politische Führung der sie assimilierenden Völker an sich reißen.

## Zusammenfassung

Die molekulargenetischen Untersuchungen stimmen darin überein, daß die tibetischen Populationen sich von den anderen ostasiatischen Populationen durch eine hohe Proportion zweier durch YAP+ bestimmter Haplogruppen (H2 und H3) unterscheiden, und daß dieses genetische Merkmal keinesfalls auf Kontakte in historischer Zeit zurückzuführen ist. Die YAP+ Polymorphismen in den tibetischen Populationen variieren nach vorsichtigen Schätzungen zwischen 41,3% (in Tsang) und 44,4% (in Khams), ja es wurden auch höhere Proportionen konstatiert (s.o.). Das genetische Zentrum dieser Polymorphismen liegt im Westen von Tibet, kommt außer bei Tibetern, Koreanern und Japanern in Ostasien nicht vor, und reflektiert dementsprechend Migrationsprozesse mit Populationen aus dieser Himmelsrichtung.

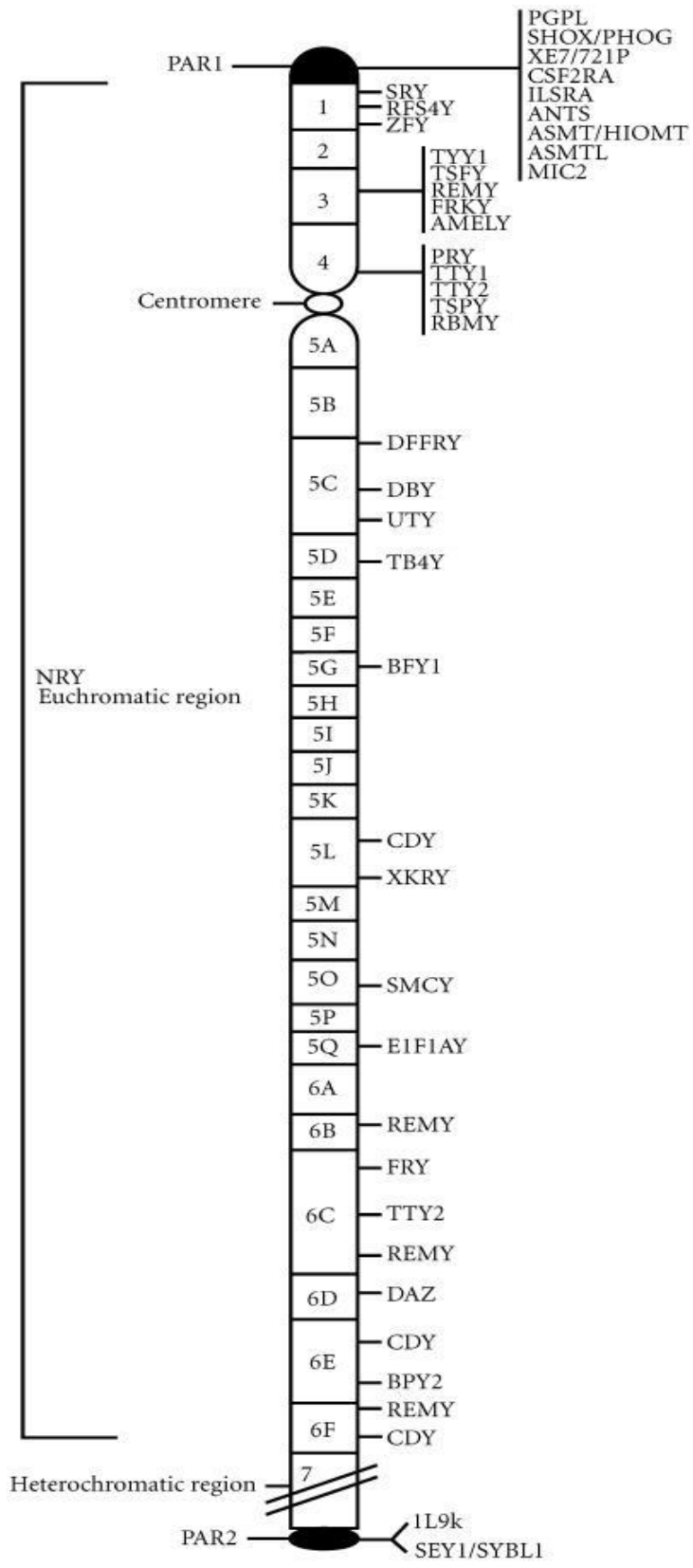
Ein ebenfalls nicht geringer Anteil des Polymorphismus M 122C in tibetischen Populationen, der (mit 35%) drei weitere Haplogruppen bestimmt (H6,H7 und H8), unterstreicht die südostasiatische Herkunft ebenfalls charakteristischer Merkmale tibetischer Populationen, der den ostasiatischen Anteil des tibetischen Ethnos reflektiert.

