Alte DNA : Fragestellungen, Probenentnahme und Anwendung. Neue archäogenetische Erkenntnisse zu bronzezeitlichen Rindern aus Savognin GR-Padnal und deren kulturgeschichtliche Bedeutung

Autor(en): **Harmath, Marianna / Pichler, Sandra / Schlumbaum, Angela**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Jahrbuch Archäologie Schweiz = Annuaire d'Archéologie Suisse = Annuario d'Archeologia Svizzera = Annual review of Swiss Archaeology**

Band (Jahr): **100 (2017)**

PDF erstellt am: **27.04.2024**

Persistenter Link: https://doi.org/10.5169/seals-697021

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.
Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.
Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Ein Dienst der *ETH-Bibliothek*
ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Schweiz, www.library.ethz.ch

http://www.e-periodica.ch

Jahrbuch Archäologie Schweiz 100, 2017, 135-141.

Marianna Harmath, Sandra Pichler, Angela Schlumbaum

Alte DNA – Fragestellungen, Probenentnahme und Anwendung

Neue archäogenetische Erkenntnisse zu bronzezeitlichen Rindern aus Savognin GR-Padnal und deren kulturgeschichtliche Bedeutung

Keywords: Archäogenetik; Rinder; Bronzezeit; Probenentnahme; menschliche aDNA; tierische aDNA; pflanzliche aDNA. – Archéogénétique; bœufs; âge du Bronze; prélèvement d'échantillons; ADN fossile d'origine humaine; ADN fossile d'origine animale; ADN fossile d'origine végétale. – Archeogenetica; bovini; età del Bronzo; estrazione di campioni; aDNA umano; aDNA animale; aDNA vegetale. – Archaeogenetics; cattle; Bronze Age; sampling; human aDNA; animal aDNA; plant aDNA.

Zusammenfassung

Naturwissenschaftliche Methoden, wie z.B. Studien alter DNA, eröffnen neue Möglichkeiten, um bestehende oder neue Hypothesen zu vielfältigen archäologischen Fragestellungen zu überprüfen. Eine wichtige Voraussetzung für den Erfolg molekulargenetischer Untersuchungen ist die korrekte Probenentnahme, die schon auf der Grabung erfolgen sollte. Durch eine entsprechende vorgängige Planung lässt sich diese mit wenig Aufwand in den Grabungsablauf integrieren. An einem konkreten Fallbeispiel aus Savognin GR-Padnal wird aufgezeigt, wie neue archäogenetische Erkenntnisse zur diachronen mitochondrialen Diversität von Rindern Rückschlüsse auf kulturgeschichtliche Entwicklungen in der Bronzezeit erlauben.

Résumé

Grâce à des méthodes scientifiques comme l'étude de l'ADN fossile, on dispose de nouvelles voies permettant de vérifier des hypothèses déjà posées ou d'en formuler de nouvelles, abordant des problématiques archéologiques variées. Pour garantir le succès d'une étude de génétique moléculaire, il est indispensable d'assurer un prélèvement correct des échantillons, dans la mesure du possible directement sur le terrain. Une bonne planification permet d'intégrer cette étape aux investigations archéologiques, sans générer de surcroit de travail. Sur la base des travaux réalisés à Savognin GR-Padnal, on illustre comment l'apport de l'archéogénétique permet de comprendre le développement de l'histoire culturelle durant l'âge du Bronze, en se fondant sur la diversité mitochondriale diachronique des bœufs.

Riassunto

Le metodologie delle scienze naturali, come ad esempio lo studio del DNA antico, offrono interessanti opportunità per affrontare nuove problematiche archeologiche o per verificare quelle esistenti. Uno dei principali presupposti per il successo delle analisi di genetica molecolare è la corretta estrazione dei campioni da analizzare, che deve avvenire, se possibile, direttamente sullo scavo. Grazie ed una precisa pianificazione è possibile integrare queste ricerche durante lo svolgimento dello scavo. Sulla base dell'esempio concreto di Savognin GR-Padnal è stato dimostrato come le conoscenze di archeologia genetica sulla diversità mitocondriale permettano di trarre delle conclusioni sullo sviluppo storico-culturale dell'età del Bronzo.

Summary

Scientific methods, including the study of ancient DNA, provide new opportunities to verify existing or new hypotheses concerning a diverse range of archaeological research questions. The correct method of taking samples, wherever possible on site, is an important prerequisite to molecular genetic examinations being successful. With a certain degree of forward planning, this can easily be achieved during the course of an excavation. The paper uses Savognin GR-Padnal as an example to show how new archaeogenetic insight into the diachronic mitochondrial diversity of cattle allows us to draw conclusions with regard to the cultural development in the Bronze Age.

