

Genetische Diversität in der Lichtensteinhöhle

—

Ableitungen zur Demographie und
Interpretationen zu sozialen Strukturen sowie Bestattungssitten
in einer bronzezeitlichen Bevölkerung

Dissertation

zur Erlangung des mathematisch-naturwissenschaftlichen Doktorgrades

"Doctor rerum naturalium"

der Georg-August-Universität Göttingen

im Promotionsprogramm Biologie

der Georg-August University School of Science (GAUSS)

vorgelegt von

Marthe Frischalowski

aus Löbau

Göttingen, 2022

Betreuungsausschuss

Prof. Dr. Peter Kappeler, Abteilung Soziobiologie/Anthropologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Prof. Dr. Julia Ostner, Abteilung Verhaltensökologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Dr. Susanne Hummel, Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Mitglieder der Prüfungskommission

Referent: Prof. Dr. Peter Kappeler, Abteilung Soziobiologie/Anthropologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Korreferentin: Prof. Dr. Julia Ostner, Abteilung Verhaltensökologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Weitere Mitglieder der Prüfungskommission:

Prof. Dr. Lorenz Rahmstorf, Seminar für Ur- und Frühgeschichte, Georg-August-Universität Göttingen

Prof. Dr. Andreas Stumpner, Abteilung Zelluläre Neurobiologie, Schwann-Schleiden-Forschungszentrum, Georg-August-Universität Göttingen

Dr. Susanne Hummel, Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Dr. Birgit Großkopf, Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie, Johann-Friedrich-Blumenbach-Institut für Zoologie und Anthropologie, Georg-August-Universität Göttingen

Tag der mündlichen Prüfung: 04.02.2022

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
1.1	Leben und Sterben in der Bronzezeit – Demographie, Sozialstrukturen und Bestattungssitten	1
1.2	Grundlagen und Entwicklung der ancientDNA-Analyse	6
1.3	Die Lichtensteinhöhle – archäologische Einordnung und menschliche Skelettfunde	13
1.4	Zielsetzung der Arbeit	19
2	Material	21
2.1	Datensätze aus vorherigen Bearbeitungen	21
2.1.1	Morphologische Befunde	21
2.1.2	Molekulargenetische Daten	21
2.1.3	Isotopenanalysen	22
2.2	Eigene Bearbeitung	22
2.2.1	Morphologische Nachuntersuchungen	22
2.2.2	Molekulargenetische Analysen	22
3	Methoden und Herangehensweise	24
3.1	Rückschlüsse auf die Art der Höhlennutzung	24
3.1.1	Primär- versus Sekundärbestattungsplatz	24
3.1.2	Belegungsmuster und Belegungsreihenfolge	25
3.2	Identifikation von Individuen	26
3.2.1	Genetische Typisierung	26
3.2.2	Morphologische Kriterien für die Zuordnung von Skelettelementen	27
3.2.3	Räumliche Verteilung der Skelettelemente in der Lichtensteinhöhle	28
3.2.4	Anthropologische Befundung und individuelle Charakterisierung	29
3.3	Beurteilung der demographischen Strukturen	29
3.4	Rekonstruktion der genealogischen Struktur	31
3.4.1	Identifikation von Familiengruppen	31
3.4.2	Rekonstruktion familiärer Strukturen	32
3.4.3	Berücksichtigung des Individualalters	33
3.4.4	Parsimonieprinzip	34
3.4.5	Zeitliche Einordnung der Familiengruppen	34
3.4.6	Genealogie versus Lebendbevölkerung	34
3.5	Ableitungen zu Heiratsmustern und Residenzverhalten	36
3.6	Populationsgenetische Einordnung	36
3.6.1	Mitochondriale Haplotypen	37
3.6.2	Y-chromosomale Haplotypen	37
4	Höhlennutzung	38
4.1	Mindestindividuenzahl	38
4.2	Art des Bestattungsplatzes	40
4.3	Belegungsmuster	43

5	Bestattete Individuen und deren Charakteristika	49
5.1	Typisierungen autosomaler STRs	49
5.2	Weitere genetisch determinierte charakterisierende Merkmale	51
5.3	Körperhöhe	61
5.4	Ausgewählte Pathologien	62
5.5	Individuelle Datenblätter	64
5.6	Repräsentanz und Zuordnung von Skelettelementen	122
6	Demographische Strukturen	125
6.1	Altersstruktur	125
6.1.1	Sterbealtersverteilung der erwachsenen Individuen	127
6.1.2	Sterblichkeit im Infans II und Juvenis	128
6.1.3	Kleinkinderdefizit	128
6.1.4	Sterbetafel	129
6.2	Geschlechtsdifferente Sterbeverteilung	131
7	Verwandtschafts- und Sozialstrukturen	134
7.1	Genealogische Struktur	134
7.1.1	Darstellung der Lebendbevölkerung	137
7.1.2	Familiengruppen innerhalb der Genealogie	139
7.1.3	Nicht in die Genealogie eingebundene Individuen	143
7.1.4	Fehlende Individuen	144
7.2	Familienstrukturen	146
7.3	Heiratsmuster und Residenzverhalten	150
8	Populationsgenetische Einordnung	156
8.1	Einordnung mitochondrialer Haplotypen	156
8.1.1	Mitochondriale Haplotypen in der Lichtensteinhöhle	156
8.1.2	Vergleich mit anderen Populationen	158
8.1.3	Genetische Distanzen innerhalb der Lichtensteinhöhle	162
8.2	Einordnung Y-chromosomaler Haplotypen	165
8.2.1	Y-chromosomale Haplotypen in der Lichtensteinhöhle	165
8.2.2	Vergleich mit anderen Populationen	166
8.2.3	Genetische Distanzen innerhalb der Lichtensteinhöhle	168
9	Zusammenfassung	171
	Literaturverzeichnis	174
	Internetquellen	187
	Online-Tools	187
	Tabellenverzeichnis	188
	Abbildungsverzeichnis	189

Anhang	191
A Liste vorheriger Arbeiten am Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle	191
B Abkürzungen und Einheiten	195
C Verwendete Chemikalien, Einwegmaterialien, Geräte und Software	197
C.1 Chemikalien	197
C.2 Einwegmaterialien	200
C.3 Geräte und Werkzeuge	200
C.4 Software	201
D Protokolle der genetischen Laboranalysen	202
E Einzelergebnisse der molekulargenetischen Analysen	206
F Morphologische Zuordnung zusammengehöriger, paariger Knochen	206
G Isotopensignaturen	210
H Danksagung	213
I Selbstständigkeitserklärung	214

1 Einleitung

Die Lichtensteinhöhle – ein außergewöhnlicher Bestattungsplatz, welcher zunächst zahlreiche Fragen aufwarf, ermöglicht bisher einzigartige Einblicke in genetische sowie soziale Strukturen einer spätbronzezeitlichen Bevölkerung Südniedersachsens.

Archäologische Funde bronzezeitlichen Skelettmaterials stellen in Mitteleuropa keine Seltenheit dar, jedoch handelt es sich hierbei zumeist um die Überreste von Brandbestattungen, welche während der späten Bronzezeit die übliche Bestattungsform darstellten. Zahlreiche Urnengräberfelder wurden anthropologisch untersucht, wobei aufgrund der Verbrennung der Knochen lediglich morphologische Analysen an dem zumeist stark fragmentierten Skelettmaterial durchgeführt werden konnten.

Die aus der Lichtensteinhöhle geborgenen unverbrannten Skelettelemente stellen somit einen außergewöhnlichen Fund dar und ermöglichen es, nicht nur morphologische Untersuchungen an intaktem Skelettmaterial durchzuführen, sondern zusätzlich molekulargenetische Analysen vorzunehmen. Die Lichtensteinhöhle bietet somit Einblicke in die genetischen Strukturen einer bronzezeitlichen Gruppe, wie sie bisher für Mitteleuropa kaum bekannt waren.

1.1 Leben und Sterben in der Bronzezeit – Demographie, Sozialstrukturen und Bestattungssitten

Die Bronzezeit datiert in Mitteleuropa etwa auf die Zeit zwischen 2300 und 800 v. Chr. und bildet zusammen mit der vorhergehenden Steinzeit sowie der nachfolgenden Eisenzeit die Urgeschichte oder Prähistorie. Ihren Namen verdankt die Epoche der Nutzung und Verarbeitung von Bronze zu Werkzeugen, Schmuck und Waffen sowie deren Nutzung als Zahlungs-, beziehungsweise Tauschmittel (z.B. Probst (1996), Kristiansen & Suchowska-Ducke (2015)). Da aus der Bronzezeit sowie den umgebenden Epochen keine schriftlichen Überlieferungen vorliegen, stellen die archäologische sowie die anthropologische Untersuchung prähistorischer Funde ein essentielles Instrument zur Rekonstruktion der damaligen Lebensumstände und Sozialstrukturen dar.

Demographie und Sozialstrukturen

Bronzezeitliches Untersuchungsmaterial umfasst zum einen Siedlungsbefunde, welche Aufschluss über die Lebensweise geben können, zum anderen Bestattungsplätze und, in Abhängigkeit der Erhaltungsbedingungen, die knöchernen Überreste der bestatteten Individuen. Letztere ermöglichen es der Anthropologie, unter anderem Rückschlüsse auf die demographischen Strukturen der Bevölkerung zu ziehen. In einigen Fällen können anhand der Art der Bestattung außerdem soziale Verbindungen zwischen den verstorbenen Individuen nachvollzogen werden.

Die biologischen Basisdaten bronzezeitlicher Individuen können durch deren anthropologische Befundung ermittelt werden. Die Bestimmung des Sterbealters sowie des biologischen Geschlechts eines Individuums erfolgt hierbei anhand der Beurteilung altersvariabler Veränderungen, beziehungsweise geschlechtsspezifischer Merkmale am Skelett (z.B.

Herrmann et al. (1990), Grupe et al. (2015)). Untersuchungen bronzezeitlicher Bestattungsplätze Mitteleuropas zeigen, dass es sich etwa bei der Hälfte der Bestattungen um subadulte Individuen handelte (z.B. Schutkowski & Hummel (1991), Rebay-Salisbury et al. (2018)). Eine geringere Kindersterblichkeit lässt sich erst im Verlauf der Eisenzeit verzeichnen (Schutkowski & Hummel 1991). Einen verschwindend geringen Anteil bronzezeitlicher Bestattungen machten Individuen aus, welche älter als 60 Jahre geworden sind (Schutkowski & Hummel 1991, Rebay-Salisbury et al. 2018). Die Lebensumstände in der Bronzezeit ermöglichten es demnach zwar, ein verhältnismäßig hohes Alter zu erreichen, die überwiegende Mehrheit der Individuen verstarb jedoch im Kindes- oder jüngeren Erwachsenenalter. Dies spiegelt sich auch in der mittleren Lebenserwartung in den subadulten Altersklassen wieder, welche in der Bronzezeit bei unter 25 Jahren lag (Schutkowski & Hummel 1991).

Hinsichtlich des Geschlechterverhältnisses in prähistorischen Bevölkerungen ist zu beachten, dass eine sichere Geschlechtsbestimmung von Kindern lediglich durch molekular-genetische Analysen des Skelettmaterials möglich ist. Zwar liegen Diskriminanzfunktionen zur Ermittlung des biologischen Geschlechts an den Zähnen, den Ossa ilia sowie den Femora von Subadulten vor (Black 1978, Schutkowski 1987), jedoch sind diese oftmals lediglich für einzelne Populationen zuverlässig anwendbar. Die Angabe des Geschlechterverhältnisses für ein untersuchtes Skelettkollektiv kann daher regelhaft lediglich die erwachsenen Individuen umfassen. Wird für einen Bestattungsplatz eine Übersterblichkeit eines Geschlechts beobachtet, muss demnach geklärt werden, ob dem eine Übersterblichkeit des anderen Geschlechts im Kindesalter zugrunde liegen kann oder ob Individuen des unterrepräsentierten Geschlechts an einem anderen Ort bestattet wurden. Eine insgesamt ausgeglichene Verteilung der beiden Geschlechter konnten Schutkowski & Hummel (1991) für die von ihnen untersuchten Urnengräberfelder Norddeutschlands ermitteln, wobei einer der bronzezeitlichen Friedhöfe einen deutlichen Männerüberschuss aufwies. Ein Frauenüberschuss lag hingegen für einen Teil der untersuchten eisenzeitlichen Bestattungsplätze vor.

Die geschlechtsdifferente Sterblichkeit in den erwachsenen Altersklassen zeigt für viele Skelettkollektive ein vergleichbares Muster. So kann für weibliche Individuen oft ein, mit den Risiken von Schwangerschaft und Geburt assoziierter, Sterbegipfel im jungen Erwachsenenalter beobachtet werden, während die Mehrheit der männlichen Individuen eher im fortgeschrittenen Alter verstorben ist (z.B. Schutkowski & Hummel (1991), Rebay-Salisbury (2017a)).

Eine Einschätzung der Körperhöhe anhand des Skelettmaterials ist ebenfalls mit gewissen Ungenauigkeiten verbunden. Die Messung des Individuums *in situ* stellt hierbei die verlässlichste Methode dar, ihre Anwendbarkeit ist jedoch von der Art der Bestattung abhängig. So wird die Vermessung beispielsweise durch eine Hockerstellung erschwert, während sie für Leichenbrände nicht anwendbar ist. Um die Körperhöhe eines Individuums dennoch ermitteln zu können, liegen auf Regressionsanalysen basierende Formeln zur Ermittlung der Körperhöhe aus Langknochen oder deren Teilabschnitten vor (z.B. Pearson (1899)). Hierbei ist zu beachten, dass die Formeln anhand der Daten bestimmter Skelettkollektive ermittelt wurden und somit lediglich für diese zuverlässige Ergebnisse liefern. Zur Abschätzung der Körperhöhe einer anderen Population sollten somit Formeln verwendet werden, welche an einer Gruppe vergleichbarer Zeitstellung und geographischer Herkunft

ermittelt wurden. In jedem Fall ist zu beachten, dass eine auf diese Weise rekonstruierte Körperhöhe lediglich eine Annäherung an die tatsächliche Größe des Individuums darstellen kann (Herrmann et al. 1990). Untersuchungen zur Entwicklung der Körperhöhe in prähistorischen Epochen wurden zum Beispiel von Rosenstock et al. (2015) durchgeführt, welche eine Verringerung der Körperhöhe im Zusammenhang mit der Neolithisierung und einen erneuten Anstieg ab der Bronzezeit feststellten. Begründet wird diese Beobachtung von den Autoren durch den variierenden Anteil proteinhaltiger Lebensmittel im Ernährungsspektrum der verschiedenen Subsistenzformen. So wurde Fleisch in den Ackerbau betreibenden, sesshaften Populationen im Vergleich zu Jäger-Sammlergesellschaften seltener konsumiert, was zur Verringerung der Körperhöhe führte. Mit zunehmender Erweiterung der Subsistenzgrundlage in der späteren Vorgeschichte und hieraus resultierender vielfältigerer Ernährung stieg die mittlere Körperhöhe schließlich wieder an und erreichte in der späten Bronzezeit in Mitteleuropa einen Wert von 160 bis 163 cm für Frauen und 170 bis 173 cm für Männer (Rosenstock et al. 2015).

Rekonstruktionen verwandtschaftlicher Strukturen zwischen den Individuen prähistorischer Skelettkollektive liegen lediglich in wenigen Fällen, beziehungsweise nur für kleine Gruppen von Individuen vor. So wird häufig angenommen, dass gemeinsam bestattete Individuen miteinander verwandt sind, insbesondere wenn es sich um ein erwachsenes, weibliches Individuum und ein Kind handelt (z.B. Rebay-Salisbury (2018)). Zu beachten bleibt hierbei jedoch, dass eine Doppel- oder Mehrfachbestattung auch eine soziale Verbundenheit ausdrücken kann (Rebay-Salisbury 2018). Ein Skelettkollektiv, für welches beide Situationen gezeigt werden konnten, stellt eine neolithische Gruppe aus Eulau, Sachsen-Anhalt dar (Haak et al. 2008). An dem Skelettmaterial wurden neben archäologischen und morphologischen Untersuchungen auch molekulargenetische Analysen durchgeführt, welche zeigten, dass verwandte Individuen zusammen beigesetzt wurden, aber auch Individuen, für welche keine direkten Verwandtschaftsbeziehungen ermittelt werden konnten in der selben Grabgrube bestattet wurden. Liegen hingegen keine molekulargenetischen Untersuchungen vor, ist es kaum möglich, gesicherte Aussagen über die Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb eines Gräberfeldes zu treffen oder gar Genealogien zu erstellen. Zwar existieren Versuche derartiger Rekonstruktionen anhand anatomischer Varianten, da diese gelegentlich familiengehäuft auftreten, jedoch ist die Ausprägung dieser epigenetischen Merkmale zusätzlich durch andere Faktoren bedingt, was eine sichere Einschätzung nicht möglich macht (z.B. Alt & Vach (1991), Alt et al. (1995), Grupe et al. (2015)).

Aussagen bezüglich der Familiengröße, beziehungsweise der Anzahl der Kinder können somit für rein morphologisch bearbeitete Skelettserien kaum getroffen werden. Derartige Kennzahlen können daher lediglich durch Berechnungen oder Simulationen auf Basis der demographischen Daten eines Skelettkollektivs abgeschätzt werden, wie es am Beispiel eines frühbronzezeitlichen Gräberfeldes von Rebay-Salisbury et al. (2018) durchgeführt wurde.

Eine Beurteilung des Residenzverhaltens sowie der Heiratsmuster bronzezeitlicher Populationen lässt sich ebenfalls anhand genetischer Analysen durchführen, jedoch können hierfür auch morphologische Untersuchungen des Skelettmaterials zielführend sein. So deuten die von Pellegrini et al. (2011) anhand craniometrischer Verfahren ermittelten Daten

auf ein patrilokales Residenzverhalten in der Bronzezeit hin, was sich mit den Erkenntnissen verschiedener Studien prähistorischer Bevölkerungsgruppen deckt (z. B. Knipper et al. (2017), Mittnik et al. (2019), Sjögren et al. (2020)). Die Herkunft der Frauen konnten hierbei nah gelegene Siedlungen sein, aber auch länderübergreifende Distanzen wurden zurückgelegt (z.B. Frei et al. (2015), Mittnik et al. (2019)).

Die soziale Stratifizierung der Bevölkerung nahm in der Bronzezeit zu und ergab sich vor allem aus dem Besitz, beziehungsweise dem Zugang zu wertvollen Gütern (z.B. Gilman (1981), Rebay-Salisbury (2017a)). Für viele Kulturen sind Grabbeigaben unterschiedlichsten Umfangs bekannt, anhand derer die soziale Stellung der Bestatteten eingeschätzt werden kann. Die mitunter üppigen Grabbeigaben führten jedoch auch zu vermehrtem Grabraub (z.B. Rebay-Salisbury (2017a), Rebay-Salisbury et al. (2018), Sjögren et al. (2020)), wodurch die Beurteilung der Stratifizierung wiederum erschwert wird.

Mit der Etablierung sozialer Schichten am Ende des Neolithikums, beziehungsweise dem Beginn der Bronzezeit ging außerdem die Ausbildung verschiedener Berufsgruppen einher. So wurden unter anderem Handwerker, Diplomaten und Krieger, beziehungsweise Söldner beschrieben, welchen verschiedene Aufgaben zugeteilt waren (Kristiansen & Suchowska-Ducke 2015). Mittnik et al. (2019) gaben darüber hinaus an, dass nicht-verwandte Individuen niedrigeren Status zusammen mit Familien bestattet wurden, was auf das Vorhandensein von Arbeitskräften hindeuten kann.

Auch Handelsbeziehungen entwickelten sich zunehmend, wobei sich die Verbindungen über Mitteleuropa erstreckten und vielfach Flüsse als Transportwege genutzt wurden (Effenberger 2018, Ling et al. 2019). Gehandelt wurden in erster Linie verschiedene Rohstoffe, durch die diversen Beziehungen erfolgte jedoch auch der Transfer von Wissen und Fähigkeiten zur Verarbeitung der Materialien (Kristiansen & Suchowska-Ducke 2015, Ling et al. 2019)

Die Subsistenzgrundlage in der Bronzezeit war in erster Linie der Ackerbau, welcher sich im Zuge der Neolithisierung vom Nahen Osten ausgehend über Mitteleuropa ausgebreitet hatte (z.B. Haak et al. (2010), Haak et al. (2015)). So wurde die Bevölkerung zunehmend sesshaft und bereits im Neolithikum wurden Höfe errichtet, in denen einzelne Familien lebten (Heyd 2007), welche Subsistenzwirtschaft und die Haltung von Nutztieren betrieben (Rebay-Salisbury 2017a). Untersuchungen zur Diversität von Getreidepflanzen deuten außerdem darauf hin, dass der Handel in der Bronzezeit nicht nur auf Metalle beschränkt war, sondern auch Getreide über weitere Strecken transportiert wurde (Effenberger 2018).

Bestattungssitte

Die Bestattungspraktiken in Mitteleuropa unterlagen im Verlauf der Bronzezeit einem Wandel von Körperbestattungen in Flachgräbern (frühe Bronzezeit) oder Erdhügelgräbern (mittlere Bronzezeit) zur Verbrennung der Verstorbenen (späte Bronzezeit) (z.B. Probst (1996), Schmid (2020)). Viele Bevölkerungsgruppen positionierten die Verstorbenen auf spezielle Art oder bestatteten sie mit verschiedensten Grabbeigaben, sodass diese Befunde weitere Rückschlüsse auf die Kultur der bronzezeitlichen Gruppen ermöglichen.

Der Wandel der Bestattungsform in der Bronzezeit hat einen direkten Einfluss auf die Bearbeitung und Interpretation prähistorischer Funde. So folgten zahlreiche Körperbestattungen einem Muster, welches in Abhängigkeit des Geschlechts und/oder des Individualalters eine bestimmte Positionierung der Verstorbenen vorsah (z.B. Furholt (2019)), aus welcher bereits erste Ableitungen erfolgen konnten. Ebenfalls häufig vertreten waren geschlechtsspezifische Grabbeigaben (z.B. Heyd (2007), Furholt (2019)) oder Funde, welche Hinweise auf den sozialen Status der Individuen gaben (z.B. Rebay-Salisbury (2017a), Mittnik et al. (2019)). Mit dem Aufkommen der Brandbestattung nahm jedoch die Menge der Grabbeigaben ab (Rebay-Salisbury 2012, Glaw 2020), wodurch die Möglichkeit, Rückschlüsse anhand der Fundsituation ziehen zu können entfällt und die anthropologische Untersuchung der Leichenbrände die einzige Möglichkeit darstellt, derartige Funde zu analysieren. Die Bearbeitungsmöglichkeiten spätbronzezeitlicher Fundkomplexe sind daher mitunter eingeschränkt, die anthropologische Befundung von Leichenbränden lässt in Abhängigkeit des Materials aber dennoch zahlreiche Rückschlüsse auf das Leben der Verstorbenen zu (z.B. Schutkowski & Hummel (1991), Grosskopf (2004)).

Eine weitere Art der Bestattung, welche von verschiedenen prähistorischen Fundkomplexen bekannt ist, waren Sekundärbestattungen (z.B. Nagar & Eshed (2001), Pankowská (2018)). Kuijt (1996) beschrieb die Exhumierung und Wiederbestattung der Verstorbenen, welche mitunter ein kollektives Ereignis darstellte, als eine Form der Verehrung und des Gedenkens der Ahnen. Larsson (2003) gab an, dass das Begräbnisritual in einigen Kulturen erst abgeschlossen war, nachdem eine zweite Zeremonie abgehalten wurde, welche zum Beispiel die Wiederbestattung der Knochen der Verstorbenen beinhaltete. Eine diachrone Veränderung im Zusammenhang mit Sekundärbestattungen stellte Pankowská (2018) fest. Ihre Untersuchungen zeigten, dass die der Sekundärbestattung vorgeschaltete Dekarnation zu Beginn der Bronzezeit in erster Linie passiv, durch natürliche Dekompositionsvorgänge in Erdgräbern erfolgte, während im Übergang zur Eisenzeit Werkzeuge verwendet wurden, um Weichgewebe von den Knochen zu entfernen. In diesem Zusammenhang wurde hier eine Verbindung zu der in der späten Bronzezeit durchgeführten Verbrennung der Verstorbenen hergestellt, indem in beiden Fällen eine beschleunigte Dekarnation erfolgte (Pankowská 2018). Diese ermöglichte wiederum einen schnelleren Übergang ins Totenreich, wodurch für die Gruppe ein früherer Abschluss mit dem Tod des Individuums und der damit einhergehenden Trauerphase möglich war (Robb et al. 2015).

Die Jenseitsvorstellungen und der Umgang mit dem Tod waren demnach unter den verschiedenen prähistorischen Kulturen sehr divers. In jedem Fall ist jedoch davon auszugehen, dass die Hinterbliebenen die verstorbenen Gruppenmitglieder in Ehren gehalten haben und die Bestattung ein besonderes Ereignis darstellte. Auch die Grabbeigaben, welche in zahlreichen Kulturen in unterschiedlichem Umfang zu finden waren, zeigen mitunter die Bemühungen der Hinterbliebenen dafür, dass es den Verstorbenen auch nach deren Tod an nichts mangeln sollte. So gibt es Hinweise darauf, dass die Verstorbenen auch im Jenseits mit Nahrung versorgt sein sollten (z.B. Rebay-Salisbury (2016), Sjögren et al. (2020)) und Bestattungen, welche Mütter mit ihren ungeborenen Kindern umfassten, enthielten zum Teil Werkzeuge, welche der Mutter das Durchtrennen der Nabelschnur im Jenseits

ermöglichen sollten (Rebay-Salisbury 2017a).

Hinsichtlich der Grabbeigaben in den Bestattungen subadulter Individuen zeigen sich verschiedene Muster. Für eine frühbronzezeitliche Fundstelle gaben Rebay-Salisbury et al. (2018) an, dass Kinder in der Regel weniger Grabbeigaben erhielten, während andere Funde (z.B. Mittnik et al. (2019)) auch in den Gräbern subadulter Individuen wertvolle Beigaben aufwiesen.

1.2 Grundlagen und Entwicklung der ancientDNA-Analyse

Gegenstand der molekulargenetischen Analytik ist die Desoxyribonukleinsäure (DNA - engl. deoxyribonucleic acid). Bei der DNA handelt es sich um den Grundbauplan aller Lebewesen und sie enthält die von Generation zu Generation weitergegebenen Erbinformationen eines Individuums. Als ancientDNA (aDNA) wird in erster Linie DNA aus dem Gewebe verstorbener Organismen bezeichnet, jedoch kann der Begriff auch für extrakorporal vorgefundene DNA lebender Organismen verwendet werden (Herrmann & Hummel 1994).

Die Analyse sowohl rezenter als auch alter DNA ermöglicht die Beantwortung verschiedenster Fragestellungen, wie der Abstammung von Individuen oder ihrer charakterisierenden Merkmale. Auch populationsübergreifende Untersuchungen sind möglich, wobei die Art der Analyse abhängig von den betrachteten Markern sowie der konkreten Fragestellung ist.

Grundlagen der Genetik

DNA befindet sich in jeder Zelle eines Lebewesens, wobei bei Eukaryoten zwischen der nuklearen DNA des Zellkerns und der mitochondrialen DNA (bei Pflanzen außerdem DNA der Chloroplasten) unterschieden wird. Das mitochondriale Genom liegt hierbei in vielfach höherer Kopienzahl vor, als die nukleare DNA, da jede Zelle lediglich einen Zellkern, jedoch mehrere Hundert Mitochondrien beinhaltet. Sowohl die nukleare als auch die mitochondriale DNA besteht aus miteinander verbundenen Nukleotiden, welche sich durch ihre jeweilige Base (Adenin, Cytosin, Guanin, Thymin) unterscheiden. Hierbei ist die nukleare DNA in mehreren linearen Chromosomen (Autosomen und Gonosomen) organisiert, während Mitochondrien ein ringförmiges Genom aufweisen.

Der überwiegende Teil des Genoms von Vertretern der selben Art ist identisch. Unterschiede in der Basensequenz, sogenannte Polymorphismen, machen lediglich einen geringen Anteil aus, sind jedoch charakterisierend für das jeweilige Individuum. Die Art der Polymorphismen ist hierbei variabel. Unterscheiden sich einzelne Basen, handelt es sich um single nucleotide polymorphisms (SNPs), ist die Anzahl der Basen verändert, liegt hingegen ein Fragmentlängenpolymorphismus vor, welcher Deletionen, Duplikationen sowie Insertionen umfassen kann. Weitere Polymorphismen, welche mehr als eine Base betreffen, jedoch keine Auswirkung auf die Länge des Genoms haben, werden je nach Art als Inversion oder Translokation bezeichnet.

Polymorphismen in den codierenden Bereichen der DNA, welche als Bauplan für die Proteinbiosynthese dienen, können zu unterschiedlichen Genexpressionen und somit zu verschiedenen Phänotypen führen. Auch die nichtcodierenden Bereiche der DNA bestehen

aus charakteristischen Basensequenzen, welche Polymorphismen beinhalten können. Im Gegensatz zu den Genabschnitten codieren diese jedoch nicht für Proteine, sondern besitzen verschiedene andere Funktionen. So dienen nichtcodierende Sequenzen unter anderem als Matrizen für transferRNA und ribosomaleRNA, welche eine wichtige Rolle bei der Proteinbiosynthese spielen. Andere Bereiche der nichtcodierenden DNA wirken regulatorisch auf die Genexpression.

Ebenfalls zu den nichtcodierenden Abschnitten des Genoms gehören repetitive Sequenzen, deren Funktion für den Organismus bisher nicht vollends geklärt ist, wobei auch diesen Strukturen regulatorische Eigenschaften zugeschrieben werden (Gymrek 2017). Repetitive Sequenzen sind durch sich wiederholende Sequenzabfolgen charakterisiert, wobei zwischen short tandem repeats (STRs; zwei bis sechs Basen pro Wiederholungseinheit) und variable number tandem repeats (VNTRs; mehr als sechs Basen pro Einheit) unterschieden wird. Die Anzahl der Repeatenheiten gibt das jeweils für den betrachteten Locus vorhandene Allel an, welches zwischen den homologen Chromosomen eines Individuums sowie zwischen Individuen variieren kann. Der Genotyp eines jeden Systems setzt sich schließlich aus je einem von der Mutter und einem vom Vater vererbten Allel zusammen. Werden mehrere Repeatstrukturen eines Individuums betrachtet, kann ein für dieses Individuum einzigartiges Muster, der genetische Fingerabdruck, bestimmt werden. Für die Ermittlung des genetischen Fingerabdrucks wird somit eine Fragmentlängenanalyse mehrerer, auf verschiedenen Autosomen liegender STR-Systeme durchgeführt. Die Vererbung der Allele erfolgt nach den Mendelschen Regeln, wobei sich die Anzahl der Kombinationsmöglichkeiten durch die Betrachtung unabhängiger Marker mit jedem weiteren untersuchten System vervielfacht. Die Wahrscheinlichkeit, einen identischen genetischen Fingerabdruck bei zwei unverwandten Individuen zu finden, sinkt demnach mit zunehmender Anzahl analysierter Marker.

Gonosomale Merkmalsysteme unterscheiden sich insofern von autosomalen, da alle Y-chromosomalen Marker gekoppelt von dem Vater an alle männlichen Nachkommen weitergegeben werden. Unabhängig davon, ob STR-Systeme oder SNPs betrachtet werden, weisen somit alle in männlicher Linie verbundenen Individuen einen identischen Y-chromosomalen Haplotyp auf. Abweichungen hiervon können lediglich durch Spontanmutationen auftreten. Alle X-chromosomalen Merkmale eines Mannes werden vollständig an dessen Töchter weitergegeben, welche außerdem, wie auch alle Söhne, ein X-Chromosom mit Merkmalen der Mutter erhalten.

Anders als bei den nuklearen Markern verhält es sich bei der Vererbung der mitochondrialen DNA. Diese wird ausschließlich von der Mutter an all ihre Nachkommen vererbt, da nach der Befruchtung die Mitochondrien der Eizelle, nicht aber die des Spermiums in der Zygote vorliegen. Die Bestimmung des mitochondrialen Haplotyps erfolgt durch Sequenzanalyse des gesamten mitochondrialen Genoms oder der nichtcodierenden Hypervariablen Regionen (HVRs), zur Identifikation der für die verschiedenen Haplogruppen charakteristischen SNPs.

Charakteristika von aDNA

In den Zellen eines lebenden Organismus findet vor jeder Zellteilung eine Replikation der DNA statt, sodass das vollständige genetische Material zu jedem Zeitpunkt in jeder Körperzelle verfügbar ist. Außerdem finden regelmäßig Reparaturmechanismen statt, wodurch sichergestellt wird, dass Fehler bei der Replikation oder Mutationen, zum Beispiel durch UV-Strahlung, korrigiert werden und hieraus keine negativen Auswirkungen auf den Organismus resultieren.

In extrakorporalem Gewebe (z.B. abgestoßenen Hautschuppen) sowie nach dem Tod eines Lebewesens finden weder Replikation noch Reparatur der DNA statt und es kommt zur Degradierung der DNA. Hierbei wird das DNA-Molekül zersetzt, wobei die Stärke der Degradierung von verschiedenen Faktoren, wie der Temperatur, dem pH-Wert und der Umgebungsfeuchte abhängt (z.B. Herrmann & Newesely (1982), Lindahl (1993), Höss et al. (1996), Burger et al. (1999)). Neben derartigen extrinsischen Faktoren ist auch die Struktur des DNA-Moleküls ausschlaggebend dafür, an welchen Stellen es zu Strangbrüchen kommt. So stellen etwa 200 Basenpaare aufgrund des Aufbaus der DNA eine vergleichsweise stabile Einheit dar (Hummel 2003), weshalb die Länge von aDNA-Fragmenten oft in dieser Größenordnung liegt. In Abhängigkeit der Umgebungsbedingungen kann der Grad der DNA-Degradierung jedoch mitunter stark schwanken, weshalb die Erhaltung der DNA im jeweiligen Einzelfall beurteilt werden muss.

Obgleich das Vorgehen bei der Analyse von aDNA dem der Untersuchung rezenter DNA entspricht, müssen aufgrund ihrer meist fortgeschrittenen Degradierung einige Faktoren beachtet werden, um zuverlässige Ergebnisse zu erhalten. So ist es essentiell, Kontaminationen durch rezente DNA zu vermeiden, da diese die Signale der aDNA überlagern können oder es zu nicht auswertbaren Mischspuren kommen kann. Um Kontaminationen der aDNA erkennen und identifizieren zu können, sollten zum einen immer mehrere unabhängige Analysen des Probenmaterials erfolgen, zum anderen sollten die genetischen Muster der bearbeitenden Personen bekannt sein.

