Zeitschrift: Archäologie Graubünden. Sonderheft

Herausgeber: Archäologischer Dienst Graubünden

Band: 4 (2014)

Artikel: Molekulargenetische Abstammungsanalyse am Skelett des Jörg Jenatsch

Autor: Shved, Natalia / Haas, Cordula

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-871041

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 24.12.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Molekulargenetische Abstammungsanalyse am Skelett des Jörg Jenatsch

Natallia Shved,
Cordula Haas

Einleitung

Jörg Jenatsch, Pfarrer, Politiker und Oberst eines Bündner Regiments, gilt im Volksmund als Retter Graubündens im Dreissigjährigen Krieg. Er wurde 1639 während der Fasnacht ermordet und kurz danach in der Kathedrale in Chur beigesetzt.

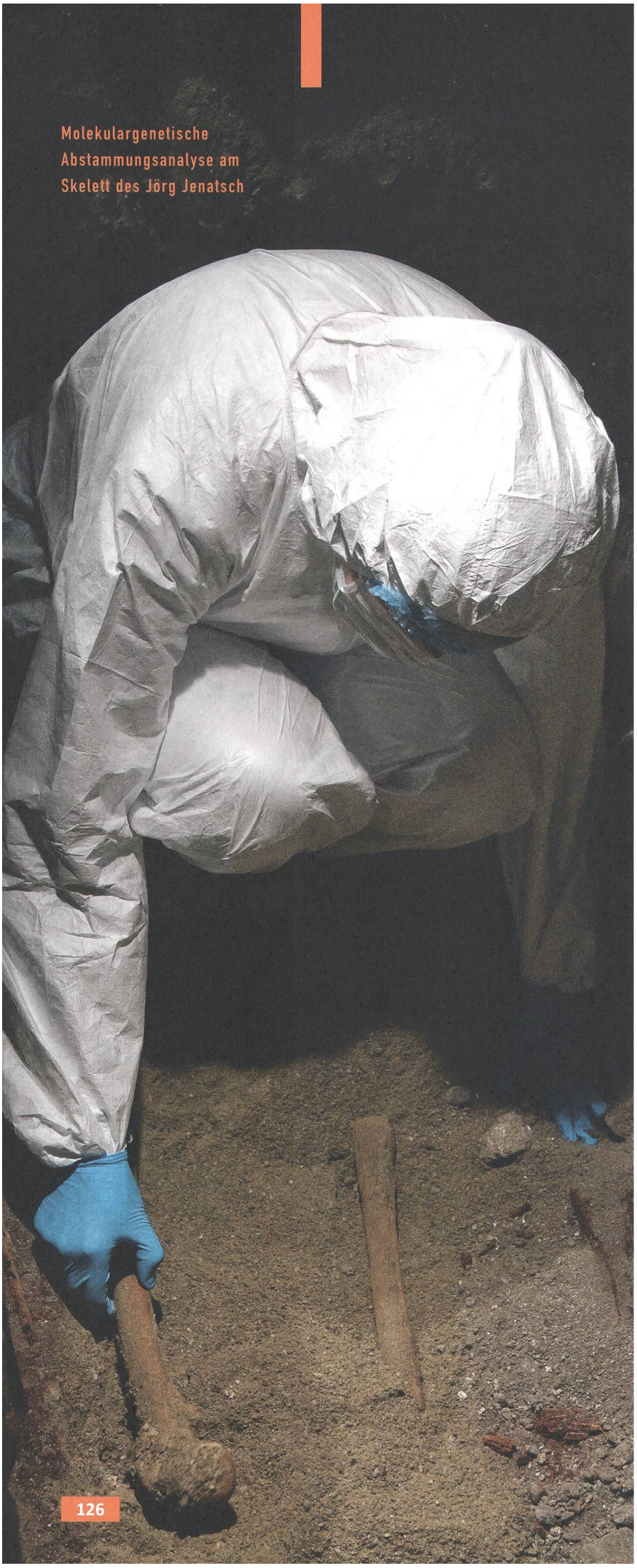
Bereits 1959 exhumierte der Anthropologe Erik Hug den Leichnam von Jörg Jenatsch und identifizierte ihn aufgrund seiner Kleider und einer Schädelfraktur.