Einleitung

Bioarchäologische Untersuchungen liefern ein detailliertes und facettenreiches Bild der Vergangenheit, das sich besonders in disziplinenübergreifenden, integrativen Befundauswertungen erschliesst. Menschen, Tiere und Pflanzen, Krankheitserreger oder andere Mikroorganismen können auf biomolekularer Ebene anhand von Material aus Knochen, Zähnen, Haar, Leder, Pflanzenresten, Koproliten, Holz, Pergament, Speisekrusten auf Keramik oder in Sedimenten analysiert werden. Zu den Molekülen, die für bioarchäometrische Untersuchungen herangezogen werden, gehört die so genannte alte DNA (ancient DNA oder aDNA). In der Archäologie werden mit Hilfe genetischer Informationen aus der Vergangenheit Fragestellungen zur Herkunft, Verbreitung und Anpassung von wilden und domestizierten Tier- und Pflanzenarten, zum Nachweis von mütterlichen und väterlichen Vererbungslinien und genetischer Verwandtschaft, Krankheitserregern oder Migrationsereignissen untersucht sowie in zunehmendem Mass für das Feststellen persönlicher Kennzeichen wie Augen-, Haar- oder Fellfarben oder adaptativer Eigenschaften wie der Fähigkeit, dass Menschen Milch oder Alkohol verdauen können.[1] Die archäogenetischen Untersuchungen an Rinderknochen aus Savognin GR-Padnal zeigen beispielhaft, welche Aussagen hinsichtlich der diachronen Veränderungen in der Verbreitung und Nutzung von Rindern während der Bronzezeit möglich sind (Harmath 2016). Weitere Untersuchungen aus der Schweiz haben schon zum Thema Domestikation, der Beschreibung von Haustierpopulationen oder dem Aussehen von Haus- und Wildtieren beigetragen (z.B. Svensson et al. 2014; Larson et al. 2007; Schibler et al. 2014; Elsner et al. 2016).

Untersuchungsmethoden und Erhaltungsbedingungen in der Archäogenetik

Die DNA (Desoxyribonukleinsäure) beinhaltet die genetische Information über Aufbau und Funktion jedes einzelnen Organismus, kodiert als Abfolge der vier Basen Adenin, Guanin, Cytosin und Thymin auf den Doppelsträngen eines langen Kettenmoleküls, der Doppelhelix. Deren Länge wird in Basenpaaren (Bp) gemessen. So beträgt zum Beispiel die Gesamtlänge des Rindergenoms 3 Milliarden Bp. Die Doppelhelix befindet sich im Zellkern, in den Zellorganellen wie den Mitochondrien, bei Pflanzen zusätzlich in den Chloroplasten. Nach dem Tod eines Organismus werden die DNA und die darin enthaltenen Informationen durch biochemische, mikrobiologische und chemisch-physikalische Prozesse mehr oder weniger schnell abgebaut.

Die Geschwindigkeit dieses Prozesses hängt wesentlich von der Zeit und den Umgebungsbedingungen ab. Wenn die Bedingungen günstig sind, d.h. anaerob, gleichmässig kalt und trocken, kann DNA Tausende von Jahren überleben, während feuchte und warme Umgebung ihren Abbau fördert. Im Verlauf der Zeit wird sie immer stärker fragmentiert und liegt in archäologischem Material mit einer durchschnittlichen Länge von 20 Bp bis maximal ca. 250 Bp vor. Zurzeit datiert die älteste bekannte aDNA in den Beginn des Mittelpleistozäns und ist ca. 700 000 Jahre alt; sie stammt aus Permafrostboden, also aus einem optimalen Kontext für ihre Erhaltung (Orlando et al. 2013). Somit dürften auch die archäobiologischen Funde aus den hochgelegenen Fundstellen des alpinen Raums, z.B. die des Kantons Graubünden, hervorragendes Quellenmaterial für archäogenetische Studien bieten. Bislang wurde dieses Potential jedoch wenig genutzt, zum Beispiel bei Ötzi (O'Sullivan et al. 2016; Sikora et al. 2014; Keller et al. 2012) oder bei der Lederhose vom Schnidejoch (Schlumbaum et al. 2010). Aus dem Kanton Graubünden liegen bislang genetische Daten zu Höhlenbären aus Ramosch (Stiller et al. 2010; Hofreiter et al. 2007; Hofreiter et al. 2002) und, aus tieferen Lagen, zu Schweinen aus Cazis und Untervaz (Larson et al. 2007) vor. Weil Mitochondrien sehr häufig in Zellen vorkommen und ihre DNA daher bessere Chancen der Erhaltung hat, wurden auch Rinder aus archäologischen Zusammenhängen auf räumliche und zeitliche mtDNA-Varianten hin untersucht (Lenstra et al. 2014). Die mtDNA wird ausschliesslich mütterlicherseits vererbt und repräsentiert mütterliche genetische Linien.

Grundsätzlich gibt es zwei verschiedene Vorgehensweisen, aDNA zu untersuchen: einmal durch die Vermehrung kurzer Bruchstücke mit Hilfe der sogenannten PCR (Polymerase-Ketten-Reaktion) und mit dem anschliessenden Sequenzieren von bekannten genetischen Markern; hierbei müssen die Fragmente eine Mindestlänge von 70 Bp haben. Zum anderen durch Sequenzieren der vorhandenen DNA durch ein Verfahren, das als «next generation sequencing» (NGS) bezeichnet wird, womit selbst sehr kurze Fragmente unter 50 Bp untersucht werden können. Dabei werden alle in der Probe enthaltenen aDNA-Fragmente analysiert, d.h. es wird auch eine Vielzahl von «Fremd-DNA», z.B. Mikroorganismen aus der Umwelt, nachgewiesen. Bei NGS werden nicht zur Probe gehörende Sequenzen mit biostatistischen Verfahren aus dem riesigen Gesamtdatensatz herausgefiltert (Abb. 1,b). Um nach genetischen Informationen in archäologischen Proben zu suchen und das Resultat zu interpretieren, benötigt jede archäogenetische Studie öffentliche Datenbanken, in denen die bisher bekannten Genome oder Nukleotidsequenzen hinterlegt sind.[2]

Im Folgenden stellen wir dar, welches Vorgehen bei der Probenentnahme für aDNA-Analysen auf Grabungen sinnvoll und was bei der Lagerung der Proben zu beachten ist.