Entwicklung der DNA-Analyse

Die molekulargenetische Analyse ermöglicht es, den Genotyp eines Individuums zu bestimmen und daraus Informationen zu dessen Identität, Phänotyp oder die Ausprägung sonstiger genetisch bedingter Merkmale abzuleiten. Hierbei ist die Art der Analyse in erster Linie davon abhängig, ob es sich bei den zu untersuchenden Markern um einzelne SNPs oder um längere Sequenzabschnitte handelt. Die Analysetechniken sind vielfältig und wurden seit der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts stetig weiterentwickelt. Heute stellt die molekulargenetische Analyse ein unverzichtbares Mittel in verschiedensten medizinischen und forensischen aber auch biologischen sowie archäologischen Kontexten dar. Die Forensik umfasst hierbei das größte Spektrum an Probenmaterial, da sowohl rezente als auch degradierte DNA verschiedenster Ursprünge untersucht wird. Medizinische sowie ein Großteil der biologischen Untersuchungen werden in aller Regel an rezentem Material durchgeführt, während archäologische sowie evolutionsbiologische Fragestellungen meist ausschließlich mittels aDNA-Analytik bearbeitet werden können.

Die Anfänge der aDNA-Analytik liegen in China, wo Wissenschaftler im Jahr 1980 DNA in mumifiziertem Gewebe nachweisen konnten (Hunan Medical College (1980) nach Hummel (2003)). Mitte der 1980er Jahre extrahierten Higuchi et al. (1984), Pääbo (1984) (nach Hummel (2003)), Johnson et al. (1985) und Rogers & Bendich (1985) erfolgreich aDNA aus verschiedenen Geweben. Parallel hierzu wurde die Polymerasekettenreaktion (PCR - engl. polymerase chain reaction) entwickelt (Saiki et al. 1985, Mullis & Faloona 1987), bis 1988 erste multiplex PCRs durchgeführt wurden (Chamberlain et al. 1988), welche aufgrund ihrer simultanen Amplifikation mehrerer Loci ein gutes Mittel zur Validierung und Authentifizierung der PCR-Ergebnisse darstellen. Die PCR-Technik stellte somit einen wichtigen Schritt zur Analyse von aDNA dar, da hiermit die nur in vergleichsweise geringen Mengen vorhandene aDNA weiter untersucht werden konnte.

Ebenfalls in den 1980er Jahren konnten Anderson et al. (1981) ein vollständiges, rezentes mitochondriales Genom sequenzieren. Ein Jahr später beschrieben Hamada et al. (1982) die Mikrosatelliten (STRs), deren individualisierende Muster heute die Grundlage des genetischen Fingerprintings darstellen. Geprägt wurde der Begriff des genetischen Fingerprintings durch Jeffreys et al. (1985a), welche die ebenfalls individuellen Muster von Minisatelliten (VNTRs) untersuchten (Jeffreys et al. 1985b).

Eine Verknüpfung der in den 1980er Jahren entwickelten Amplifikationstechniken mit den Erkenntnissen über DNA-Muster erfolgte schließlich, als Boerwinkle et al. (1989) und Horn et al. (1989) PCR-basierte genetische Typisierungen durchführten. Hagelberg et al. (1989) (nach Hummel (2003)) gelang es außerdem, aDNA aus Knochen zu extrahieren und zu amplifizieren, was einen wissenschaftlichen Durchbruch für die aDNA-Analytik, beziehungsweise die Anthropologie darstellte (Hummel 2003).

In den darauffolgenden Jahren wurden die neu entwickelten Techniken für die Analyse von aDNA aus verschiedensten Geweben eingesetzt (z.B. Herrmann & Hummel (1994)) und die genetische Typisierung zur Beantwortung zahlreicher weiterführender Fragestellungen genutzt. Hierfür wurden die Verfahren zur Extraktion, Amplifikation und Analyse der DNA stetig weiterentwickelt, an neue Fragestellungen angepasst und optimiert.

Die Identifikation von Individuen sowie Verwandtschaftsrekonstruktionen stellen von den Anfängen der DNA-Analytik bis heute einen großen Anteil der molekulargenetischen Analysen alter und degradierter DNA dar. So finden sie zum Beispiel seit den 1990er Jahren in forensischen Fällen Anwendung (z.B. Hochmeister et al. (1995), Schneider & Neuhuber (1996), Förster & Eberspächer (1999), Lederer et al. (2001)). Überlegungen zur Evaluation und Validierung der Analysen wurden zum Beispiel von Kimpton et al. (1994) und Lygo et al. (1994) formuliert.

Ein weiteres großes Feld stellt die Identifikation von Opfern schwerer Massenerdbeben (z.B. Clayton et al. (1995), Goodwin et al. (1999)) oder die Untersuchung historischer Persönlichkeiten (z.B. Weichhold et al. (1998), Jehaes et al. (1998)) dar. Eines der ersten bekannten Beispiele für die erfolgreiche Identifikation historisch bedeutender Personen sowie die Rekonstruktion ihrer Genealogie ist die Familie Romanow, deren letztes Zarenpaar sowie drei ihrer Töchter durch die Analyse ihrer Knochen identifiziert wurden (Gill et al. 1994).

Weitere archäologische Funde wurden aufgrund spezieller Fragestellungen hinsichtlich des Geschlechts der bestatteten Individuen untersucht. Stone et al. (1996) demonstrierten, dass die Analyse von aDNA ein gutes Werkzeug zur Geschlechtsdiagnose darstellt und wiesen darauf hin, dass die Methode insbesondere bei subadulten Individuen erfolgversprechend sei, da deren Geschlecht mittels morphologischer Befundung in der Regel nicht sicher bestimmt werden kann. Anwendung fand die molekulargenetische Geschlechtsbestimmung zum Beispiel bei Faerman et al. (1997) sowie Lassen et al. (2000), welche das Geschlechterverhältnis von Infantizid-Opfern, beziehungsweise Traufkindern untersuchten.

Andere Skelettkollektive wurden auf verwandtschaftliche Beziehungen zwischen den Bestatteten hin überprüft. Gerstenberger et al. (1999) untersuchten die Verwandtschaftsbeziehungen der Grafen von Königsfeld mittels autosomaler und Y-chromosomaler STR-Typisierungen. Für eine merowingerzeitliche sowie eine frühmittelalterliche Skelettserie konnten Eltern-Kind- und Geschwister-Beziehungen festgestellt werden (Scholz et al. 2001, Mazanec im Druck, Mazanec et al. im Druck), während die Untersuchungen von Schultes (2000), Schilz (2006) und Seidenberg (2016) in der Rekonstruktion einer bronzezeitlichen Genealogie resultierten. Die mit 27 verwandten Individuen bisher umfangreichste Genealogie prähistorischer Individuen wurde jüngst von Fowler et al. (2021) vorgestellt. Zwei frühneuzeitliche Doppelbestattungen wurden von Frischalowski et al. (2015) mittels STR-Typisierung sowie der Bestimmung der mütterlichen Familienlinie analysiert. Für eine der beiden Doppelbestattungen stellte sich hierbei heraus, dass es sich bei den beiden Individuen um eine Mutter mit ihrem Neugeborenen handelte, während für die anderen gemeinsam bestatteten Individuen keine genetische Beziehung festgestellt werden konnte. Einen vergleichbaren Befund ergab die von Haak et al. (2008) durchgeführte Untersuchung neolithischer Mehrfachbestattungen, in welchen sowohl nah als auch nicht verwandte Individuen nachgewiesen werden konnten.

Die genetische Charakterisierung eines Individuums geht über dessen Identifikation hinaus und umfasst die Phänotypisierung sowie die Bestimmung sonstiger Merkmale, wie zum Beispiel die Analyse genetisch determinierter Erkrankungen aber auch im Gewebe eines Individuums nachweisbarer Pathogen-DNA. Im medizinischen Kontext wird die genetische Charakterisierung vielfach zur Identifikation von Erkrankungen, der Ermittlung von Unverträglichkeiten oder der Analyse immungenetischer Marker eingesetzt. In Deutschland macht sich die Forensik erst seit wenigen Jahren die Bestimmung phänotypischer Merkmale, wie der Haar- und Augenfarbe, zunutze (StPO §81e Absatz 2; Bundesgesetzblatt (2019)).

In der Paläoanthropologie ermöglicht die Untersuchung charakterisierender Merkmale eine präzisere Beschreibung der untersuchten Individuen, unter anderem durch die Analyse von Markern, welche für die Haut-, Haar- oder Augenfarbe entscheidend sind (z.B. Allentoft et al. (2015), Schmidt et al. (2020)), aber auch durch die Bestimmung der Blutgruppe (z.B. Hummel et al. (2002)). Untersuchungen der Laktosetoleranz (z.B. Burger et al. (2007), Allentoft et al. (2015)) können wiederum Hinweise auf die Subsistenz verschiedener Populationen und Epochen geben. Der Nachweis von Pathogen-DNA aus Skelettmaterial (z.B. Flux et al. (2017)) sowie die Analyse genetisch determinierter Erkrankungen, wie der Cystischen Fibrose (z.B. Bramanti et al. (2003)) kann Aufschluss über die Prävalenz von

Krankheiten geben und hiermit einhergehend dazu beitragen, evolutionsbiologische Fragen zur Entstehung und Entwicklung von Merkmalen zu beantworten (z.B. Bramanti et al. (2000), Hummel et al. (2005), Farrell et al. (2018)).

Evolutionsbiologische und populationsgenetische Analysen stellen in der aDNA-Forschung ebenfalls einen großen Anteil dar. Neben Untersuchungen zur Entwicklung einzelner genetischer Merkmale, spielt die Entwicklung des Menschen sowie die Rekonstruktion vergangener Migrationsereignisse eine wichtige Rolle. Studien hierzu erfolgten durch Überlegungen, welche zunächst theoretisch, beziehungsweise rechnerisch Rückschlüsse von rezenten Daten auf prähistorische Ereignisse zogen. Mit zunehmenden Möglichkeiten in der aDNA-Analytik konnten jedoch die ermittelten Daten durch die Analyse prähistorischer Funde präzisiert werden. Verwendung findet hier in erster Linie die Untersuchung mitochondrialer DNA, welche aufgrund ihrer höheren Kopienzahl oftmals eine bessere Erhaltung aufweist. Durch umfangreiche Vergleiche verschiedener Populationen konnten schließlich Entwicklungen und Migrationsereignisse nachvollzogen werden. Hierbei gilt jedoch zu beachten, dass diachrone Veränderungen nur dann korrekt beurteilt werden können, wenn Referenzdaten für alle betrachteten Epochen vorliegen. Ist dies nicht der Fall, können lediglich begründete Vermutungen anhand der Daten umgebender Zeitstellungen formuliert werden.

Als den Ursprung aller mitochondrialer Haplotypen gaben Cann et al. (1987), basierend auf ihrer Analyse etwa 150 rezenter mitochondrialer Genome sowie deren Diversität bereits früh den afrikanischen Kontinent an. Untersuchungen zur Besiedlungsgeschichte der verschiedenen Kontinente folgten (z.B. Fehren-Schmitz (2008), Llamas et al. (2017)). Bezüglich des europäischen Kontinents konnte gezeigt werden, dass sich die mitochondrialen Haplotypen in Jäger-Sammlergesellschaften von denen der ersten Ackerbauern unterschieden (z.B. Bramanti et al. (2009)). Eine Erklärung hierfür lieferten unter anderem die Analysen von Haak et al. (2010) und Haak et al. (2015), welche darauf hindeuten, dass im prähistorischen Europa zwei größere Migrationsereignisse erfolgten. So fand im frühen Neolithikum ein erster Eintrag genetischen Materials durch Ackerbauern aus dem Nahen Osten statt. Eine zweite Migrationswelle ereignete sich im späten Neolithikum durch Viehhirten der Jamnaja-Kultur aus der pontischen Steppe. Beide Ereignisse führten zunächst zu einer Verringerung der jeweils zuvor zu beobachtenden mitochondrialen Haplotypen, jedoch stieg deren Anteil anschließend wieder in gewissem Umfang (Haak et al. 2015). Ergänzend hierzu benannten Brandt et al. (2013) vier aufeinander folgende, insbesondere für die Entwicklung der genetischen Diversität Mitteleuropas relevante Ereignisse, welche vom frühen Neolithikum bis zur frühen Bronzezeit stattfanden. Darüber hinaus wurde von Brandt et al. (2013) sowie Brotherton et al. (2013) der Einfluss südwesteuropäischer Populationen auf die heutige mitochondriale Diversität beschrieben.

Das Resultat der verschiedenen prähistorischen und historischen Ereignisse ist die heutige genetische Struktur, welche sich auf allen Kontinenten zum Teil deutlich unterscheidet. Dies bietet wiederum die Möglichkeit, geographische Herkunftsanalysen durchzuführen (z.B. von Grumbkow (2013)), wobei die zunehmende Globalisierung dazu führt, dass auch weiterhin eine Veränderung der Allel- und Haplotypfrequenzen erfolgen wird.

Analyseverfahren und Einschränkungen

Essentiell für die erfolgreichen molekulargenetischen Analysen war und ist die stetige Entwicklung und Optimierung der verwendeten Methoden, insbesondere für degradierte DNA. Hierbei standen in erster Linie deren oft geringe Menge sowie ihre meist starke Fragmentierung im Fokus, was zur Entwicklung von multiplex-PCRs mit möglichst kurzen Amplifikationsprodukten führte (z.B. Seidenberg et al. (2012)).

Eine vergleichsweise junge Methode der DNA-Analyse stellt das seit 2005 beschriebene Next Generation Sequencing (NGS) dar (Nature Methods 2008), welches wiederum zahlreiche verschiedene Verfahren umfasst (z.B. Behjati & Tarpey (2013)). Eine Variante des NGS ist die shotgun-Sequenzierung, bei welcher die DNA-Probe zunächst in wenige Hundert bis 2000 Basenpaar lange Abschnitte fragmentiert wird, welche anschließend sequenziert und computergestützt mittels überlappender Bereiche wieder zu größeren Abschnitten bis hin zu vollständigen Genomen (whole genome sequencing) zusammengesetzt werden. Die Grundlage dieser Methode beschrieb bereits Staden (1979), jedoch wurde das Verfahren erst seit dessen Optimierung hinsichtlich der zeitlichen und finanziellen Kosten durch Margulies et al. (2005) regelhaft angewendet und stetig weiterentwickelt.

Derartige NGS-Methoden eignen sich insbesondere für die simultane Untersuchung zahlreicher, im gesamten Genom verteilter SNPs, da hierfür lediglich wenige, den jeweiligen SNP umgebende Basen vorhanden sein müssen. Darüber hinaus wird durch die parallele Analyse verschiedener Marker vergleichsweise wenig Proben-Material benötigt. Im Gegensatz hierzu ist die Anzahl der mittels PCR parallel analysierbaren Marker begrenzt.

Dennoch stellt die PCR für die Ermittlung des genetischen Fingerabdrucks nach wie vor das Mittel der Wahl dar. Grund hierfür ist, dass die für das NGS notwendige Fragmentierung der DNA-Stränge innerhalb der mitunter mehrere Hundert Basenpaar langen Repeatstrukturen stattfinden kann, was bei den späteren Überlappungen der Repeat-Einheiten zu Problemen oder Fehlern führen kann. Bei einer geringen Anzahl in die Reaktion eingesetzter Zielsequenzen kann es somit zu fehlerhaften Angaben der Fragmentlänge kommen. Im Gegensatz hierzu werden bei der PCR die untersuchten STR-Systeme als Einheit amplifiziert, sodass derartige Fehler nicht auftreten können.

Nichtsdestotrotz kann es bei der PCR-gestützten DNA-Analyse, insbesondere stark degradiertes DNA, zur Entstehung von Artefakten kommen. Hierzu zählen Drop-In sowie Drop-Out Events, welche bei geringer Target-Zahl in der PCR-Reaktion auftreten (Hummel 2003) und zu einem verfälschten, beziehungsweise unvollständigen genetischen Fingerabdruck führen können. Ein weiteres, häufig zu beobachtendes Artefakt, welches bei der Analyse degradiertes DNA regelhaft auftritt, sind Stotterbanden, welche in erster Linie bei einer niedrigen Anzahl von Zielsequenzen zu Fehlbestimmungen führen können (Hummel 2003). Grundsätzlich können PCR-Artefakte jedoch von geübten Bearbeitern erkannt und entsprechend eingeschätzt werden, sodass deren Einfluss auf die Analyseergebnisse reduziert wird.

1.3 Die Lichtensteinhöhle – archäologische Einordnung und menschliche Skelettfunde

Bei der Lichtensteinhöhle handelt es sich um eine Gipskarsthöhle, welche sich in dem Berg Lichtenstein (Abb. 1.1) zwischen den Ortschaften Förste und Dorste (Stadt Osterode am Harz, Niedersachsen), am südwestlichen Rand des Harzes befindet. Im Inneren der Höhle entdeckten Forscher im Jahr 1980 erstmals menschliche Knochen sowie Bronzefunde. Die im Verlauf der Ausgrabungen geborgenen archäologischen Funde datierten die Nutzungsphase der Höhle in die zweite Hälfte der Urnenfelder-Bronzezeit. Die Lichtensteinhöhle stellt somit einen außerordentlichen Fund dar, da in dieser Epoche vornehmlich Brandbestattungen durchgeführt wurden, in der Höhle jedoch unverbranntes Skelettmaterial mehrerer Individuen abgelegt worden war. Der Fundkomplex bietet demnach eine einzigartige Gelegenheit, Rückschlüsse auf das Leben und die Kultur der bronzezeitlichen Bevölkerung Südniedersachsens zu ziehen.

Genauere Informationen über die Lichtensteinhöhle sind den folgenden Abschnitten zu entnehmen, wobei die angegebenen Daten den Arbeiten von Flindt & Hummel (2014), Flindt & Hummel (2021) sowie Flindt (im Druck), beziehungsweise der persönlichen Kommunikation mit dem leitenden Archäologen Dr. Stefan Flindt entstammen.



Abbildung 1.1: Blick auf den Lichtenstein

Foto: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)

Entdeckung der Höhle und sukzessive Grabungen

Die Entdeckung des geologischen Teils der Lichtensteinhöhle (Abb. 1.2) erfolgte bereits im Jahr 1972, im Zuge der Suche nach dem ehemaligen Fluchttunnel der Burg Lichtenstein. 1980 fanden weitere Erforschungen der Höhle statt, welche zur Entdeckung des archäo-

logischen Teils (Abb. 1.2) führten. In diesem Abschnitt fanden die Forscher zahlreiche menschliche Knochen sowie Bronzefunde, welche zwar dokumentiert, zunächst jedoch in der Höhle belassen wurden. Ein Einbruch von Raubgräbern im Jahr 1992 zwang die Wissenschaftler jedoch zur Handlung, weshalb im darauffolgenden Jahr eine erste Probegrabung stattfand. Es folgten mehrere Grabungskampagnen, welche bis zum Abschluss der Bergung aller in der Lichtensteinhöhle vorhandenen Funde im Jahr 2016 durchgeführt wurden. Der bronzezeitliche Eingang der Höhle über den als Jenschluf benannten Zugangsschacht wurde hierbei erst in den Jahren 2008 bis 2013 entdeckt und freigelegt. Die übrigen Höhlenabschnitte waren bereits früher bekannt und wurden, ebenso wie der Jenschluf, nach den an der Erforschung beteiligten Wissenschaftlern benannt (vgl. Abb. 1.2).

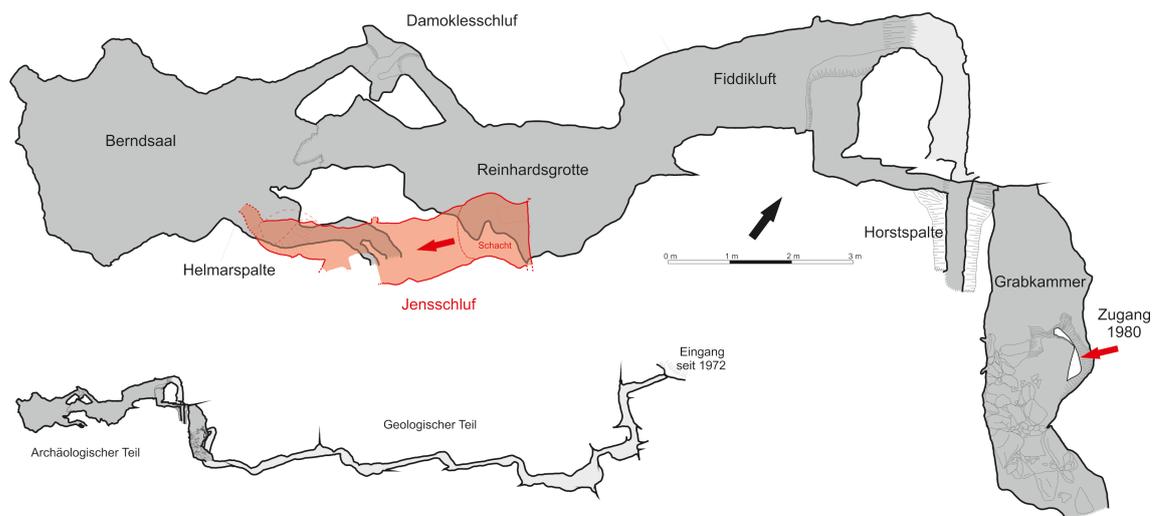


Abbildung 1.2: Grundriss der Lichtensteinhöhle

Abbildung: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)

Geologische und archäologische Einordnung

Der Lichtenstein ist Teil der Karstlandschaft im Südharz. Aufgrund der hohen Wasserlöslichkeit des Gipsgesteins sowie eines einst vorhandenen unterirdischen Bachs, kam es innerhalb weniger Jahrhunderte zur Ausbildung der Höhle mit ihren charakteristischen kluftartigen Räumen.

Die Topographie der Lichtensteinhöhle, welche durch mehrere kleine Höhlenabschnitte charakterisiert ist (Abb. 1.2), ergab sich demnach aus einer stetigen, natürlichen Abtragung des Gipsgesteins. Auch nach der Entstehung, beziehungsweise Nutzung der Höhle fand dieser Prozess weiter statt, sodass es in einigen Bereichen zu der Bildung einer teils mehrere Zentimeter dicken Gipsinterschicht auf den Funden kam. Diese erschwerte zwar in einigen Fällen die Untersuchung, sie stellte jedoch auch eine schützende Schicht dar. Weiterhin trugen die Umgebungsbedingungen in der Höhle zur Erhaltung des Fundkomplexes bei, da äußere Einflüsse, wie saisonale Temperaturschwankungen, kaum Auswirkungen auf das Innere der Höhle hatten. So herrschten in der Lichtensteinhöhle weitgehend konstante Temperaturen von etwa 8°C und das umgebende Milieu lag im basischen Bereich.

Die Fundsituation stellte bei der Entdeckung der Höhle 1980 einen seit ihrer Nutzung unveränderten Zustand dar. Die archäologischen Funde ließen bereits früh eine Datierung

in die Bronzezeit zu, welche später dahingehend präzisiert werden konnte, dass die Nutzung der Lichtensteinhöhle in den Stufen Hallstatt B₁ und Hallstatt B_{2/3} (ca. 1050 – 800 v. Chr.) der späten Bronzezeit stattfand. Die Einordnung erfolgte anhand einiger Keramik- und Bronzefunde sowie unterschiedlicher Schmuckgegenstände, welche an verschiedenen Positionen in der Höhle vorgefunden wurden und somit stratigraphisch ausgewertet werden konnten. Des Weiteren gaben die Funde Hinweise darauf, dass Verbindungen zwischen der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Gruppe sowie südlich, beziehungsweise südöstlich gelegenen Kulturen bestanden. Andere Funde deuteten darüber hinaus auf Verbindungen zu nördlichen, beziehungsweise nordwestlichen Gruppen hin.

Weniger eindeutig gestaltete sich die Beurteilung der Art der Höhlennutzung. Anhand der Fundumstände konnte früh ausgeschlossen werden, dass die menschlichen Knochen von verunglückten Individuen stammten, welche zum Beispiel bei einem Einsturz der Höhle ums Leben kamen. So wäre zu erwarten gewesen, dass die Skelettelemente der Verstorbenen im anatomischen Verbund vorliegen, was jedoch nicht der Fall war. Stattdessen erschien die Verteilung der Knochen scheinbar wahllos, wie die Abbildungen 1.3 und 1.4 verdeutlichen.



Abbildung 1.3: Ungeordnete Knochenlage im Berndsaal

Foto: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)



Abbildung 1.4: Knochenfunde zwischen Berndsaal und Reinhardsgrotte
Foto: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)

Die Interpretationsmöglichkeiten dieser Fundumstände erstreckten sich von einer gestörten Primärbestattung über einen Sekundärbestattungsplatz bis hin zu einer Opferhöhle, wie sie aus dem benachbarten Gebiet des Kyffhäuser bekannt waren (Orschiedt 2012, Flindt & Hummel 2021). Eine Nutzung als Opferstätte ließ sich bereits zu Beginn der Untersuchungen ausschließen, da die menschlichen Knochen keinerlei Schnitt- oder sonstige Bearbeitungsspuren aufwiesen, wie sie für eine Opfergabe zu erwarten gewesen wären. Die Frage, ob es sich um einen Primär- oder einen Sekundärbestattungsplatz handelte, blieb hingegen lange Zeit unbeantwortet.

Spuren von Feuerstellen sowie tierische Knochen, zum Teil mit Schnittspuren, deuteten darauf hin, dass im Berndsaal zu Beginn der Höhlennutzung zeremonielle Handlungen oder Festivitäten abgehalten wurden. Darüber hinaus ist davon auszugehen, dass auch außerhalb der Höhle derartige Handlungen stattgefunden haben, sodass mehrere Mitglieder der Gruppe daran teilhaben konnten. Es ist somit anzunehmen, dass die Bestattung der Verstorbenen in der Lichtensteinhöhle von einer größeren Gruppe von Menschen zelebriert wurde.

Menschliche Skelettfunde

Der Fundkomplex der Lichtensteinhöhle umfasste neben zahlreichen archäologischen Artefakten sowie verschiedenen Tierknochen 3810 menschliche Knochen¹ und 379 isolierte menschliche Zähne. Bis auf wenige Ausnahmen war kein anatomischer Verbund der Ske-

¹Aufgrund des versetzten Redaktionsschlusses sind geringfügige Abweichungen zu den von Flindt (im Druck) angegebenen Zahlen möglich.

lettelemente erkennbar und die Ablage der Knochen erschien weitgehend willkürlich (Abb. 1.3 und 1.4). Die Erhaltung des Skelettmaterials war größtenteils als sehr gut zu beurteilen, was auch auf die vergleichsweise niedrige Umgebungstemperatur sowie den basischen pH-Wert des umgebenden Gesteins zurückzuführen ist. Lediglich wenige Knochen waren stärker erodiert, beziehungsweise dekomponiert oder wiesen postmortale Fragmentierungen auf.

Die Bergung des Skelettmaterials erfolgte in verschiedenen Grabungskampagnen ab der Mitte der 1990er Jahre, wobei die Lage jedes Skelettelements in der Höhle dokumentiert wurde und jeder Fund eine Fundnummer erhielt. Wurden während der Grabung mehrere im selben Bereich abgelegte Skelettelemente unter einer Fundnummer zusammengefasst, erfolgte im Nachhinein eine Aufteilung dieser Funde sowie eine Erweiterung der Fundnummern (X.01; X.02; etc./X,01; X,02; etc.), sodass eine eindeutige Identifikation jedes einzelnen Skelettelements möglich war. Das Skelettmaterial wurde zur weiteren Analyse an die Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie der Georg-August-Universität Göttingen übergeben, wo es bei -20°C gelagert wird, um eine bestmögliche Erhaltung der Knochen sowie der darin enthaltenen DNA sicherzustellen.

Die anthropologische Bearbeitung des Skelettkollektivs umfasste morphologische sowie genetische Untersuchungen und wurde parallel zur sukzessiven Bergung der Skelettelemente im Rahmen verschiedener Projekte und Forschungsarbeiten durchgeführt. Insbesondere zu Beginn der Analysen lagen somit noch nicht alle Funde vor, was in einzelnen Fällen die Beurteilung des Skelettmaterials beeinflusste und zu späteren Überarbeitungen führte. Ein Teil der genetischen Analysen erfolgte außerdem bereits zu einem frühen Zeitpunkt und daher nur an den bis dahin bekannten Individuen, weshalb einzelne genetische Marker nicht für das gesamte Skelettkollektiv vorliegen. Nichtsdestotrotz ließen die molekulargenetischen Analyseergebnisse erkennen, dass die DNA-Erhaltung in dem aus der Höhle geborgenen Skelettmaterial außerordentlich gut war. Der Fundkomplex der Lichtensteinhöhle eröffnete somit eine für bronzezeitliches Skelettmaterial bisher nicht vorhandene Analysemöglichkeit. Darüber hinaus konnten an den intakten Skelettelementen umfangreichere morphologische Untersuchungen durchgeführt werden, als es bisher an Leichenbrandfunden der Fall war. Stellvertretend für die zahlreichen am Skelettkollektiv durchgeführten Arbeiten seien hier die Dissertationen von Schultes (2000), Schilz (2006) und Seidenberg (2016) genannt, welche jeweils den aktuellen Stand der Bearbeitungen aufzeigten. Eine Liste aller an der Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie durchgeführten Examensarbeiten am Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle ist Anhang A zu entnehmen.

Morphologische Bearbeitungen des Skelettmaterials fanden seit Beginn der Ausgrabungen des Skelettkollektivs statt. Im Zuge der Bearbeitungen wurden schließlich alle aus der Höhle geborgenen Skelettelemente eingehend morphologisch befundet und in einem Fundkatalog (s. beiliegende CD) aufgenommen. Die gesammelten Daten umfassen Beschreibungen der Skelettelemente hinsichtlich ihrer Erhaltung und Vollständigkeit, Einschätzungen des Sterbealters sowie des Geschlechts des entsprechenden Individuums, Längenmaße im Fall von intakten Langknochen sowie gegebenenfalls beobachtete pathologische Veränderungen oder sonstige Auffälligkeiten. Darüber hinaus sind archäologische Daten, wie die

genaue Lage in der Höhle angegeben.

Neben klassischen morphognostischen Verfahren zur Alters- und Geschlechtsbestimmung, wurden histologische Verfahren angewendet, welche zur präziseren Altersbestimmung dienten (z.B. Herrmann et al. (1990)). So wurden histologische Dünnschnitte der Diaphysen verschiedener Langknochen angefertigt und beurteilt, wodurch für einige erwachsene Individuen eine vergleichsweise genaue Einschätzung des biologischen Sterbealters möglich war. Darüber hinaus wurden Dünnschnittpräparate von Zahnwurzeln hergestellt, welche es ermöglichten, eine gute Näherung an das kalendarische Alter eines Individuums zu erreichen (z.B. Grosskopf (1990), Grosskopf & McGlynn (2011)).

Eine weitere Untersuchung umfasste die Identifikation zusammengehöriger, paariger Langknochen anhand morphologischer Merkmale. Die Aussagekraft der Ergebnisse war jedoch eingeschränkt, da zum Zeitpunkt dieser Untersuchung noch nicht alle Knochen aus der Lichtensteinhöhle geborgen worden waren und darüber hinaus nah verwandte Individuen oftmals ähnliche morphologische Charakteristika aufweisen.

Die DNA-Analytik machte einen großen Teil der anthropologischen Bearbeitung des Skelettkollektivs aus. So wurden bis 2016 270 Skelettelemente molekulargenetisch untersucht, wobei verschiedenste Markersysteme betrachtet wurden. Ein Hauptziel dieser Analysen war die genetische Typisierung der einzeln geborgenen Skelettelemente zum Zweck der Identifikation der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen. Aufgrund der Bergung des Skelettmaterials in mehreren Kampagnen sowie der großen Menge insgesamt geborgener Skelettelemente war es jedoch nicht möglich, alle 4189 Einzelfunde zu analysieren. Stattdessen wurden in den verschiedenen Arbeiten gezielt Knochengruppen oder Knochentypen ausgewählt, welche anschließend molekulargenetisch bearbeitet wurden. Auf diese Weise konnten nach und nach Individuen identifiziert und anschließend deren Verwandtschaftsbeziehungen rekonstruiert werden.

Weitere Untersuchungen dienten der Bestimmung der mitochondrialen sowie Y-chromosomalen Haplotypen der Individuen. Ziel dieser Analysen war es einerseits, die Zugehörigkeit von Individuen zu Familiengruppen zu identifizieren, andererseits, über die Diversität der Haplotypen Rückschlüsse auf das Residenzverhalten der Gruppe ziehen zu können. In diesem Zusammenhang fanden im Jahr 2007 außerdem Untersuchungen an der rezenten Bevölkerung der nahegelegenen Ortschaft Förste statt (Otto 2007, Riesen 2007). Die Analyse diente der Identifikation von Nachfahren der in der Höhle bestatteten Individuen, da einige dieser Individuen einen Y-chromosomalen Haplotyp aufwiesen, welcher heute weltweit kaum zu finden ist. Die Beprobung ergab, dass in der Tat zwei Männer einen Y-chromosomalen Haplotyp aufwiesen, welcher dem in der Lichtensteinhöhle nachgewiesenen Muster sehr ähnlich war, wobei die geringfügigen Unterschiede auf Mutationen in den letzten circa 3000 Jahren zurückgeführt werden konnten. Es besteht somit eine große Wahrscheinlichkeit, dass diese beiden Männer, deren Familien seit mehreren Generationen in dieser Gegend lebten, Nachfahren der in der Höhle bestatteten Individuen sind. Weitere Informationen über die Siedlungskontinuität um den Lichtenstein sind Flindt & Hummel (2021) sowie der zugehörigen Ausstellung im HöhlenErlebnisZentrum in Bad Grund (Harz), Niedersachsen zu entnehmen.

Ergänzend wurden Merkmale untersucht, welche eine über die Angabe des Individualalters sowie des Geschlechts hinausgehende Charakterisierung der Individuen ermöglichten. Hierzu zählten die Bestimmung phänotypischer Merkmale, wie der Haar- und Augenfarben (Schücker 2012, Krause 2012, Schmidt et al. 2020), die Untersuchung der Laktoseverträglichkeit (Fulge 2005, Seebode 2010), Analysen immungenetischer Eigenschaften, wie Blutgruppensysteme (AB0: Seidenberg (2016); Rhesus: Rohlf (2011)) und der Marker CCR5 (Bertermann 2004, Mazanec 2010), aber auch genetisch determinierter Erkrankungen, wie Cystische Fibrose (Scholten 2006) oder Hämochromatose (Krause 2006).

Isotopenanalysen wurden von einem externen Labor (Struck et al. 2018) an einzelnen Knochen- sowie Zahnproben durchgeführt. Ziel dieser Untersuchungen war es, Informationen über die Herkunft der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen zu erhalten. Hierdurch konnte ermittelt werden, ob die Individuen aus dem näheren Umkreis des Harzes oder aus weiter entfernten Regionen stammten und so das Migrationsverhalten der bronzezeitlichen Gruppe untersucht werden. Darüber hinaus wurde das Nahrungsspektrum und insbesondere der Fleischkonsum einiger Individuen analysiert, um Rückschlüsse auf die Ernährung der Gruppe ziehen zu können.