Im Zuge von neuen und immer sensitiveren DNA-Analysemethoden ist es heute möglich, aus jahrhundertealten sterblichen Überresten DNA-Profile zu erstellen und diese mit den DNA-Profilen lebender Nachfahren zu vergleichen. So wurden zum Beispiel die Skelette der 1918 ermordeten russischen Zaren-Familie Romanov mittels genetischer Analysen identifiziert.[1] Im März 2012 wurde das Grab von Jörg Jenatsch erneut geöffnet, um mittels neuer anthropologischer, pathologischer und genetischer Analysemethoden zu klären, ob es sich tatsächlich um seine sterblichen Überreste handelt.[2]

Für genetische Abstammungsanalysen werden je nach Fragestellung verschiedene Methoden angewendet. Genealogische und populationsgenetische Fragen werden mittels *mitochondrialer DNA* und *Y-chromosomaler DNA* untersucht.[3] Die mitochondriale DNA wird unverändert von der Mutter weitervererbt und definiert die maternale Abstammungslinie. Die Y-chromosomale DNA wird unverändert vom Vater zum Sohn weitergegeben und bestimmt die väterliche Abstammungslinie. Mittels der Abstammungslinien können Stammbäume überprüft werden, aber verwandte Personen können innerhalb der gleichen maternalen oder paternalen Abstammungslinie nicht unterschieden werden. Für die klassische Vaterschaftsanalyse wird die *autosomale (nicht-geschlechtsspezifische) DNA* untersucht. Die autosomale DNA liegt doppelt vor, je ein Chromosomensatz vom Vater und von der Mutter. Somit kann man beim Kind die Merkmale der Eltern wiederfinden. Die Merkmale werden nach den einfachen Erbgesetzen (nach Mendel) vererbt und sind für jedes Individuum einmalig. Mittels einer autosomalen DNA-Analyse können, mit der Ausnahme von eineiigen Zwillingen, auch nah verwandte Personen eindeutig unterschieden werden.

Die DNA-Analyse ist eine Standardmethode in der Verbrechensbekämpfung, bei Abstammungsfragen (v. a. Vaterschaftsanalysen) und bei der Identifizierung der Opfer von Katastrophen. Sie kann aber auch für archäologisches Material eingesetzt werden. DNA aus forensischem oder archäologischem Material zeigt einige Besonderheiten.[4] Nach dem Tod eines Individuums beginnt der Verwesungsprozess. Bakterien und Pilze zersetzen organische Verbindungen in kleinere Einheiten. Auch körpereigene Enzyme greifen die abgestorbenen Zel-

Abb. 1: Chur, Kathedrale St. Mariae Himmelfahrt. Exhumation im März 2012. Einstieg in die Grabgrube. Die Anthropologin Christina Papageorgopoulou (vorne) und die Molekularbiologin Natallia Shved, beide in Schutzanzügen, unmittelbar vor der Probenentnahme.



len an. Die DNA wird dabei in immer kleinere Fragmente zerstückelt. Umweltfaktoren wie Wasser, Hitze und Chemikalien können diese Prozesse beschleunigen und die DNA zusätzlich schädigen. Unter Umständen ist die DNA von einem gefrorenen, 40 000 Jahre alten Mammut einfacher zu untersuchen[5] als die Überreste der Opfer des Terroranschlags vom 9. Sept. 2001 in New York, welche grosser Hitze ausgesetzt waren.[6]

Bei der Untersuchung von archäologischem Material muss sichergestellt werden, dass die extrahierte DNA tatsächlich von dem archäologischen Material stammt und es sich nicht um eine Kontamination mit moderner DNA handelt. Deshalb müssen spezielle Vorsichtsmassnahmen bei der Probengewinnung **Abb. 1** und der DNA-Analyse getroffen werden.