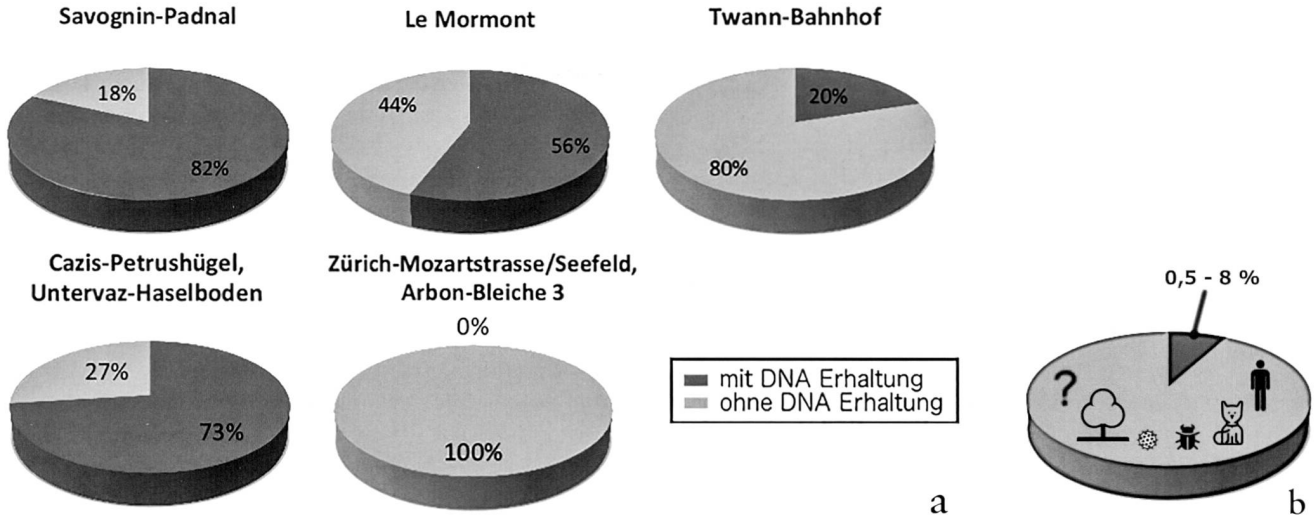

Abb. 1. a DNA-Erhaltung in unterschiedlichen Kontexten von ausgewählten Fundstellen der Schweiz. Trockenboden: Savognin-Padnal, Cazis, Untervaz(Bronzezeit) und Le Mormont (Eisenzeit); Feuchtboden: Twann und Arbon (beide horgenzeitlich), Zürich Mozartstrasse und Seefeld (frühneolitisch); b ungefährer Anteil endogener DNA nach Sequenzieren aller vorhandenen DNA-Fragmente (NGS). Unter idealen Bedingungen kann der Anteil endogener DNA mehr als 80% betragen. Nach Harmath 2016; Elsner et al. 2016; Schibler et al. 2014; Larson et al. 2007.

Probenentnahme und -lagerung für archäogenetische Forschungen

Moderne DNA kann schon durch ihre Menge die kurzen Fragmente der aDNA kontaminieren bzw. überlagern und damit das Ergebnis verfälschen. Sie ist praktisch überall vorhanden, im Boden, in der Luft, im Wasser. Genmaterial-Einträge von Bodenlebewesen oder Wurzelpartikeln sind in bodengelagertem Material nicht zu vermeiden. Die Verunreinigung durch DNA beispielsweise von Lebensmitteln, Haustieren, Haaren, Schweisstropfen, Zigarettenasche oder ähnlichem auf der Grabung, im Lager und später im Labor hingegen lässt sich minimieren oder verhindern. Dies ist besonders wichtig beim Bergen von menschlichem Genmaterial.[3]

Die Beprobung sollte möglichst schnell nach der Aufdeckung des jeweiligen Areals bzw. Skelettelementes erfolgen, d.h. ein längeres Offenliegen der Befunde ist zu vermeiden. In Abhängigkeit von der Erhaltung des Ausgangsmaterials sind in der Regel Proben von 2–5 g auch für eine Gesamtgenomanalyse ausreichend. Da die Untersuchungen immer destruktiv sind, d.h. das Material zerstört wird, ist im Zweifelsfall eine grosszügige Beprobung empfehlenswert, um Ergebnisse zu erhalten. Die genutzte Skelettregion bzw. das Skelettelement richtet sich nach der untersuchten Fragestellung, muss sich jedoch immer am Erhaltungszustand der spezifischen Knochen oder Zähne orientieren (Pichler 2016)[4]. Grundsätzlich gilt für die Entnahme aller Probentypen: einzeln verpackte, sterile Wegwerfhandschuhe, Mundschutz und körperbedeckende Kleidung (Kopftuch!) tragen, sauberes Werkzeug (z.B. sterilisert in Eau de Javel: wässrige Natriumhypochloritlösung) benutzen, das Material möglichst nicht waschen und gegebenenfalls langsam bei Zimmertemperatur trocknen, einzeln in geeignete Gefässe oder als Erdprobe im Eimer/Minigrip sammeln, gut beschriften und dokumentieren, kühl und trocken lagern oder, für eine Aufbewahrung über Monate oder Jahre, einfrieren (Abb. 2,a). Eine Bestimmung durch Experten, z.B. Archäobiolog/innen oder Anthropolog/innen, ist, wenn möglich, schon auf der Grabung vorzunehmen. Wir empfehlen, die Proben möglichst schnell von der Grabung ins Labor oder in die Kälte zu bringen.