Ein bereits fortgeschrittener Stand der anthropologischen Bearbeitung des Skelettkollektivs wird durch die Arbeit von Seidenberg (2016) repräsentiert. Anhand der bis dahin insgesamt 270 untersuchten Skelettelemente ergaben die Untersuchungen, dass in der Lichtensteinhöhle 60 Individuen bestattet wurden. Die Rekonstruktion der Genealogie umfasste mehrere kleine, teils miteinander verbundene Familiengruppen, welchen 47 Individuen zugeordnet werden konnten. Die übrigen 13 Individuen konnten aufgrund ihrer genetischen Muster nicht in die Genealogie eingebunden werden. Für die 60 Individuen wurden 26 mitochondriale sowie 11 Y-chromosomale Haplotypen bestimmt und aus den Daten ein patrilokales Residenzverhalten der Gruppe abgeleitet.

Jedoch zeigte sich, dass einzelne Aspekte des Fundkomplexes einer erneuten und/oder ausführlicheren Betrachtung unterzogen werden mussten, um die Lichtensteinhöhle sowie die darin enthaltenen Funde korrekt interpretieren zu können. So stellten sich zum Beispiel seitens der Archäologie noch Fragen zum Verteilungsmuster der Skelettelemente in der Höhle. Darüber hinaus waren einzelne familiäre Beziehungen unklar, sodass gezielte Nachuntersuchungen wünschenswert waren.

1.4 Zielsetzung der Arbeit

Ziel der vorliegenden Arbeit war die abschließende anthropologische Befundung des Skelettkollektivs sowie die Beantwortung weiterführender Fragestellungen zu den Verwandtschafts- und Sozialstrukturen der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen. Darüber hinaus sollte die Höhlennutzung näher betrachtet werden. Für die Bearbeitung wurde zum einen auf bereits bestehende Untersuchungsergebnisse und Datensätze zurückgegriffen, zum anderen wurden weitere Analysen durchgeführt und deren Ergebnisse mit den bisherigen Daten zusammengeführt und ausgewertet.

Für den Abschluss der anthropologischen Untersuchungen galt es, eine finale Einschätzung der Anzahl in der Lichtensteinhöhle bestatteter Individuen abzugeben, da diese im Zuge der vorherigen Bearbeitungen aufgrund der sukzessiven Grabungskampagnen stets angepasst wurde. Hierfür wurden weitere 290 Skelettelemente molekulargenetisch analysiert und den bereits aus vorherigen Untersuchungen bekannten Individuen zugeordnet sowie weitere Individuen identifiziert. Darüber hinaus wurden 40 Skelettelemente erneut analysiert, fragliche Ergebnisse überprüft und gegebenenfalls korrigiert. Die Repräsentanz der Individuen wurde beurteilt und eine zusammenfassende Befundung aller Bestatteten durchgeführt. Hierzu gehörten Angaben zum biologischen Alter und Geschlecht der Individuen, aber auch Informationen zu verschiedenen charakterisierenden Merkmalen, welche in zahlreichen vorangegangenen Arbeiten untersucht wurden. Für die ermittelten demographischen Daten erfolgte ein Abgleich mit Skelettserien ähnlicher Zeitstellungen und vergleichbarem geographischem Kontext.

Die zuletzt von Seidenberg (2016) beschriebene Genealogie wurde um die neu identifizierten Individuen erweitert und Verwandtschaftsbeziehungen an die neu gewonnenen Erkenntnisse angepasst. Aus der Genealogie wurden anschließend Informationen über die Familien- und Sozialstrukturen, sowie die Fertilität der betrachteten Gruppe abgeleitet. Darüber hinaus wurden das Residenzverhalten sowie die Heiratsmuster der Gruppe untersucht. Die für die bestatteten Individuen bestimmten mitochondrialen und Y-chromosomalen Haplotypen wurden außerdem in einen populationsgenetischen Kontext gebracht und hierauf basierend Überlegungen zu der Herkunft der Vorfahren der betrachteten Gruppe durchgeführt.

Hinsichtlich der Höhlennutzung wurde abschließend die Frage beantwortet, ob es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Primär- oder einen Sekundärbestattungsplatz handelte und in welcher Weise die Belegung durchgeführt wurde. Im Fokus stand hierbei die Überprüfung, ob die Belegung in der Bronzezeit nach einem erkennbaren Muster erfolgte.

Die im folgenden vorgestellte Arbeit konnte maßgeblich dazu beitragen, die anthropologischen Daten zu vervollständigen, sie miteinander in Beziehung zu setzen und zu interpretieren. Sie bietet hierdurch einen umfassenden Einblick in die Demographie, Sozialstrukturen und genetische Diversität einer bronzzeitlichen Bevölkerungsgruppe. Im Zusammenspiel mit den archäologischen Erkenntnissen zur Fundstelle Lichtensteinhöhle war somit ein entscheidender Beitrag zum Verständnis der prähistorischen Kulturen Mitteleuropas möglich.

2 Material

Die Basis der anthropologischen Untersuchungen zur Lichtensteinhöhle stellten die Skelettfunde aus der Höhle dar, welche seit der Mitte der 1990er Jahre in zahlreichen Kampagnen sukzessive geborgen und anschließend morphologisch sowie molekulargenetisch untersucht wurden. Im Zuge der vorliegenden Arbeit konnte somit auf eine große Menge bereits vorhandener Datensätze zurückgegriffen werden. Darüber hinaus wurden bisher nicht molekulargenetisch untersuchte Skelettelemente analysiert und ausgewählte Knochen erneut morphologisch und molekulargenetisch befundet.

2.1 Datensätze aus vorherigen Bearbeitungen

Die bereits existierenden Datensätze umfassten sowohl die Ergebnisse morphologischer als auch molekulargenetischer Untersuchungen, welche in den vergangenen Jahren durchgeführt wurden. Darüber hinaus lagen Ergebnisse aus Isotopenanalysen eines externen Labors vor. Eine vollständige Liste aller bisher am Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle durchgeführten Arbeiten findet sich in Anhang A. Nähere Informationen zur Methodik der vorangegangenen Untersuchungen sind den jeweiligen Arbeiten zu entnehmen.

2.1.1 Morphologische Befunde

Seit Beginn der sukzessiven Bearbeitung der Funde aus der Lichtensteinhöhle wurde eine große Menge an morphologischen Daten generiert und die Ergebnisse für jeden der einzelnen Knochenfunde in einem Fundkatalog zusammengetragen (s. beiliegende CD). In diesem finden sich, neben archäologischen Angaben wie der genauen Lage in der Höhle, verschiedene anthropologische Informationen wie eine genaue Zuordnung und Beschreibung des Skelettelements. Zusätzlich wurden Einschätzungen zu Sterbealter und Geschlecht des entsprechenden Individuums hinterlegt. Die Ermittlung dieser Daten erfolgte weitgehend nach den gängigen morphognostischen Verfahren, wie sie unter anderem in Herrmann et al. (1990) oder Grupe et al. (2015) beschrieben sind. Für ausgewählte Langknochen sowie Zahnfunde wurden außerdem histologische Dünnschnittpräparate angefertigt, welche eine präzisere Altersdiagnose ermöglichten (Herrmann et al. 1990).

2.1.2 Molekulargenetische Daten

Insbesondere in den letzten Bearbeitungsjahren konnte eine Vielzahl genetischer Datensätze für die Skelettfunde aus der Lichtensteinhöhle generiert werden. Die Analysemethoden entwickelten sich hierbei stetig weiter und sind den einzelnen Arbeiten (Anhang A) zu entnehmen. Die bisher durchgeführten molekulargenetischen Studien umfassten die Typisierung von 270 aus der Lichtensteinhöhle geborgenen Skelettelementen sowie die daraus resultierende Rekonstruktion und Identifikation von zuletzt 60 bestatteten Individuen (Schultes 2000, Schilz 2006, Seidenberg 2016). Darüber hinaus wurden charakterisierende Merkmale der bestatteten Individuen, wie zum Beispiel die Blutgruppe, die Laktosetoleranz oder die Haar- und Augenfarbe ermittelt.

2.1.3 Isotopenanalysen

Untersuchungen zur Isotopensignatur verschiedener Skelettelemente wurden von einem externen Labor (Struck et al. 2018) durchgeführt. Je nach untersuchtem Skelettelement können die Ergebnisse Auskunft darüber geben, in welchen geographischen Regionen sich ein Individuum während seiner Kindheit, beziehungsweise in den Jahren vor seinem Tod aufgehalten hat (z.B. Rummel et al. (2007)). Werden Zahnkronen und Knochen eines Individuums untersucht, kann festgestellt werden, ob es im Laufe seines Lebens seinen Lebensmittelpunkt verändert hat oder ob das Individuum in der Region verstorben und bestattet worden ist, in welcher es aufgewachsen ist. Diese Erkenntnis ist wiederum hilfreich, um das Residenzverhalten der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Gruppe beurteilen zu können. Darüber hinaus liegen für einige Knochen Ergebnisse vor, welche Rückschlüsse auf die Ernährung des entsprechenden Individuums erlauben.

2.2 Eigene Bearbeitung

Für den Abschluss der anthropologischen Untersuchungen wurden im Rahmen der vorgestellten Arbeit die bereits existierenden Ergebnisse um Resultate insbesondere molekular-genetischer Analysen erweitert und die Daten verknüpft. Darüber hinaus wurden bereits vorhandene genetische Zuordnungen von Skelettelementen mit stärkerer DNA-Degradierung überprüft und gegebenenfalls um neue Ergebnisse ergänzt. Einzelne Knochen wurden erneut morphologisch befundet und Knochenpaare anhand ihrer morphologischen Merkmale identifiziert.

2.2.1 Morphologische Nachuntersuchungen

Die sukzessive Bergung der Knochen aus der Lichtensteinhöhle hatte zur Folge, dass die morphologischen Untersuchungen mitunter von verschiedenen Bearbeitern durchgeführt wurden, was in Einzelfällen zu Inkonsistenzen bei der Beurteilung führte. Darüber hinaus war die Befundung einiger Skelettelemente durch die Übersinterung nur eingeschränkt möglich. In beiden Fällen fand eine erneute morphologische Betrachtung der betroffenen Skelettelemente statt, sofern dies erforderlich war.

In Zusammenarbeit mit erfahrenen morphologischen Gutachtern wurden außerdem Vergleiche von linken und rechten Knochen gleichen Typs durchgeführt, mit dem Ziel, jeweils zu einem Individuum gehörende Knochen zu identifizieren. Untersucht wurden die langen Röhrenknochen exklusive Fibula, die Claviculae sowie die Ossa coxae und gegebenenfalls zugehörige Ossa sacra. Für die Zuordnungen wurden die Größe und Robustizität der Knochen sowie individuelle Merkmale berücksichtigt. Eine Übersicht der betrachteten Knochen, in welcher die jeweils zusammengehörigen Fundnummern gekennzeichnet sind, findet sich in Anhang F.

2.2.2 Molekulargenetische Analysen

Den Hauptanteil der im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführten praktischen Tätigkeiten stellten die molekulargenetischen Analysen dar. Insgesamt wurden 330 Fundnummern genetisch untersucht, wobei für jedes dieser Skelettelemente der genetische Finger-

abdruck ermittelt wurde. Für ausgewählte Fundnummern wurde zusätzlich der mitochondriale und/oder der Y-chromosomale Haplotyp bestimmt.

Die Gründe für die Auswahl der zu untersuchenden Skelettelemente waren vielfältig. Eine systematische Beprobung ausgewählter, repräsentativer Körperpartien, wie dem Cranium und den Langknochen wurde durchgeführt, um die Wahrscheinlichkeit zu erhöhen, alle in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen zu identifizieren (vgl. Kapitel 4.1). Darüber hinaus konnten mit zunehmender Zahl zugeordneter Skelettelemente aussagekräftigere anthropologische Befunde für die jeweiligen Individuen erstellt werden. Der Informationsgehalt der anthropologischen Befunde konnte dahingehend verbessert werden, dass durch die Zuordnung altersbestimmter Skelettelemente oder pathologisch veränderter Knochen die Individualbefunde präzisiert und erweitert wurden. In zahlreichen Fällen war die genetische Untersuchung von Skelettelementen außerdem hinsichtlich des Streuungsmusters der Knochen in der Höhle von Bedeutung. So wurden Fundnummern, welche in verschiedenen, voneinander weiter entfernten Höhlenabschnitten geborgen wurden und bisher zu einem Individuum zugeordnet waren, erstmalig oder erneut molekulargenetisch untersucht, um die Belegung der Höhle nachvollziehen zu können.

Der Ort der Probenentnahme an einem Skelettelement wurde anhand verschiedener Kriterien ausgewählt. Bei Zähnen wurden standardmäßig die Zahnwurzeln verwendet, welche in den Alveolen zum einen vor äußeren Einflüssen, zum anderen vor Kontamination geschützt sind. Für die übrigen Skelettelemente wurden kompakte Bereiche präferiert, da diese in der Regel weniger stark von Dekomposition betroffen sind und somit eine bessere DNA-Erhaltung zu erwarten war.

3 Methoden und Herangehensweise

Im Zuge der vorgestellten Bearbeitung des Skelettkollektivs der Lichtensteinhöhle wurden sowohl eigene Laboranalysen zur Ermittlung genetischer Fingerabdrücke sowie mitochondrialer und Y-chromosomaler Haplotypen durchgeführt als auch auf bereits bestehende Datensätze zurückgegriffen. Die Vereinigung aller Daten resultierte in der Identifikation und Charakterisierung der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen sowie der Rekonstruktion einer Genealogie. Darüber hinaus wurde das Streuungsmuster der Skelettelemente sowie die Position der Individuen in der Höhle hinsichtlich einer Systematik bei der Belegung der Höhle analysiert und eine Einschätzung zur Nutzung der Höhle abgegeben. Zuletzt erfolgte anhand der mütterlichen und väterlichen Familienlinien eine Einordnung in einen populationsgenetischen Kontext. Hierdurch konnte ein Beitrag zur spätbronzezeitlichen Bevölkerungsgeschichte Europas geleistet werden, welche aufgrund kaum vorhandener Skelettfunde aus dieser Zeitstellung bisher wenig erforscht ist.

Im Folgenden werden die Strategien und Herangehensweisen bei der Auswertung und Interpretation der Laborergebnisse erläutert. Eine Beschreibung der Laborarbeiten mit zugehörigen Protokollen sowie eine Auflistung vorheriger morphologischer und molekulargenetischer Arbeiten findet sich in Anhang D und A.

3.1 Rückschlüsse auf die Art der Höhlennutzung

Fragstellungen, welche die Nutzung der Lichtensteinhöhle betreffen, ließen sich in verschiedenen Fällen nur durch die Verknüpfung archäologischer und anthropologischer Ergebnisse beantworten. Hierzu gehörte zunächst die Beantwortung der Frage, ob es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Primär- oder einen Sekundärbestattungsplatz handelte, wobei hierfür insbesondere die Bestimmung der geborgenen Skelettelemente relevant war. Des Weiteren konnten durch die Identifikation der bestatteten Individuen sowie die Zuordnung ihrer Skelettelemente in Kombination mit der Kartierung aller Funde Rückschlüsse darauf gezogen werden, wie die Belegung der einzelnen Höhlenabschnitte stattgefunden hat.

3.1.1 Primär- versus Sekundärbestattungsplatz

Eine der ersten Fragen nach der Entdeckung der Lichtensteinhöhle war, ob es sich um einen Primär- oder einen Sekundärbestattungsplatz handelte (vgl. Kapitel 1.3). Zur Klärung dieser Frage war es erforderlich zu überprüfen, welche Fundumstände jeweils für oder gegen die jeweilige Art der Nutzung sprechen. Eine Sekundärbestattung folgt hierbei keinen festgelegten Mustern und kann somit lediglich über den Ausschluss einer Primärbestattung ermittelt werden.

Handelte es sich um einen Primärbestattungsplatz, ist davon auszugehen, dass die Verstorbenen nach ihrem Tod zeitnah in die Höhle gebracht und dort niedergelegt wurden. Als Konsequenz hieraus sollten die Knochen der Individuen vollständig und im anatomischen Verbund aufzufinden sein, wobei letzterer durch Störungen, zum Beispiel im Zuge weiterer Bestattungen aufgehoben worden sein kann. Das wichtigste Kriterium für einen Primärbestattungsplatz ist somit die Vollzähligkeit sowie die Vollständigkeit der zu erwartenden Skelettelemente. Um eine Entscheidung darüber zu treffen, welche Art der Bestattung in

der Lichtensteinhöhle stattgefunden hat, musste demnach zunächst überprüft werden, wie viele Individuen in der Höhle bestattet wurden und ob die Anzahl der geborgenen Skelettelemente der Zahl der zu erwartenden Skelettelemente entspricht.

Liegen zu wenige Knochen vor, muss überprüft werden, ob eine Verschleppung einzelner Knochen, zum Beispiel durch Wildtiere stattgefunden haben kann, wofür Bissspuren an den übrigen Knochen ein Indiz wären. Kann eine Verschleppung ausgeschlossen werden, deutet ein Fehlen von Skelettelementen auf eine Sekundärbestattung hin. Hierbei ist anzunehmen, dass im Fall einer unvollständigen Einbringung in die Lichtensteinhöhle vor allem kleinere Knochen wie die der Autopodien fehlen, da diese möglicherweise bei der Exhumierung übersehen oder nicht als Knochen erkannt wurden. Darüber hinaus ist nicht auszuschließen, dass kleinere Skelettelemente während des Transports zum Sekundärbestattungsort unbemerkt verloren gegangen sind.

3.1.2 Belegungsmuster und Belegungsreihenfolge

Um zu klären, ob die verschiedenen Skelettelemente nach einem Muster in der Höhle abgelegt wurden, war es essentiell, die verschiedenen Skelettelemente den bestatteten Individuen zuzuordnen. Anschließend konnte überprüft werden, ob die Knochen eines Individuums lokal begrenzt oder in der gesamten Höhle abgelegt wurden und daraus weitere Schlüsse gezogen werden. Lagen die Knochen eines Individuums nah beieinander, ist davon auszugehen, dass sie zusammen in die Höhle gelangt sind und gemeinsam abgelegt wurden. Wurden hingegen Skelettelemente eines Individuums in verschiedenen Höhlenabschnitten nachgewiesen, stellt sich die Frage, ob und wenn ja, warum diese absichtsvoll an den verschiedenen Positionen verteilt wurden. Eine insbesondere im Fall einer Sekundärbestattung denkbare Situation ist, dass mehrere Individuen gleichzeitig am Primärbestattungsort exhumiert und deren Knochen im Zuge der Sekundärbestattung unbeabsichtigt vermengt wurden. Wurden die betreffenden Individuen bei der anschließenden Wiederbestattung an verschiedenen Orten abgelegt, werden auch die zu einem Individuum gehörigen Knochen an mehreren Stellen der Höhle vorgefunden.

Hinsichtlich der Positionierung der Individuen in den verschiedenen Höhlenabschnitten war ebenfalls zu überprüfen, ob diese einem Muster folgte. Denkbar wäre hierbei, dass die Individuen in Abhängigkeit ihres Alters, des Geschlechts oder ihrer Familienzugehörigkeit in den verschiedenen Höhlenabschnitten bestattet wurden. Erstere Kriterien lassen sich anhand der anthropologischen Befunde sowie gegebenenfalls der molekulargenetischen Geschlechtsbestimmungen überprüfen, während sich die Familienzugehörigkeit aus einer Genealogie ergibt.

Die Belegung der Höhle musste jedoch nicht zwingend nach individuellen Kriterien erfolgt sein. Ebenso plausibel ist es, dass die verschiedenen Räume der Lichtensteinhöhle nacheinander belegt wurden und somit der Zeitpunkt der Einbringung ausschlaggebend für die Position eines Individuums in der Höhle war. In diesem Fall musste zunächst eine aus archäologischer Sicht plausible Reihenfolge der Raumnutzung ermittelt werden.

Im Anschluss musste überprüft werden, ob eine solche Belegungsreihenfolge tatsächlich mit der Sterbereihenfolge übereinstimmen kann. Die Betrachtung der Lebendbevölkerung konnte hier Anhaltspunkte zur Sterbereihenfolge innerhalb einzelner Familien geben (vgl.

Kapitel 7.1.1). So ist beispielsweise davon auszugehen, dass eine Frau, welche in einem Alter von 60 Jahren verstorben ist, deutlich nach ihren im frühen Kindesalter verstorbenen Kindern bestattet wurde. In Abhängigkeit von der Nutzungsdauer der jeweiligen Räume ist demnach zu erwarten, dass die betreffenden Individuen nicht in dem selben Höhlenabschnitt bestattet wurden.

Die Abhängigkeit von verschiedenen Variablen, wie unter anderem der Nutzungsreihenfolge der Höhlenabschnitte sowie der Abfolge der Nachkommen erlaubt keine gesicherte Einschätzung der Belegungsreihenfolge, weshalb diese lediglich auf Basis der vorhandenen Kriterien beurteilt werden kann. Im Fall einer Sekundärbestattung ist darüber hinaus nicht bekannt, in welchem Umfang voneinander abweichende Liegezeiten am Primärbestattungsort einen Einfluss auf die Belegungsreihenfolge der Lichtensteinhöhle hatten.

3.2 Identifikation von Individuen

Die außergewöhnliche Fundsituation in der Lichtensteinhöhle machte es erforderlich, zunächst all diejenigen Fundnummern zu identifizieren, welche jeweils gemeinsam ein Individuum repräsentieren. Die Zugehörigkeit der einzelnen Skelettelemente ergab sich in der Regel aus den molekulargenetisch ermittelten Fingerabdrücken, welche für alle Skelettelemente eines Individuums identisch sind. In Fällen stärkerer DNA-Degradierung und somit unter Umständen nur unvollständiger genetischer Fingerabdrücke konnte das Individualalter und weitere morphologische Kriterien, aber auch die Untersuchung des mitochondrialen Haplotyps dazu beitragen, Zuordnungen dennoch beurteilen zu können.

Im Zuge der Bearbeitung wurden zum einen aus vergangenen Arbeiten (Schultes 2000, Schilz 2006, Seidenberg 2016) bekannte Zuordnungen überprüft, zum anderen wurden den Individuen durch die Analyse zahlreicher weiterer Fundnummern zusätzliche Skelettelemente zugeordnet. Durch die systematische Untersuchung ausgewählter Skelettelemente wurden darüber hinaus weitere Individuen identifiziert. Die Benennung der Individuen setzte sich hierbei aus einer Angabe des biologischen Geschlechts (F für female (engl. weiblich), M für male (engl. männlich)) sowie einer laufenden Nummer zusammen. Letztere ergab sich aus dem Zeitpunkt der Identifikation des Individuums und stellt keine Sortierung nach Individualalter oder vergleichbaren Kriterien dar.

3.2.1 Genetische Typisierung

In Abhängigkeit der DNA-Erhaltung in den einzelnen Skelettelementen ergaben sich aus den Laboranalysen genetische Fingerabdrücke mit variierender Aussagekraft. So lagen für zahlreiche Skelettelemente vollständige oder annähernd vollständige genetische Typisierungen der untersuchten STR-Systeme vor, während für andere Knochen nur unvollständige Muster ermittelt werden konnten. Zudem waren Knochen vorhanden, welche aufgrund zu starker DNA-Degradierung lediglich einzelne unspezifische Allele oder kein Ergebnis aufwiesen und aus diesem Grund den Individuen nicht anhand ihres genetischen Fingerabdrucks zugeordnet werden konnten.

Für alle Skelettelemente mit vollständigem, beziehungsweise annähernd vollständigem genetischen Fingerabdruck wurde zunächst ein Abgleich der Ergebnisse durchgeführt und

Fundnummern mit identischen Ergebnissen gruppiert. Die genetischen Muster dieser Gruppen repräsentieren die verschiedenen Individuen und stellen die Basis für die weiteren Zuordnungen dar.

Im nächsten Schritt wurden die Fundnummern mit unvollständigen genetischen Fingerabdrücken betrachtet und diese wenn möglich den bereits existierenden Individuen zugeordnet. Konnte ein Skelettelement anhand seines genetischen Musters keinem der vorhandenen Individuen zugeordnet werden, repräsentiert es ein bisher nicht identifiziertes Individuum. War hingegen aufgrund zu weniger individueller Allelkombinationen eine Zuordnung zu mehreren Individuen möglich, konnte es hilfreich sein, den mitochondrialen Haplotyp für das Skelettelement sowie die infrage kommenden Individuen zu betrachten. Zwar war der mitochondriale Haplotyp oftmals nicht einzigartig für ein Individuum, jedoch konnte er die möglichen Zuordnungen gegebenenfalls eingrenzen. Konnte auch auf diese Weise keine eindeutige Zuordnung stattfinden, mussten weitere, insbesondere morphologische Kriterien zur Beurteilung hinzugezogen werden (s. Kapitel 3.2.2).

Abschließend wurde die Zuordnung der Skelettelemente in Abhängigkeit der DNA-Degradierung und der daraus resultierenden Vollständigkeit der genetischen Fingerabdrücke hinsichtlich ihrer Qualität beurteilt. Hierbei wurde zwischen gesicherten und wahrscheinlichen Zuordnungen unterschieden. Letztere resultierten insbesondere aus unvollständigen, aber dennoch mit dem Fingerabdruck lediglich eines Individuums übereinstimmenden genetischen Mustern. In derartigen Fällen wurde, sofern keine sonstigen Widersprüche vorlagen (vgl. Kapitel 3.2.2), nach dem Parsimonieprinzip (vgl. Kapitel 3.4.4) angenommen, dass die Fundnummer eher zu einem bereits identifizierten Individuum gehört, als dass es sich um ein zusätzliches Individuum handelt.

3.2.2 Morphologische Kriterien für die Zuordnung von Skelettelementen

Im Anschluss an die Zuordnungen der einzelnen molekulargenetisch untersuchten Skelettelemente wurden diese Zuordnungen hinsichtlich ihrer morphologischen Informationen überprüft, was insbesondere bei unvollständigen genetischen Fingerabdrücken aufgrund fortgeschrittener DNA-Degradierung notwendig war. In Fällen, in denen die genetischen Muster keine eindeutige Zuordnung ermöglichten, wurde versucht anhand morphologischer Kriterien eine Entscheidung zu treffen. Zuletzt wurden den identifizierten Individuen weitere Skelettelemente auf rein morphologischer Basis zugeordnet.

Für die Überprüfung der genetischen Zuordnung wurde anhand der morphologischen Bestimmung des Skelettelements sichergestellt, dass keine Dopplungen von Skelettelementen innerhalb eines Individuums vorliegen. Eine Ausnahme hiervon stellten fragmentierte Knochen dar. Hier wurde untersucht, ob die genetisch zugeordneten Fragmente zu einem Knochen gehören konnten oder ob die Fragmente aus den selben oder sich überschneidenden Bereichen eines Knochens stammten. Letzteres hatte zur Folge, dass sie zu zwei verschiedenen Knochen und somit zwei Individuen gehören mussten.

Anschließend wurde kontrolliert, ob das für die einzelnen Skelettelemente bestimmte Sterbealter des entsprechenden Individuums bei allen zugeordneten Fundnummern übereinstimmt. Hierbei galt eine gewisse Toleranz, da eine Altersbestimmung nicht an allen Knochen gleichermaßen genau möglich war. Mehrere Altersklassen umfassende Diskrepan-

zen stellten jedoch ein Ausschlusskriterium dar.

Als unterstützendes Merkmal diene die Altersdiagnose außerdem, wenn die Zuordnung einer Fundnummer aufgrund unvollständiger genetischer Daten zu mehr als einem Individuum möglich war. Hier konnte ein Abgleich der jeweiligen Altersdiagnosen helfen, die Fundnummer dem korrekten Individuum zuzuordnen. Dieses Verfahren eignete sich insbesondere bei subadulten Individuen, da hier aufgrund der stetigen körperlichen Entwicklung eine verhältnismäßig genaue Altersdiagnose möglich war. Für erwachsene Individuen konnte die Altersdiagnose als Entscheidungskriterium oft nur eingeschränkt hinzugezogen werden. Grund hierfür waren die weniger starken körperlichen Veränderungen im Erwachsenenalter, aufgrund welcher isolierten Knochen in der Regel nur größere Altersspannen zugeordnet werden konnten.

Zusätzlich zur Altersdiagnose wurden daher insbesondere bei erwachsenen Individuen Größen- und Robustizitätsunterschiede betrachtet. In Abhängigkeit der Skelettelemente dienten diese jedoch häufig eher dem Ausschluss einer Zugehörigkeit, da die Grazität, beziehungsweise Robustizität eines Knochens kein ausreichendes Kriterium für eine Zuordnung war. Lediglich bei paarig vorliegenden Skelettelementen konnte der Vergleich des linken und rechten Knochens zu einem vergleichsweise sicheren Ergebnis führen. Wurden anhand mehrerer charakteristischer Merkmale zwei morphologisch zusammengehörige Knochen identifiziert, genügte die genetische Typisierung eines der beiden Knochen, um beide Fundnummern einem Individuum zuzuordnen. Für einzelne solcher morphologischen Zuordnungen wurden stichprobenartig genetische Untersuchungen beider Knochen durchgeführt, um die Zuverlässigkeit dieser Zuordnungen zu überprüfen.

3.2.3 Räumliche Verteilung der Skelettelemente in der Lichtensteinhöhle

War eine Zuordnung trotz der Beurteilung genetischer und morphologischer Kriterien nicht sicher möglich, konnte die Lage der betroffenen Skelettelemente in der Höhle als Kriterium hinzugezogen werden. Dies war möglich, da anhand gesicherter genetischer, beziehungsweise morphologischer Zuordnungen deutlich wurde, dass sich die Skelettelemente eines Individuums in der Höhle zumeist nah beieinander befunden haben (s. Kapitel 4.3). Bei unklaren Zuordnungen konnte somit eine räumliche Nähe der fraglichen Fundnummer zu den restlichen Skelettelementen des Individuums für eine Zugehörigkeit sprechen, sie diene jedoch aufgrund der Gefahr des Zirkelschlusses nicht als ausreichendes oder alleiniges Kriterium. Eine sichere Zuordnung anhand der Lage in der Höhle ließ sich lediglich für die einzelnen Knochen von Teilskeletten durchführen. Lagen Skelettelemente im anatomischen Verbund vor, genügte die genetische Untersuchung eines einzelnen oder nur weniger Knochen für die Zuordnung des gesamten Teilskeletts. Abbildung 3.1 zeigt hierzu die im anatomischen Verbund aufgefundenen Metatarsalia eines Individuums, von denen lediglich die Metatarsalia I und III genetisch analysiert, jedoch auch die übrigen Knochen zugeordnet wurden.

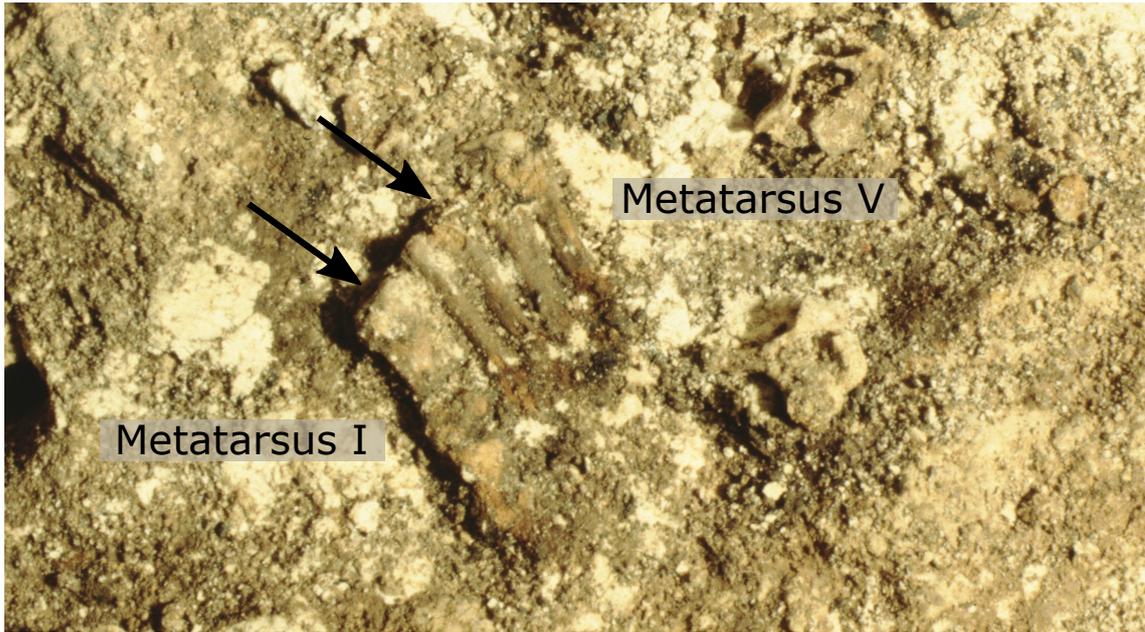


Abbildung 3.1: Metatarsalia im anatomischen Verbund. Die Pfeile markieren die molekulargenetisch untersuchten Knochen.

Foto: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)

3.2.4 Anthropologische Befundung und individuelle Charakterisierung

Den Abschluss der Identifikation der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen stellte deren anthropologische Befundung dar. Hierzu wurde in erster Linie auf die bereits bestehenden Datensätze zur morphologischen Bearbeitung der isolierten Skelettelemente zurückgegriffen (s. Kapitel 2.1), die entsprechenden Daten für jedes Individuum zusammengefasst und eine abschließende Beurteilung durchgeführt. Das Individualalter wurde möglichst genau angegeben, die Körperhöhe bestimmt und gegebenenfalls Pathologien oder sonstige am Skelett erkennbare Charakteristika angegeben.

Des Weiteren wurden alle verfügbaren genetischen Daten aus vorherigen sowie parallel durchgeführten Arbeiten zusammengefasst, welche Auskunft über individuelle Merkmale der Individuen gaben. Hierzu zählten unter anderem die Blutgruppe, der Status der Laktosetoleranz oder phänotypische Merkmale wie die Haar- und Augenfarbe. Einige Marker wurden hierbei bereits zu Beginn der Bearbeitung des Skelettkollektivs untersucht, weshalb für vergleichsweise spät identifizierte Individuen mitunter nicht alle Merkmale analysiert wurden.

3.3 Beurteilung der demographischen Strukturen

Im Anschluss an die Identifikation und anthropologische Befundung der bestatteten Individuen wurde die demographische Struktur für die vorliegende Gruppe anhand der Alters- und Geschlechtsverteilung beschrieben und mit den Daten zeitstellungsgleicher Serien Mitteleuropas verglichen. Da es sich bei diesen Funden in erster Linie um Urnengräberfelder handelte (vgl. Kapitel 1.1), waren die diagnostischen Möglichkeiten zwar eingeschränkt, es lagen aber dennoch verwertbare Daten über die jeweilige Alters- und Geschlechtsstruktur vor.