Die Vereinigung dieser beiden charakteristischen Merkmale westlicher und östlicher Herkunft im Raum Tibets zum populationsgenetischen Charakteristikum der Tibeter korreliert mit den bereits früher konstatierten biologisch-anthropologischen, kulturhistorischen und linguistischen Beobachtungen<sup>141</sup>, die ihrerseits nicht nur eine Integration von Merkmalen der Steppenvölkerkultur durch neolithische Ethnien Ostasiens konstatierten, sondern auch deren weitgehende Übernahme, welche im tibetischen Nomadismus deutlich zu erkennen (ist) und von verschiedenen alt-tibetischen Überlieferungen auch als in ferner Vergangenheit stattgehabtes Eindringen Fremder reflektiert worden ist.

---

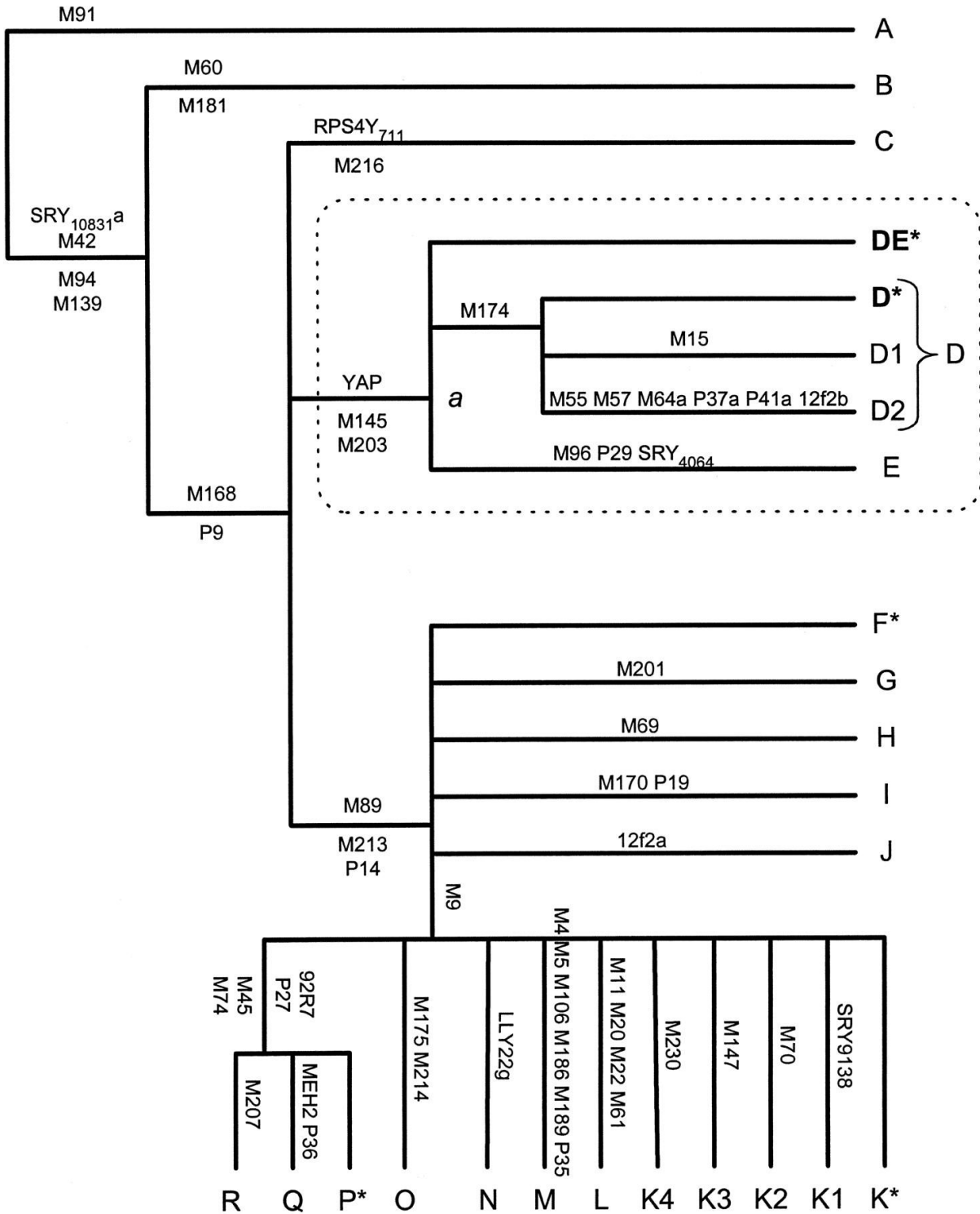
<sup>141</sup> siehe: Horst Südkamp, Die Vorvölker Tibets, Rikon-Zürich 2003