Intentionell oder zufällig verbranntes archäobiologisches Material liefert keine aDNA mehr. Manchmal eignet es sich jedoch für andere bioarchäometrische Analysen, wie z.B. für Untersuchungen zur Mobilität von Menschen und Tieren mit Hilfe stabiler Isotope. Dabei besteht praktisch keine Kontaminationsgefahr (Pichler 2016).

Pflanzenmaterial

Samen und Früchte sind oft sehr klein: In den meisten Fällen wiegen sie unter 1 g, so dass nach Möglichkeit mehrere Funde zur Analyse gegeben werden sollten. Im Trockenbodenkontext sind Pflanzenreste fast ausschliesslich verkohlt erhalten. Diese Funde sind zurzeit selbst mit neuesten Verfahren genetisch nicht zuverlässig zu erfassen (Nistelberger et al. 2016). Entgegen den Erwartungen ist die aDNA-Erhaltung in Feuchtbodenkontext bei Pflanzen jedoch gut (Schlumbaum/Edwards 2013). Kleine identifizierte Pflanzenreste werden einzeln in Mikrotiterplatten oder kleinen Röhrchen gesammelt (Abb. 2,b). Idealerweise werden sie einzeln fotografisch dokumentiert (Bacilieri et al. 2016). Für eine spätere genetische Untersuchung sollten ganze Boden-

proben mitsamt der in ihnen enthaltenen archäobiologischen Reste eingefroren werden.

Faunenreste

Tierreste können entweder mit dem sie umgebenden Sediment oder einzeln in Minigrip-Beutel verpackt werden, kleine Tierreste, wie z.B. Fischschuppen, auch in Mikrotiterplatten. Feuchterhaltene Faunenreste sollten erfahrungsgemäss sofort ins aDNA-Labor zu Beprobung gelangen oder ohne Waschen und Trocknen sofort kalt oder tiefgekühlt gelagert werden (Abb. 2).

Menschliches Skelettmaterial

Menschliche Skelettreste müssen schon bei der Ausgrabung strikt vor Kontamination geschützt werden. Die zur Beprobung vorgesehenen Areale (Zähne und Kiefer, alternativ beckennaher Teil des Oberschenkels) sollten bis zur Materialentnahme mit Erde bedeckt bleiben. (Abb. 3)[5]. Entnommene Proben sind unverzüglich in Minigrip-Tüten zu verpacken (unbeschriftete Probentüte in beschrifteter Aussentüte). Es hat sich bewährt, die Arbeiten auf jeder Grabung durch eine einzige, speziell geschulte Person ausführen zu lassen; idealerweise zieht man Expert/innen hinzu. Von allen Personen, die Kontakt zu dem freigelegten Befund bzw. dem menschlichen Probenmaterial hatten, sollte ein Wangenabstrich genommen werden, um mögliche Kontaminationen zu identifizieren (Abb. 2,a).
Die Dokumentation aller Arbeitsschritte sowie der Proben können später bei der Extraktion und Evaluierung der DNA-Daten nützlich sein, etwa Angaben zum Ort der Grabung, den Wetterverhältnissen, dem Grabungspersonal und allfällige Verzögerungen/Offenliegen des Befundes aufgrund spezieller Umstände. Bei den späteren Untersuchungen im aDNA-Labor sind ebenfalls aufwendige Schutzmassnahmen und zahlreiche Kontaminationskontrollen nötig, um die Authentizität der Ergebnisse sicher zu stellen.