Das Sterbealter der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen wurde anhand verschiedener morphologischer Merkmale beurteilt. Die Genauigkeit der Bestimmung hing hierbei in erster Linie davon ab, welche und wie viele Skelettelemente zur Verfügung standen. Darüber hinaus war für subadulte Individuen in der Regel eine genauere Altersdiagnose möglich, da aufgrund der stetigen körperlichen Entwicklung in dieser Lebensphase die verschiedenen Veränderungen am Skelett jeweils in verhältnismäßig enge Zeitfenster eingeordnet werden konnten. Die anthropologischen Altersklassen umfassen daher im subadulten Bereich deutlich kürzere Zeiträume als nach dem Erreichen des 20. Lebensjahres (vgl. Tab. 3.1). Lagen für die Altersdiagnose aussagekräftige Skelettelemente vor, konnte die Angabe der Altersklasse nochmals unterteilt werden. Hierzu wurde die Zeitspanne der Klassen gedrittelt und so in eine frühe, mittlere und späte Phase unterteilt (vgl. Tab. 3.1). Konnten hingegen (insbesondere bei erwachsenen Individuen) nur wenige Skelettelemente beurteilt werden, konnte das Individualalter gegebenenfalls nur vergleichsweise ungenau und unter Umständen mehrere Altersklassen umfassend angegeben werden (z.B. Adultas bis Maturitas). Für die Angabe der Altersstruktur wurde in derartigen Fällen allen betroffenen Klassen ein identischer Anteil zugewiesen (z.B. Adultas: 0,5 Individuen; Maturitas: 0,5 Individuen).

Anhand des ermittelten Sterbealters wurde für die in der Lichtensteinhöhle bestattete Gruppe anschließend eine verkürzte Sterbetafel erstellt. Die Berechnungen erfolgten nach den in Herrmann et al. (1990) angegebenen Formeln.

Tabelle 3.1: Einteilung der anthropologischen Altersklassen

Altersklasse	Zeitspanne	
Infans I	0 - 6 Jahre	
	früh	0 - 2 Jahre
	mittel	2 - 4 Jahre
	spät	4 - 6 Jahre
Infans II	6 - 12 Jahre	
	früh	6 - 8 Jahre
	mittel	8 - 10 Jahre
	spät	10 - 12 Jahre
Juvenis	12 - 20 Jahre	
	früh	12 - 15 Jahre
	mittel	15 - 17 Jahre
	spät	17 - 20 Jahre
Adultas	20 - 40 Jahre	
	früh	20 - 27 Jahre
	mittel	27 - 33 Jahre
	spät	34 - 40 Jahre
Maturitas	40 - 60 Jahre	
	früh	40 - 47 Jahre
	mittel	47 - 53 Jahre
	spät	54 - 60 Jahre
Senilis	60 Jahre und älter	

Das Geschlecht der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen wurde molekulargenetisch durch Untersuchung des Amelogeninmarkers bestimmt, welcher auf dem X-Chromosom eine sechs Basenpaare kürzere Sequenz aufweist, als auf dem Y-Chromosom. Zwar wurde im Rahmen der morphologischen Befundung ebenfalls eine Geschlechtsdiagnose durchgeführt, insbesondere bei subadulten Individuen oder wenn nur wenige Skelettelemente eines Individuums vorhanden waren, war diese jedoch nicht immer aussagekräftig

genug.

Informationen über die Fertilität innerhalb einer Population liegen für zeitstellungsgleiche Urnengräberfelder nicht vor, da zur Beurteilung der Fruchtbarkeit die Rekonstruktion der familiären Strukturen anhand molekulargenetischer Analysen notwendig ist. Aufgrund der Verbrennung der Verstorbenen und der hiermit einhergehenden Zerstörung der DNA sind derartige Untersuchungen für Brandbestattungen jedoch nicht möglich. Eine Gegenüberstellung des Skelettkollektivs der Lichtensteinhöhle mit zeitstellungsgleichen Funden konnte im Hinblick auf die Fertilität somit nicht durchgeführt werden. Die Beurteilung der Fertilitätsrate der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen erfolgte daher im Vergleich mit mitteleuropäischen Populationen abweichender Zeitstellung (s. Kapitel 7.2).

3.4 Rekonstruktion der genealogischen Struktur

Für die in der Lichtensteinhöhle nachgewiesenen Einzelindividuen wurde überprüft, ob sich Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den Individuen rekonstruieren lassen und diese in Form einer Genealogie dargestellt. Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit ermittelten Ergebnisse wurden hierfür mit den bisher bekannten Strukturen abgeglichen und die von Seidenberg (2016) beschriebene Genealogie entsprechend überarbeitet.

Die Rekonstruktion der Genealogie erfolgte auf Basis der genetischen Fingerabdrücke sowie der mitochondrialen und Y-chromosomalen Haplotypen der Individuen, anhand welcher mögliche Familienkonstellationen ermittelt wurden. Zusätzlich flossen die Ergebnisse morphologischer Analysen ein, welche als Prüfinstrument oder Entscheidungshilfe fungierten und so die Zuverlässigkeit der Genealogie erhöhten. Schließlich wurden archäologische Aspekte berücksichtigt, welche vornehmlich für die zeitliche Einordnung der Familiengruppen relevant waren.

3.4.1 Identifikation von Familiengruppen

Der erste Schritt der Rekonstruktion der Genealogie war die Identifikation von Familiengruppen, welche auf Basis der für jedes Individuum ermittelten mitochondrialen Haplotypen erfolgte. Da hier die genetische Information immer von einer Mutter auf ihre Kinder weitergegeben wird, weisen Geschwister sowie deren Mutter immer einen identischen mitochondrialen Haplotyp auf. Dieser ist darüber hinaus auch bei allen weiteren in weiblicher Linie verwandten Individuen zu finden (s. Abb. 3.2). Eine Gruppierung anhand mitochondrialer Haplotypen ermöglichte es demnach, Individuen zu identifizieren, welche jeweils in weiblicher Linie miteinander verbunden waren. Eine exakte Aussage über die Art, beziehungsweise den Grad der Verwandtschaft konnte allein auf Basis der Haplotypen jedoch nicht getroffen werden.

Eine Gruppierung der Y-chromosomalen Haplotypen konnte im nächsten Schritt innerhalb der ermittelten Familiengruppen erfolgen. Hiervon betroffen waren lediglich die männlichen Individuen, da sich der Y-chromosomale Haplotyp aus der genetischen Information des Y-Chromosoms ergibt, welches von Vätern ausschließlich an deren Söhne weitergegeben wird. Brüder weisen somit auch hier einen identischen Haplotyp auf, welcher wiederum dem aller in männlicher Linie verwandten Individuen entspricht (s. Abb. 3.2). Eine Sortierung nach Y-chromosomalen Haplotypen innerhalb der zuvor anhand der weiblichen

Familienlinien bestimmten Familiengruppen ermöglichte es, Brüder, Cousins und Onkel zu unterscheiden (vgl. Abb. 3.2) und stellte somit den ersten Schritt zu einer Strukturierung der Familiengruppe dar.

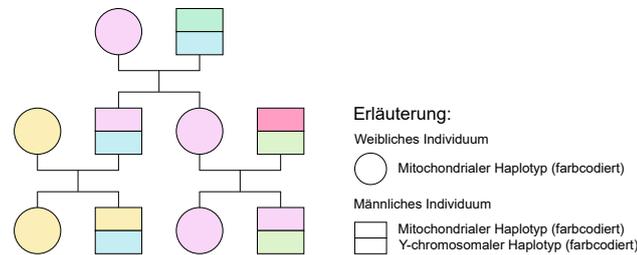


Abbildung 3.2: Schematische Darstellung der Vererbung des mitochondrialen sowie Y-chromosomalen Haplotyps.

Gleiche Farben repräsentieren gleiche Haplotypen.

3.4.2 Rekonstruktion familiärer Strukturen

Im Anschluss an die erste Gruppierung der Individuen anhand ihrer Haplotypen wurden die Verwandtschaftsverhältnisse innerhalb der ermittelten Familiengruppen rekonstruiert. Hierzu wurden die genetischen Fingerabdrücke der einzelnen Individuen näher betrachtet und zunächst Kernfamilien identifiziert. Diese wurden sukzessive um verwandte Individuen erweitert und gegebenenfalls abschließend größere Familienverbände miteinander verknüpft.

Der Ansatz für die Rekonstruktion der familiären Strukturen innerhalb einer Familiengruppe war abhängig von der Anzahl sowie dem Geschlecht der verschiedenen Individuen einer Familiengruppe. Die Kriterien hingegen waren in jedem Fall identisch. Geschwister und deren Mutter waren grundsätzlich in der selben Familiengruppe zu finden, während der entsprechende Vater Mitglied einer anderen Familiengruppe gewesen sein kann. Waren unter den Kindern männliche Nachkommen, konnten als Vater infrage kommende männliche Individuen anhand des Y-chromosomalen Haplotyps ermittelt und anschließend über das genetische Muster bestimmt werden. Wurden ausschließlich Töchter ermittelt, konnte keine Vorauswahl anhand Y-chromosomaler Marker getroffen werden und der Vater lediglich über einen Abgleich des genetischen Fingerabdrucks identifiziert werden. Für eine Elternschaft mussten beide Allele jedes STR-Systems des Kindes durch die genetischen Fingerabdrücke der Eltern erklärbar sein, wobei je ein Allel von jedem Elternteil weitergegeben werden musste. Waren für die betrachteten Individuen keine vollständigen genetischen Fingerabdrücke bekannt, musste im jeweiligen Einzelfall überprüft werden, ob Analyseartefakte wie ein Allelic Dropout eine plausible Erklärung für eine Diskrepanz sein können.

Lagen lediglich die genetischen Fingerabdrücke eines Elternteils und des Kindes vor, musste je ein Allel jedes Systems des Kindes mit einem Allel des vorhandenen Elternteils übereinstimmen. Ein Abgleich der übrigen Allele konnte hier nicht stattfinden. Darüber hinaus war bei einem Elter-Kind-Paar allein auf Basis der genetischen Fingerabdrücke nicht rekonstruierbar, welches der beiden Individuen das Kind, beziehungsweise das Elternteil war. Aufschluss konnte hier gegebenenfalls das Sterbealter der Individuen geben (s. Kapitel 3.4.3).

Ein weiteres Kriterium bei der Rekonstruktion der Genealogie betraf die Beurteilung von Geschwistern, wenn eines oder beide Elternteile fehlten. Statistisch stimmen Vollgeschwister im Mittel in 50% ihrer Allele überein, wobei es in der Theorie möglich ist, dass sich zwei Geschwister in jedem System unterscheiden und gemeinsam bis zu vier verschiedene Allele aufweisen. Werden drei oder mehr Individuen betrachtet, darf die Anzahl verschiedener Allele pro untersuchtem System dennoch nicht größer als vier sein, da bei gleichen Eltern maximal vier verschiedene Allele vererbt werden können. Traten bei einem oder mehreren Markern mehr als vier Allele auf, konnte es sich demnach bei den betrachteten Individuen nicht um Vollgeschwister handeln und alternative Verwandtschaftsmuster mussten überprüft werden.

Einen Sonderfall stellten Spontanmutationen dar, welche dazu führen können, dass die Allele des Kindes und eines Elternteils um eine Repeateinheit voneinander abweichen. Die Mutationsrate eines Markers gibt hierbei Auskunft darüber, wie wahrscheinlich ein solches Mutationsereignis ist. Dennoch wurde, in Fällen, in denen eine Mutation zur Rekonstruktion einer Familie notwendig war, stets überprüft, ob auch andere Familienkonstellationen infrage kamen. Durch sukzessives Erweitern der identifizierten Familien und Verknüpfungen größerer Familienverbände wurden schließlich mehrere Individuen miteinander verbunden.

3.4.3 Berücksichtigung des Individualalters

Anders als in lebenden Gruppen lässt das Individualalter bei der Rekonstruktion einer Genealogie verstorbener Individuen keine Rückschlüsse auf die Generationenfolge zu. So müssen Nachkommen in einer lebenden Bevölkerung stets jünger sein, als ihre Eltern, während dies im Fall eines Skelettkollektivs nicht zwingend notwendig ist. Ein adultes Individuum kann hier beispielsweise ein Elternteil eines früh verstorbenen Kindes, aber auch eines im Maturitas verstorbenen Individuums sein, welches sein Elternteil nicht nur überlebt, sondern auch ein höheres Individualalter erreicht hat, als dieses. Individuen, welche im Erwachsenenalter verstorben sind, konnten demnach bei der Rekonstruktion an jeder Position der Genealogie platziert werden.

Juvenile Individuen stellten einen Sonderfall dar, da hier die Möglichkeit bestand, dass sie bereits eigene Nachkommen hatten. Die Wahrscheinlichkeit nimmt hierbei mit steigendem Alter zu, wobei davon auszugehen war, dass die Anzahl der Kinder im Vergleich zu erwachsenen Individuen gering war. Ähnliche Angaben machten auch Rebay-Salisbury (2017a) sowie Rebay-Salisbury et al. (2018), welche in einzelnen Fällen Hinweise darauf fanden, dass eine erste Schwangerschaft bereits im Juvenis erfolgte.

Für subadulte Individuen, welche das reproduktive Alter noch nicht erreicht hatten, galt, dass diese als Nachkommen, nicht aber als Begründer einer Familiengruppe eingeordnet werden konnten. Individuen, welche im Infans I oder II verstorben sind, konnten somit nicht am Anfang der Genealogie positioniert werden, sondern markierten das Ende eines Familienzweigs.

Ein wichtiger Aspekt bei der Rekonstruktion der Genealogie war somit die Berücksichtigung des Individualalters, da hiermit Einschränkungen einhergehen konnten. In Fällen, in denen allein auf genetischer Basis verschiedene Verwandtschaftsverhältnisse möglich waren, konnte das Sterbealter hingegen als Hilfskriterium dienen.

3.4.4 Parsimonieprinzip

Anhand molekulargenetischer sowie demographischer Daten konnten die genealogischen Strukturen des Skelettkollektivs aus der Lichtensteinhöhle weitgehend rekonstruiert werden. Für einzelne Individuen kamen jedoch verschiedene Konstellationen in Frage. In solchen Fällen fand das Parsimonieprinzip Anwendung, nach welchem die Variante mit den wenigsten Zusatzannahmen präferiert wurde. So war es für zwei Individuen, für welche aufgrund ihres genetischen Fingerabdrucks und ihrer Haplotypen eine Mutter-Tochter-Konstellation infrage kam aus genetischer Sicht ebenso plausibel, dass es sich um Schwestern handelte. Auch ein Großmutter-Enkelin- oder Tante-Nichte-Verhältnis wäre denkbar, jedoch erforderten alle Hypothesen mindestens einen zusätzlichen Schritt, beziehungsweise mindestens ein zusätzliches Individuum in der Genealogie. Um derartige nicht belegbare Zwischenschritte in der Genealogie zu vermeiden, wurde in einem solchen Fall die nach dem Parsimonieprinzip präferierte Variante einer Mutter-Tochter-Verbindung angenommen.

3.4.5 Zeitliche Einordnung der Familiengruppen

Neben den genetischen Verbindungen, welche die Struktur der einzelnen Familiengruppen vorgaben, konnten auch archäologische Aspekte eine wichtige Rolle bei der Rekonstruktion der Genealogie spielen. So konnte die Lage der identifizierten Individuen oder bestimmter Skelettelemente innerhalb der Lichtensteinhöhle wichtige Hinweise darauf geben, zu welchem Zeitpunkt diese in der Höhle bestattet wurden. Im Fall einer Primärbestattung konnten demnach Individuen, welche zu Beginn der Höhlennutzung eingebracht wurden und somit früh verstorben sind, nicht am Ende der Genealogie stehen und vice versa. Wurden die identifizierten Individuen in der Lichtensteinhöhle sekundär bestattet, lag eine enge Korrelation zwischen Todeszeitpunkt und Einbringung der Knochen in die Höhle nicht zwangsläufig vor. Aufgrund vergleichbarer Dekompositionerscheinungen am Skelettmaterial, welche im Fall einer Sekundärbestattung vorrangig auf den Primärbestattungsplatz zurückzuführen sind, konnte dennoch angenommen werden, dass die Belegungsreihenfolge der Lichtensteinhöhle in gewissem Umfang die zeitliche Abfolge des Todes der Individuen widerspiegelte. Sofern durch die genetischen Daten keine zeitliche Einordnung von Familiengruppen bedingt wurde, erfolgte deren zeitliche Positionierung in der Genealogie somit auf Basis der Fundorte ihrer Mitglieder.

3.4.6 Genealogie versus Lebendbevölkerung

Die Rekonstruktion der genealogischen Struktur einer Gruppe von Individuen gibt in erster Linie Aufschluss über deren Verwandtschaftsbeziehungen und ermöglicht Einblicke in familiäre Strukturen wie die Geburtenzahl und Familiengröße. Eine Genealogie sagt hingegen vergleichsweise wenig über die Strukturen in der Bevölkerung zu einem konkreten Zeitpunkt aus. Um auch hierfür Anhaltspunkte zu erlangen, wurde aus der zuvor rekonstruierten Genealogie eine Darstellung der Lebendbevölkerung abgeleitet. Die Verwandtschaftsverhältnisse blieben hierbei unverändert, die Länge der vertikal verlaufenden Linie jedes Individuums wurde jedoch dahingehend angepasst, dass sie das Individualalter des Individuums widerspiegelt. Eine kurze "Lebenslinie" deutet demnach darauf hin, dass

das entsprechende Individuum früh verstorben ist, während eine längere Linie ein höheres Individualalter repräsentiert (vgl. Abb. 3.3).

Des Weiteren wurden Eltern und deren Kinder nicht wie in einer Genealogie untereinander positioniert, sondern so angeordnet, dass die Lebenslinien der Kinder parallel zu den Linien der Eltern verlaufen (Abb. 3.3). Zur Vereinheitlichung wurde davon ausgegangen, dass weibliche Individuen mit Erreichen der Altersklasse Adultas zum ersten Mal ein Kind zur Welt bringen. Darüber hinaus wurde angenommen, dass Eltern der gleichen Generation entstammen und somit etwa gleichaltrig sind. Zwar handelt es sich hierbei um Verallgemeinerungen, zur Veranschaulichung der Strukturen ist dies jedoch zweckmäßig und kann gegebenenfalls angepasst werden. Da die Geburtenreihenfolge der Kinder nicht rekonstruiert werden konnte, beginnen die Linien aller Kinder zum gleichen Zeitpunkt, was zu einer waagerechten Verbindungslinie zwischen Geschwistern führt. Bei der Interpretation der Darstellung ist jedoch zu beachten, dass die Verbindungslinie zwischen Geschwistern (außer bei Zwillingen) in der Realität eine Diagonale beschreibt.

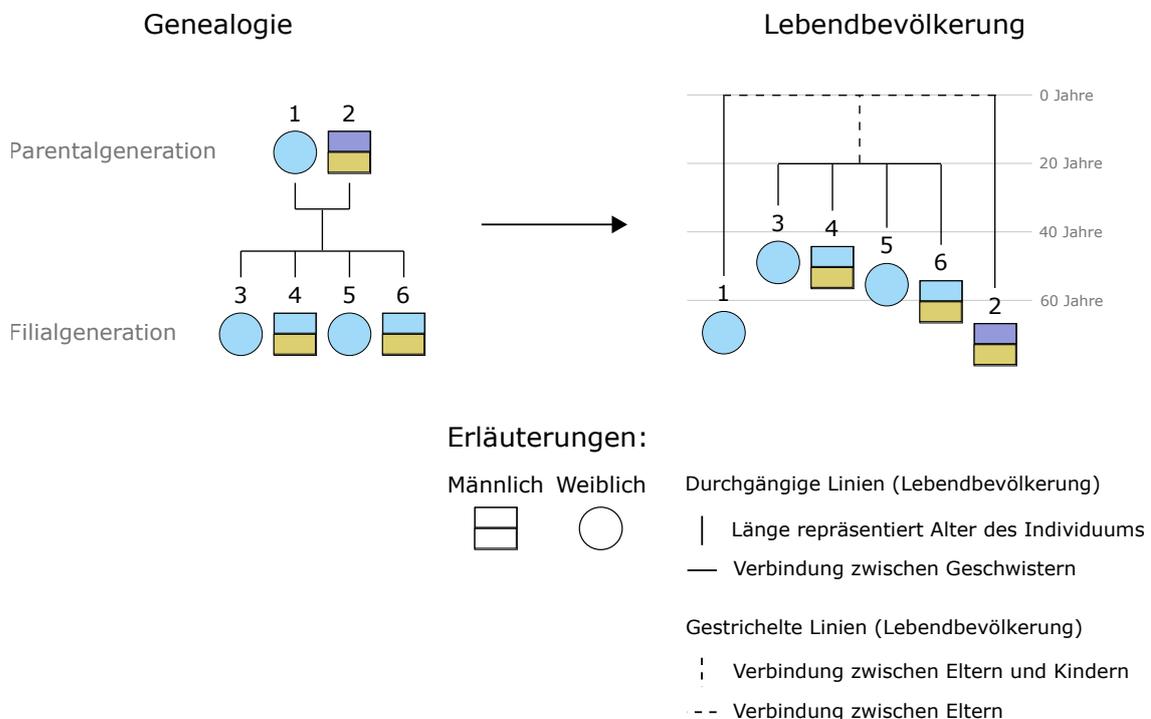


Abbildung 3.3: Vergleich der Darstellung einer Familiengruppe in der Genealogie (links) und der Lebendbevölkerung (rechts). Gleiche Farben repräsentieren gleiche Haplotypen.

Aus der abgewandelten Darstellung der statischen Genealogie wurde schließlich ersichtlich, welche Kinder bereits vor ihren Eltern oder in einem ähnlichen Zeitraum wie diese verstorben sind. Darüber hinaus war es möglich abzulesen, ob zu einem bestimmten Zeitpunkt alle Kinder einer Familie gleichzeitig gelebt haben können oder ob Individuen hierfür zu früh verstorben sind. Zwar spielen hierbei viele Variablen eine Rolle, die Darstellung der Lebendbevölkerung ermöglichte dennoch einen groben Einblick in die dynamischen Strukturen der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen.

3.5 Ableitungen zu Heiratsmustern und Residenzverhalten

Aus der Genealogie ließen sich neben den familiären Strukturen, wie der Anzahl der Nachkommen auch die Heiratsmuster der untersuchten Gruppe ableiten. So wurde ersichtlich, ob monogame Beziehungen vorherrschten oder ob andere Gemeinschaftsstrukturen vorlagen. Darüber hinaus konnte in Einzelfällen anhand der Rekonstruktion der Lebendbevölkerung abgeschätzt werden, in welchem Alter eine Frau zum ersten Mal Mutter geworden ist, was wiederum ein Hinweis auf den Zeitpunkt einer Heirat sein kann.

Einen weiteren Rückschluss ermöglichte die Genealogie auf das Residenzverhalten der betrachteten Individuen. Ausschlaggebend hierfür war die Diversität der männlichen und weiblichen Familienlinien, da hieraus hervorgeht, ob es sich um eine patri- oder matrilokale Gruppe handelte. Letztere zeichnet sich dadurch aus, dass die weiblichen Individuen der Gemeinschaft an ihrem Heimatort eigene Familien gründen, während die männlichen Individuen abwandern. Auf genetischer Ebene ist somit zu erwarten, dass die Diversität der mitochondrialen Familienlinien vergleichsweise gering ist, während durch den stetigen Zuzug von Männern aus anderen Regionen und Familiengruppen eine höhere Anzahl verschiedener Y-chromosomaler Haplotypen zu erwarten ist. Umgekehrt verhält es sich bei patrilokalen Gruppen, in denen weibliche Individuen von außerhalb an dem Wohnort des männlichen Partners sesshaft werden, was zu einer höheren Diversität mitochondrialer Haplotypen führt.

3.6 Populationsgenetische Einordnung

Das Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle stellt einen für die späte Bronzezeit außergewöhnlichen Fund dar, da in dieser Zeitstellung in Mitteleuropa Brandbestattungen die vorherrschende Art der Bestattung waren (vgl. Kapitel 1.1). Die Verbrennung von Verstorbenen führt dazu, dass die DNA in deren Geweben vollständig zerstört wird und eine DNA-Analyse somit nicht mehr möglich ist. Aus diesem Grund existieren kaum zeitstellungsgleiche Skelettserien und zugehörige genetische Daten aus einem vergleichbaren geographischen Kontext, weshalb ein direkter populationsgenetischer Vergleich nicht möglich war. Daten aus molekulargenetischen Untersuchungen an unverbranntem Skelettmaterial liegen jedoch für die angrenzenden Epochen vor. Die aus den molekulargenetischen Analysen an den Individuen der Lichtensteinhöhle gewonnenen Daten konnten somit in ein zeitliches Transekt eingliedert und hinsichtlich ihrer Diversität im Vergleich mit Populationen, beziehungsweise Individuen aus einem ähnlichen geographischen Kontext beurteilt werden. Hierzu wurden die mitochondrialen sowie Y-chromosomalen Haplotypen betrachtet, da diese uniparental vererbt werden und somit nicht von Rekombinationen betroffen sind. Veränderungen der entsprechenden DNA-Abschnitte und folglich der Haplotypen sind somit ausschließlich auf Mutationsereignisse zurückzuführen, weshalb sich uniparental vererbte Merkmalssysteme gut für populationsgenetische Studien eignen.

Grundsätzlich ist auch für die Allelverteilungen der autosomalen STRs sowie der übrigen analysierten Marker eine populationsgenetische Einordnung möglich. Jedoch liegen hierzu zum einen kaum Vergleichsdatensätze vor, zum anderen besteht die Gefahr, dass aufgrund der geringen Stichprobengröße sowie der zahlreichen Verwandtschaftsbeziehungen unter den in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen die ermittelten Allelfrequenzen

nicht repräsentativ für eine bronzezeitliche Population sind. Auf eine Beurteilung dieser Daten wurde daher verzichtet.

3.6.1 Mitochondriale Haplotypen

Zahlreiche Studien zur Untersuchung der hypervariablen Regionen sowie des gesamten mitochondrialen Genoms wurden bereits an historischem und prähistorischem Material durchgeführt (vgl. Kapitel 1.2). Es liegen Sequenzdatensätze vor, welche es ermöglichen, die Bevölkerungsgeschichte des europäischen Kontinents sowie die damit einhergehende Entwicklung der mitochondrialen Haplogruppen nachzuvollziehen. Die für die in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen ermittelten Sequenzen der mitochondrialen hypervariablen Regionen wurden mit diesen Daten verglichen und überprüft, ob sich die Gruppe in die Reihe der prähistorischen und historischen Funde eingliedern lässt.

3.6.2 Y-chromosomale Haplotypen

Die ermittelten Y-chromosomalen Haplotypen wurden, ebenso wie die mitochondrialen Haplotypen, in einen populationsgenetischen Kontext gebracht und die Diversität in der Lichtensteinhöhle mit den Daten anderer Bevölkerungsgruppen verglichen. Hierbei ist zu beachten, dass es sich bei den identifizierten Individuen um eine Gruppe verwandter Individuen handelte, was bei der Einordnung berücksichtigt werden musste.

Darüber hinaus ist die Bestimmung Y-chromosomaler Haplotypen sowohl auf Basis von SNPs als auch anhand Y-chromosomaler STRs möglich. Letztere wurden zu Beginn der Bearbeitung des Skelettkollektivs der Lichtensteinhöhle analysiert, weshalb diese Methode für die weiteren Untersuchungen beibehalten wurde. Aufgrund technischer Weiterentwicklungen wird in aktuellen Studien hingegen vermehrt auf die Analyse von SNPs zurückgegriffen, weshalb ein direkter Vergleich der Daten auf Sequenz- oder Allelebene nicht möglich war. Da das Auftreten bestimmter SNPs jedoch mit bestimmten Allelmustern korreliert und somit zu einem identischen Haplotyp führt (z.B. Athey (2005)), konnte eine qualitative Beurteilung der Daten erfolgen.

4 Höhlennutzung

Eine der ersten Fragen, welche sich zur Interpretation des Fundkomplexes stellte und aus anthropologischer sowie archäologischer Sicht gleichermaßen relevant war, bezog sich auf die Nutzung der Lichtensteinhöhle. Aufgrund der außergewöhnlichen Fundsituation des Skelettmaterials (vgl. Kapitel 1.3) war zunächst unklar, ob es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Primär- oder einen Sekundärbestattungsplatz handelte. Für die Beantwortung dieser Frage war eine enge interdisziplinäre Zusammenarbeit sowie die Verknüpfung des anthropologischen sowie archäologischen Methodenspektrums erforderlich. So waren Interpretationen zur Nutzung der Höhle nur möglich, wenn seitens der Archäologie eine detaillierte Dokumentation der Lage der einzelnen Skelettelemente sowie Informationen zur Stratigraphie vorlagen. Die Kombination dieser Daten mit der Identifikation der bestatteten Individuen durch anthropologische Untersuchungen ermöglichte es schließlich, Rückschlüsse auf die Art der Höhlennutzung zu ziehen und Überlegungen zum Belegungsmuster und der Belegungsreihenfolge anzustellen. Es ist zu beachten, dass die Untersuchungen zur Höhlennutzung sowie die übrigen anthropologischen Analysen des Skelettmaterials parallel erfolgten und sich mitunter gegenseitig bedingten. In den folgenden Unterkapiteln erfolgt daher zum Teil ein Vorgriff auf anthropologische Daten, welche erst in späteren Kapiteln erörtert werden.

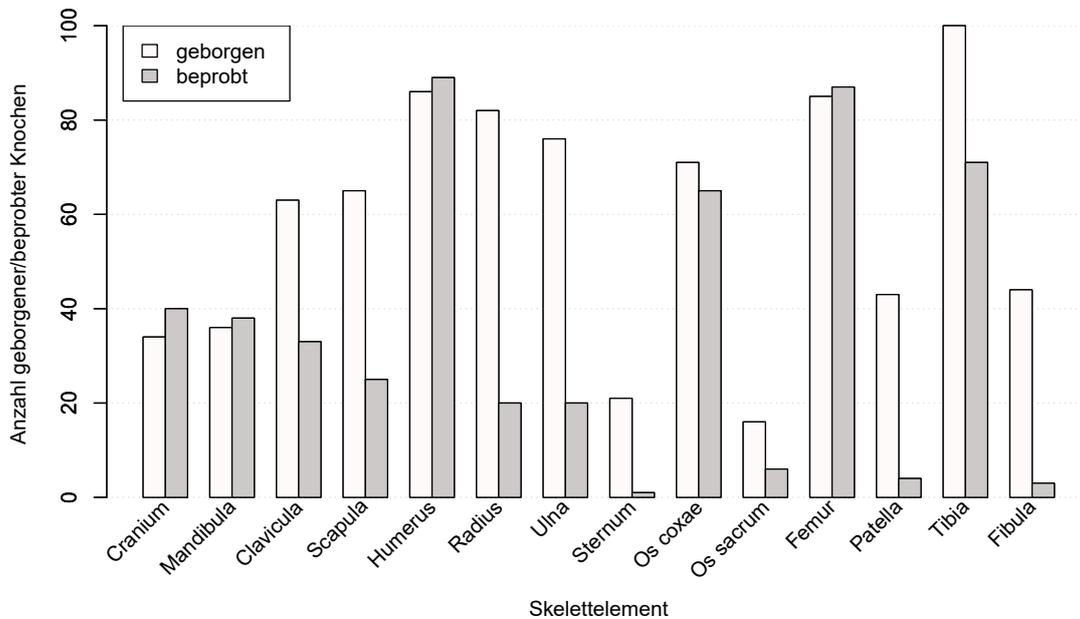
4.1 Mindestindividuenzahl

Die molekulargenetische Untersuchung von insgesamt 560 der aus der Lichtensteinhöhle geborgenen Skelettelemente ermöglichte es, 57 in der Höhle bestattete Individuen anhand ihres genetischen Fingerabdrucks nachzuweisen (Kapitel 5.1). Aufgrund der Fundsituation sowie der Tatsache, dass nicht alle 3810 Knochen² genetisch analysiert wurden, ist zu beachten, dass es sich hierbei um eine Mindestindividuenzahl handelt. Um jedoch die Differenz zwischen der Anzahl nachgewiesener und tatsächlich in der Höhle bestatteter Individuen möglichst niedrig zu halten, fand eine systematische Beprobung ausgewählter Skelettelemente statt. So wurden alle Crania und Mandibulae, alle Humeri, Femora sowie rechten Tibiae und ein Großteil der Beckenknochen molekulargenetisch untersucht. Von den übrigen größeren Skelettelementen, wie den Unterarmknochen, linken Tibiae, Claviculae oder Scapulae, wurden zwischen 24,4 und 52,4% der geborgenen Knochen beprobt. Tabelle 4.1 und Abbildung 4.1 zeigen die genaue Anzahl der jeweils untersuchten Skelettelemente, wobei in einigen Fällen mehr als 100% der vorhandenen Knochen als beprobt angegeben wurden. Grund hierfür ist die in Kapitel 4.2 beschriebene Zählung der Knochen, sodass in einzelnen Fällen Knochen untersucht wurden, welche nicht als eigenständiges Skelettelement in die Zählung eingegangen sind.

²Aufgrund des versetzten Redaktionsschlusses sind geringfügige Abweichungen zu den von Flindt (im Druck) angegebenen Zahlen möglich.

Tabelle 4.1: Anzahl geborgener sowie molekulargenetisch untersuchter Skelettelemente

Skelettelement	Geborgene Skelettelemente	Beprobte Skelettelemente	Anteil der beprobten Skelettelemente [%]
Cranium	34	40	117,6
Mandibula	36	38	105,6
Os hyoideum	7	0	0,0
Clavicula	63	33	52,4
Scapula	65	25	38,5
Humerus	86	89	103,5
Radius	82	20	24,4
Ulna	76	20	26,3
Os manus	971	6	0,6
Sternum	21	1	4,8
Costa	525	12	2,3
Vertebra	728	14	1,9
Os coxae	71	65	91,5
Os sacrum	16	6	37,5
Os coccygis	4	0	0,0
Femur	85	87	102,4
Patella	43	4	9,3
Tibia	100	71	71,0
Fibula	44	3	6,8
Os pedis	753	15	2,0
Knochen (ges.)	3810	549	14,4
Dens (isoliert)	379	11	2,9
Skelettelemente (ges.)	4189	560	13,4

**Abbildung 4.1:** Anzahl geborgener sowie molekulargenetisch untersuchter Skelettelemente (ohne Costae, Vertebrae, Ossa hyoidea, Ossa coccyges und Knochen der Autopodien)

Kleinere Knochen wie die der Autopodien sowie seriell im Körper vorhandene Skelettelemente (Costae und Vertebrae) wurden nur in Einzelfällen genetisch untersucht (0,6 bis 2,3%). Grund hierfür ist, dass die Typisierung großer und lediglich einmal (pro Körperhälfte) im Skelett vorhandener Knochen im Hinblick auf die Identifikation aller bestatteten Individuen am erfolversprechendsten ist, weil davon auszugehen ist, dass im Fall einer unvollständigen Einbringung der Skelettelemente eines Individuums in die Höhle eher die größeren Knochen vertreten sind (vgl. Kapitel 3.1.1). Eine systematische Beprobung eben dieser Knochen ermöglicht demnach am ehesten die Identifikation aller in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen. Um eine vergleichbare Aussagekraft hinsichtlich der Mindestindividuenzahl anhand kleiner und/oder mehrfach im Körper vorhandener Knochen erreichen zu können, müssten hingegen deutlich mehr Skelettelemente molekulargenetisch analysiert werden.