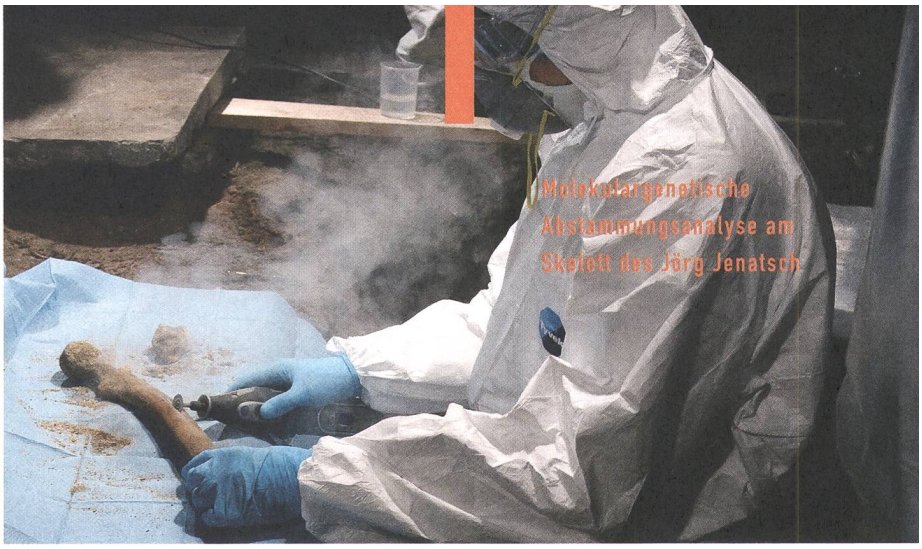
Probenmaterial und Analysemethoden

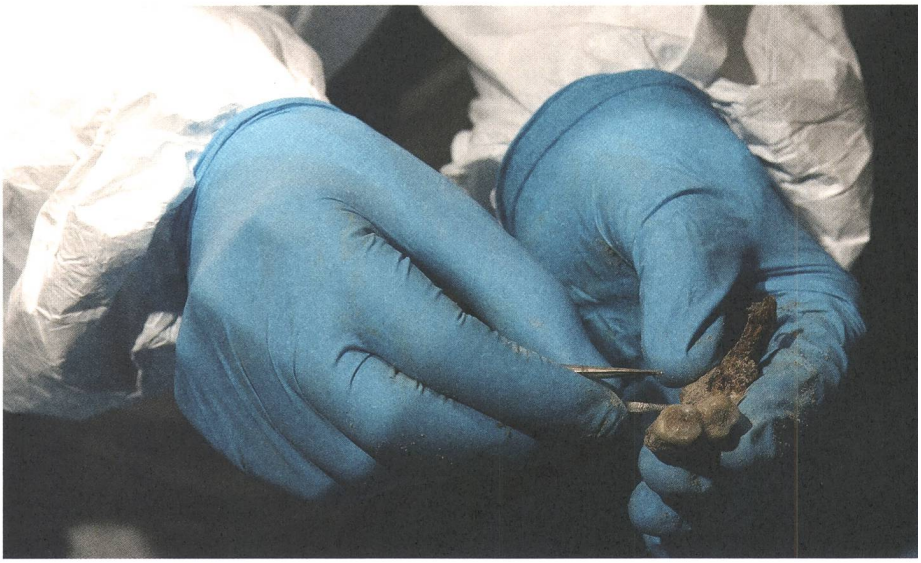
Drei lebende Nachfahren, die aus der direkten männlichen Linie von Jörg Jenatschs Urgrossvater stammen,[7] waren bereit Wangenschleimhautabstriche abzugeben, um ihre DNA-Merkmale mit denen des Skeletts zu vergleichen. Aus den Wangenschleimhautabstrichen wurde DNA mittels einer Standardmethode extrahiert.