Anhang 1: Y-Chromosom



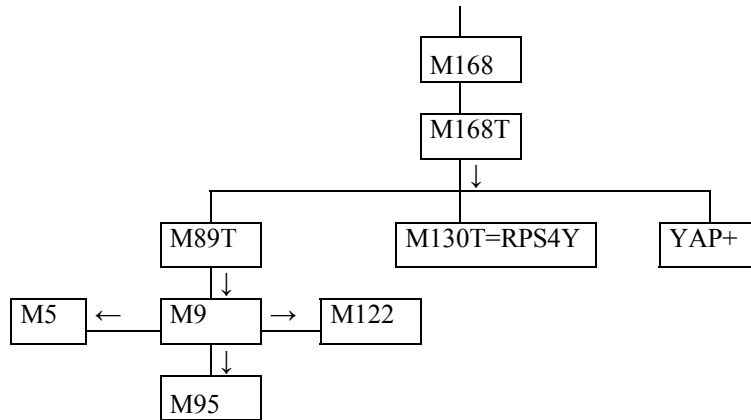
aus: L.Quintana-Murci/ M.Fellous., The human Y chromosome: the biological role of a “functional wasteland”, J.Biomed Biotechnol 2001,1 (1)

Anhang 2 Y-Chromosom Haplogruppen Stammbaum



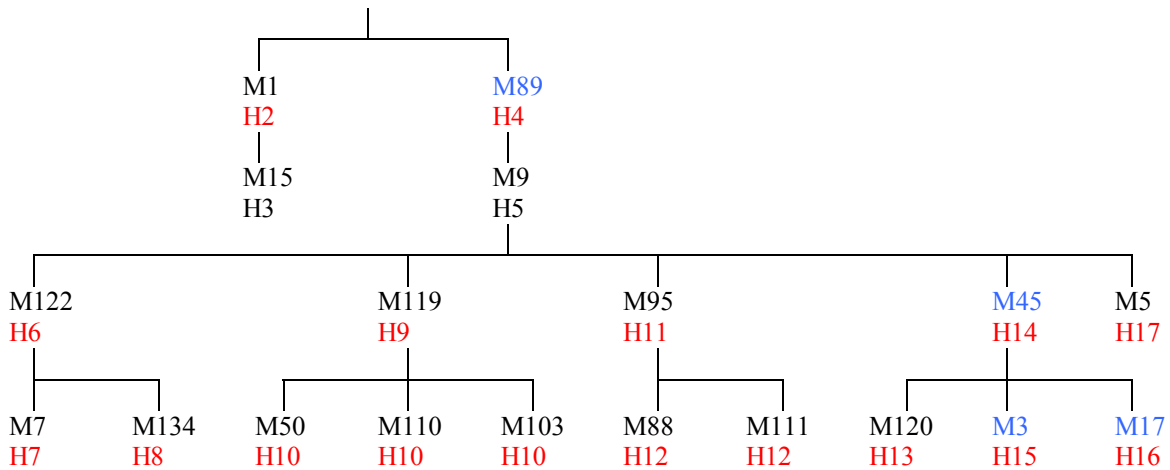
### Anhang 3 Stammbaumsegment der Y-SNPs in Ost-Asien