Unabhängig von der Anzahl der molekulargenetisch untersuchten Skelettelemente war die Degradierung der DNA ein limitierender Faktor bei der Ermittlung der Anzahl tatsächlich in der Lichtensteinhöhle bestatteter Individuen. War die DNA-Degradierung in den Knochen eines Individuums zu stark fortgeschritten, konnte kein genetisches Muster bestimmt und das entsprechende Individuum nicht identifiziert werden.

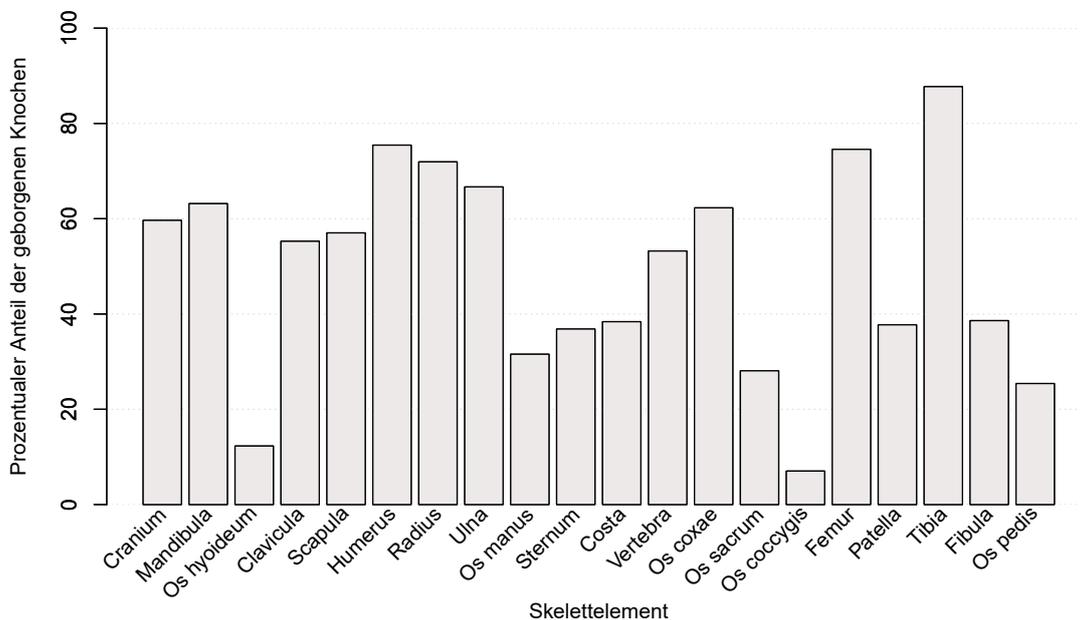
4.2 Art des Bestattungsplatzes

Für die Beantwortung der Frage nach einer Nutzung als Primär- oder Sekundärbestattungsplatz war es notwendig, alle Skelettelemente, welche sich in der Lichtensteinhöhle befanden zu bergen und zu bestimmen, um die Repräsentanz der einzelnen Skelettelemente beurteilen zu können. Tabelle 4.2 zeigt hierzu eine Gegenüberstellung der bei 57 Individuen erwarteten sowie der geborgenen Knochen, während der prozentuale Anteil der geborgenen Skelettelemente von den erwarteten Knochen in Abbildung 4.2 dargestellt wurde. Es ist zu beachten, dass es sich bei den Angaben um Mindestzahlen handelt. Grund hierfür ist, dass in der Höhle auch fragmentierte Knochen vorlagen, sodass für jedes dieser Fragmente entschieden werden musste, ob es einen eigenständigen Knochen repräsentiert oder ob es sich um ein Fragment eines anderen Knochens handelt. In letzterem Fall würde durch das Zählen beider Funde die Gesamtzahl der aus der Höhle geborgenen Knochen überschätzt.

Am Beispiel des Craniums geht aus Tabelle 4.2 sowie Abbildung 4.2 hervor, dass dieses Skelettelement mit einer Repräsentanz von knapp 60% im Vergleich mit anderen markanten Skelettelementen eher unterrepräsentiert zu sein scheint. Dies lässt sich jedoch durch die Art der Zählung der einzelnen Fragmente erklären, bei welcher das Vorhandensein des Margo orbitalis als Kriterium für die Zählung eines Fragments galt, da dieses das am häufigsten vorhandene, charakteristische Schädelmerkmal darstellte. So wurden aus der Lichtensteinhöhle insgesamt 103 Knochenfragmente geborgen, welche dem Cranium zugeordnet werden konnten. Jedoch wiesen lediglich 34 dieser Fragmente einen Margo orbitalis auf und wurden somit als eigenständiges Cranium gewertet. Der Nachteil dieser Vorgehensweise liegt darin, dass hierdurch die Zahl einiger Skelettelemente gegebenenfalls unterschätzt wird. Insbesondere am Beispiel des Craniums wird jedoch deutlich, dass eine Zählung aller Fragmente zu einem ungleich höheren Fehler bei der Einschätzung der Anzahl eingebrachter Knochen geführt hätte.

Tabelle 4.2: Gegenüberstellung erwarteter sowie geborgener Skelettelemente

Skelettelement	erwartete Anzahl		Geborgene Skelettelemente	Anteil der geborgenen Skelettelemente [%]
	pro Ind.	bei 57 Ind.		
Cranium	1	57	34	59,6
Mandibula	1	57	36	63,2
Os hyoideum	1	57	7	12,3
Clavicula	2	114	63	55,3
Scapula	2	114	65	57,0
Humerus	2	114	86	75,4
Radius	2	114	82	71,9
Ulna	2	114	76	66,7
Os manus	54	3078	971	31,5
Sternum	1	57	21	36,8
Costa	24	1368	525	38,4
Vertebra	24	1368	728	53,2
Os coxae	2	114	71	62,3
Os sacrum	1	57	16	28,1
Os coccygis	1	57	4	7,0
Femur	2	114	85	74,6
Patella	2	114	43	37,7
Tibia	2	114	100	87,7
Fibula	2	114	44	38,6
Os pedis	52	2964	753	25,4
Knochen (ges.)	180	10260	3810	37,1

**Abbildung 4.2:** Anteil der geborgenen Knochen von den erwarteten Skelettelementen

Gleiches gilt für die Knochen subadulter Individuen, welche in Abhängigkeit des Sterbealters in mehreren Abschnitten vorliegen. Entsprechend musste auch hier eine Vorgehensweise festgelegt werden, um eine möglichst genaue Annäherung an die Anzahl der tatsächlich eingebrachten Knochen zu erreichen. So wurden Epi- und Apophysen bei der Zählung nicht berücksichtigt. Ebenfalls nicht gezählt wurden die einzelnen Fragmente des

Sacrums, welche bei subadulten Individuen noch nicht verwachsen sind, weshalb hier keine sichere Zuordnung der zu einem Individuum gehörenden Abschnitte eines Knochens stattfinden konnte. Auch für dieses Skelettelement ist die angegebene Gesamtzahl somit eher zu niedrig angesetzt, eine alternative Zählung hätte jedoch auch hier eine Überschätzung der Anzahl zur Folge gehabt.

Aus Tabelle 4.2 geht hervor, dass aus der Lichtensteinhöhle insgesamt 3810 Knochen geborgen wurden. Bei 180 Knochen, aus denen das menschliche Skelett besteht (Gehörknochen, einzelne Knochen des Craniums und Sesambeine wurden nicht gezählt) sowie einer Mindestindividuenzahl von 57 in der Höhle bestatteten und genetisch nachgewiesenen Individuen wären jedoch 10260 Knochen zu erwarten gewesen. Eine Erklärung für diese Differenz ist, dass nicht alle Knochen der Individuen in die Lichtensteinhöhle eingebracht wurden, was für eine Sekundärbestattung spricht. Alternativ ist es möglich, dass Knochen wieder aus der Höhle entfernt wurden, nachdem die Individuen dort primär bestattet wurden. Letzteres ist sowohl durch Tiere als auch durch Menschen (z.B. Raubgräber) denkbar, wobei bei der Entnahme von Skelettelementen durch Menschen eine gewisse Systematik (beispielsweise nur Crania) zu erwarten wäre. Eine Verschleppung der Knochen durch (Wild-)Tiere ist ebenfalls unwahrscheinlich. Sollte es zu postmortalem Tierfraß gekommen sein, wären auch an den noch vorhandenen Knochen Bissspuren zu erwarten, das vorhandene Skelettmaterial weist jedoch keine solchen Spuren auf. Ein nachträgliches Entfernen der fehlenden 6450 Knochen aus der Lichtensteinhöhle ist deshalb weitgehend auszuschließen.

Es erscheint somit wahrscheinlich, dass es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Sekundärbestattungsplatz handelt und von vornherein nicht alle Knochen der 57 Individuen in die Höhle gelangt sind. Eine solche Situation ließe sich dadurch erklären, dass zum einen bei der Exhumierung am Primärbestattungsplatz nicht alle Knochen eines Individuums entnommen wurden, zum anderen können während des Transports vom Primärbestattungsplatz zur Lichtensteinhöhle einzelne kleinere Knochen verloren gegangen sein. Da es sich bei den fehlenden Knochen insbesondere um kleinere Elemente wie die der Autopodien (Repräsentanz von 31,5%, bzw. 25,4%) sowie die Ossa hyoidea und Ossa coccyges (Repräsentanz von 12,3% und 7%) handelt (vgl. Tab. 4.2) ist gut vorstellbar, dass diese bei der Exhumierung übersehen, beziehungsweise nicht erkannt wurden.

Einen sicheren Hinweis auf eine Sekundärbestattung liefern die Knochen aus dem Jenschluf. Aus diesem Höhlenabschnitt wurden 92 Knochen geborgen, was im Vergleich zu der bei zwei genetisch nachgewiesenen Individuen (F31 und M21) zu erwartenden Anzahl von 360 Knochen jedoch eine zu geringe Zahl ist. Da der Jenschluf direkt zu Beginn der Höhlennutzung belegt und anschließend teilweise verfüllt wurde (Flindt & Hummel 2021), ist hier sicher auszuschließen, dass nachträglich Skelettelemente eingebracht oder entfernt wurden. Im Fall der Individuen F31 und M21 kann somit gesichert angenommen werden, dass nicht alle Skelettelemente in die Lichtensteinhöhle eingebracht wurden und es sich somit um eine Sekundärbestattung handeln muss, bei welcher der anatomische Verbund am Primärbestattungsplatz bereits weitgehend aufgelöst war.

Es deutet somit alles darauf hin, dass die Verstorbenen zunächst an einem Primärbestattungsplatz beigesetzt und später exhumiert und in die Lichtensteinhöhle eingebracht

wurden. Die Verweildauer am Primärbestattungsplatz muss hierbei ausreichend lang gewesen sein, um (bis auf wenige Ausnahmen von eingebrachten Teilskeletten) den anatomischen Verbund aufzulösen. Eine Analyse des Bodens am Primärbestattungsplatz könnte Erkenntnisse darüber liefern, wie lange die Verstorbenen an diesem Platz bestattet gewesen sein müssen und somit die zeitliche Abfolge der Primärbestattung, Exhumierung und Einbringung in die Lichtensteinhöhle präzisieren. Bislang liegen jedoch keine Hinweise auf den Primärbestattungsplatz vor. Zwar wurde hiernach in der Vergangenheit an verschiedenen Stellen gesucht, es liegen jedoch bisher keine passenden Funde vor, welche eine abschließende Beurteilung des Fundkomplexes der Lichtensteinhöhle zulassen.

Über den Grund der Exhumierung und Sekundärbestattung der Individuen lässt sich ohne Kenntnis des Primärbestattungsplatzes lediglich spekulieren. Ein mögliches Motiv könnte ein Platzmangel auf dem Primärbestattungsplatz gewesen sein, sodass nach und nach Gräber aufgelassen wurden, um Platz für neue Bestattungen zu erhalten. Weitere Erklärungsansätze könnten spiritueller Natur sein oder die Einbringung in die Höhle stellte eine Art Totenehrung dar. So gibt Larsson (2003) an, dass das Bestattungsritual in einigen Kulturen erst nach einer zweiten Zeremonie abgeschlossen werden konnte, während Kuijt (1996) die Sekundärbestattung als eine gemeinschaftliche Ehrung der Verstorbenen beschreibt. In jedem Fall schien es für die Bestattenden nicht essenziell zu sein, die verstorbenen Individuen vollständig in der Lichtensteinhöhle wiederzubestatten, wie die fehlenden Knochen zeigen.

4.3 Belegungsmuster

Neben der Besonderheit, dass in der spätbronzezeitlichen Lichtensteinhöhle unverbranntes Skelettmaterial zu finden war, warf die Fundsituation der zunächst weitgehend wahllos verteilt erscheinenden Skelettelemente weitere Fragen auf. Bis auf wenige Ausnahmen bestand kein anatomischer Verbund zwischen den Skelettelementen, sodass die Zusammengehörigkeit der einzelnen Knochen und somit die Identifikation und Interpretation eines Streuungsmusters fast ausschließlich durch genetische Analysen möglich war.

Darüber hinaus galt es zu überprüfen, ob bei der Belegung der verschiedenen Höhlenabschnitte ein System verfolgt wurde. So ist vorstellbar, dass verwandte Individuen nah beieinander abgelegt wurden oder die Individuen in Abhängigkeit ihrer Familien- oder Statuszugehörigkeit in verschiedenen Räumen wiederbestattet wurden (z.B. Herrmann et al. (1990), Mittnik et al. (2019), Žegarac et al. (2021)). Ebenfalls möglich wäre eine Trennung von Kindern und Erwachsenen oder eine Unterscheidung zwischen männlichen und weiblichen Individuen.

Das Streuungsmuster der einzelnen Skelettelemente konnte auf Basis der Zuordnung einzelner Knochen zu Individuen mittels der erfolgreichen molekulargenetischen Untersuchung von 425 Skelettelementen beurteilt werden. Die Analyse ergab, dass die Knochen eines Individuums in der Regel nah beieinander lagen, wie Abbildung 4.3 am Beispiel des Individuums M1 zeigt. Die Knochen eines Individuums wurden demnach im Zuge der Wiederbestattung zwar nicht in anatomisch korrekter Lage, jedoch in einer gewissen Nähe zueinander in der Höhle deponiert.

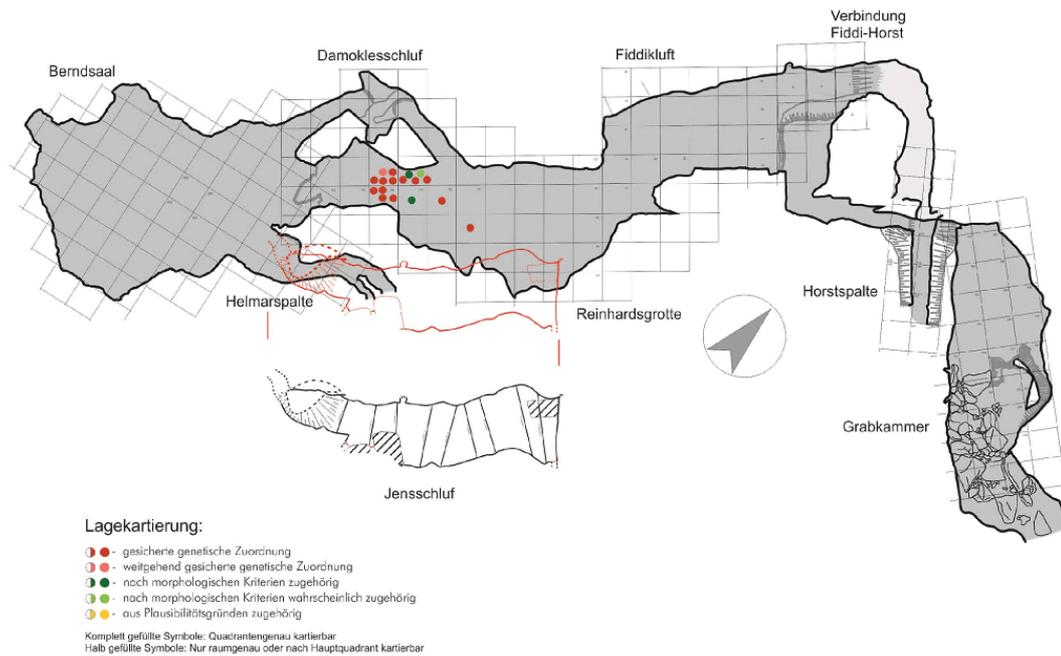


Abbildung 4.3: Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M1
 rot & rosa = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 Die Kantenlänge der eingezeichneten Quadranten beträgt 50cm
 Abbildung: Flindt (im Druck) (Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie))

Die Streuung der Knochen variierte hierbei in der Regel zwischen einer Entfernung von einigen Zentimetern bis wenigen Metern (vgl. Flindt (im Druck)), wobei die Knochen eines Individuums entweder in einem Raum der Höhle oder in zwei benachbarten Höhlenabschnitten nachgewiesen wurden. Ausnahmen stellen lediglich die Individuen F13, M5 und M21 dar, von denen jeweils ein Knochen weiter entfernt von den übrigen Skelettelementen des Individuums geborgen wurde.

F13 wurden 12 Knochen zugeordnet, welche sich bis auf die linke Scapula in der Reinhardsgrotte befanden (vgl. Abb. 4.4). Die linke Scapula des Individuums wurde aus dem Jenschluf geborgen, wo sich sonst ausschließlich die Knochen der erwachsenen Frau F31 sowie die des Kindes M21 befanden. Eine plausible Erklärung hierfür ist eine versehentliche Mitnahme der Scapula von F13 im Rahmen der Exhumierung von F31, was jedoch voraussetzt, dass die beiden Individuen am Primärbestattungsort nah beieinander, beziehungsweise übereinander bestattet waren. Eine solch dichte Belegung des Primärbestattungsortes könnte wiederum ein Hinweis darauf sein, dass die Individuen aufgrund von Platzmangel am Primärbestattungsort exhumiert wurden. Alternativ ist denkbar, dass beide Frauen zeitgleich am Primärbestattungsort exhumiert und ihre Knochen in die Lichtensteinhöhle eingebracht wurden, wobei es zu einer versehentlichen Vermischung gekommen sein kann.

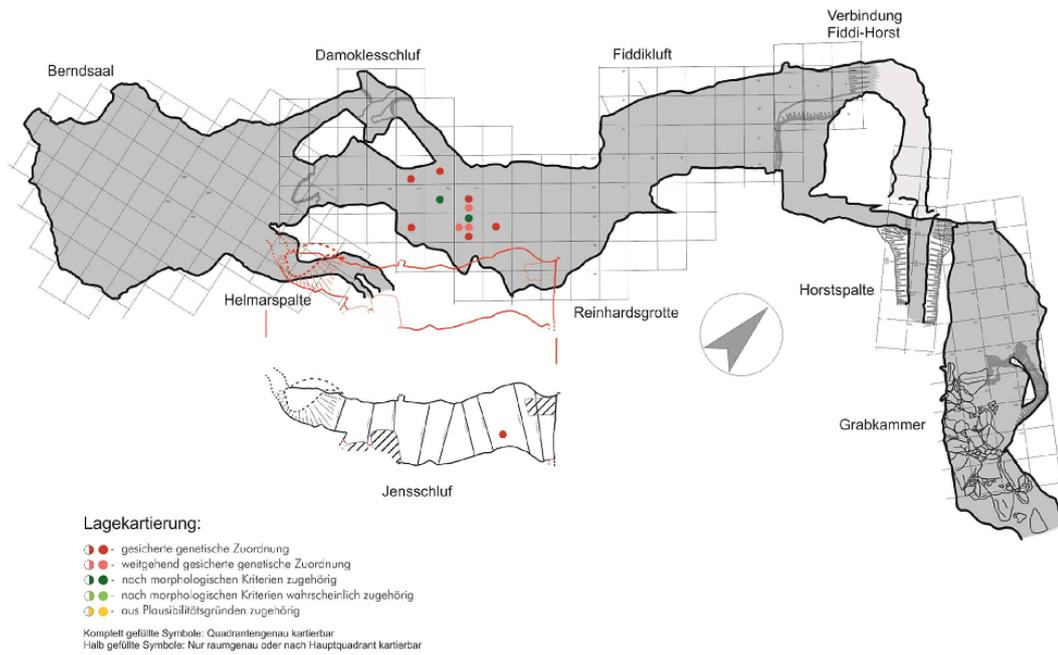


Abbildung 4.4: Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums F13
 rot & rosa = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 Die Kantenlänge der eingezeichneten Quadranten beträgt 50cm
 Abbildung: Flindt (im Druck) (Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie))

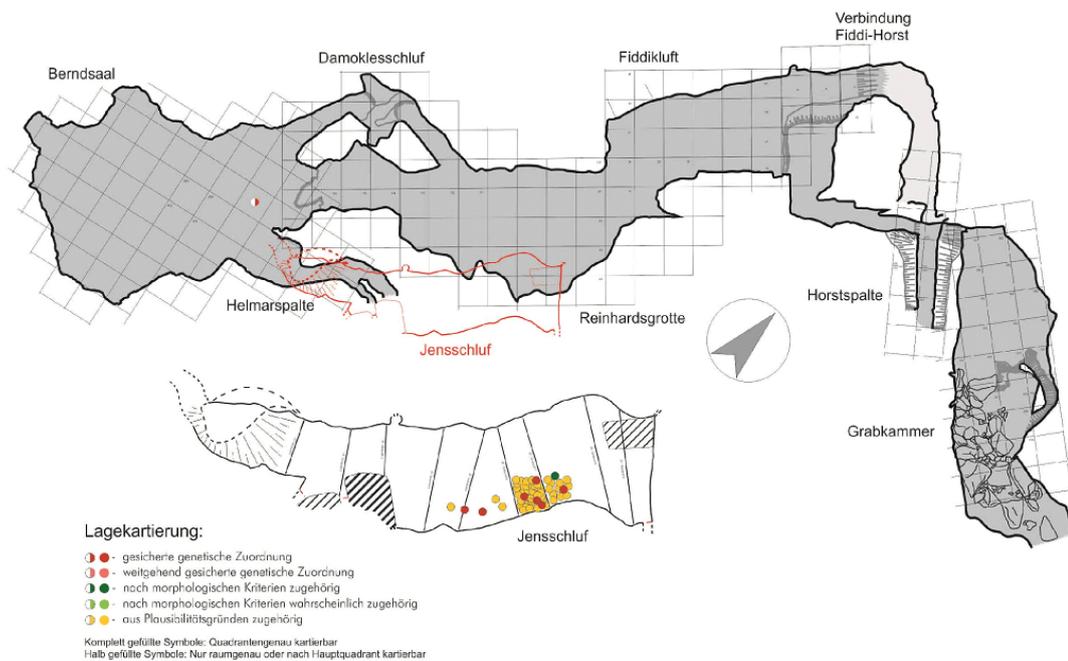


Abbildung 4.5: Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M21
 rot & rosa = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet;
 gelb = aufgrund der Lage im Jenschluf nach Plausibilität zugeordnet
 Die Kantenlänge der eingezeichneten Quadranten beträgt 50cm
 Abbildung: Flindt (im Druck) (Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie))

Auf vergleichbare Art lässt sich erklären, dass die rechte Ulna des sonst vollständig im Jensschluf wiederbestatteten Individuums M21 im Berndsaal geborgen wurde (vgl. Abb. 4.5). Auch hier ist denkbar, dass sich am Primärbestattungsplatz das Grab von M21 in unmittelbarer Nähe zu dem eines im Berndsaal bestatteten Individuums befand und die Ulna erst während dessen Exhumierung in die Lichtensteinhöhle gelangte. In jedem Fall muss der anatomische Verbund der Individuen F13 und M21 zum Zeitpunkt der Einbringung in die Höhle bereits aufgelöst gewesen sein, sodass die Verteilung der Skelettelemente einen weiteren Beweis dafür liefert, dass es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Sekundärbestattungsplatz handelte.

Die große Distanz zwischen dem Cranium des Individuums M5 und dessen restlichen Skelettelementen (vgl. Abb. 4.6) ist im Gegensatz zu den beiden vorherigen Fällen eher nicht auf ein Artefakt durch die Exhumierung und Wiederbestattung zurückzuführen. Wahrscheinlicher erscheint hier die Erklärung, dass die in die Höhle eingedrungen Raubgräber (vgl. Kapitel 1.3) den Schädel verlagert haben. Ob dies intentional geschah oder unbeabsichtigt im Zuge des Einbruchs, kann nicht bestimmt werden. Da von den Raubgräbern jedoch mehrere Schädel aus der Höhle entwendet wurden, ist nicht auszuschließen, dass auch das Cranium des Individuums M5 ursprünglich entwendet werden sollte, schließlich aber doch in der Lichtensteinhöhle belassen wurde (Flindt im Druck).

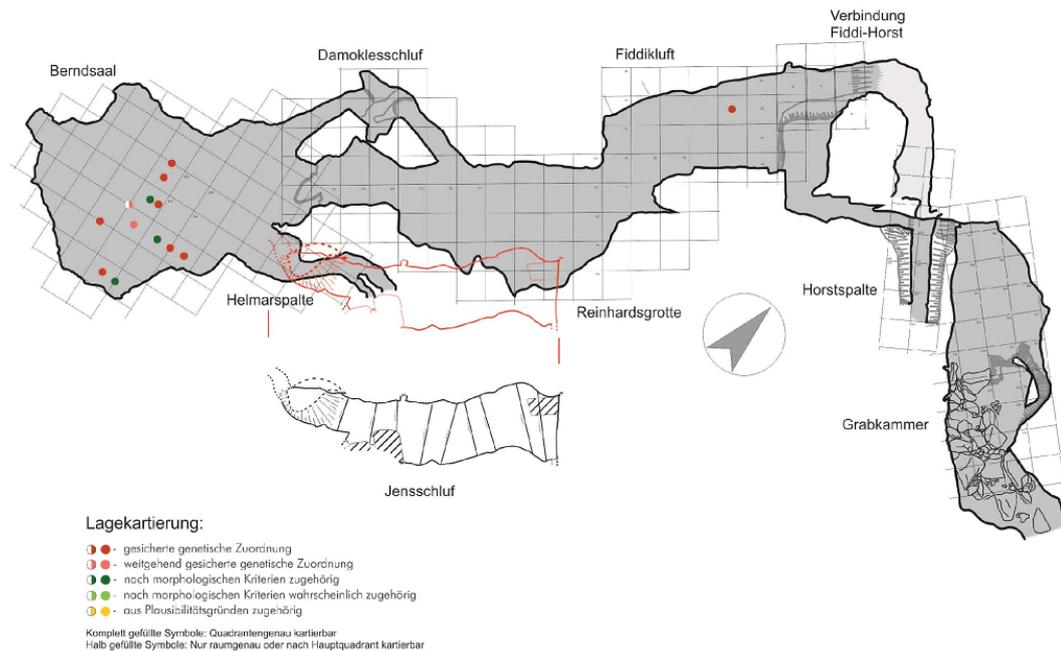


Abbildung 4.6: Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M5

rot & rosa = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Die Kantenlänge der eingezeichneten Quadranten beträgt 50cm

Abbildung: Flindt (im Druck) (Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie))

Die Position der Individuen in der Höhle wurde in Hinblick auf eine mögliche Gruppierung von Individuen sowie die Belegungsreihenfolge untersucht. Abbildung 4.7 zeigt die in Kapitel 7.1.1 ausführlich beschriebene Lebendbevölkerung, wobei die Individuen entsprechend ihrer Lage in der Höhle farblich gekennzeichnet wurden.

Es zeigt sich, dass Gruppe A nahezu vollständig im Berndsaal wiederbestattet wurde, für welchen archäologisch belegt ist, dass er zunächst für zeremonielle Handlungen genutzt und erst am Ende der Höhlennutzung auch für Bestattungen verwendet wurde (Flindt & Hummel 2021). Die zeitliche Einordnung der Gruppe A in der Genealogie erfolgte daher in den späteren Generationen, wobei angenommen wurde, dass die Belegungsreihenfolge der Lichtensteinhöhle der Sterbereihenfolge der Individuen entsprach. Eine solche Korrelation kann zwar nicht belegt werden, da im Zuge der Exhumierung und Sekundärbestattung nicht zwangsläufig die Sterbereihenfolge berücksichtigt wurde, jedoch handelt es sich grundsätzlich um eine plausible Annahme. Eine Ausnahme hiervon können diejenigen Individuen darstellen, für welche Teilskelette geborgen wurden. Hier kann der anatomische Verbund noch nicht vollständig aufgelöst gewesen sein, als die Individuen in die Höhle eingebracht wurden, was für eine vergleichsweise frühe Exhumierung spricht. Einen Hinweis auf die Reihenfolge der Exhumierungen gibt dieser Umstand jedoch nicht.

Für die übrigen Individuen, beziehungsweise Untergruppen der Genealogie ist kein konkretes Belegungsmuster erkennbar, weshalb hier keine weiteren Rückschlüsse hinsichtlich der Belegung der Höhle möglich sind. So wurden die Mitglieder der bestatteten Gruppe weder nach ihrer Familienzugehörigkeit in verschiedenen Räumen bestattet, noch fand eine Unterteilung nach Alters- oder Geschlechtergruppen statt, wie aus Abbildung 4.7 hervorgeht.

Es zeigt sich, dass in der Genealogie nicht angebundene Individuen in allen Räumen der Lichtensteinhöhle nachgewiesen wurden. Sofern diese Individuen eine Sonderstellung in der Gruppe eingenommen haben (vgl. Kapitel 7.1.3), war dies bei der Wiederbestattung offenbar nicht relevant für ihre Positionierung in der Höhle.

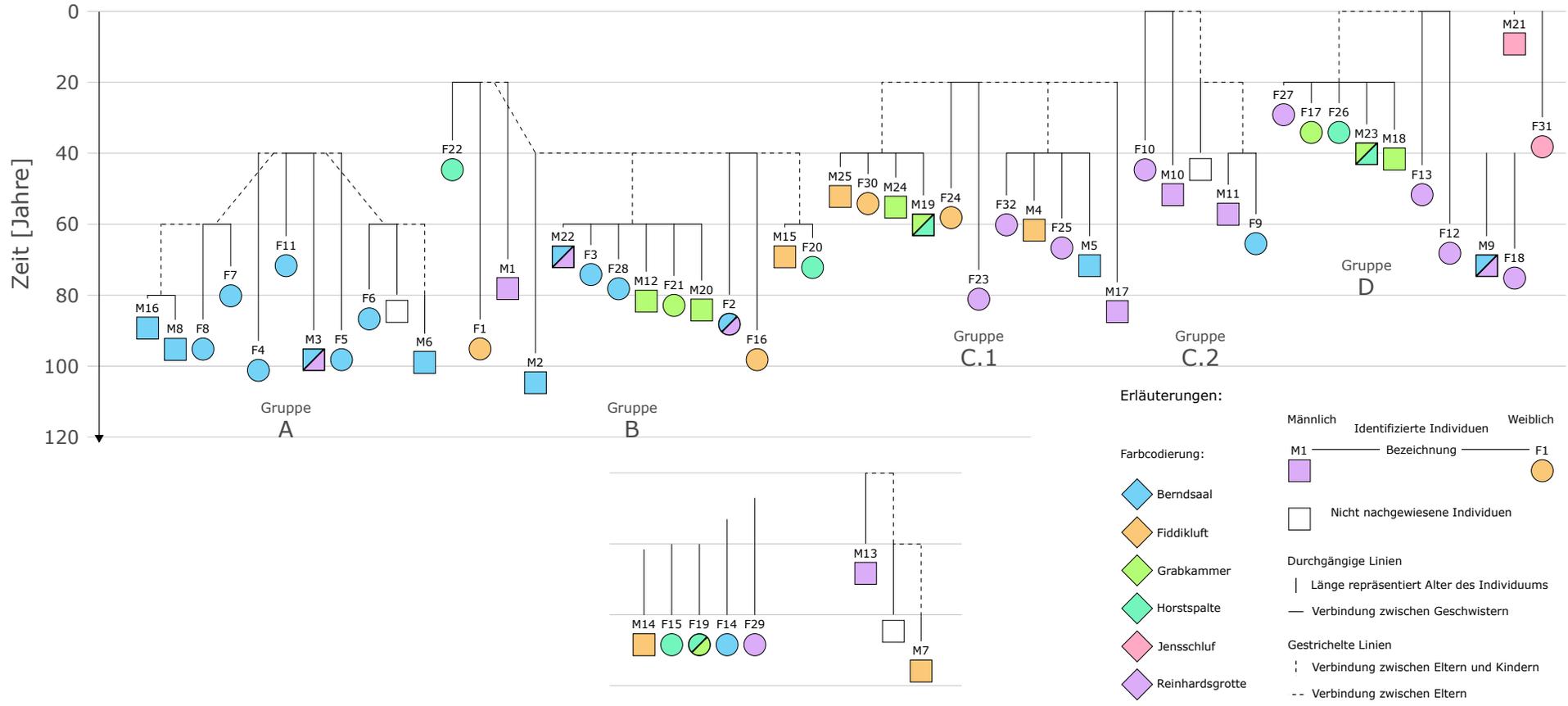


Abbildung 4.7: Darstellung der Lebendbevölkerung der bestatteten Individuen nach deren Position in der Höhle
 Individuen, deren Knochen gleichmäßig in verschiedenen Höhlenabschnitten verteilt aufgefunden wurden, sind zweifarbig dargestellt

5 Bestattete Individuen und deren Charakteristika

Seit der Entdeckung der Lichtensteinhöhle im Jahr 1980 und der ab Mitte der 1990er Jahre sukzessiv erfolgten Ausgrabungen wurden umfangreiche anthropologische Untersuchungen des Skelettkollektivs durchgeführt, welche zahlreiche morphologische sowie genetische Analysen umfassten. Die Zusammenführung aller Ergebnisse ermöglichte es, die in der Höhle bestatteten Individuen zu identifizieren und ihnen die einzeln geborgenen Skelettelemente zuzuordnen. Darüber hinaus wurden die Individuen anhand ihrer biologischen Basisdaten näher charakterisiert.