Fallbeispiel Savognin GR-Padnal

Der bronzezeitliche Fundort Savognin-Padnal (im weiteren Text kurz als Padnal bezeichnet) liegt ca. 1210 m ü.M. Er wurde zwischen 1971 und 1983 durch den Archäologischen Dienst des Kantons Graubünden unter der Leitung von Jürg Rageth systematisch ausgegraben (Rageth 1986). Heute führt eine Strasse von hier auf den Julierpass, deren Vorläufer wahrscheinlich bereits seit der Bronzezeit als Verbindung nach Italien benutzt wurde. Obwohl Spuren von Bergbau, Bronzeherstellung und Handel gefunden wurden, waren die Bewohner von Padnal wahrscheinlich hauptsächlich Bauern und Hirten. Die meisten Tierknochen des Fundplatzes stammen von Rindern (Bopp-Ito 2012).
Hausrinder wurden im Nahen Osten domestiziert und gelangten mit dem Menschen nach Europa (Scheu et al. 2015). Dabei kam es wohl mehrfach zu Einkreuzungen mit europäischen Auerochsen, die ihre genetischen Spuren in heutigen Rinderrassen hinterlassen haben (Schibler et al. 2014; Park et al. 2015). Diese und viele andere Erkenntnisse über die genetische Geschichte der Hausrinder und ihrer Vorfahren, den wilden Aurochsen, bis zu heutigen Rinderrassen wurden häufig mit Hilfe von Untersuchungen der mitochondriellen DNA (mtDNA) gewonnen.[6]
In Europa gehören moderne Rinder *(Bos taurus)* sowie Hausrinder aus archäologischem Kontext genetisch hauptsächlich zur so genannten mtDNA-Haplogruppe T3 und deren Varianten. Andere Haplogruppen wie T1 oder T2 sind selten und heute regional unterschiedlich verbreitet: T1 vor allem in Afrika, T2 eher im Balkanraum und in Italien; die T2-Haplogruppe findet sich zudem in den Walliser Kampfkühen, den Evolène (Schlumbaum et al. 2006; Lenstra et al. 2014). T2-Rinder wurden ausserdem zum Beispiel im römischen Augusta Raurica (Schlumbaum/Turgay/Schibler 2006) gefunden.
Für bronzezeitliche Rinder existieren europaweit bislang wenige genetische Daten (Lenstra et al. 2014), obwohl es in jener Zeit zu grossen ökonomischen und gesellschaftlichen Veränderungen kam (Fokkens/Harding 2013). So wurden die Rinder unter anderem im Verlauf der Bronzezeit vermehrt auch sekundär genutzt[7], was sich genetisch auf die Tiere ausgewirkt haben sollte.
Im Rahmen des SFB HiMAT der Universität Innsbruck[8] ergab sich die Möglichkeit, für eine Masterarbeit erste genetische mtDNA-Untersuchungen an bronzezeitlichen alpinen Rindern in Graubünden, nämlich aus Savognin-Padnal, durchzuführen (Harmath 2016). Ziel dieser Analysen war es zu überprüfen, ob sich die Veränderungen, die sich in der materiellen Kultur und Ökonomie der Bronzezeit abzeichnen, in der genetischen Diversität der Rinder spiegeln. Damit wäre indirekt ein weiterer Zugang zu Zeitpunkt und Mechanismen von Kulturveränderungen gewonnen, da die Ausbreitung der Rinder und anderer Haustiere eng an den Menschen gekoppelt war.
Insgesamt wurde die genetische Signatur bzw. Variation mehrerer kurzer Fragmente der mtDNA an 22 Rinderzähnen (Tab. 1) und 2 Hornzapfen untersucht. Fünf Zähne wurden in den Schichten gefunden, die der Frühbronzezeit zuzuordnen sind, fünf kamen in mittel- und acht in spätbronzezeitlichen Horizonten zum Vorschein. Damit sind alle Abschnitte der Bronzezeit in etwa gleich repräsentiert.
In 18 von 22 Zähnen wurde mtDNA nachgewiesen. Dies entspricht einer sehr hohen Erfolgsrate von 82%, erheblich mehr als in anderen Fundstellen der Schweiz[9] (Abb. 1). 17 Zähne gehören der Haplogruppe T3 mit zehn verschiedenen Haplotypen an, ein Zahn aus der Frühbronzezeit entspricht einer Variante der Haplogruppe T2. Beide Hornzapfen (links und rechts) stammen vermutlich von demselben Rind, weil sie dieselbe Variante der Haplogruppe T2 aufweisen; dabei handelt es sich allerdings um einen anderen Haplotyp als er in dem frühbronzezeitlichen Zahn nachgewiesen ist. Das bedeutet, dass acht Tiere aus der gleichen mütterlichen Linie stammen, nämlich dem T3-Typ, der in Europa am häufigsten vorkommt. Alle anderen Rinder –

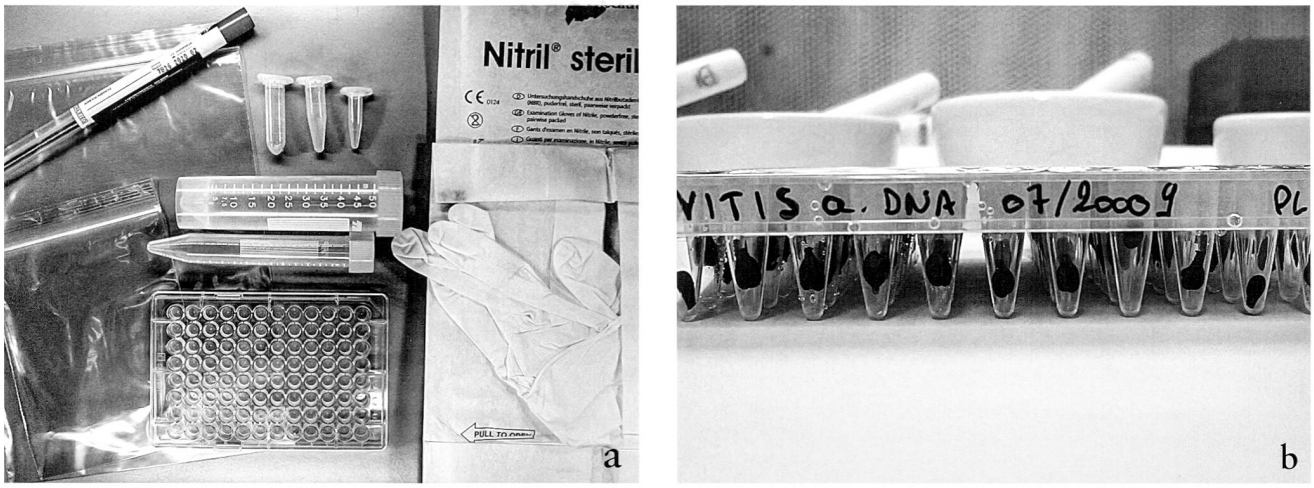

Abb. 2. a Material zur Entnahme und Aufbewahrung von aDNA Proben: saubere Plastikröhrchen, Minigrip-Beutel und Mikrotiterplatten zur Probenlagerung. «Forensette» (DNA-freies Wattestäbchen in Plastikröhrchen) zur Entnahme von Mundschleimhaut-Proben; b Weinkerne sind schon mit blossem Auge auf der Grabung zu erkennen. Sie können einzeln in Mikrotiterplatten eingefroren werden.