Teilstammbaum der Y-Chromosom-Marker (oder Y-SNPs) in O-Asien



nach: K.E. Yuehai et al., Y-chromosome evidence for non-independent origin of modern human in China, Chinese Science Bulletin, Vol 46, 2001, p.937

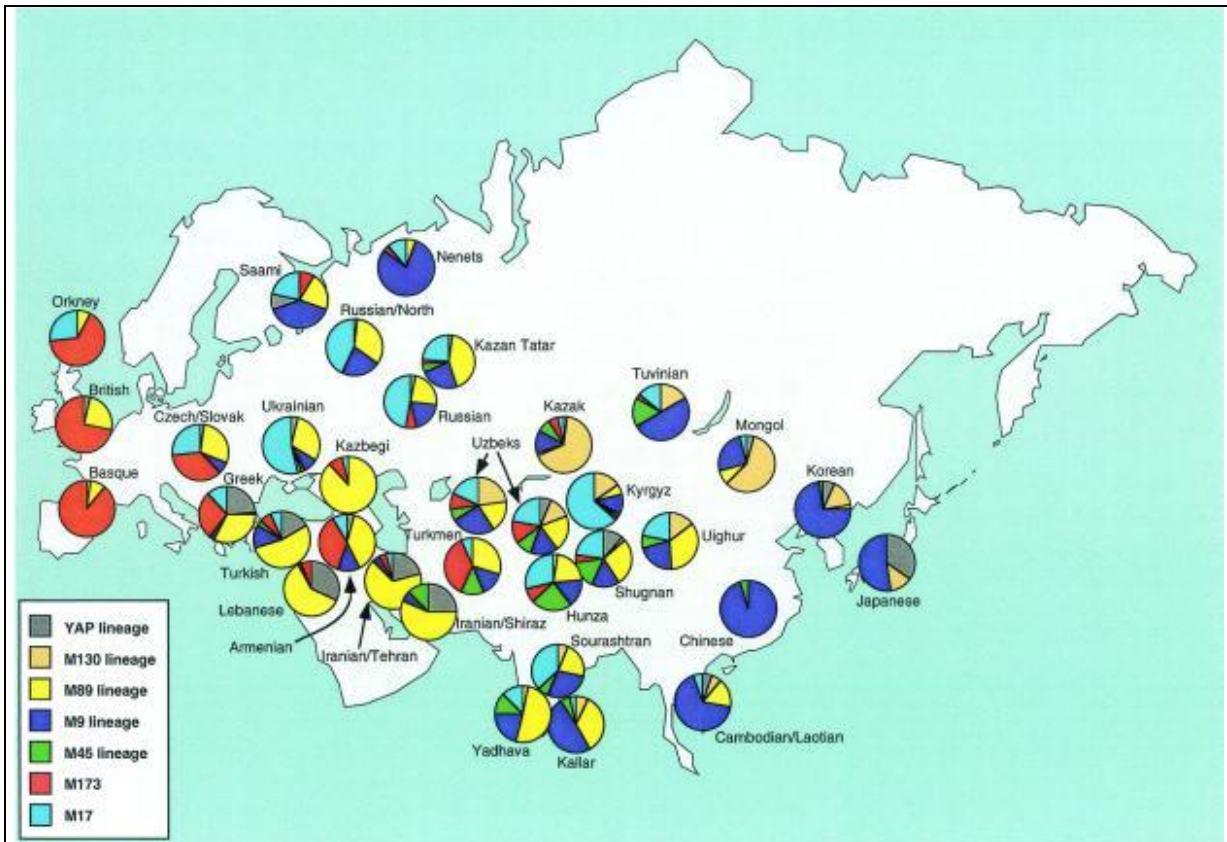
Phylogenetisches Netzwerk von 17 Haplotypen definiert durch 19 bi-allele Marker