Vom exhumierten Leichnam wurden für die genetischen Untersuchungen ein Stück Oberschenkelknochen (Femur) und ein Zahn (Molar) unter speziellen Schutzmassnahmen entnommen **Abb. 2 – 5**. Die DNA-Extraktion aus archäologischen Proben ist aufwändiger und schwieriger, vor allem weil wenig intakte Zellen übrig sind und die DNA meist hochgradig degradiert ist. Die DNA in Knochen und Zähnen ist an Mineralien gebunden, die herausgelöst werden müssen. Neben der humanen DNA sind auch andere Moleküle vorhanden, Proteine,

Lipide und DNA von Bakterien und Pilzen. Aus dem Knochenstück und dem Zahn wurde DNA in einem speziell für archäologische Proben eingerichteten DNA-Labor (Institut für Evolutionäre Medizin, IEM) der Universität Zürich extrahiert **Abb. 6 und 7**, eine weitere unabhängige Extraktion wurde im forensisch genetischen Labor am Institut für Rechtsmedizin der Universität Zürich durchgeführt **Abb. 8**.

Um die Verwandtschaft von Jörg Jenatsch zu den männlichen Nachfahren seines Urgrossvaters zu prüfen, wurden Y-chromosomale Merkmale untersucht, die so genannten *Y-SNPs (single nucleotide polymorphisms)* und *Y-STRs (short tandem repeats)*. SNPs sind Variationen einzelner Basenpaare





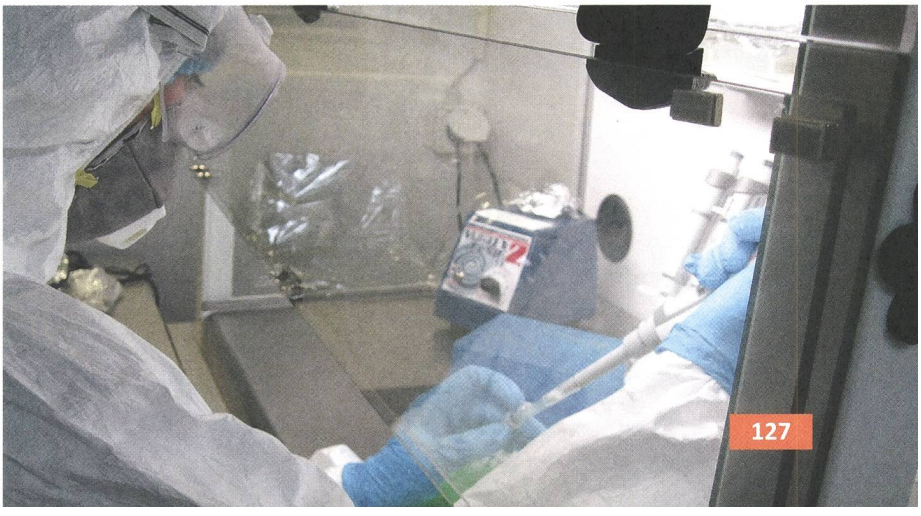


Abb. 2 (linke Seite): Chur, Kathedrale St. Mariae Himmelfahrt. Exhumation im März 2012. Christina Papageorgopoulou legt die beiden Oberschenkelknochen des Skeletts frei.

Abb. 3: Chur, Kathedrale St. Mariae Himmelfahrt. Exhumation im März 2012. Aus einem Oberschenkelknochen wird ein Teil zur Beprobung heraus gefräst.

Abb. 4: Chur, Kathedrale St. Mariae Himmelfahrt. Exhumation im März 2012. Natallia Shved und Christina Papageorgopoulou untersuchen den Schädel nach einem für die Beprobung tauglichen Zahn.

Abb. 5: Chur, Kathedrale St. Mariae Himmelfahrt. Exhumation im März 2012. Ein geeigneter Zahn wird aus dem Unterkiefer entfernt.

Abb. 6: Universität Zürich, 2012. Im Labor des Instituts für Evolutionäre Medizin wird aus dem Knochenpulver DNA extrahiert.

Abb. 7: Universität Zürich, 2013. Die Molekularbiologin Natallia Shved an ihrem Büro-Arbeitsplatz.