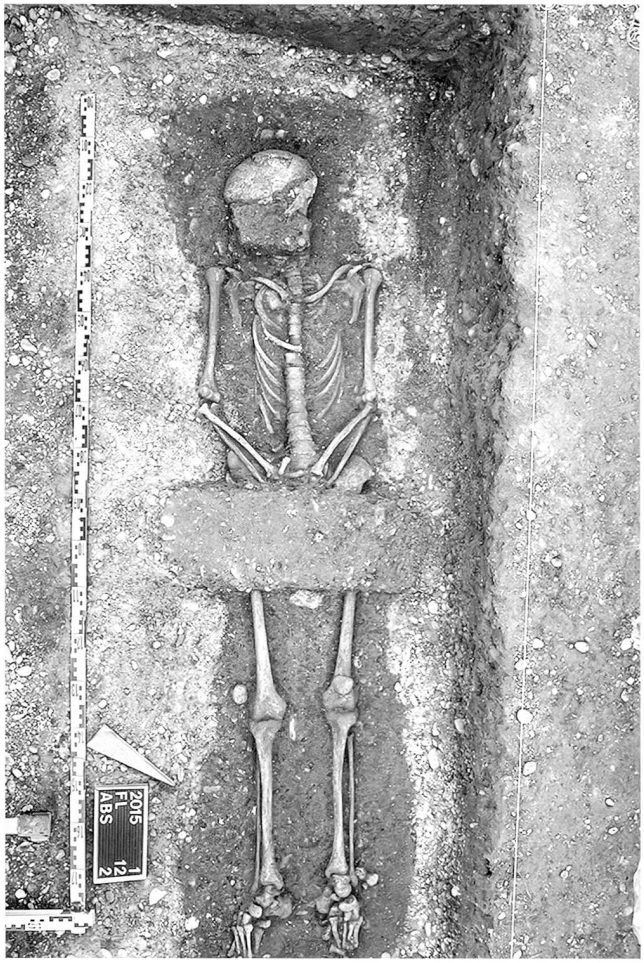

Abb. 3. Für die Entnahme von aDNA Proben vorbereitetes Grab auf dem Spitalfriedhof St. Johann BS. Auf der Ausgrabung bleiben Ober- und Unterkiefer sowie der untere Beckenbereich bis unmittelbar zur Beprobung von Erde bedeckt; die Dicke der Erdschicht richtet sich nach der Dichte des Sediments. Erst wenn der Befund auf dem Skelettniveau für die Dokumentation vorbereitet ist, wird die Erde zügig entfernt. Zähne oder ggf. ganze Knochen werden sofort in vorbereitete Minigrip-Tüten verpackt. Foto ABBS, B. Wyss.

Labornummer	Haplogruppe	Befundnummer	Feld und Horizont	Ausgrabungsjahr
MH01	T3	155 421	Feld 3, Horizont D	1973
MH02	T3	93 22	Feld 3, Horizont B	1973
MH03	T3	23b 411	Feld 3, Horizont D	1975
MH04	T2	9b 54	Feld 3, Horizont E	1976
MH06	n.a.	150 201	Feld 3, Horizont B	1972
MH07	T3	126 51 143	Feld 3, Horizont E	1976
MH08	T3	55	Feld 1, Horizont C	1971
MH09	T3	189	Feld 3, Horizont E	1976
MH10	T3	120---23	Feld 3, Horizont B	1972
MH11	n.a.	27c 411	Feld 3, Horizont D	1975
MH12	n.a.	56	Feld 1, Horizont C	1971
MH13	T3	102---22	Feld 3, Horizont B	1973
MH14	T3	96---201	Feld 3, Horizont B	1973
MH15	T3	9(b) HZ---54	Feld 3, Horizont E	1976
MH16	n.a.	151 22	Feld 3, Horizont B	1973
MH17	T3	150---201	Feld 3, Horizont B	1973
MH18	T3	141b 52	Feld 3, Horizont E	1975
MH19	T3	166---411	Feld 3, Horizont D	1975
MH20	T3	166---202	Feld 3, Horizont B	1973
MH22	T3	20b 401	Feld 3, Horizont D	1975
MH23	T3	108 202	Feld 3, Horizont B	1973
MH24	T3	108 202	Feld 3, Horizont B	1973

Tab. 1. Savognin GR-Padnal. Informationen zu den genetisch typisierten Oberkieferzahnproben (M3) von adulten Rindern. Nach Harmath 2016.

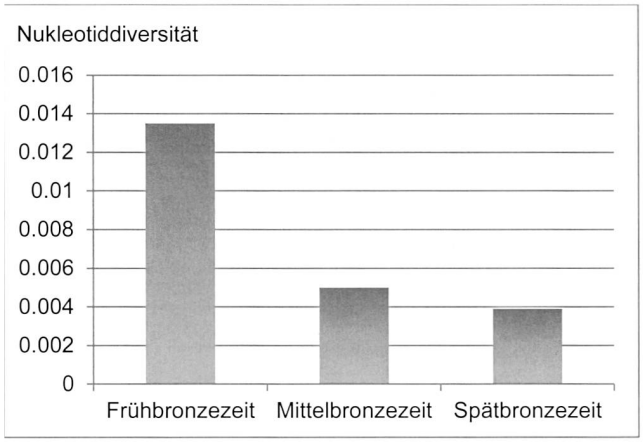

Abb. 4. Savognin GR-Padnal. mtDNA-Nukleotiddiversität bei Rindern in der Früh-, Mittel- und Spätbronzezeit.

auch die zwei Rinder der Haplogruppe T2 – sind mütterlicherseits nicht verwandt. Auf der Basis der vorerst kleinen Probenzahl lässt sich vorsichtig der Schluss ziehen, dass nur der zentrale T3-Haplotyp während der ganzen Bronzezeit vorkommt und in der Spätbronzezeit häufiger wird. Ansonsten scheint jede Phase durch eine eigene Kombination von mütterlichen Linien repräsentiert zu sein. Ausserdem deuten die Daten darauf hin, dass im Laufe der Bronzezeit die genetischen Vielfalt abnahm (Abb. 4).