5.1 Typisierungen autosomaler STRs

Die Identifikation der Individuen basierte auf den Typisierungen autosomaler STRs und den daraus resultierenden genetischen Fingerabdrücken. Anhand ihrer individuellen genetischen Muster konnten auf diese Weise 57 in der Lichtensteinhöhle bestattete Individuen nachgewiesen werden, deren genetische Fingerabdrücke in Tabelle 5.1 aufgeführt sind. Untersucht wurden insgesamt vierzehn autosomale STR-Systeme sowie das Amelogenin-Gen, welche durch zwei multiplex-PCRs abgedeckt wurden. Die heptaplex-PCR umfasste die STR-Marker D5S818, D13S317, D18S51, D21S11, FGA, TH01 sowie das Amelogenin-Gen, während die dekaplex-PCR ebenfalls das Amelogenin-Gen und die Systeme D2S1338, D3S1358, D7S820, D8S1179, D9S1120, D16S539, D19S433, D21S11 und VWA amplifizierte. Der hochpolymorphe Marker D21S11 wurde hierbei in beiden PCRs analysiert, sodass er als Kontrollinstrument dienen konnte. Die Anordnung der untersuchten Systeme in Tabelle 5.1 erfolgte zunächst nach Zugehörigkeit zu den beiden verwendeten multiplex-PCRs und innerhalb der beiden Gruppen nach Name. Es ist zu beachten, dass die heptaplex-PCR deutlich häufiger durchgeführt wurde, weshalb die angegebenen Daten auf einer größeren Menge von Einzelergebnissen basieren und somit weniger nichtreproduzierte Allelbestimmungen aufweisen. Unvollständige Ergebnisse in der dekaplex-PCR sind daher darauf zurückzuführen, dass in Fällen von nur wenig vorhandenem Skelettmaterial oder stärkerer DNA-Degradierung auf eine erschöpfende Analyse der zusätzlichen STR-Systeme verzichtet wurde, um möglichst wenig Probenmaterial zu verbrauchen. Dies war möglich, da die Analysen in erster Linie der Identifikation und Verwandtschaftsrekonstruktion der Individuen dienen sollten, wofür in den meisten Fällen bereits die Allelbestimmungen der heptaplex-PCR ausreichend waren.

Wurde ein identisches genetisches Muster in mehreren Skelettelementen nachgewiesen, konnten diese dem selben Individuum zugeordnet werden. Auf diese Weise fand gleichzeitig eine Reproduktion der Ergebnisse des entsprechenden Individuums aus unabhängigen Extrakten statt, wie es zur Sicherstellung der Authentizität molekulargenetischer Daten, insbesondere von aDNA, der Fall sein sollte (z.B. Hummel (2003)). Die Herstellung mehrerer DNA-Extrakte aus einem Skelettelement war somit lediglich dann zwingend erforderlich, wenn ein Individuum nur durch ein einzelnes Skelettelement repräsentiert wurde.

Tabelle 5.1: Genetische Fingerabdrücke der identifizierten Individuen

Individuum	D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01	D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
F1	9/11	11/13	12/18	28/29	20/21	7/9.3	(17)/-	16/-	9/12	8/15	15/16	12/13	13/-	16/-
F2	11/12	11/12	12/15	28/30	20/21	6/9.3	19/25	16/18	10/13	13/14	16/17	11/-	13/14.2	17/18
F3	9/11	11/-	14/15	30/33.2	20/21	7/9.3	17/19	15/16	7/10	13/15	16/-	11/13	13/-	16/17
F4	12/-	8/11	14/15	29/30	20/25	6/8	16/26	15/18	10/12	11/15	16/18	12/13	13/14	14/17
F5	12/-	16/-	8/9	28/29	21/23	9/9.3	24/25	18/-	10/-	12/15	15/16	12/13	13/14	17/19
F6	11/12	9/12	16/17	29/32.2	21/23	9/9.3	19/25	16/18	8/10	12/13	15/17	12/13	14/-	17/-
F7	12/-	8/12	15/17	29/32.2	22/25	8/9.3	19/(25)/(26)	15/16	8/10	11/13	16/17	12/13	14/-	17/-
F8	12/-	8/12	15/17	30/30.2	21/25	6/9.3	19/26	18/-	10/11	11/13	16/17	12/-	14/15	14/17
F9	10/13	8/10	12/15	29/32.2	24/-	9.3/-	20/24	14/16	9/10	(11)/13	15/17	11/12	13.2/15	13/14
F10	9/12	9/13	16/17	28/30.2	22/24	6/9.3	20/23	15/16	8/12	13/15	13/15	9/12	12/13	16/-
F11	11/12	11/12	13/17	27/30	21/23	6/7	(17)/25	15/16	8/11	10/14	17/-	11/12	14/16.2	17/-
F12	9/12	11/12	16/17	29/33.2	21/-	9.3/-	19/21	16/-	11/12	13/-	16/-	11/12	15/-	14/17
F13	9/12	11/12	13/-	27/-	21/-	9.3/-	16/19	16/-	8/11	13/-	16/-	(11)/12	15/-	15/17
F14	11/12	12/13	12/15	28/30	23/24	6/9.3	18/25	14/16	12/-	11/14	15/-	10/13	13/15	14/15
F15	11/12	11/12	13/15	28/30	22/24	7/9.3	17/20	15/16	10/11	13/14	16/-	8/11	13/14	14/15
F16	12/-	8/12	15/16	30/33.2	21/-	9/9.3	16/24	16/18	10/14	12/13	14/18	12/14	13/14	15/18
F17	10/12	11/12	13/14	27/30.2	20/21	9.3/-	-/-	16/-	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(14)/(15)/16
F18	10/12	10/11	14/16	29/(30.2)	19/24	7/9	22/24	15/16	11/-	14/15	16/(17)	11/12	14/-	14/17
F19	10/12	10/11	14/15	30.2/31	20/24	9/-	23/25	15/17	10/11	12/14	14/16	12/13	14/15	14/18
F20	12/-	8/11	16/18	30/30.2	21/-	7/9.3	16/17	15/16	(7)/-	(12)/-	14/15	12/13	14/15	16/18
F21	10/12	11/12	12/18	30/33.2	20/21	6/9.3	17/25	16/-	9/13	13/15	16/17	11/13	13/-	16/17
F22	12/-	11/13	18/20	28/29	20/21	9/9.3	25/-	15/16	10/12	(8)/-	16/18	11/12	15/16.2	(15)/(16)
F23	11/-	12/14	16/19	29/30	20/-	7/9.3	24/-	15/16	11/13	14/-	16/17	12/13	14/15	17/19
F24	11/-	8/-	14/17	29/30	21/24	6/9.3	17/20	15/16	9/12	8/-	15/16	12/-	13/15	17/18
F25	11/12	8/12	14/16	28/29	20/25	9.3/-	(23)/(24)	15/16	10/(11)	13/(14)	16/-	12/-	14/15.2	17/(18)
F26	10/12	11/12	13/14	27/30.2	20/21	9.3/-	18/19	16/-	9/11	-/-	15/(16)	12/-	13/15	(15)/(20)
F27	9/10	11/13	13/18	27/28	21/25	9.3/-	(16)/-	16/-	8/9	-/-	16/-	12/-	13/15	(17)/-
F28	9/11	11/12	12/14	28/29	21/-	9.3/-	17/25	16/-	7/10	14/15	16/17	11/-	13/14.2	16/18
F29	11/13	12/14	12/14	29/(30)/(32.2)	22/23	6/9.3	-/-	14/-	(10)/-	13/15	-/-	(9)/-	(14)/15	14/-
F30	10/11	8/13	17/20	28/30	21/24	6/9.3	17/20	16/17	12/-	8/12	15/16	12/-	15/-	16/17
F31	11/12	12/13	14/15	(27)/28	20/22	7/9.3	20/25	16/18	10/11	12/13	13/16	9/12	14/18.2	17/18
F32	11/12	8/12	14/16	28/30	20/23	9.3/-	23/24	15/-	11/12	10/14	16/17	12/13	13/14	18/19
M1	10/12	11/13	14/20	30.2/33.2	21/25	9.3/-	(17)/18	15/17	7/8	12/13	16/-	11/12	13/15	15/16
M2	9/10	11/-	14/18	29/33.2	20/21	7/9.3	17/-	15/16	7/9	12/15	16/-	11/13	13/-	16/-
M3	11/12	12/-	15/17	30.2/32.2	21/22	9.3/-	18/19	16/18	8/11	13/-	16/(17)	12/13	14/15	17/19
M4	11/12	12/13	14/19	28/29	20/25	9.3/-	23/24	15/17	11/12	10/14	16/17	12/13	13/14	16/17
M5	11/13	8/14	15/19	28/30	20/25	7/9.3	16/24	15/17	10/13	10/14	16/-	12/13	13/15	16/19
M6	10/13	12/13	16/18	29/30.2	21/24	7/9	17/19	16/-	9/-	10/12	15/-	12/14	13/16.2	17/18
M7	12/-	8/12	13/18	29/30	24/25	6/8	-/-	14/15	10/11	10/11	16/(17)	11/(13)	13/14	17/18
M8	10/12	10/12	12/17	24.2/30.2	21/25	6/9.3	-/-	17/18	9/11	10/11	(17)/-	(11)/(12)	14/-	17/18
M9	12/-	11/14	12/14	27/32.2	21/23	6/7	16/(25)	16/19	10/13	13/-	14/17	13/-	13/16.2	14/16
M10	12/-	9/13	10/12	31.2/32.2	22/24	6/9.3	19/20	14/15	9/-	13/(15)	13/16	11/12	13/13.2	13/15
M11	10/-	8/11	13/15	29/32.2	24/-	6/9.3	20/-	14/16	9/10	13/-	15/17	11/12	13/14	14/19/(24)
M12	9/11	11/-	15/18	30/33.2	20/21	7/9.3	17/(25)	15/18	9/(13)	12/13	16/17	11/13	13/-	16/18
M13	11/-	8/13	16/20	29/30	21/25	6/8	(17)/19	15/18	10/12	13/-	16/17	11/12	13/15	16/18
M14	11/12	8/11	18/19	29/31.2	20/22	7/9	17/-	15/(17)	10/12	12/13	15/16	9/11	12/15	16/(18)
M15	(11)/12	8/11	16/-	29/-	20/21	9.3/-	(17)/(24)	15/18	(9)/-	-/-	16/18	11/14	13/15	16/-
M16	10/12	8/10	12/15	29/30.2	24/25	6/9.3	19/20	17/18	8/11	10/13	17/-	11/12	13/14	14/17
M17	12/13	8/13	14/15	28/29	23/25	7/9.3	16/23	15/17	10/12	10/13	16/-	12/13	13/15.2	16/18
M18	10/12	11/13	13/18	27/28	21/25	9.3/-	(16)/(17)	16/17	8/-	13/-	15/16	11/12	13/15	15/16
M19	10/11	8/13	17/20	28/29	24/25	6/9.3	(20)/-	16/-	12/-	8/-	15/-	12/13	13/15	16/-
M20	9/12	11/-	12/18	30/33.2	20/-	9.3/-	17/25	16/-	9/13	14/15	16/17	11/13	13/14.2	16/17
M21	12/-	8/-	15/17	31.2/-	21/22	6/9	24/-	15/18	11/(14)	13/-	13/16	11/13	14/16	15/17
M22	9/11	11/12	14/15	28/33.2	21/-	9.3/-	17/25	16/18	9/13	12/14	16/-	11/-	13/14.2	16/17
M23	9/10	11/13	13/14	27/28	20/21	9.3/-	16/-	16/-	8/9	-/-	16/-	12/-	13/15	15/(16)
M24	11/13	8/13	13/17	29/31	21/24	6/9.3	(24)/-	(13)/(14)/16	(8)/-	(15)/-	-/-	-/-	(15)/-	16/-
M25	(10)/11	8/13	14/20	28/30	21/-	6/9.3	(17)/(20)	15/17	(7)/9/(11)	8/(15)	16/-	12/13	13/15/17	(15)/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Einen besonderen Fall stellen die beiden im Übergang von Infans I zu Infans II verstorbenen Individuen F17 und F26 dar. F17 wurden die im anatomischen Verbund vorliegende linke Hand mit Unterarmknochen (Fundnummern 3000,1 bis 3000,26) sowie der Humerus (E13), die Ulna (2966) und Tibia (E31) der rechten Körperhälfte aus der Grabkammer zugeordnet. Die Mandibula (3190.11) des Individuums wurde im Bernhard's Schluf geborgen, es fand jedoch zuvor wahrscheinlich eine Verlagerung durch Raubgräber statt (vgl. Fundkatalog). Bei den F26 zugeordneten Knochen handelt es sich um einen linken Humerus (1775.03) und eine linke Tibia (1547.01), welche in der Horstspalte abgelegt wurden.

Die Ergebnisse der molekulargenetischen Analysen deuten auf ein identisches Muster bei den Individuen hin, wobei die DNA-Degradierung zum Teil bereits stark fortgeschritten war und somit nicht für jedes der untersuchten Systeme reproduzierte Daten vorliegen. Es ist somit anzunehmen, dass es sich bei den genannten Skelettelementen um die Knochen lediglich eines Individuums handelt. Die Knochen wurden dennoch zwei verschiedenen Individuen zugeordnet, was zum einen mit feinen morphologischen Unterschieden zwischen den Humeri, beziehungsweise Tibiae, zum anderen durch die Lage der Knochen in der Höhle begründet wird.

Darüber hinaus ist es innerhalb kleinerer Populationen bei nah verwandten Individuen wie Geschwistern nicht unwahrscheinlich, dass diese sich mehr Allele teilen, als es in größeren Populationen der Fall ist. Zuletzt besteht außerdem die Möglichkeit, dass es sich um eineiige Zwillinge handelte, welche zeitnah verstorben sind. Verantwortlich hierfür könnte zum Beispiel eine schwere Infektion gewesen sein, welche durch Ansteckungen innerhalb der Familie zum Tod mehrerer Individuen führte.

5.2 Weitere genetisch determinierte charakterisierende Merkmale

Untersuchungen der Skelettelemente hinsichtlich charakterisierender Merkmale, wie unter anderem der Haar- und Augenfarbe, der Blutgruppe oder der Laktosetoleranz wurden bereits seit den Anfängen der Bearbeitung durchgeführt, sodass einige Marker für die zuletzt identifizierten Individuen nicht analysiert wurden. Darüber hinaus war die Degradierung der DNA in einigen Fällen bereits zu weit fortgeschritten, um verlässliche Ergebnisse zu erzielen. Eine ausführliche Beschreibung der verschiedenen Marker sowie die Einordnung der Ergebnisse erfolgte in den jeweiligen Arbeiten (Anhang A) sowie in zusammengefasster Form in Seidenberg (2016). Im Folgenden wird daher lediglich eine Übersicht über die Ergebnisse gegeben. Diese dient in erster Linie zur Darstellung der finalen Befunde, da sich durch Umordnungen einzelner Skelettelemente sowie Umbenennungen von Individuen vereinzelt Änderungen ergeben haben. Die aufgeführten Konsensusdaten stammen aus Seidenberg (2016), Schmidt et al. (2020) sowie Klotz (2021), die Einzelergebnisse sind den jeweils angegebenen Arbeiten zu entnehmen.

Die Bestimmung der Haar- und Augenfarben wurde von Schücker (2012), Krause (2012) sowie Schmidt et al. (2020) anhand der Analyse verschiedener SNPs durchgeführt. Abweichungen in den für ein Individuum ermittelten Augen- und/oder Haarfarben können darauf zurückzuführen sein, dass in den verschiedenen Arbeiten zum Teil unterschiedliche Positionen betrachtet wurden. Hierbei ist zu beachten, dass die Untersuchung von Schmidt et al. (2020) deutlich später erfolgte und somit zum Teil neue Erkenntnisse zur Beurteilung der

verschiedenen SNPs vorlagen. Darüber hinaus ist es möglich, dass die Degradierung der DNA bei niedriger Target-Zahl in Einzelfällen Fehlbestimmungen zur Folge hatte.

Tabelle 5.2: Bestimmung der Haarfarbe

Individuum	Fundnummer	f_rs1805005	f_rs1805007	r_rs1805008	r_rs1393350	f_rs12896399	r_rs28777	r_rs12913832	r_rs16891982	Haarfarbe
F1	39	G/G	C/C	G/G	C/-	G/T	T/T	C/-	C/-	dunkelblond
F2	1827.01	G/G	C/C	G/-	C/C	G/T	T/T	C/C	G/C	dunkelbraun-schwarz
F5	3756	G/G	C/C	G/G	C/T	G/T	T/T	T/T	C/C	hellbraun
F6	3710	G/G	C/-	G/G	C/C	G/G	T/T	T/T	C/C	dunkel
F7	6495	G/G	C/C	G/G	C/T	G/T	T/T	C/C	C/C	dunkelblond-braun
F8	5521	G/T	C/C	G/G	C/T	T/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond-braun
F9	3742	G/G	C/C	G/-	C/C	G/G	T/T	C/T	C/C	dunkel
F11	3714	G/G	C/C	G/G	C/T	G/T	T/T	C/T	C/C	hellbraun
F13	1044	G/G	C/C	G/G	C/C	G/G	T/T	C/T	C/-	dunkel
F14	1103	G/G	C/C	G/G	C/C	G/G	T/T	C/T	C/C	dunkel
F15	2588	G/G	C/T	G/G	C/-	G/T	G/T	C/C	G/C	dunkelbraun-schwarz (rötl.)
F16	901.01	G/G	C/C	G/G	C/C	G/G	T/T	C/C	C/C	dunkel
F18	199	G/G	C/T	G/G	C/C	G/G	T/T	C/C	C/C	dunkel (rötl.)
F19	1585.03	G/G	C/C	G/G	C/C	G/T	T/T	C/C	C/C	dunkelblond
M1	1076	G/T	C/C	G/G	C/T	G/G	T/T	C/T	C/C	hellbraun
M2	3670	G/(T)	C/(T)	G/G	C/C	G/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond (rötl.)
M3	1911	G/T	C/-	G/G	C/C	G/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond
M5	2096	G/G	C/C	G/G	C/T	T/T	T/T	C/C	C/C	dunkelblond-braun
M6	2030.01	G/G	C/C	G/G	C/C	T/T	T/T	C/T	C/C	blond
M9	1917	G/T	C/C	G/G	C/C	G/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond
M10	902.01	G/G	C/C	G/G	C/C	T/T	T/T	C/T	C/C	blond
M13	58.03	G/T	C/T	G/G	C/T	T/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond-braun (rötl.)
M17	57.02	G/G	C/-	G/G	C/C	G/T	T/T	C/T	C/C	dunkelblond

- = SNP konnte nicht bestimmt werden; () = unsichere Bestimmung
 Bearbeitung: Schücker (2012)

Tabelle 5.3: Bestimmung der Augenfarbe

Individuum	Fundnummer	r_rs1800407	f_rs16891982	r_rs12203592	r_rs12913832	r_rs1393350	f_rs12896399	p(Blau)	p(Intermed.)	p(Braun)	Augenfarbe
F1	39	C/C	G/G	G/A	C/C	C/C	G/T	0,9315	0,04985	0,01867	blau
F2	1827.01	C/C	G/C	G/A	C/C	C/C	G/T	0,9902	0,005518	0,004315	blau
F5	3706; 3756	C/T	G/G	G/G	T/T	C/T	G/T	0,007226	0,08456	0,9082	braun
F6	3710; 3750	C/T	G/G	G/A	T/T	C/C	G/G	0,004814	0,1163	0,8789	braun
F7	6495	C/C	G/G	G/-	C/T	C/T	G/T	0,9399	0,3816	0,02193	blau
F8	5521	C/C	G/G	G/A	C/T	C/T	(G)/T	0,2876	0,2287	0,4836	intermed.-braun
F9	3742	C/C	G/G	G/G	C/T	C/-	G/G	0,09621	0,1313	0,7725	braun
F11	3714	C/(T)	G/G	G/G	C/T	C/-	G/T	0,3044	0,2397	0,4559	intermed.-braun
F13	1044	C/T	G/G	G/G	C/T	C/C	G/G	0,2098	0,2587	0,5315	intermed.-braun
F14	1103	C/T	G/G	G/G	C/T	C/C	G/-	0,2098	0,2587	0,5315	intermed.-braun
F15	2588	C/C	G/C	G/(A)	C/(T)	C/(T)	G/T	0,9872	0,005018	0,007801	blau
F16	901.01	C/C	G/G	G/G	C/C	C/C	G/G	0,8788	0,06716	0,054	blau
F18	199	C/C	G/G	G/(A)	C/-	C/C	G/G	0,8788	0,06716	0,054	blau
F19	1585.03	C/C	G/G	G/G	C/-	C/-	G/T	0,9215	0,04498	0,03349	blau
M1	1076	C/T	G/-	G/-	C/T	C/C	G/-	0,2098	0,2587	0,5315	intermed.-braun
M2	3670	C/T	G/G	G/A	C/T	C/C	G/T	0,3718	0,3211	0,3072	intermed.-blau
M3	1911	C/C	G/G	G/A	C/T	C/C	G/T	0,2186	0,209	0,5724	intermed.-braun
M5	2096	C/-	G/G	G/G	C/C	C/T	T/T	0,9618	0,02494	0,01327	blau
M6	2030.01	C/C	G/G	G/A	C/T	C/-	T/T	0,3165	0,1933	0,4902	intermed.-braun
M9	1917	C/-	G/G	G/G	C/T	C/C	G/T	0,1511	0,1317	0,7173	braun
M10	902.01	C/C	G/G	G/A	C/T	C/C	T/T	0,3165	0,1933	0,4902	intermed.-braun
M13	58.03	C/T	G/G	G/G	C/T	C/T	T/T	0,5032	0,2106	0,2862	intermed.-blau
M17	57.02	C/C	G/G	G/G	C/T	C/C	G/T	0,1511	0,1317	0,7173	braun

p = Wahrscheinlichkeit; - = SNP konnte nicht bestimmt werden; () = unsichere Bestimmung
 Bearbeitung: Krause (2012)

Tabelle 5.4: Bestimmung der Haar- und Augenfarben der weiblichen Individuen

Individuum	Fundnummer	rs1129038	rs11538871	rs12203592	rs12821256	rs12896399	rs12913832	rs12931267	rs1393350	rs1545397	rs16891982	rs1800407	rs1805005	rs1805006	rs1805009	rs2228479	rs2378249	rs2402130	rs28777	rs35264875	rs4778138	rs4959270	rs6119471	rs7495174	Haarfarbe	Augenfarbe
F1	39	A	G	TC	T	T	G	C	G	A	G	G	G	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau
F2	1827.01	A	G	TC	T	TG	G	C	G	A	GC	G	G	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau
F3	1746.06	AG	G	C	T	G	A	C	G	A	GC	GA	G	C	G	G	A	-	A	A	-	C	-	A	schwarz	braun
F4	4078	AG	G	C	T	TG	GA	C	GA	A	G	G	TG	C	G	G	A	A	A	TA	GA	AC	C	A	braun	grün-braun
F5	3756	G	G	C	T	TG	A	C	GA	A	G	GA	G	C	G	G	A	A	A	A	GA	C	C	A	schwarz	braun
F6	5517	G	G	T(C)	T	G	A	C	G	A	G	GA	G	C	G	G	A	A	A	A	GA	AC	C	A	schwarz	braun
F7	1745.10	A	G	C	T	TG	G	C	GA	A	G	G	G	C	G	G	A	GA	A	A	A	AC	C	A	blond	blau
F7	133.01	(G)	(G)	-	(T)	(T)G	(G)	C	GA	A	G(C)	(G)	T	C	(G)	-	A	A	A	(T)A	(A)	(AC)	(C)	(A)	blond	grün-braun
F8	3631	G	G	(T)	T	-	A	C	GA	A	-	G	T(G)	-	G	-	A	A	A	-	A(G)	-	C	-	schwarz	braun
F9	4460	AG	G	C	T	G	GA	C	G	A	G	G	C	G	A	A	A	A	TA	A	C	C	A	A	braun	grün-braun
F10	300.01	GA	G	C	T	TG	GA	C	GA	A	G	(G)	G	C	G	G	A	A	A	TA	A	C	C	A	braun	grün-braun
F11	3714	(G)	(G)	-	(T)	(G)	-	(G)	(G)	-	(G)	-	T	C	(G)	-	-	-	(A)	-	-	-	-	-	(braun)	-
F12	R1	AG	G	C	T	G	GA	C	G	TA	G	G	G	C	G	G	A	A	A	T	A	C	C	A	braun	grün-braun
F13	1044	AG	G	C	T	G	GA	C	G	A	G	GA	G	C	G	G	A	GA	A	A	A	C	C	A	braun	grün-braun
F14	1103	(AG)	(G)	(C)	(T)	(G)	(GA)	(GC)	-	(A)	(G)	(GA)	G	(C)	(G)	-	A	(A)	(A)	(A)	(A)	(A)	(C)	(A)	rot	grün-braun
F15	2588	A	G	C	T	TG	G	C	G(A)	A	GC	G	G	C	G	G	GA	A	CA	A	A	C	C	A	schwarz	blau
F16	901.01	A	G	C	T	G	G	C	GA	A	GC	G	G	C	G	G	A	A	A	TA	A	C	C	A	blond	blau
F17	3190.11	G	G	C	T	G	A	C	G	A	G	GA	G	C	G	G	A	G	A	A	A	C	(C)	A	schwarz	braun
F18	2133	A	G	C	T	G	G	GC	GA	A	G	G	G	C	G	G	GA	GA	A	TA	A	AC	C	A	blond	blau
F19	1585.03	A	G	C	T	TG	G	C	G	A	G	G	G	C	G	GA	GA	A	A	A	A	C	C	A	blond	blau
F20	1467.01	-	(G)	-	-	-	-	G	-	-	-	-	T	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	(rot)	-
F21	1461	A	G	T	(T)	-	G	C	G	A	(G)	G	T	C	(G)	G	A	A	A	A	A	(AC)	C	(A)	blond	blau
F22	1471; 1547.03	A	G	C	T	TG	G	C	G	TA	G	GA	G	C	G	G	A	A	A	A	A	C	C	A	blond	blau
F23	65.03; 65.05	A	G	C	T	T	G	GC	GA	A	G	G	TG	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau
F24	903.01	AG	G	C	T	G	GA	C	GA	A	G	G	TG	C	G	G	A	G	A	TA	GA	AC	C	A	braun	grün-braun
F25	66.02	A	G	C	T	T	G	C	GA	A	G	G	G	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau
F26	1547.01	(A)	-	-	-	-	-	(G)	-	-	-	-	T	C	-	G	-	-	-	-	-	-	-	A	(rot)	-
F27	516	AG	G	TC	T	TG	GA	C	G	A	G	GA	G	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	braun	grün-braun
F28	1745.02; 2263	A	G	C	T	TG	G	C	G	A	G	G	TG	C	G	G	A	A	A	A	A	C	C	A	blond	blau
F29	187	A	G	C	-	G	G	C	-	A	-	-	G	C	-	G	G	A	A	A	A	-	(G)C	-	blond	blau
F31	7075.01	A	G	C	T	TG	G	C	GA	A	G	G	TG	C	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau

- = SNP/Farbe konnte nicht bestimmt werden; () = unsichere Bestimmung
 Bearbeitung: Schmidt et al. (2020)

Tabelle 5.5: Bestimmung der Haar- und Augenfarben der männlichen Individuen

Individuum	Fundnummer	rs1129038	rs11538871	rs12203592	rs12821256	rs12896399	rs12913832	rs12931267	rs1393350	rs1545397	rs16891982	rs1800407	rs1805005	rs1805006	rs1805009	rs2228479	rs2378249	rs2402130	rs28777	rs35264875	rs4778138	rs4959270	rs6119471	rs7495174	Haarfarbe	Augenfarbe	
M1	1076	AG	G	C	T	G	GA	C	G	TA	G	GA	TG	C	G	G	A	GA	A	A	A	C	C	A	braun	grün-braun	
M2	1102	G	-	C	-	T	GA	C	G	A	G	G	TG	C	G	G	(A)	(A)	A	A	-	A	C	A	braun	braun	
M3	1183	AG	G	TC	T	T(G)	(G)A	C	G	A	G	G	TG	C	G	G	A	GA	A	A	(G)A	A	C	A	braun	grün-braun	
M4	107	AG	G	C	T	TG	GA	C	GA	A	G	G	G	C	G	GA	A	A	A	A	A	AC	C	A	braun	grün-braun	
M5	2096	A	G	C	T	T	G	C	GA	A	G	G	G	C	G	GA	A	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau	
M6	2030.01	AG	G	TC	T	T	GA	C	G	A	G	G	G	C	G	G	A	A	A	A	GA	AC	C	GA	braun	grün-braun	
M7	3.01	G	G	C	T	G	A	C	G	A	G	G	T(G)	CA	G	G	A	A	A	A	A	AC	C	A	rot	braun	
M8	3757; 3812	GA	G	TC	T	TG	GA	C	GA	A	G	G	G(T)	C	G	G	A	A	A	A	GA	AC	C	A	braun	grün-braun	
M9	1917	AG	G	C	T	TG	GA	C	GA	A	G	G	G(T)	C	G	G	GA	A	A	TA	GA	AC	C	A	braun	grün-braun	
M10	480.01	AG	G	TC	TC	T	GA	C	G	A	G	G	G	C	G	GA	A	A	A	A	A	AC	C	A	braun	grün-braun	
M11	183.01	A	G	TC	T	TG	G	C	G	A	G	G	G	C	G	A	(G)	A	A	TA	A	AC	C	A	blond	blau	
M12	E33	A	(G)	-	-	-	-	C	-	-	G	-	TG	C	G	G	(A)	(A)	(A)	-	-	(C)	-	-	blond	(blau)	
M13	58.03	AG	G	TC	T	T	GA	GC	GA	A	G	GA	TG	C	G	G	GA	A	A	TA	A	C	C	A	braun	grün-braun	
M14	905.01	A	G	C	T	G	G	C	GA	A	G	G	G	C	G	GA	A	G	A	TA	A	C	C	A	blond	blau	
M16	3886	G	G	TC	T	TG	A	C	GA	TA	G	G	G	C	G	G	A	A	A	A	GA	AC	C	GA	schwarz	braun	
M17	57.02	AG	G	C	T	TG	(G)A	C	G	A	G	G	G	C	G	A	A	A	A	A	A	A(C)	C	A	braun	grün-braun	
M18	E11	A	(G)	C	(T)	-	G	C	G	-	(G)	(G)	T	C	G	G	A	A	A	(A)	A	(C)	-	-	blond	blau	
M19	N962.01	-	G	-	-	-	(G)	-	-	-	-	-	TG	(C)	(C)	-	G(A)	-	-	-	-	-	(A)	(A)	(rot)	-	
M21	7339	A	G	C	T	G	G	C	GA	A	G	G	G	C	G	GA	GA	A	A	A	A	AC	C	A	blond	blau	
M24	E37	AG	G	TC	(T)	T	GA	C	GA	-	G	GA	T	C	(G)	G	GA	(A)	A	(T)	A	(A)	C	GA	braun	grün-braun	
M25	907.01	G	G	T	T	TG	A	C	GA	A	G	(GA)	G	C	G	G	A	G	A	TA	GA	-	C	A	schwarz	braun	

- = SNP/Farbe konnte nicht bestimmt werden; () = unsichere Bestimmung
 Bearbeitung: Schmidt et al. (2020)

Untersuchungen zur Laktosetoleranz wurden zunächst von Fulge (2005) und Seebode (2010) sowie begleitend zur vorliegenden Arbeit von Klotz (2021) durchgeführt. Die Analysen beschränkten sich hierbei auf den Marker 2q21LCT-13910, welcher einen guten Indikator für die Laktosetoleranz darstellt, jedoch nicht der einzige mit der Laktasepersistenz assoziierte Marker ist.

Tabelle 5.6: Ergebnisse der Untersuchung auf Laktosetoleranz

Individuum	Fundnummer	2q21LCT-13910	Phänotyp	Bearbeitung
F1	26; 38	C/C	intolerant	Fulge/Seebode
F2	1500; 1827.01	C/T	tolerant	Fulge
F3	2388; 4374	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
F4	5516	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
F5	3756	C/C	intolerant	Fulge
F6	3750	C/T	tolerant	Fulge
F7	1206.01; 1247; 1928	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
F8	3635; 5521	C/T	tolerant	Seebode
F9	3742	C/C	intolerant	Fulge
F10	300.01	C/C	intolerant	Fulge
F11	4001; 4060.01	C/C	intolerant	Klotz
F12	R 1	C/C	intolerant	Fulge
F13	385; 1044	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
F14	1103	C/(T)	(tolerant)	Fulge/Seebode
F15	2588; 2589	C/C	intolerant	Fulge/Seebode
F16	901.01	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
F17	3000.22; 3190.11; E31	C/-	intolerant	Klotz/Seebode
F18	199	C/T	tolerant	Fulge
F19	1585.07; N 968.04	C/C	intolerant	Fulge/Seebode
F20	958; 1467.01; 1744.35	C/-	intolerant	Klotz/Seebode
F21	3289; 3290; 3299	C/T	tolerant	Klotz/Seebode
F22	1457; 1471	C/C	intolerant	Fulge/Klotz
F23	58.01	C/T	tolerant	Fulge
F24	20; 903.01; 911.01	C/(T)	(tolerant)	Fulge/Klotz
F25	58.06; 66.02; 179.02; 886.01	C/T	tolerant	Fulge/Klotz
F26	1547.01; 1775.03	C/C	intolerant	Klotz/Seebode
F27	305.02; 516	C/-	intolerant	Klotz/Seebode
F28	1745.02	C/C	intolerant	Seebode
F29	65.10; 187	-/-	nd	Klotz
F30	4.02; 906.08; 913.17	C/C	intolerant	Klotz
F31	6985; 7152; 7156.03; 7158; 7270.02	C/T	tolerant	Klotz
F32	57.08; 58.08	C/C	intolerant	Klotz/Seebode
M1	1076	C/C	intolerant	Fulge
M2	1102	C/C	intolerant	Fulge
M3	1911; 2679	C/T	tolerant	Fulge/Klotz
M4	35; 900.03	C/-	intolerant	Fulge/Seebode
M5	908; 3727; 3752	C/C	intolerant	Fulge/Klotz/Seebode
M6	2030.01; 2111.01	C/(T)	(tolerant)	Fulge/Seebode
M7	3.01; 929.02; 929.28	C/T	tolerant	Klotz
M8	3757; 3812	C/(T)	(tolerant)	Seebode
M9	1916; 1917	C/C	intolerant	Fulge/Seebode
M10	902.01	C/T	tolerant	Fulge
M11	183.01	C/T	tolerant	Fulge
M12	E OF 1; E03; E33; 3190.22	C/C	intolerant	Klotz
M13	58.03	C/T	tolerant	Fulge
M14	905.01	C/T	tolerant	Fulge/Seebode
M15	3788.01	C/C	intolerant	Klotz
M16	3886; 5403	C/C	intolerant	Klotz
M17	57.02	C/T	tolerant	Fulge
M18	3037.02; 3157; E01	C/C	intolerant	Klotz/Seebode
M19	N962.01; 3190.14; 3190.32	C/T	tolerant	Klotz/Seebode
M20	3246; 3297	C/C	intolerant	Klotz
M21	7043.02; 7227.03	C/T	tolerant	Klotz
M22	327 kurz; 1745.08; 1921	C/-	intolerant	Klotz
M23	1548.01	C/C	intolerant	Seebode
M24	E37	C/T	tolerant	Klotz
M25	907.01	C/C	intolerant	Fulge

() = unsichere Bestimmung; - = SNP konnte nicht bestimmt werden
 Bearbeitung: Fulge (2005), Seebode (2010), Klotz (2021)

Hinsichtlich der Blutgruppen der Individuen wurden zum einen verschiedene Marker untersucht, welche für die Ausprägung der Antigene des AB0-Blutgruppensystems relevant sind (Seidenberg 2016), zum anderen wurde der Rhesusfaktor D anhand von Markern, welche mit dem entsprechenden Gen assoziiert sind, bestimmt (Rohlf 2011).