Abb. 8: Universität Zürich, 2013. Die Molekularbiologin Cordula Haas im Labor des Instituts für Rechtsmedizin.

in einem DNA-Strang, die sich zwischen Individuen unterscheiden können. STRs sind repetitive Sequenzen von zwei bis sieben Basenpaaren, deren Anzahl sich von Individuum zu Individuum unterscheidet (z. B. 6x TCTA bei Person 1 und 10x TCTA bei Person 2). Mittels der Polymerasekettenreaktion (PCR) werden bestimmte Regionen des Y-Chromosoms vermehrt. Es werden jeweils mehrere Genorte analysiert, um ein charakteristisches Resultat (Y-SNP-Haplogruppe, bzw. Y-STR-Haplotyp) für ein Individuum zu erzielen. Im Fall Jenatsch wurden 21 Y-SNPs und 23 Y-STRs untersucht.

Zusätzlich wurde auch die DNA des beteiligten Ausgrabungsleiters Manuel Janosa (die einzige männliche Person, welche sich während der 2. Exhumierung in der Nähe des Skeletts aufhielt) untersucht, um eine Kontamination auszuschliessen.

Resultate der DNA-Analyse

Liegt Verwandtschaft vor, so müssen die Y-chromosomalen Merkmale des Skeletts und der drei männlichen Nachfahren übereinstimmen.

Die Y-SNP-Analysen wurden am Institut für Rechtsmedizin in Berlin durchgeführt. Die drei lebenden Nachfahren und das Skelett wiesen das gleiche Y-SNP-Resultat auf und konnten der Y-SNP-Haplogruppe R1b-1b2a2g zugeordnet werden.

Die Y-STR-Analysen wurden in den Rechtsmedizinischen Instituten in Zürich und Berlin durchgeführt. Alle drei Nachfahren zeigten den gleichen Y-STR-Haplotyp. Die DNA aus dem beim Skelett entnommenen Knochen und Zahn war degradiert und es konnten nur Teilprofile erstellt werden. Aus drei Knochenextrakten konnte jedoch mit insgesamt 14 Analysen ein komplettes Y-STR-Profil des Skeletts zusammengesetzt werden. Das Y-STR-Profil des Skeletts stimmte in 20 der 23 Y-STRs mit dem Y-STR-Profil der Nachfahren überein, in drei Y-STRs traten Abweichungen auf.

Der ebenfalls untersuchte Ausgrabungsleiter zeigte sowohl bei den Y-SNPs als auch bei den Y-STRs andere Ergebnisse, somit konnte eine Kontamination, zumindest bei der 2. Exhumierung, ausgeschlossen werden.

Biostatistische Beurteilung

Die beim Skelett und den untersuchten Nachfahren gefundene Y-SNP-Haplogruppe R1b1b2a2g ist in Mitteleuropa verbreitet (5,6% der männlichen Bevölkerung trägt diesen Haplotyp). Dieses Resultat spricht für Verwandtschaft, allerdings mit geringer Beweiskraft.

Beim Skelett wurden drei Abweichungen zu den Nachfahren in den 23 Y-STRs gefunden. Jörg Jenatsch ist 14 Generationen von den untersuchten Nachfahren entfernt (elf Generationen von den Nachfahren zum gemeinsamen Urgrossvater und drei Gene-

rationen von Jörg Jenatsch zu demselben). Die drei Abweichungen können einerseits Nicht-Verwandtschaft bedeuten, oder es können über die vielen Generationen genetische Veränderungen (so genannte Mutationen) aufgetreten sein und somit wäre eine Verwandtschaft nicht auszuschliessen.[8] Um diese zwei Hypothesen zu testen, wurden von einem Spezialisten am Institut für Medizinische Informatik und Statistik an der Universität in Kiel biostatistische Berechnungen durchgeführt. Eine konservative Beurteilung der Daten führte zu dem Schluss, dass es 20 Mal wahrscheinlicher ist, dass es sich um das Skelett von Jörg Jenatsch handelt, als dass es sich um das Skelett einer unbekannten, mit Jörg Jenatsch genetisch nicht verwandten Person handelt.