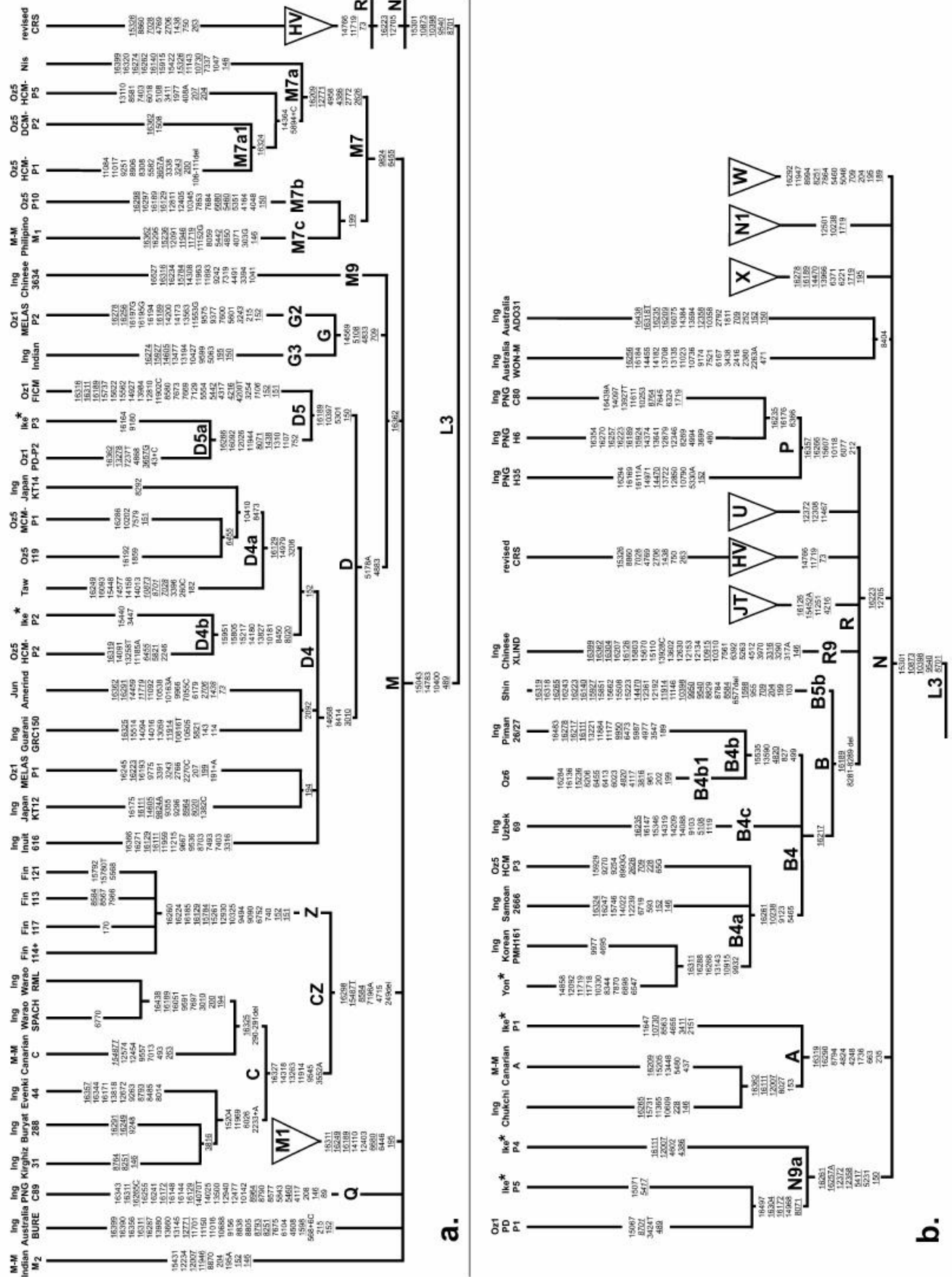
Bing Su et al., Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas, Human Genetics, 107, 2000, p.585



## Anhang 4 Verbreitung der Y-Chromosom-Marker M89, M130, YAP+, etc



Aus: R. Spencer Wells et al., The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y chromosome diversity, Proc. Natl. Acad.Sci.USA, 98 (18)



Anhang 5 mtDNA-Haplogroups-Tree nach Kivisild et al. *Mol. Biol. Evol.* 19(10):1737–1751. 2002