Was bedeuten die ermittelten genetischen Daten? Zum einen: Rinder der Haplogruppe T2 gab es im alpinen Raum schon seit der Bronzezeit und nicht erst seit der Römerzeit. Berücksichtigt man die heutige Verbreitung von T2-Rindern in Italien, auf dem Balkan und in Nahost, dann kann man die Hypothese aufstellen, dass Menschen mit ihren Rindern spätestens in der Bronzezeit aus verschiedenen Regionen auf den Padnal kamen. Zum anderen: Vergleicht man die genetische Diversität mit Rindern aus europäischen Fundstellen des Neolithikums (Lenstra et al. 2014; andere Vergleichspopulationen gibt es bislang nicht), dann ist die Diversität der Rinder vom Padnal höher. Damit spiegelt sich die im archäologischen Material sichtbare Einwanderung menschlicher Gruppen in das Gebiet in der genetischen Zusammensetzung ihrer Rinder. Zum letzten: Im Verlauf der Bronzezeit nahm auf dem Padnal die Diversität ab und die Häufigkeit der Rinder mit dem zentralen T3-Haplotyp zu. Gab es da vielleicht andere Zuchtziele? Möglicherweise trifft diese Vermutung zu, da sich auch die Nutzung der Rinder als Fleischlieferanten hin zu sekundärer Nutzung änderte. Gab es wiederholte Zuwanderung von Menschen mit ihren Rindern? Diese These wird durch die Diversifizierung der Keramik gestützt.

Die erste archäogenetische Studie an bronzezeitlichen Rindern aus Graubünden zeigt jedenfalls das Potential integrativer, disziplinübergreifender Auswertungen und wirft interessante Fragen und Thesen auf, die unbedingt noch mit grösseren Datensätzen geprüft werden sollten.

Marianna Harmath, Sandra Pichler, Angela Schlumbaum
Universität Basel, Department Umweltwissenschaften, Integrative prähistorische und naturwissenschaftliche Archäologie
Spalenring 145
4055 Basel
marianna.harmath@gmail.com
sandra.pichler@unibas.ch
angela.schlumbaum@unibas.ch

Anmerkungen

1 Eine Übersicht zu Anwendungen von aDNA-Analysen auf archäologische Fragestellungen bietet z.B. Matisoo-Smith/Horsburgh 2012. Eine kurze Einführung findet sich in Pichler 2016.
2 https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed, *https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/*
3 Ausführliche Anleitungen für die Beprobung von Menschen und Tieren bei Burger/Bollongino 2010 und Alt et al. 2014.
4 Ausschlaggebend ist hierbei der Erhalt organischer Substanz. Bei schlechter Erhaltung verspricht es mehr Erfolg, auf ein Skelettelement zweiter oder sogar dritter Priorität auszuweichen als ein unzureichend erhaltenes Element erster Priorität zu beproben.
5 In Gräbern bietet es sich an, den Beckensteg, der normalerweise zur Dokumentation möglicher Grabeinbauten dient, so zu legen, dass er den proximalen, d.h. beckennahen Teil des Oberschenkelschaftes überdeckt. Dieses Vorgehen erlaubt es, auf Ausgrabungen den normalen Arbeitsablauf weitgehend beizubehalten; das Anziehen von Schutzkleidung, Mundschutz und Handschuhen ist erst beim Freilegen der Areale mit Erdüberdeckung notwendig. Die in-situ-Dokumentation des vollständig freigelegten Befundes sollte sich unmittelbar an die Freilegung anschliessen; der/die PhotographIn sollte ebenfalls Handschuhe, Mundschutz und Kopfbedeckung tragen. Die Probenentnahme wiederum sollte direkt im Anschluss an die Dokumentation erfolgen.
6 Die Daten sind in öffentlichen Datenbanken für alle verfügbar.
7 Laufendes Dissertationsprojekt von Miki Bopp-Ito, IPNA, Universität Basel: Archäozoologische Untersuchungen der Tierknochen aus Savognin-Padnal (GR) und ihre Bedeutung für die Umwelt-, Ernährungs- und Wirtschaftsgeschichte während der alpinen Bronzezeit.
8 Provincia autonoma di Bolzano-Alto Adige, Projekt 111: Progress in Farming of an Inner Alpine Settlement Cluster in the area of Klausen/Chiusa and Brixen/Bressanone (Bozen/Bolzano) during the Neolithic and Bronze Age (K. Oeggl Innsbruck); HiMAT (SFWS F31-GO2).
9 Dies überrascht umso mehr, als die Tierknochen über 30 Jahre unter nicht optimalen Bedingungen gelagert waren.

Bibliografie

Alt, K.W./Brandt, G./Knipper, C. et al. (2014) Empfehlungen für die Probenentnahme in der forensischen Anthropologie. Untersuchung von aDNA und Stabilisotopen. Rechtsmedizin 24, 3, 179–185.

Bacilieri, R./Bouby, L./Figueiral, I. et al. (2016) Potential of combining morphometry and ancient DNA information to investigate grapevine domestication. Vegetation History and Archaeobotany, online 1–12. Doi: 10.1007/s00334-016-0597-4.