Tabelle 5.7: Analyse verschiedener Marker zur AB0-Blutgruppenbestimmung

Individuum	Fundnummer	802	796	297	261	Genotyp	Phänotyp
F1	39	C/C	C/C	A/A	G/A	A01	A
F2	1827.01	C/-	C/(A)	G/(A)	(G)/A	(B01)	B
F4	4013	C/C	C/C	(G)/A	A/A	01(01v)	0
F5	3756	C/C	C/C	G/A	A/A	0101v	0
F6	3994	C/C	C/C	A/A	A/A	0101	0
F7	1206.01	C/-	C/-	(A)/-	(A)/-	(0101)	0
F8	3635	C/C	C/C	A/A	A/A	0101	0
F9	3742	C/C	C/C	G/A	G/A	A01v	A
F10	300.01	C/C	C/C	A/A	G/A	A01	A
F13	1044	C/C	C/C	A/A	G/G	AA	A
F14	1103	C/C	C/C	G/A	G/A	A01v	A
F15	2588	C/T	C/C	G/G	G/A	01v02	0
F16	901.01	C/C	C/C	G/A	(G)/A	(A)01v	A
F18	199	C/C	C/C	A/A	A/A	0101	0
F19	1585.03	C/T	C/C	G/G	G/A	01v02	0
M1	1076	C/C	C/C	A/-	G/A	A(01)	A
M3	1911	C/C	C/C	A/A	A/A	0101	0
M4	35	C/C	C/C	A/A	(G)/A	(A)01	A
M6	2030.01	C/C	C/C	A/A	G/A	A01	A
M9	1917	C/C	C/C	(G)/A	G/A	(A01v)	A
M13	58.03	C/C	C/C	G/A	G/A	A01v	A
M14	905.01	C/C	C/(A)	A/-	A/-	(B)01	B
M17	153.01	C/C	C/A	G/A	G/A	B01	B
M25	907.01; 1102	C/C	C/C	A/A	G/A	A01	A

() = unsichere Bestimmung; - = SNP konnte nicht bestimmt werden
 Bearbeitung: Seidenberg (2016)

Tabelle 5.8: Untersuchung des Rhesusfaktor D Gens

Individuum	Fundnummer	RhDCE3	RhD4	RhDCE9	RhD1	RhD Konsensus
F1	38; 39	X	X	X	X	RhD positiv
F2	1827.01	X	X	X	X	RhD positiv
F3	4374	X	-	X	-	(RhD negativ)
F4	4013	X	X	X	X	RhD positiv
F5	3756	X	X	X	X	RhD positiv
F6	3750	X	-	X	-	RhD negativ
F7	1206.01; 1247; 1928	X	X	X	X	RhD positiv
F8	3635; 5521	X	X	X	X	RhD positiv
F9	3742	X	X	X	X	RhD positiv
F10	300.01	X	X	X	X	RhD positiv
F13	385; 1044	X	(-)	X	(-)	(RhD negativ)
F14	1103	X	X	X	X	RhD positiv
F15	2588	X	-	X	-	RhD negativ
F16	901.01	X	X	X	X	RhD positiv
F18	199	X	X	X	X	RhD positiv
F19	1585.07; N 968.04	X	X	X	X	RhD positiv
F21	3299	X	X	X	X	RhD positiv
F22	1471	X	X	X	X	RhD positiv
F24	903.01	(X)	(X)	(X)	(X)	nd
F25	66.02	(X)	-	-	-	nd
F28	3622	X	-	(X)	(X)	nd
M1	1076	X	X	X	X	RhD positiv
M2	1102	X	X	X	X	RhD positiv
M3	1911	X	X	X	X	RhD positiv
M4	35	X	-	X	-	(RhD negativ)
M5	908; 2096; 3752; 4767	X	X	X	(X)	(RhD positiv)
M6	2030.01	X	-	X	-	RhD negativ
M8	3757	X	X	X	X	RhD positiv
M9	1916; 1917	X	X	X	X	RhD positiv
M10	902.01	X	(X)	X	(X)	nd
M11	204.02	-	-	-	-	nd
M13	58.03	X	X	X	X	RhD positiv
M14	905.01	X	X	X	X	RhD positiv
M17	153.01	X	X	X	X	RhD positiv
M18	3157	X	-	X	X	(RhD positiv)
M23	1548.01	X	X	X	X	RhD positiv
M25	907.01	X	X	X	X	RhD positiv

X = Fragment vorhanden; - = Fragment nicht vorhanden; () = unsichere Bestimmung
 Bearbeitung: Rohlf (2011)

Weitere immungenetisch relevante Marker wurden von Pepperl (2008) und Suray (2007) analysiert, welche verschiedene Interleukine und toll-like Rezeptoren untersuchten.

Tabelle 5.9: Untersuchung immungenetisch relevanter SNPs in verschiedenen Genen für Interleukine (ILs) sowie toll-like receptors (TLRs)

Individuum	Fundnummer	IL6-174	IL10-1082	IL10-819	IL10-592	IL10-1087	IL10-2849	TLR_753	TLR_299	TLR_399	IL4-524	IL4Ra576	Bearbeitung
F1	26; 38	G/(C)	A/G	C/C	C/C	G/(A)	G/A	G/G	A/A	C/(T)	-/-	G/A	Pepperl/Suray
F2	1500	G/(C)	(A)/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	(G)/-	(A)/-	(C)/-	-/-	(G)/A	Pepperl/Suray
F3	1746.05; 1746.06	C/-	A/G	C/T	C/A	-/-	(A)/-	G/G	A/-	C/C	(C)/-	G/A	Pepperl/Suray
F4	4078; 5516	C/(G)	G/G	C/C	C/C	G/G	G/A	G/G	A/A	C/-	(C)/-	A/A	Pepperl/Suray
F5	3706; 3713; 3756	(G)/C	G/G	C/C	C/C	(G)/-	G/A	G/G	A/-	C/C	C/-	A/-	Pepperl/Suray
F6	3709; 3750; 5517	C/-	(A)/G	C/(T)	C/(A)	G/A	(A)/-	G/-	A/A	C/-	C/C	A/A	Pepperl/Suray
F7	1206.01; 1247	(C)/-	(A)/(G)	C/T	C/(A)	G/A	(G)/(A)	-/-	A/-	(C)/-	(C)/-	A/-	Pepperl/Suray
F8	3631	C/-	A/G	C/T	C/A	G/A	(G)/(A)	G/G	A/A	C/-	C/C	A/A	Pepperl/Suray
F9	3705; 3742; 3746	G/C	-/-	(C)/-	(C)/-	G/A	G/A	G/G	A/A	C/C	C/-	G/A	Pepperl/Suray
F10	300.01; 302; 1046	G/(C)	-/-	-/-	-/-	G/G	G/A	G/(A)	A/A	C/C	C/C	G/A	Pepperl
F12	R 1	C/C	A/A	C/T	C/A	A/-	G/A	G/G	A/-	C/C	-/-	A/-	Pepperl/Suray
F13	1044	-/-	A/A	C/T	C/(A)	-/-	(A)/-	(G)/-	-/-	(C)/-	(C)/-	(A)/-	Pepperl/Suray
F14	1103; 4309	C/C	-/-	-/-	-/-	A/A	G/A	G/(A)	A/A	C/C	C/-	G/A	Pepperl
F15	2589	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	G/-	A/-	C/-	-/-	(G)/A	Pepper
F16	R 2	(C)/-	-/-	-/-	-/-	A/-	(G)/(A)	G/-	(A)/(G)	C/-	(C)/-	A/-	Pepperl
F17	3190.11	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	-/-	-/-	-/-	-/-	A/-	Pepperl
F18	1176	(G)/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	-/-	(G)/-	(A)/-	(C)/-	(C)/-	(A)/-	Pepperl
F19	1585.04	G/C	-/-	-/-	-/-	-/-	(G)/A	G/-	-/-	C/-	-/-	A/-	Pepperl
F24	900.01	(C)/-	-/-	-/-	-/-	A/-	(G)/(A)	G/-	(A)/(G)	C/-	(C)/-	A/-	Pepperl
M1	1076; 1172.01	G/C	A/A	C/T	C/A	A/-	G/A	G/(A)	(A)/-	C/C	(C)/-	G/A	Pepperl/Suray
M2	1102	G/(C)	A/(G)	C/-	C/-	-/-	A/-	G/(A)	A/-	C/-	-/-	A/-	Pepperl/Suray
M3	1911	C/C	A/-	(C)/T	(C)/(A)	(A)/-	G/A	G/G	A/-	C/C	(C)/-	A/-	Pepperl/Suray
M4	35; 900.03	(G)/(C)	-/-	-/-	-/-	-/-	(A)/-	(G)/-	-/-	(C)/-	-/-	(A)/-	Pepperl/Suray
M5	908; 3380.01	-/-	A/G	C/(T)	C/(A)	-/-	(A)/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(A)/-	Pepperl/Suray
M6	2030.01	-/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	(G)/(A)	(G)/-	(G)/-	(C)/-	(C)/-	-/-	Pepperl
M7	3.01; 910.01	G/C	-/-	-/-	-/-	G/A	(G)/A	G/G	A/-	C/C	C/-	G/A	Pepperl
M8	3757; 4003	C/C	A/G	C/T	C/A	(G)/(A)	G/-	G/G	(A)/-	C/C	(C)/-	(A)/-	Pepperl/Suray
M9	1916	G/G	-/-	-/-	-/-	(G)/-	G/A	G/G	A/-	C/C	(C)/-	A/-	Pepper
M10	480.01; 902.01	C/-	-/-	-/-	-/-	G/A	A/-	G/G	A/G	C/C	C/C	G/A	Pepperl
M11	183.01	(C)/-	-/-	-/-	(A)/-	(A)/-	(G)/(A)	(G)/-	-/-	(C)/-	-/-	(A)/-	Pepperl/Suray
M12	E 33	-/-	A/G	C/T	C/A	-/-	(A)/-	(G)/-	-/-	(C)/-	-/-	(A)/-	Pepperl/Suray
M13	58.03	G/G	-/-	-/-	-/-	A/-	G/A	G/G	A/-	C/C	(C)/-	A/-	Pepperl
M14	905.01	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(G)/(A)	(G)/-	-/-	-/-	(C)/-	(G)/-	Pepperl
M16	3886	G/C	A/G	C/T	C/A	G/A	G/A	G/G	A/A	C/C	C/C	A/A	Pepperl/Suray
M17	57.02; 153.01	(G)/C	(A)/-	(C)/-	-/-	A/-	(G)/A	G/-	-/-	C/-	C/-	(G)/A	Pepperl/Suray
M24	E37	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(A)/-	-/-	(A)/-	-/-	-/-	(A)/-	Pepperl/Suray

() = unsichere Bestimmung; - = SNP konnte nicht bestimmt werden
 Bearbeitung: Pepperl (2008), Suray (2007)

Genetische Marker, welche mit erblichen Krankheiten assoziiert sind, wurden von Scholten (2006) und Krause (2006) untersucht. Die Analyse des Markers $\Delta F508$ diente hierbei der Identifikation der für die Cystische Fibrose ursächlichen Deletion, während die Marker C282Y und H63D Auskunft über die Prävalenz der Hämochromatose geben sollten.

Tabelle 5.10: Untersuchung auf Cystische Fibrose

Individuum	Fundnummer	$\Delta F508$
F1	152	wt/wt
F2	1500	wt/wt
F3	1746.06	wt/wt
F4	4078; 5516	wt/wt
F5	3706; 3713	wt/-
F6	3709; 5517	wt/wt
F7	65.06	wt/wt
F8	3631	wt/wt
F9	3705; 3746	wt/wt
F10	300.01; 1046	wt/wt
F12	R 1	wt/wt
F13	1078	wt/wt
F14	4309	wt/wt
F15	2589	wt/wt
F16	R 2	wt/wt
F18	1176	wt/wt
F19	1585.04	wt/wt
F28	2263	wt/wt
M1	1485	wt/wt
M2	3644	wt/wt
M3	1482	wt/wt
M4	900.03	wt/wt
M5	908	wt/wt
M6	447; R 3	wt/-
M7	910.01	wt/wt
M8	3757	wt/wt
M9	1473; 2749	wt/wt
M10	902.01	wt/wt
M11	183.01	wt/-
M12	E 33	wt/wt
M13	58.03	wt/wt
M14	918.01	wt/wt
M16	3886	wt/wt

- = Allel konnte nicht bestimmt werden

Bearbeitung: Scholten (2006)

Tabelle 5.11: Analyse der Marker C282Y und H63D des Hämochromatosegens

Individuum	Fundnummer	C282Y	H63D
F1	38; 152	G/G	C/G
F2	319; 1500	G/G	C/-
F3	1746.06	G/G	C/G
F4	4078; 5516	G/G	C/G
F5	3706	G/G	G/G
F6	3709; 4032.01; 5517	G/G	C/G
F7	65.06	G/G	C/-
F8	3631	G/G	C/G
F9	3654; 3705; 3746	G/G	C/-
F10	300.01; 1046	G/G	C/G
F12	R 1	G/G	C/C
F13	1078	G/G	C/C
F14	4309	G/G	C/C
F15	2588; 2589	G/G	C/-
F16	R 2	G/G	C/C
F18	1176; 2133	G/A	C/C
F19	1585.04	G/G	C/C
F28	2263	-/-	-/-
M1	1076; 1485	G/G	C/-
M2	3644	G/-	C/G
M3	1482; 1911	G/G	C/C
M4	900.03	G/G	C/C
M5	908	G/G	C/C
M6	2030.01	G/G	G/G
M7	910.01; 929.02	G/G	C/C
M9	1473; 2749	G/G	C/(G)
M10	902.01	G/A	C/C
M11	183.01	-/-	C/-
M12	E 33	-/-	-/-
M13	58.03	G/G	C/C
M14	918.01	G/G	C/C
M16	3886	G/G	G/G

- = SNP konnte nicht bestimmt werden; () = unsichere Bestimmung

Bearbeitung: Krause (2006)

Der aus evolutionsbiologischer Sicht interessante Marker CCR5 wurde von Bertermann (2004) und Mazanec (2010) sowie begleitend zur vorliegenden Arbeit von Klotz (2021) untersucht. Bertermann (2004) und Mazanec (2010) analysierten darüber hinaus die STR-Systeme IRI 3.1 und IRI 3.2, deren Bestimmung jedoch aufgrund der Struktur der Dinukleotidrepeats durch PCR-Artefakte (Stotterbanden) in einigen Fällen erschwert wurde.

Tabelle 5.12: Untersuchungen zum CCR5-Marker sowie den STR-Systemen IRI 3.1 und IRI 3.2

Individuum	Fundnummer	CCR5	IRI 3.1	IRI 3.2	Bearbeitung
F1	26	wt/wt	114/122	165/169	Bertermann
F2	1500	wt/wt	106/112	139/153	Bertermann
F3	4374	wt/(wt)	106/118	((151))/(159)	Mazanec
F4	3652; 4006.01	wt/wt			Klotz
F5	3756	wt/-	114/118	159/-	Bertermann
F6	3750	wt/wt	((114))/-	-/-	Bertermann/Mazanec
F7	1247; 1928	wt/-	112/-	139/165	Mazanec
F8	3635; 5521	wt/wt	112/-	139/169	Mazanec
F9	3742	wt/Δ32	108/118	161/-	Bertermann
F10	67.03; 300.01	wt/wt	106/118	((159))/-	Bertermann/Mazanec
F11	4001; 4060.01	wt/wt			Klotz
F12	65.04; 67.02	wt/wt			Klotz
F13	385; 1044	wt/wt	((112))/118	((139))/(157)	Bertermann/Mazanec
F14	1103	wt/Δ32	106/118	151/161	Bertermann
F15	2588	wt/wt	112/120	(139)/165	Mazanec
F16	901.01	wt/(wt)	((110))/-	-/-	Mazanec
F17	3190.11; E31	wt/wt			Klotz
F18	199; 2133	wt/Δ32	118/-	151/159	Bertermann/Mazanec
F19	1585.07; N 968.04	wt/wt	116/-	161/-	Mazanec
F20	958; 1744.35	wt/wt			Klotz
F21	3299	wt/wt	106/114	-/-	Mazanec
F22	1457	wt/wt	(122)/-	((159))/(165)	Mazanec/Klotz
F23	58.01	wt/-	((114))/(118)	((139))/(163)	Mazanec
F24	903.01	wt/-	-/-	((161))/-	Mazanec
F25	66.02	wt/-	(112)/-	145/((169))	Mazanec
F26	1547.01	wt/wt	-/-	-/-	Mazanec/Klotz
F27	305.02	wt/wt			Klotz
F28	1745.02	wt/wt	106/112	((149))/169	Mazanec
F29	65.10; 187	wt/Δ32			Klotz
F30	4.02; 913.17	wt/wt			Klotz
F31	6985; 7158	wt/wt			Klotz
F32	58.08	wt/-	-/-	-/-	Mazanec
M1	1076	wt/-	114/118	139/159	Bertermann
M2	1102	wt/wt	114/118	161/169	Bertermann
M3	1911; 2679	wt/wt	112/-	139/((159))	Bertermann/Mazanec/Klotz
M4	35; 900.03	wt/-	((112))/((116))	-/-	Mazanec
M5	3380.01; 3727; 3752	wt/wt	112/-	((171))/-	Mazanec/Klotz
M6	2030.01	wt/wt	112/122	((139))/(165)	Bertermann/Mazanec
M7	3.01; 929.02; 929.28	wt/wt			Klotz
M8	3757; 3812	wt/wt	((112))/(118)	(139)/((145))	Mazanec
M9	1916; 1917; 1948	wt/wt	114/-	139/173	Bertermann/Mazanec
M10	902.01	wt/Δ32	108/116	151/171	Bertermann
M11	183.01	wt/Δ32	108/116	151/((161))	Bertermann/Mazanec
M12	E OF 1; E03; E33; 3190.22	wt/wt			Klotz
M13	58.03	wt/wt	112/-	145/-	Bertermann/Mazanec
M14	905.01	wt/wt	120/-	((155))/(165)	Mazanec
M15	3788.01	wt/wt			Klotz
M16	3886; 5403	wt/wt			Klotz
M17	153.01	wt/(wt)	((112))/(116)	145/((157))	Mazanec
M18	3157	wt/wt	114/-	139/159	Mazanec
M19	3190.14; 3190.32; N962.01	wt/wt			Klotz
M20	3246; 3297	wt/wt			Klotz
M21	7043.02	wt/-			Klotz
M22	327 kurz; 1921	wt/wt			Klotz
M23	1548.01	wt/wt	112/122	-/-	Mazanec
M24	E37	wt/wt			Klotz
M25	907.01	wt/(wt)	((106))/(114)	(139)/((159))	Mazanec

() = unsichere Bestimmung; - = Allel konnte nicht bestimmt werden
 Bearbeitung: Bertermann (2004), Mazanec (2010), Klotz (2021)

Eine hinsichtlich der Verwendung von Skelettelementen aus der Lichtensteinhöhle vergleichsweise kleine Studie zur Bestimmung des Risikoverhaltens wurde an einzelnen Knochen von Blume (2012) durchgeführt. Aufgrund der Länge des assoziierten VNTR-Systems im Dopamin Rezeptor D4 (DRD4) Gen war die Analyse an aDNA jedoch trotz der guten DNA-Erhaltung in dem Skelettmaterial nicht zielführend.

Tabelle 5.13: Analyse des Dopamin Rezeptor D4 Gens

Individuum	Fundnummer	DRD4
F7	6495	4/-
F16	901.01	4/(7)
F18	2133	2/4
M1	201	4/-
M3	1911	4/-
M10	480.01	2/-
M16	3886	3/4

() = unsichere Bestimmung; - = Allel konnte nicht bestimmt werden
 Bearbeitung: Blume (2012)

5.3 Körperhöhe

Berechnungen zur Abschätzung der Körperhöhe wurden anhand der Längenmaße der Femora, Tibiae, Humeri und Radii mit den Formeln von Pearson (1899) für prähistorische Individuen vor dem Einsetzen der säkularen Akzeleration durchgeführt. Hierbei ist zu beachten, dass nur intakte sowie zu Individuen zugeordnete Knochen in die Berechnungen einbezogen werden konnten. Darüber hinaus wurde die Körperhöhe nur für spätadulte und erwachsene Individuen (männlich: n=7; weiblich: n=12) bestimmt, da die Angaben bei subadulten Individuen aufgrund der unregelmäßigen Wachstumsschübe nur bedingt für Vergleiche herangezogen werden können.

Die mittlere Körperhöhe der in der Lichtensteinhöhle bestatteten, erwachsenen männlichen Individuen betrug etwa 172cm, während die weiblichen Individuen eine Körperhöhe von durchschnittlich 158cm aufwiesen. Es zeigt sich ein deutlicher Geschlechtsdimorphismus (vgl. Abb. 5.1), welcher auch von Schutkowski & Hummel (1991) bei bronzezeitlichen Gruppen beschrieben wurde, obgleich die Differenz bei den in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen etwas größer ist. Hierbei weisen die weiblichen Individuen der Lichtensteinhöhle im Mittel eine geringere Körperhöhe auf, als die von Schutkowski & Hummel (1991) untersuchten Individuen, während die männlichen Individuen der Lichtensteinhöhle ähnliche, beziehungsweise höhere Werte zeigten. Ähnliches ergab der Vergleich mit den von Rosenstock et al. (2015) angegebenen Werten zur Körperhöhe in der späten Bronzezeit (Frauen: 160cm - 163cm; Männer: 170cm - 173cm). So liegen die Werte der männlichen Individuen aus der Höhle in dem zu erwartenden Bereich, während die weiblichen Individuen im Mittel eine geringere Größe aufwiesen. Interessant ist in diesem Kontext, dass die Varianz in der Körperhöhe der weiblichen Individuen deutlich größer ist, als bei den männlichen Individuen (Abb. 5.1). Hierbei könnte es sich zwar um ein Stichprobenartefakt

handeln, welches unter anderem auf die unterschiedliche Anzahl betrachteter männlicher und weiblicher Individuen zurückzuführen ist, der Unterschied kann jedoch ebenfalls ein Hinweis darauf sein, dass die Herkunft der weiblichen Individuen diverser ist, als die der männlichen Individuen (vgl. Kapitel 7.3).

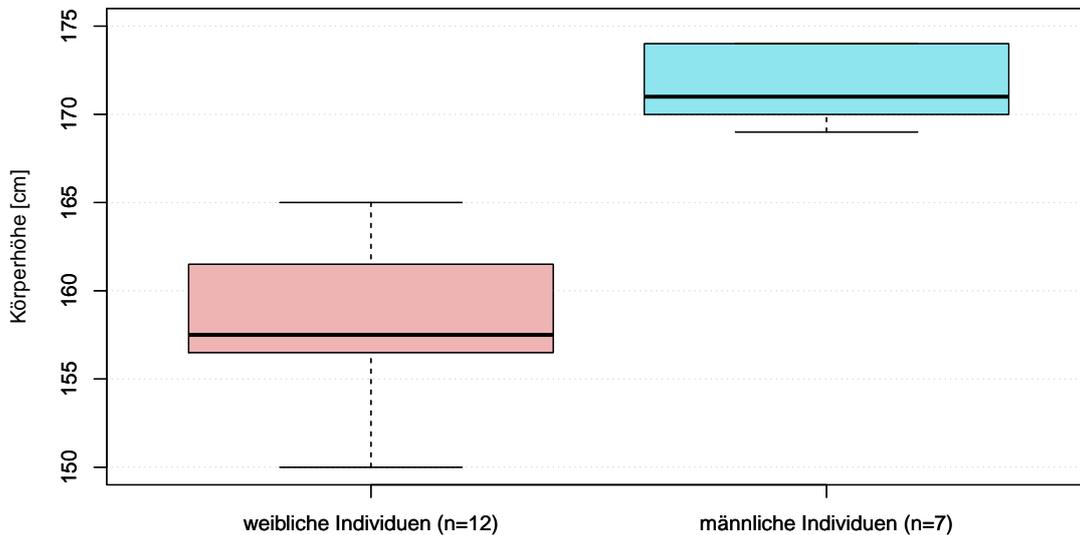


Abbildung 5.1: Körperhöhen der erwachsenen Individuen aus der Lichtensteinhöhle

5.4 Ausgewählte Pathologien

Insgesamt befanden sich unter dem Skelettmaterial der Lichtensteinhöhle vergleichsweise wenige pathologisch veränderte Skelettelemente. Degenerative Veränderungen wie eine Randleistenbildung konnten an einzelnen Vertebrae beobachtet werden, welche erwartungsgemäß älteren Individuen (M1 (mittelmatur), M2 & M17 (spätmatur)) zugehörig waren. Lediglich das etwas jüngere Individuum F2 (spätadult bis frühmatur) wies ebenfalls eine Randleistenbildung auf, welche jedoch darauf zurückzuführen sein kann, dass es sich bei dieser Frau um eine sechsfache Mutter handelt (vgl. Kapitel 7). So ist vorstellbar, dass das Tragen der Kinder eine stetige Belastung für die Wirbelsäule des Individuums darstellte (vgl. Lee (1972)). Darüber hinaus handelte es sich bei der Ausprägung der degenerativen Veränderung bei diesem Individuum um eine eher schwächere Form.

Anzeichen von Eisenmangel, beziehungsweise einer Anämie, welche sich in Form einer *Cribr orbitalia* darstellten (Herrmann et al. 1990), wurden an fünf Crania gefunden (M8 (Infans II), M21 & M22 (frühes Infans I), F8 & F18 (frühes bis mittleres Adultas)). Es zeigt sich, dass zum einen kleine Kinder, zum anderen junge Frauen das Merkmal aufwiesen, was den Erwartungen entspricht, da diese Gruppen am ehesten von einer Eisenmangelanämie betroffen sind (Grupe et al. 2015). Ebenfalls ein Nährstoffmangel, aber auch sonstige wachstumshemmende Stresssituationen können die Ursache der Harris-Linien im distalen Bereich der Femurdiaphyse des Individuums M6 gewesen sein, welche von Schilz (2006) beschrieben

wurden. Da das Merkmal jedoch lediglich für dieses Individuum nachgewiesen wurde, ist davon auszugehen, dass derartige Stresssituationen eher eine Ausnahme darstellten.

Spuren von verheilten Frakturen konnten an einer Clavicula sowie einzelnen Rippen dokumentiert werden, welche den Individuen M1, M3, M17 und F31 zuzuordnen sind. Eine geringgradige Deformation wies ein Os metacarpale des Individuums F23 auf. Bei den genannten Veränderungen handelt es sich um Befunde, welche auf Alltagsunfälle zurückgeführt werden können und eher keine Anzeichen für eine Gewalteinwirkung darstellen. Verheilte oder perimortale Traumata, wie sie zum Beispiel von Rebay-Salisbury et al. (2018) oder Haak et al. (2008) unter anderem an den Crania beschrieben werden und auf gewaltsame Handlungen hindeuten, konnten in der Lichtensteinhöhle nicht nachgewiesen werden.

Einen besonderen Fund stellt das Schädelfragment mit der Fundnummer 78.01 dar, welches dem im Infans I verstorbenen Mädchen F27 zugeordnet wurde und Spuren einer Trepanation aufweist. Hinweise auf eine Erkrankung, welche diese Form der Behandlung erforderlich machte, konnten an den wenigen Skelettelementen des Individuums nicht gefunden werden. Trepanationen wurden jedoch infolge verschiedenster Krankheitsbilder durchgeführt. So sollte eine Trepanation zur Heilung neurologischer Auffälligkeiten, wie zum Beispiel Migräne oder Epilepsie beitragen und möglicherweise den Betroffenen von bösen Geistern befreien (Piggott 1940, Jennbert 1991, Wahl 2012). Eine weitere, erfolgversprechendere Anwendung stellte die intentionale Eröffnung des Schädel zur Druckentlastung, beispielsweise nach Schädelverletzungen dar (z.B. Piggott (1940), Grupe et al. (2015), Aidonis et al. (2021)). Ob eine Behandlung erfolgreich war, lässt sich am Skelettmaterial nicht zwangsläufig feststellen, jedoch wird anhand von Heilungsspuren, wie sie im Fall des Individuums F27 zu erkennen sind deutlich, dass der Eingriff überlebt wurde.

5.5 Individuelle Datenblätter

Im Anschluss an die Identifikation der Individuen und die Zuordnung ihrer Skelettelemente wurde anhand dieser ein anthropologischer Befund erstellt. In Abhängigkeit der Anzahl zugeordneter Fundnummern geben die Individualbefunde ein mehr oder weniger präzises Bild der Individuen wieder. So ist insbesondere die Altersdiagnose umso genauer, je mehr Skelettelemente untersucht werden können. Darüber hinaus lässt die Zuordnung pathologisch veränderter Knochen Rückschlüsse darauf zu, ob ein Individuum einen Nährstoffmangel oder eine Verletzung erlitten hat oder ob, beziehungsweise in welchem Umfang altersdegenerative Veränderungen vorlagen.

Die Ergebnisse der molekulargenetischen Untersuchungen sind unabhängig von der Anzahl zugeordneter Skelettelemente, da die genetische Information in jedem Skelettelement eines Individuums identisch ist. Ausschlaggebend für die Qualität der Ergebnisse ist hier in erster Linie die Erhaltung der DNA. Ist die Degradierung bereits fortgeschritten, können mitunter lediglich unsichere Ergebnisse angegeben werden. Liegt hingegen eine gute DNA-Erhaltung vor, ist die Analyse verschiedener Marker und Merkmale sowie die Angabe gesicherter Resultate möglich.

Eine Zusammenfassung aller Untersuchungsergebnisse, wie biologische Basisdaten und sonstige Charakteristika, die zugehörigen Skelettelemente sowie der genetische Fingerabdruck und der mitochondriale sowie gegebenenfalls Y-chromosomale Haplotyp für jedes Individuum findet sich im Folgenden. Die Einzelergebnisse der verschiedenen genetischen Analysen sind der beiliegenden CD, beziehungsweise den vorherigen Arbeiten (Anhang A) zu entnehmen. Morphologische und archäologische Daten sind im Fundkatalog (s. beiliegende CD) aufgeführt. Liegen für ein Individuum einzelne der untersuchten genetisch determinierten Merkmale nicht vor, konnten diese nicht ermittelt werden, da das Individuum entweder erst nach der jeweiligen Analyse identifiziert wurde oder die DNA-Degradierung bereits zu stark fortgeschritten war, um zuverlässige Ergebnisse zu generieren.