## Litertaur

Bittles, A.H. et al. (2001)

A comparative genome based study of minority populations in PR China  
Perth

Cavalli-Sforza, L.L. (1999)

Gene Völker und Sprachen  
München, Wien

Chen et al. (1995)

Analysis of mtDNA variations in African populations reveals the most ancient of all human continent-specific haplogroups  
American Journal of Human Genetics, 57

Chu, J.Y. et al.(1998)

Genetic relationship of populations in China  
Proc.Natl.Acad.Sci.USA, Vol 95

Clisson, I. et al.(2002),

Genetic analysis of human remains from a double inhumation in a frozen kurgan in Kazakhstan (Berel site, Early 3<sup>rd</sup> century BC)  
Int.J.Legal Med. 116 (5)

Cordaux, R. et al.(2003)

Mitochondrial DNA analysis reveals diverse histories of tribal populations from India  
European Journal of Hunman Genetics, 11

Crow, T.J. (1998)

Was the speciation event on the Y chromosome?  
Abstracts of Contributions to the Dual Congress 1998  
Johannesburg

Dib, C. et al. (1996)

A comprehensive genetic map of the human genome based on 5.264 microsatellites  
Nature, 380

Driem, G. van (1998)

Neolithic Correlates of Ancient Tibeto-Burman Migrations,  
in: R.Blench, M.Spriggs, Archeology and Language II,  
London, New York

Guha, B. (1935)

The racial affinities of the people of India  
in: Census of India, 1931, Part III-Ethnographical  
Simla

- Hammer, M.F. et al.(1997)  
The geographic distribution of Y Chromosome variation  
Genetics, 145
- Harpending, H.C. et al.(1993)  
The genetic structure of ancient human populations  
Curr. Anthropol., 34
- Horai S. et al. (1995)  
Recent African origin of modern human revealed by complete sequences of hominoid mitochondrial DNAs  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 92
- Jorde, L.B. et al.(1998)  
Using mitochondrial and nuclear DNA markers to reconstruct human evolution  
BioEssays 20.2
- Karafet, T. et al (1997)  
Y Chromosome Marker and Trans Behring Strait Dispersals  
American Journal of Physical Anthropology, 102
- Karafet, T. et al.(2001)  
Paternal Population History of East Asia: Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes  
Am. J. Hum. Genet. 69
- Kennedy, K.A.R. et al.(1987)  
Upper pleistocene fossil hominids from Sri Lanka  
Am.J.Phys.Anthrop.,72
- Keyser-Tracqui, C. et al. (2003)  
Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2,000-Year-Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia  
Am. J. Hum. Genet., 73, 2003
- Kivisild, T. et al., (1999)  
The Place of Indian mtDNA Variants in the Global Network of Maternal Lineages and the Peopling of the Old World,  
in: Deka, R.Papiha, S.S.Kluver (ed.), Genomic Diversity
- Kivisild T. et al. (2000)  
An Indian Ancestry, a key for understanding human diversity in Europe and beyond,  
in: C.Renfrew, K.Boyle, Archaeogenetics: DNA and the population prehistory of Europe, Oxford, Oakville
- Kivisild, T. et al. (2002)  
The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree  
Molecular Biology and Evolution, 19
- Lundman, B. (1967)  
Geographische Anthropologie  
Stuttgart

- Maca-Meyer, N. et al. (2001)  
Major genomic mitochondrial lineages delineate early human expansions  
BMC Genet. 2(1), 13
- Majumder, P.P. (2001)  
Ethnic populations from India as seen from an evolutionary perspective  
J.Bioscience. Vol.26,4
- Martisoff, J.A. (1991)  
Sino-Tibetan linguistics: present state and future prospects  
Annu. Rev. Anthropol. 20
- Mountain J.L. et al.(1995)  
Demographic history of India and mtDNA sequence diversity  
Am.J.Hum.Genet.,56
- Nei, M. (1987)  
Molecular Evolutionary Genetics  
New York
- Pattanayak, D.P. (1998)  
The Language Heritage of India,  
in: D.Balasubramanian, N.N.Rao (ed), The Indian Human Heritage,  
Heyderabad 1998, p.95-99
- Quian, Y.P. u. B.Z. et al. (2000)  
Multiple Origin of Tibetan Y-Chromosoms  
Human Genetics, 106
- Quintana-Murci, L. et al. (2001)  
Y chromosome lineages trace diffusion of people and languages in southwestern Asia  
Am.J.Hum.Genet.68
- Quintana-Murci, L./ Fellous, M. (2001)  
The human Y chromosome: the biological role of a “functional wasteland”, J.Biomed Biotech-  
nol.,1 (1)
- Ray, N. (1973)  
Nationalism in India  
Aligarh
- Sakar, S.S. (1958)  
Race and race movements in India  
in: S.Chatterjee (ed), The Cultural Heritage of India, Vol 1  
Calcutta
- Singh, K.S. (1992)  
People of India  
Calcutta