Bopp-Ito, M. (2012) Animal husbandry in the Bronze Age Alpine settlement «Savognin-Padnal», Switzerland: A preliminary study. In Ch. Lefebvre (ed.) Proceedings of the General Session of the 11th International Council for Archaeozoology Conference, Paris, 23.–28. August 2010. BAR International Series 2354, 75–85. Oxford.

Burger, J./Bollongino, R. (2010) Richtlinien zur Bergung, Entnahme und Archivierung von Skelettproben für palaeogenetische Analysen [Guidelines for the recovery, acquisition and storage of skeletal samples for palaeogenetical analyses]. Bulletin der Schweizerischen Gesellschaft für Anthropologie 16, 1–2, 71–78.

Elsner, J./Deschler-Erb, S./Stopp, B. et al. (2016) Mitochondrial d-loop variation, coat colour and sex identification of Late Iron Age horses in Switzerland. Journal of Archaeological Science, Reports 6, 386–396.

Fokkens, H./Harding, A. (2013) The Oxford Handbook of the European Bronze Age. Oxford.

Harmath, M. (2016) Genetic diversity of domesticated cattle in the archaeological context of the Bronze Age settlement of Savognin-Padnal. Unpublished MSc thesis IPNA, Universität Basel.

Hofreiter, M./Capelli, C./Krings, M. et al. (2002) Ancient DNA Analyses Reveal High Mitochondrial DNA Sequence Diversity and Parallel Morphological Evolution of Late Pleistocene Cave Bears. Molecular and Biological Evolution 19, 8, 1244–1250.

Hofreiter, M./Münzel, S./Conard, N.J. et al. (2007) Sudden replacement of cave bear mitochondrial DNA in the late Pleistocene. Current Biology 17, 4, R122–R123.

Keller, A./Graefen, A./Ball, M. et al. (2012) New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing. Nature Communications 3, 698.

Larson, G./Albarella, U./Dobney, K. et al. (2007) Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. Proceedings of the National Academy of Sciences 104, 1377–1385.

Lenstra, J./Ajmone-Marsan, P./Beja-Pereira, A. et al. (2014) Meta-Analysis of Mitochondrial DNA Reveals Several Population Bottlenecks during Worldwide Migrations of Cattle. Diversity 6, 1, 178–187.

Matisoo-Smith, E./Horsburgh, K.A. (2012) DNA for archaeologists. Walnut Creek.

Nistelberger, H. M./Smith, O./Wales, N. et al. (2016) The efficacy of high-throughput sequencing and target enrichment on charred archaeobotanical remains. Scientific Reports 6, 37347.

O'Sullivan, N.J./Teasdale, M.D./Mattiangeli, V. et al. (2016) A whole mitochondria analysis of the Tyrolean Iceman's leather provides insights into the animal sources of Copper Age clothing. Scientific Reports 6, 9.

Orlando, L./Ginolhac, A./Zhang, G. et al. (2013) Recalibrating *Equus* evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. Nature 499, 7456, 74–78.

Park, S.D E./Magee, D.A./McGettigan, P.A. et al. (2015) Genome sequencing of the extinct Eurasian wild aurochs, Bos primigenius, illuminates the phylogeography and evolution of cattle. Genome Biology 16, 1, 1–15.

Pichler, S. (2016) Lesen in einem besonderen Archiv: der Mensch als Geschichtsquelle. Jber. ABBS 2015, 132–139.

Rageth, J. (1986) Die wichtigsten Resultate der Ausgrabung in der bronzezeitlichen Siedlung auf dem Padnal bei Savognin (Oberhalbstein GR). JbSGUF 69, 63–103.

Scheu, A./Powell, A./Bollongino, R. et al. (2015) The genetic prehistory of domesticated cattle from their origin to the spread across Europe. BMC Genetics 16, 54.

Schibler, J./Elsner, J./Schlumbaum, A. (2014) Incorporation of aurochs into a cattle herd in Neolithic Europe: single event or breeding? Scientific Reports 4.

Schlumbaum, A./Edwards, C.J. (2013) Ancient DNA research on wetland archaeological evidence. In: F. Menotti/O'Sullivan, The Oxford Handbook of Wetland Archaeology 33. Oxford.

Schlumbaum, A./Turgay, M./Schibler, J. (2006) Near East mtDNA haplotype variants in Roman cattle from Augusta Raurica, Switzerland, and the Swiss Evolène breed. Animal Genetics 37, 4, 373–375.

Schlumbaum, A./Campos, P.F./Volken, S. et al. (2010) Ancient DNA, a Neolithic legging from the Swiss Alps and the early history of goat. Journal of Archaeological Science 37, 1247–1251.

Sikora, M./Carpenter, M. L./Moreno-Estrada, A. et al. (2014) Population genomic analysis of ancient and modern genomes yields new insights into the genetic ancestry of the Tyrolean Iceman and the genetic structure of Europe. PLoS Genetics 10/5, e1004353.

Stiller, M./Baryshnikov, G./Bocherens, H. et al. (2010) Withering Away – 25,000 Years of Genetic Decline Preceded Cave Bear Extinction. Molecular Biology and Evolution 27, 5, 975–978.

Svensson, E./Häsler, S./Nussbaumer, M. et al. (2014) Medieval cattle from Bern (Switzerland): An archaeozoological, genetic and historical approach. Schweizerisches Archiv für Tierheilkunde 156, 1, 17–26.