Schlussfolgerungen

Das Skelett und die drei Jenatsch Nachfahren gehören der gleichen Y-SNP-Haplogruppe R1b1b2a2g an, die aber in Mitteleuropa verbreitet ist und deshalb für eine Identifizierung des Skeletts nicht ausreicht. In den 23 untersuchten Y-STRs wurden beim Skelett drei Abweichungen zu den Nachfahren gefunden. Dabei könnte es sich um Mutationen handeln und somit wäre eine Verwandtschaft nicht ausgeschlossen. Aufgrund der DNA-Analysen und den Ergebnissen der übrigen am Grab durchgeführten Untersuchungen kann mit hoher Wahrscheinlichkeit davon ausgegangen werden, dass das exhumierte Skelett tatsächlich von Jörg Jenatsch stammt.

Abbildungsnachweis

Abb. 1–5: Archäologischer Dienst Graubünden
Abb. 6: Universität Zürich
Abb. 7, 8: Sabine-Claudia Nold, Trin

Anmerkungen

1 Gill Peter/Ivanov Pavel L./Kimpton Colin/Piercy Romelle/Benson Nicola/Tully Gillian/Evett Ian/Hagelberg Erika/Sullivan Kevin: Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis. Nature Genetics 6 (1994), 130–136. – Rogaev Evgeny I./Grigorenko Anastasia P./Moliaka Yuri K./Faskhutdinova Gulanz/Goltsov Andrey/Lahti Arlene/Hildebrandt Curtis/Kittler Ellen L. W./Morozova Irina: Genomic identification in the historical case of the Nicholas II royal family. Proceedings of the National Academy of Sciences PNAS 106 (2009), 5258–5263. – Coble Michael D./Loreille Odile M./Wadhams Mark J./Edson Suni M./Maynard Kerry/Meyer Carna E./Niederstätter Harald/Berger Cordula/Berger Burkhard/Falsetti Anthony B./Gill Peter/Parson Walther/Finelli Louis N.: Mystery Solved: The Identification of the two missing Romanov children using DNA analysis. PLoS ONE 4/3 (2009) e4838. doi:10.1371/journal.pone.0004838.

2 Für grosszügige Unterstützung in diesem Projekt bedanken wir uns bei Prof. Frank Rühli (Institut für Evolutionäre Medizin an der Universität Zürich) und bei Dr. Adelgunde Kratzer (Leiterin der Abteilung für Forensische Genetik an der Universität Zürich), ihr auch für die kritische Durchsicht des Manuskripts. Weiter danken wir Prof. Lutz Roewer (Institut für Rechtsmedizin, Charité – Universitätsmedizin Berlin) und Prof. Michael Krawczak (Institut für Medizinische Informatik und Statistik, Christian-Albrechts Universität Kiel) für die Laboranalysen und die biostatistischen Berechnungen. – Die Ergebnisse der Untersuchung wurden 2013 an folgender Stelle publiziert: Haas Cordula/Shved Natallia/Rühli Frank Jakobus/Papageorgopoulou Christina/Purps Josephine/Geppert Maria/Willuweit Sascha/Roewer Lutz/Krawczak Michael: Y-chromosomal analysis identifies the skeletal remains of Swiss national hero Jörg Jenatsch (1596–1639). Forensic Science International: Genetics 7, 2013, 610–617.

3 Shreeve James: The Greatest Journey. National Geographic, March 2006.

4 Mitchell David/Willerslev Eske/Hansen Anders: Damage and repair of ancient DNA. Mutation Research 571 (2005), 265–276.

5 Ishida Yasuko/Roca Alfred L./Fratpietro Stephen/Greenwood Alex D.: Successful genotyping of microsatellites in the woolly mammoth. Journal of Heredity 103/3 (2012), 459–464.

6 9/11—new data, reviews, and reflections. The Lancet 378, 3. Sept. 2011.

7 Vergleiche dazu den Beitrag Grimm Paul Eugen: Zur Genealogie der Familie Jenatsch, in vorliegendem Sonderheft.

8 Kayser Manfred/Vermeulen Mark/Knoblauch Hans/Schuster Herbert/Krawczak Michael/Roewer Lutz: Relating two deep-rooted pedigrees from Central Germany by high-resolution Y-STR haplotyping. Forensic Science International: Genetics 1 (2007), 125–128.