- Sokal, R.R. et al. (1991)  
Genetic evidence for the spread of agriculture in Europe by demic diffusion  
Nature 351
- Spencer Wells R. et al. (2001)  
The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y chromosome diversity  
Proc.Natl.Acad.Sci.USA, 98 (18)
- Su, B. et al.(1999)  
Y-Chromosome evidence for a northward migration of modern humans into Eastern Asia during the last Ice Age  
American Journal of Human Genetics, 65
- Su, B. et al.(2000)  
Y Chromosome haplotypes reveal prehistorical migrations to the Himalayas  
Human Genetics, 107
- Südkamp, H. (2003)  
Die Vorvölker Tibets  
Rikon-Zürich
- Thapar, R. (1966)  
A history of India, Vol 1  
Middlesex
- The Y-Chromosome Consortium (2002)  
A Nomenclature System for the Tree of Human Y-Chromosomal Binary Haplogroups  
Genome Research, 12
- Torrioni et al.(1996)  
Classification of European mtDNA's from an Analysis of three European populations  
Genetics, 144
- Underhill, P.A. et al. (2001)  
The phylogeography of Y Chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations  
Am. Hum. Genet. 65
- Wang, W.S.Y. (1998)  
In the Bronze Age and Early Iron Age peoples of Eastern Central Asia  
University of Pennsylvania Museum Publications
- Watson E. et al.(1997)  
Mitochondrial footprints of human expansions in Africa  
Am.Journ.Human Genetics, 61
- Weale, M.E. et al. (2003)  
Rare Deep Rooting Y Chromosome Lineages in Humans  
Genetics, 165

- Weber, J.L., Wong, C. (1993)  
Mutation of human short tandem repeats  
Hum.Mol.Genetics 2
- Wen, B. et al. (2004)  
The origin of Mosuo people as revealed by mtDNA and Y chromosome variation  
Science in China, Series C-Life Sciences, Vol 47 (1)
- Wen, B. et al. (2004)  
Analyses of genetic structure of Tibeto-Burman populations reveals sex-biased admixture in southern Tibeto-Burmans  
American Journal of Human Genetics, 74
- Whitfield, L.S. et al. (1995)  
Sequence variation of the human Y chromosome,  
Nature 378
- Xiao, Ch. et al. (2000)  
Principal component analysis of gene frequencies  
Science of China, Series C, Vol 43,5
- Yao, Y.G. et al. (2002)  
Phylogeographic differentiation of mitochondrial DNA in Han Chinese  
Am.J.Hum.Genet., 70
- Yao, Y.G./Zhang, Y.P. (2002)  
Phylogeographic analysis of mtDNA variation in four ethnic populations from Yunnan Province: new data and a reappraisal,  
Journ.Hum.Gen., 47, 6
- Yao, Y.G. et al. (2003)  
Reconstructing the evolutionary history of China: a caveat about inferences drawn from ancient DNA.  
Mol.Biol.Evol.20
- Yuehai, K.E. et al. (2001)  
Y-chromosome evidence for no independent origin of modern human in China  
Chinese Science Bulletin, vol 46, No 11, 2001
- Zerjal, T. et al. (1999)  
The use of Y chromosomal DNA variation to investigate population history: recent male spread in Asia and Europe  
in: S.S.Papiha et al., Genomic diversity: applications in human population genetics  
New York
- Zerjal T. et al. (2002)  
A genetic landscape by recent events: Y-chromosomal insights into Central Asia  
Am.J.Hum.Genet. 71