Datenblatt Individuum F1

Skelettelement	rechts	links
Cranium	152	
Mandibula	38	
Clavicula		
Scapula		91
Humerus	97	40
Radius		
Ulna		72.01
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	154	
Os sacrum	155	
Femur	105	26
Patella		
Tibia	39	27
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter Senilis
Körperhöhe 162 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Fiddikluft, Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/11	11/13	12/18	28/29	20/21	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/-	16/-	9/12	8/15	15/16	12/13	13/-	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H1c+152
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F2

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	1719.01; 1745.05	
Clavicula	1195	
Scapula		1180
Humerus	1398.01	1035
Radius	323.02	6463
Ulna	325.01	2125
Costae	2669	2673
Vertebrae	325.13	
Os coxae	2058	1750
Os sacrum		
Femur	1827.01	1500
Patella		
Tibia	319	1919
Fibula		
Ossa pedis		2642

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter spätes Adultas - frühes Maturitas
Körperhöhe 161 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal, Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	11/12	12/15	28/30	20/21	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/25	16/18	10/13	13/14	16/17	11/-	13/14.2	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	B
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F3

Skelettelement	rechts	links
Cranium	1746.05; 1746.06	
Mandibula	2388	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	2255.03	2364
Radius	2255.02	
Ulna	2255.01	
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		2485.02
Os sacrum		
Femur	4374	4372
Patella		
Tibia	(3628)	(3474)
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Infans I - frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/11	11/-	14/15	30/33.2	20/21	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/19	15/16	7/10	13/15	16/-	11/13	13/-	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	(negativ)
CCR5	wt/(wt)

Datenblatt Individuum F4

Skelettelement	rechts	links
Cranium	5516	
Mandibula	4078	
Clavicula	3379.09	4063.01
Scapula	3652	4006.01
Humerus	4013	3662
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur	(3715)	
Patella	3658	
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Maturitas
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/11	14/15	29/30	20/25	6/8		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/26	15/18	10/12	11/15	16/18	12/13	13/14	14/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp U5b1b1g1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F5

Skelettelement	rechts	links
Cranium	3706	
Mandibula	3713	
Clavicula	4359.01	
Scapula		4017.01
Humerus	3661	(4014)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	3619	
Os sacrum		3701
Femur	3990	3756
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres Maturitas
Körperhöhe 150 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/9	16/-	28/29	21/23	9/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
24/25	18/-	10/-	12/15	15/16	12/13	13/14	17/19

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp T2b#2
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum F6

Skelettelement	rechts	links
Cranium		5517
Mandibula		3709
Clavicula	(4318.02)	4315.01
Scapula		
Humerus	3710	3994
Radius		
Ulna		
Ossa manus		5138
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		3982
Os sacrum		
Femur	3728	3750
Tibia	3669	3707;4326.01
Ossa pedis		4032.01

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	9/12	16/17	29/32.2	21/23	9/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/25	16/18	8/10	12/13	15/17	12/13	14/-	17/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp T2b#2
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	negativ
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F7

Skelettelement	rechts	links
Cranium	65.06	
Mandibula	1247	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	6495	(133.01)
Radius		
Ulna		
Sternum	6540	
Costae	6541	n=8
Vertebrae		
Os coxae	1746.03	1850.01
Femur	1928	1206.01
Tibia	1745.10	1188

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Infans II - frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaa, Reinhardsgrotte, Damokles Schluf

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/12	15/17	29/32.2	22/25	8/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/(25)/(26)	15/16	8/10	11/13	16/17	12/13	14/-	17/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp U5b1b1g1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum F8

Skelettelement	rechts	links
Cranium		3631
Mandibula	87.01; 3878; 4420.04	
Clavicula	3379.10	
Scapula		
Humerus	5521	3664
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	3716	
Os sacrum		3726
Femur	3635	
Patella		
Tibia	3748	5533
Ossa pedis		(3841.03)

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes - mittleres Adultas
Körperhöhe 165 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/12	15/17	30/30.2	21/25	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/26	18/-	10/11	11/13	16/17	12/-	14/15	14/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp U5b1b1g1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F9

Skelettelement	rechts	links
Cranium		3705
Mandibula		3746
Clavicula		
Scapula		
Humerus		(3380.04)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	4025	3743
Os sacrum		
Femur	3379.02	3742
Patella	4460	
Tibia	3654	3729; 4022.01
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/13	8/10	12/15	29/32.2	24/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
20/24	14/16	9/10	(11)/13	15/17	11/12	13.2/15	13/14

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp U3a1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum F10

Skelettelement	rechts	links
Cranium		1046
Mandibula		302
Clavicula		
Scapula		
Humerus	411.01	412.02; 909.04
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		306
Os sacrum		
Femur	67.03	300.01
Patella		
Tibia	300.02	304
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter spätes Adultas
Körperhöhe 156 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (Fiddikluft)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/12	9/13	16/17	28/30.2	22/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
20/23	15/16	8/12	13/15	13/15	9/12	12/13	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp T2b#1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F11

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula	4060.01	4061.01
Scapula		3380.07
Humerus	87.08	3714
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	4001	3666
Os sacrum		
Femur	4077	
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter frühes Adultas
Körperhöhe 159 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	11/12	13/17	27/30	21/23	6/7		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/25	15/16	8/11	10/14	17/-	11/12	14/16.2	17/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H2a1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	(braun)
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F12

Skelettelement	rechts	links
Cranium	R1	
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		65.04
Os sacrum		
Femur	67.02	
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter spätes Maturitas - frühes Senilis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/12	11/12	16/17	29/33.2	21/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/21	16/-	11/12	13/-	16/-	11/12	15/-	14/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F13

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	1078	
Clavicula	305.03	237.05
Scapula		7231.01
Humerus	204.01	(414.01)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	(408)	479
Os sacrum		
Femur	385	1044
Patella		
Tibia	(303.01)	523.01
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Maturitas
Körperhöhe 158 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (7231.01 Jensschluf)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/12	11/12	13/-	27/-	21/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/19	16/-	8/11	13/-	16/-	(11)/12	15/-	15/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	(negativ)
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F14

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	4309	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	3675	3745
Radius		
Ulna		
Ossa manus	5139	
Costae		
Vertebrae	2078.02	
Os coxae	3600	3620
Os sacrum	2078.01	
Femur	5518	1103
Patella		
Tibia		
Ossa pedis	4033.01	

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter frühes - mittleres Adultas
Körperhöhe 157 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	12/13	12/15	28/30	23/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
18/25	14/16	12/-	11/14	15/-	10/13	13/15	14/15

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1b1a1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	rot
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	(tolerant)
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum F15

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	2589	
Clavicula		
Scapula	1744.32	(2414.03)
Humerus	N965.02	N964.02; 1744.08
Radius		
Ulna	N965.04	(N959.01)
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	(E10; N965.05)	(N959.03)
Os sacrum		
Femur	N965.01	N964.01
Patella		
Tibia	2588	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Juvenis - frühes Adultas
Körperhöhe 157 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Horstspalte, (Grabkammer)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	11/12	13/15	28/30	22/24	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/20	15/16	10/11	13/-	16/-	8/11	13/14	14/15

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp U2e1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	negativ
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F16

Skelettelement	rechts	links
Cranium		R2
Mandibula		934.02
Clavicula	(906.01)	
Scapula		
Humerus	914.01	930.01
Radius		909.05
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		4.03
Os sacrum		
Femur		901.01
Patella		
Tibia		
Ossa pedis	916.04; 916.05;	916.03

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres Maturitas
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/12	15/16	30/33.2	21/-	9/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/24	16/18	10/14	12/13	14/18	12/14	13/14	15/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/(wt)

Datenblatt Individuum F17

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		(3190.11)
Clavicula		
Scapula		
Humerus	E13	
Radius		3000.22
Ulna	2966	3000,23
Ossa manus		3000.1-.21; .24-.26
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Femur		
Tibia	E31	

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Infans I - frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer, (Bernhards Schluf)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	11/12	13/14	27/30.2	20/21	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
-/-	16/-	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-	(14)/(15)/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F18

Skelettelement	rechts	links
Cranium	1176	
Mandibula	2133	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	1496	6458
Radius	1537.01	1571
Ulna	(1493)	2784.01
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	1082.03	1159.01
Os sacrum	233.01	
Femur	200	199
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes - mittleres Adultas
Körperhöhe 163 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (Berndsaal)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	10/11	14/16	29/(30.2)	19/24	7/9		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
22/24	15/16	11/-	14/15	16/(17)	11/12	14/-	14/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp U4a1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum F19

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	(N969.01)	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	1585.03	N968.04
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	N968.07	
Os sacrum		
Femur	2579	1585.07
Patella		
Tibia	(E06)	N969.05
Ossa pedis		1585.04

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Juvenis - frühes Adultas
Körperhöhe 152 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Grabkammer, Horstspalte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	10/11	14/15	30.2/31	20/24	9/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
23/25	15/17	10/11	12/14	14/16	12/13	14/15	14/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H5#2
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F20

Skelettelement	rechts	links
Cranium	958	
Mandibula		
Clavicula	(1543.01)	
Scapula		
Humerus	(1467.01)	
Radius		
Ulna	(1636)	
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia	1744.35	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Horstspalte, (Grabkammer)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/11	16/18	30/30.2	21/-	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/17	15/16	(7)/-	(12)/-	14/15	12/13	14/15	16/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	(rot)
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F21

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	(E39)	
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius	(1461)	(3288.03)
Ulna		
Vertebrae		
Os coxae		
Femur		
Patella	3289	3290
Tibia	3300	3299
Fibula	3298	
Ossa pedis	3321.02; 3311	3321.01; .03

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes - mittleres Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer, (Horstspalte)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	11/12	12/18	30/33.2	20/21	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/25	16/-	9/13	13/15	16/17	11/13	13/-	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F22

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula	E16	
Humerus	1547.03	
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur	1457; 1548.11	1471; (N969.10)
Patella		
Tibia	(1774.05)	

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Horstspalte, Grabkammer

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	11/13	18/20	28/29	20/21	9/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
25/-	15/16	10/12	(8)/-	16/18	11/12	15/16.2	(15)/(16)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H1c+152
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F23

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	(193)	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	65.05	198.01
Radius		
Ulna		
Ossa manus	263.01	
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	653.01	56.03
Os sacrum		
Femur	65.02; 58.05	58.01
Patella		255
Tibia	57.05	65.03

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Maturitas
Körperhöhe 157 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/-	12/14	16/19	29/30	20/-	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
24/-	15/16	11/13	14/-	16/17	12/13	14/15	17/19

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum F24

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		913.03
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	20	911.01
Os sacrum		
Femur	900.01	903.01
Patella		
Tibia	901.03	906.02
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter	mittleres Adultas
Körperhöhe	nd
Lage in der Höhle	Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/-	8/-	14/17	29/30	21/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/20	15/16	9/12	8/-	15/16	12/-	13/15	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp	H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp	-

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	(tolerant)
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum F25

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		886.01
Scapula		
Humerus	(58.16)	
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		179.02
Os sacrum		
Femur	58.06	66.02
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	8/12	14/16	28/29	20/25	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(23)/(24)	15/16	10/(11)	13/(14)	16/-	12/-	14/15.2	17/(18)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum F26

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		(1775.03)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia		(1547.01)
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig

Sterbealter	spätes Infans I - frühes Infans II
Körperhöhe	nd
Lage in der Höhle	Horstspalte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	11/12	13/14	27/30.2	20/21	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
18/19	16/-	9/11	-/-	15/(16)	12/-	13/15	(15)/(20)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp	H39
Y-chromosomaler Haplotyp	-

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	(rot)
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F27

Skelettelement	rechts	links
Cranium	78.01	
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus	516	
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia	305.02	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter frühes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/10	11/13	13/18	27/28	21/25	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(16)/-	16/-	8/9	-/-	16/-	12/-	13/15	(17)/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F28

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		2263
Clavicula		
Scapula		
Humerus	(3971)	2389
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	3626	1745.02; 5603
Os sacrum		
Femur	2103	3622
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/11	11/12	12/14	28/29	21/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/25	16/-	7/10	14/15	16/17	11/-	13/14.2	16/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F29

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus	187	(65.10)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres - spätes Adultas
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/13	12/14	12/14	29/(30)/(32.2)	22/23	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
-/-	14/-	(10)/-	13/15	-/-	(9)/-	(14)/15	14/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp H1a1c
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	nd
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum F30

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	4.02	
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		906.08
Patella		
Tibia	913.17	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter spätes Infans I - frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/11	8/13	17/20	28/30	21/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/20	16/17	12/-	8/12	15/16	12/-	15/-	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	nd
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F31

Skelettelement	rechts	links
Cranium	7075.01; 7027; 7043.19; 7052.03; 7274	
Mandibula	7060; 7270.08; .09	
Clavicula	7227.01	
Scapula	(7156.01)	
Humerus	7230; 7181	
Ossa manus	7250; 6987.03; 7023; 7073.02; .03; 7076; 7270.03	
Sternum	7270.01	
Costae	7156.03; 7156.02; 7164.01	
Vertebrae	7158; 7270.02; 6987.02; 7030.10; 7156.04; 7168.02-.04; 7168.05; 7172; 7264	
Os coxae	6983	
Patella	7073.01	
Tibia	7058	
Fibula	6985	
	7152	
Ossa pedis	7026; 7149-7151; 7164.02-.08; 7168.01; 7175	

schwarz = genetisch zugeordnet; blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres Adultas
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Jenschluf

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	12/13	14/15	(27)/28	20/22	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
20/25	16/18	10/11	12/13	13/16	9/12	14/18.2	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H1e1a+16278
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum F32

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	57.08	
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur	58.08	
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter spätes Infans II - frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	8/12	14/16	28/30	20/23	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
23/24	15/-	11/12	10/14	16/17	12/13	13/14	18/19

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp -

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	
Augenfarbe	
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum M1

Skelettelement	rechts	links
Cranium		1485
Mandibula		1172.01
Clavicula	1474	(1158.01)
Scapula		1082.01
Humerus	(1573)	1492
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae	1491; 1524.03; 1568	
Os coxae	1572	1475
Os sacrum		1082.02
Femur	67.01	1076
Patella		
Tibia	201	1065
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres Maturitas
Körperhöhe 171 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	11/13	14/20	30.2/33.2	21/25	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/18	15/17	7/8	12/13	16/-	11/12	13/15	15/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H1e1a1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum M2

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	3644	
Clavicula	(3640)	3981.01
Scapula		
Humerus	(2108)	3670
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae	(3648)	
Os coxae	3973	
Os sacrum		3643
Femur	3605	1102
Patella		
Tibia	322	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Maturitas
Körperhöhe 174 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/10	11/-	14/18	29/33.2	20/21	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/-	15/16	7/9	12/15	16/-	11/13	13/-	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H1c+152
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M3

Skelettelement	rechts	links
Cranium		6525
Mandibula		1482
Clavicula	1751.02	1223.02
Scapula		1751.01
Humerus	2601	1183
Radius		
Ulna	1246	1826.01
Ossa manus		
Costae	1194	2679; 2790
Vertebrae	3305; 3331; 3421	
Os coxae	6465	1956
Os sacrum		1946
Femur	1186	1911
Patella		
Tibia	1069	321
Ossa pedis	1654	

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter mittleres Maturitas
Körperhöhe 174 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, Berndsaaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	12/-	15/17	30.2/32.2	21/22	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
18/19	16/18	8/11	13/-	16/(17)	12/13	14/15	17/19

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H2a1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #3

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	0
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M4

Skelettelement	rechts	links
Cranium	900.03	
Dentes	916.08 (n=3)	
Clavicula		
Scapula	923.01	33
Humerus	(925.01)	934.01
Radius	(929.05)	
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	41; 928.04	103.03; 113
Os sacrum		
Femur		35
Patella		
Tibia	107	32
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	12/13	14/19	28/29	20/25	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
23/24	15/17	11/12	10/14	16/17	12/13	13/14	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #2

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	(negativ)
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum M5

Skelettelement	rechts	links
Cranium	908	
Mandibula	(3380.01)	
Clavicula	(3841.01)	3993.01
Scapula		
Humerus	4767	5503.01
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	3615	3475
Os sacrum	3609	
Femur	3752	3727
Patella		
Tibia	2096	3704
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Adultas
Körperhöhe 171 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Berndsaal, (908 Fiddikluft evtl. Verlagerung durch Raubgräber)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/13	8/14	15/19	28/30	20/25	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/24	15/17	10/13	10/14	16/-	12/13	13/15	16/19

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #2

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	(positiv)
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M6

Skelettelement	rechts	links
Cranium		R3
Mandibula		2111.01
Clavicula		
Scapula		
Humerus	2009	3630
Radius	(2106)	(2105)
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	2402; (2102)	2522
Os sacrum		
Femur	2061	2030.01
Patella		
Tibia	(447)	3379.13; .05
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/13	12/13	16/18	29/30.2	21/24	7/9		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/19	16/-	9/-	10/12	15/-	12/14	13/16.2	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H1c+152
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #3

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	(tolerant)
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	negativ
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M7

Skelettelement	rechts	links
Cranium	3.01; 910.01	
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus	926.03	
Radius		(909.03)
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	(933.03)	929.28
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia	(913.01)	
Ossa pedis		929.02

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/12	13/18	29/30	24/25	6/8		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
-/-	14/15	10/11	10/11	16/(17)	11/(13)	13/14	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#2
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	rot
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M8

Skelettelement	rechts	links
Cranium	3757	
Mandibula	4003	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	4058	(3812)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	87.15; 4074.01	
Os sacrum		
Femur	4361.01	3808
Patella		
Tibia	3703	327.02
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	10/12	12/17	24.2/30.2	21/25	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
-/-	17/18	9/11	10/11	(17)/-	(11)/(12)	14/-	17/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp U5b1b1g1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	(tolerant)
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M9

Skelettelement	rechts	links
Cranium	1473	
Mandibula	2749	
Clavicula	2786	1223.01
Scapula		1752
Humerus	1917	1948
Radius	1827.02	1958
Ulna		
Costae		6511
Vertebrae	3309; 3345	
Os coxae	(87.13)	1603
Os sacrum	1179	
Femur	1905	1916
Patella		
Tibia	1084	1484
Ossa pedis		6478

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Adultas
Körperhöhe 169 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (Berndsaal)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	11/14	12/14	27/32.2	21/23	6/7		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/(25)	16/19	10/13	13/-	14/17	13/-	13/16.2	14/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H7a1
Y-chromosomaler Haplotyp R1b

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M10

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	480.01	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	413.01	(OF1)
Radius		
Ulna	(158)	5.01
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	(481); 84.02	
Os sacrum		
Femur	58.02	902.01
Patella		
Tibia	(186)	66.01
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Maturitas
Körperhöhe 174 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (Fiddikluft)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	9/13	10/12	31.2/32.2	22/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/20	14/15	9/-	13/(15)	13/16	11/12	13/13.2	13/15

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp T2b#1
Y-chromosomaler Haplotyp R1a

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum M11

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		(398.02)
Clavicula		
Scapula	1156	
Humerus	1004.01	(305.01)
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	84.01	(307.02); 182.01
Os sacrum		
Femur	204.02	183.01
Patella		
Tibia	65.08	(1079.01)

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter mittleres Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/-	8/11	13/15	29/32.2	24/-	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
20/-	14/16	9/10	13/-	15/17	11/12	13/14	14/19/(24)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp U3a1c
Y-chromosomaler Haplotyp R1a

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/ Δ 32

Datenblatt Individuum M12

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	E33	
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna	E26	
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	3190.22	
Os sacrum		
Femur	E OF 1	E03
Patella		
Tibia	E32	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer, (Bernhards Schluf)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/11	11/-	15/18	30/33.2	20/21	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/(25)	15/18	9/(13)	12/13	16/17	11/13	13/-	16/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #1

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	(blau)
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M13

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	411.02	415
Os sacrum		
Femur	65.01	58.03
Patella		
Tibia	533.02	229
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter spätes Juvenis - frühes Adultas
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/-	8/13	16/20	29/30	21/25	6/8		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/19	15/18	10/12	13/-	16/17	11/12	13/15	16/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp T2
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M14

Skelettelement	rechts	links
Cranium		918.01
Mandibula	915.05; 928.07	
Clavicula		914.02
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		905.04; 926.01
Os sacrum		
Femur	904.03	905.01
Patella		
Tibia	(905.02)	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter	spätes Juvenis
Körperhöhe	nd
Lage in der Höhle	Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/12	8/11	18/19	29/31.2	20/22	7/9		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/-	15/(17)	10/12	12/13	15/16	9/11	12/15	16/(18)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp	H5#1
Y-chromosomaler Haplotyp	I2a2b L38 #4

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	B
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M15

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia		3788.01
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter frühes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
(11)/12	8/11	16/-	29/-	20/21	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/(24)	15/18	(9)/-	-/-	16/18	11/14	13/15	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	nd
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M16

Skelettelement	rechts	links
Cranium	3886	
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus	5403	
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur	(4065)	
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Berndsaal

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	8/10	12/15	29/30.2	24/25	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
19/20	17/18	8/11	10/13	17/-	11/12	13/14	14/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp U5b1b1g1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M17

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		34
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		157.06
Vertebrae		157.04
Os coxae	57.03	
Os sacrum		
Femur	56.01	57.02; 926.25
Patella		
Tibia	153.01	J.Stauch
Fibula		
Ossa pedis		487.01

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter spätes Maturitas
Körperhöhe 169 cm (+/- 3,5 cm)
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, (Fiddikluft)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/13	8/13	14/15	28/29	23/25	7/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/23	15/17	10/12	10/13	16/-	12/13	13/15.2	16/18

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp H6#1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #2

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	B
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/(wt)

Datenblatt Individuum M18

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula	3037.02	
Clavicula		
Scapula		
Humerus	(E11)	E12
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	(E08)	E09
Os sacrum		
Femur	E01	E02
Patella		
Tibia	E29	3157
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
 () = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/12	11/13	13/18	27/28	21/25	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(16)/(17)	16/17	8/-	13/-	15/16	11/12	13/15	15/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	(positiv)
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M19

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		1548.06
Humerus		
Radius	E25	N962.01
Ulna		3190.14
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		3190.32
Os sacrum		
Femur	E28; (1544.14)	
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter spätes Infans II - frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer, Horstspalte, Bernhards Schluf

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
10/11	8/13	17/20	28/29	24/25	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(20)/-	16/-	12/-	8/-	15/-	12/13	13/15	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	(rot)
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M20

Skelettelement	rechts	links
Cranium	3246	
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia	3297	
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter mittleres Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/12	11/-	12/18	30/33.2	20/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/25	16/-	9/13	14/15	16/17	11/13	13/14.2	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	nd
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M21

Skelett- element	rechts	links
Cranium	7043.01; 7270.10	
Mandibula	7227.03	
Clavicula	7043.05	7043.04
Scapula	7043.07	7043.06
Humerus	7043.02	7227.02
Radius	7043.03	7052.01
Ulna	277.01	6987.01
Ossa manus	7043.16-.18	
Costae	7270.07; 7030.01-.04; .08-.12; 7052.07-.12; 7227.07; .08; 7229	
Vertebrae	7030.09; 7052.04-.06; 7227.11; .12; 7340	
Os coxae	7030.07; 7052.02	7030.08; 7351
Femur	7030.06	6962
Tibia	6982	7339

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet
blau = aufgrund ihrer Lage zugeordnet

Sterbealter frühes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Jensschluf, (277.01 Berndsaal)

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
12/-	8/-	15/17	31.2/-	21/22	6/9		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
24/-	15/18	11/(14)	13/-	13/16	11/13	14/16	15/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H6#2
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	blond
Augenfarbe	blau
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/-

Datenblatt Individuum M22

Skelettelement	rechts	links
Cranium		531
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus	1745.08	1494
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae	1921	
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia		327 "kurz"; ("lang")
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

() = wahrscheinlich zugehörig (andernfalls gesichert zugehörig)

Sterbealter frühes Infans I
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Reinhardsgrotte, Berndsaa

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/11	11/12	14/15	28/33.2	21/-	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
17/25	16/18	9/13	12/14	16/-	11/-	13/14.2	16/17

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele

Mitochondrialer Haplotyp J1c
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	nd
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M23

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia	1548.01	1548.02
Fibula	2964.01	
Ossa pedis	3002.05	

schwarz = genetisch zugeordnet; grün = morphologisch zugeordnet

Sterbealter spätes Infans II - frühes Juvenis
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Horstspalte, Grabkammer

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
9/10	11/13	13/14	27/28	20/21	9.3/-		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
16/-	16/-	8/9	-/-	16/-	12/-	13/15	15/(16)

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden

Mitochondrialer Haplotyp H39
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	nd
Augenfarbe	nd
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M24

Skelettelement	rechts	links
Cranium		(E37)
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		
Patella		
Tibia		

schwarz = genetisch zugeordnet
() = wahrscheinlich zugehörig

Sterbealter frühes Infans II
Körperhöhe nd
Lage in der Höhle Grabkammer

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
11/13	8/13	13/17	29/31	21/24	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(24)/-	(13)/(14)/16	(8)/-	(15)/-	-/-	-/-	(15)/-	16/-

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	braun
Augenfarbe	grün-braun
Laktosetoleranz	tolerant
AB0-Blutgruppe	nd
Rhesusfaktor D	nd
CCR5	wt/wt

Datenblatt Individuum M25

Skelettelement	rechts	links
Cranium		
Mandibula		
Clavicula		
Scapula		
Humerus		
Radius		
Ulna		
Costae		
Vertebrae		
Os coxae		
Os sacrum		
Femur		907.01
Patella		
Tibia		
Fibula		

schwarz = genetisch zugeordnet

Sterbealter	mittleres - spätes Infans I
Körperhöhe	nd
Lage in der Höhle	Fiddikluft

Autosomale STRs

D5S818	D13S317	D18S51	D21S11	FGA	TH01		
(10)/11	8/13	14/20	28/30	21/-	6/9.3		
D2S1338	D3S1358	D7S820	D8S1179	D9S1120	D16S539	D19S433	VWA
(17)/(20)	15/17	(7)/9/(11)	8/(15)	16/-	12/13	13/15/17	(15)/16

- = keine (weiteren) Allele identifiziert, aufgrund (i) homozygoter Systeme, (ii) fortgeschrittener DNA-Degradierung, (iii) vorliegender Nullallele; Allele in () konnten nicht, beziehungsweise kaum reproduziert werden; bei Angabe von drei Allelen in einem STR-System konnte keine gesicherte Entscheidung getroffen werden, bei welchen Allelen es sich um die korrekten handelt

Mitochondrialer Haplotyp	H2a2a#1
Y-chromosomaler Haplotyp	I2a2b L38 #0

Genetisch determinierte Merkmale

Merkmal	Ausprägung (Phänotyp)
Haarfarbe	schwarz
Augenfarbe	braun
Laktosetoleranz	intolerant
AB0-Blutgruppe	A
Rhesusfaktor D	positiv
CCR5	wt/(wt)

5.6 Repräsentanz und Zuordnung von Skelettelementen

Den 57 in der Lichtensteinhöhle identifizierten Individuen wurden insbesondere auf Basis der genetischen Analyseergebnisse, aber auch aufgrund morphologischer Merkmale oder ihrer Lage jeweils 1 bis 49 (Median=10) Skelettelemente zugeordnet, welche in der Regel aus dem selben Höhlenabschnitt geborgen wurden (vgl. Kapitel 4.3). Die Individuen F17, F31 und M21 stellen hinsichtlich der Anzahl zugeordneter Skelettelemente Sonderfälle dar, da diesen Individuen überdurchschnittlich viele Skelettelemente zugeordnet werden konnten.

Die den Individuen F31 und M21 zugeordneten Skelettelemente (n=49 und n=43) umfassten sämtliche Körperregionen und wurden fast ausschließlich aus dem Jensschluf geborgen. Dieser Höhlenabschnitt wurde direkt zu Beginn der Höhlennutzung belegt und zeitnah wieder teilweise verfüllt, sodass während der folgenden Nutzung keine weiteren Knochen in diesen Bereich gelangen konnten (Flindt & Hummel 2021). Aus dem Jensschluf wurden zum einen 50 Skelettelemente geborgen, welche auf ein erwachsenes Individuum hindeuteten, zum anderen 42 Knochen, welche aufgrund ihrer geringen Größe einem sehr jungen Kind (frühes Infans I) zugeordnet werden konnten. Aufgrund der besonderen Befundsituation im Jensschluf sowie der identischen Alterseinschätzung für alle Knochen des subadulten Individuums, konnte hier davon ausgegangen werden, dass die Knochen zu einem einzigen Individuum (M21) gehören. Eine stichprobenartige molekulargenetische Überprüfung von neun der 42 Skelettelemente konnte dies bestätigen. Auffällig ist, dass dem jungen Kind ein weiterer Knochen, die rechte Ulna mit der Fundnummer 277.01, zugeordnet werden konnte, welche jedoch nicht im Jensschluf, sondern aus dem Berndsaal geborgen wurde. Eine mögliche Erklärung hierfür wird in Kapitel 4.3 diskutiert.

Die Beurteilung der 50 übrigen Skelettelemente aus dem Jensschluf war weniger eindeutig, da diese in den meisten Fällen als erwachsen eingestuft wurden und somit allein auf Basis des Individualalters zahlreichen Individuen zugeordnet werden konnten (vgl. Kapitel 3.2.2). Dreizehn der vierzehn stichprobenartig molekulargenetisch untersuchten Fundnummern wiesen einen identischen genetischen Fingerabdruck auf und repräsentieren das Individuum F31. Die Scapula 7231.01 hingegen konnte anhand ihres genetischen Musters dem Individuum F13 zugeordnet werden, dessen übrige Skelettelemente aus der Reinhardsgrotte geborgen wurden. Aufgrund der Fundumstände ist für diesen Knochen davon auszugehen, dass es sich um eine unbeabsichtigte Verlagerung handelt (vgl. Kapitel 4.3) und die übrigen Knochen aus dem Jensschluf ebenfalls Individuum F31 zuzuordnen sind.

Individuum F17 konnten 32 Fundnummern zugeordnet werden, von denen 28 Knochen im anatomischen Verbund als Teilskelett einer Hand sowie des Unterarms vorlagen (Abb. 5.2). Aufgrund der Lage der Knochen war es ausreichend, lediglich den Radius und die Ulna molekulargenetisch zu untersuchen, sodass die kleinen Elemente des Handskeletts unversehrt bleiben konnten. Neben dem Handskelett wurden dem Individuum eine Mandibula sowie Humerus, Ulna und Tibia der rechten Körperseite zugeordnet, womit F17 abgesehen von dem Handskelett durch eher wenige Knochen repräsentiert ist.

Bei den 1 bis 23 (Median=9,5) zugeordneten Knochen der übrigen 54 Individuen handelt es sich in erster Linie um das Cranium inklusive Mandibula, die größeren Knochen der Extremitäten sowie die Beckenknochen. Die Auswahl dieser Skelettelemente für die mo-



Abbildung 5.2: Unterarm-Teilskelett des Individuums F17

Abbildungen: Landkreis Göttingen, Standort Osterode am Harz (Kreisarchäologie)

lekulargenetischen Analysen erfolgte zum einen aufgrund der systematischen Beprobung zur bestmöglichen Näherung an die Mindestindividuenzahl (vgl. Kapitel 4.1), zum anderen lassen sich aus diesen Knochen durch verschiedene morphologische Untersuchungsmethoden Angaben hinsichtlich des Sterbealters und der Körperhöhe ableiten. Knochen der Autopodien sowie des Schultergürtels und des Rumpfskeletts wurden vornehmlich dann molekulargenetisch untersucht, wenn diese pathologische Veränderungen aufwiesen oder die Zugehörigkeit zu einem Individuum für die archäologische Interpretation von Bedeutung war. Die Zuordnung der 3385 Knochenproben, für welche keine molekulargenetischen Ergebnisse vorliegen, würde somit dazu führen, dass die identifizierten Individuen durch mehr (durchschnittlich etwa 67) Knochen repräsentiert würden. Dennoch sind mit insgesamt 3810 aus der Lichtensteinhöhle geborgenen Knochen nur gut ein Drittel der bei 57 Individuen zu erwartenden Skelettelemente vorhanden (vgl. Kapitel 4.2), sodass davon auszugehen ist, dass die Individuen zwar mit mehr als den gesichert zugeordneten 1 bis 49 Knochen, jedoch nicht vollständig in der Höhle repräsentiert waren.

Auffällig ist, dass Kindern im Mittel weniger Skelettelemente zugeordnet wurden, als erwachsenen Individuen (Abb. 5.3 und 5.4). Eine mögliche Erklärung hierfür ist, dass die Knochen kleinerer Individuen durch ihre Grauzilität sowie ihre geringeren Wandstärken bei identischen Liegebedingungen oftmals stärker von Dekomposition betroffen sind und somit die Degradierung der DNA bereits weiter fortgeschritten sein kann, als bei erwachsenen Individuen (z.B. Grupe et al. (2015)). Darüber hinaus ist bei einer Sekundärbestattung zu erwarten, dass eher die Skelettelemente jüngerer Individuen fehlen, da diese zum einen in Erdgräbern am Primärbestattungsplatz bereits stärker vergangen sein können. Zum ande-

ren ist denkbar, dass die kleinen Knochen bei der Exhumierung nicht erkannt oder während des Transports verloren wurden (vgl. Kapitel 4.2), wodurch weniger Skelettelemente sub-adulter Individuen in die Höhle eingebracht wurden. Nicht auszuschließen ist in diesem Kontext außerdem, dass die Bestattenden gezielt Knochen ausgewählt und in der Lichtensteinhöhle deponiert haben, wobei die Analyse des Skelettkollektivs keine Rückschlüsse auf ein solches Vorgehen zulässt.

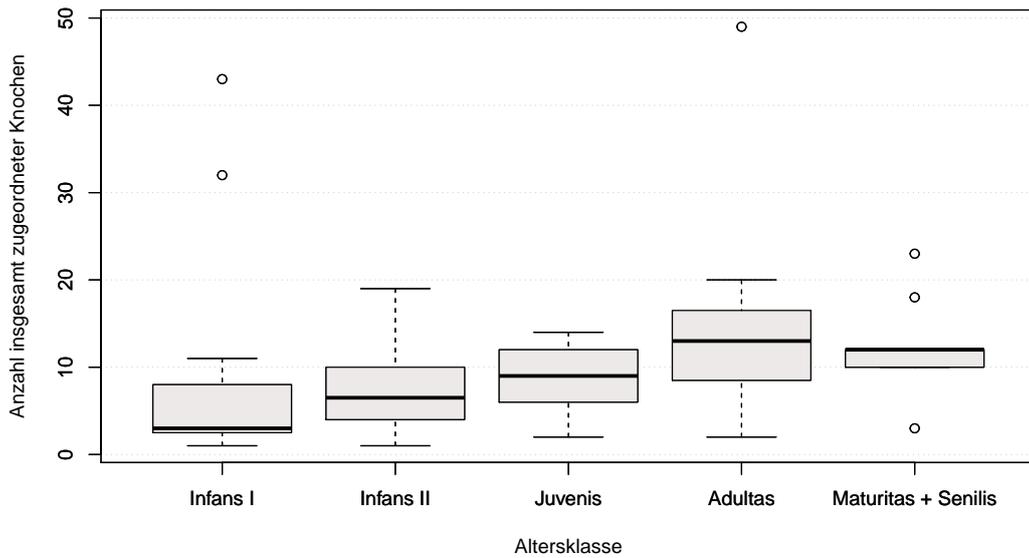


Abbildung 5.3: Anzahl der jeweils insgesamt zugeordneten Skelettelemente nach Altersklassen

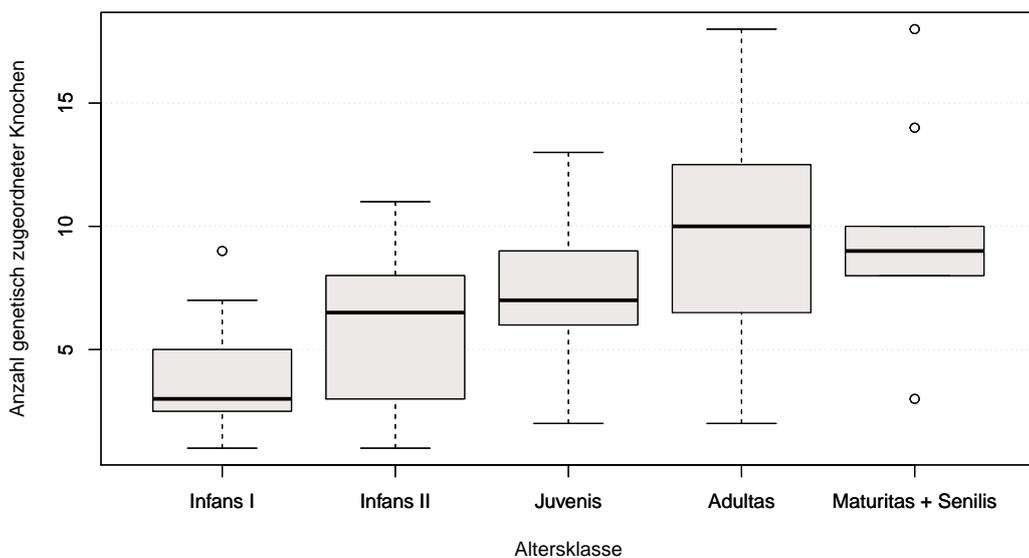


Abbildung 5.4: Anzahl der jeweils genetisch zugeordneten Skelettelemente nach Altersklassen

6 Demographische Strukturen

Auf die Identifikation der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen aufbauend wurde die demographische Struktur der Gruppe untersucht und mit anderen prähistorischen Skelettkollektiven verglichen. Hierzu wurden die Sterbealtersverteilung sowie die Geschlechtsbestimmung der Individuen näher betrachtet. Eine ausführliche Beurteilung der Fertilität in der untersuchten Gruppe erfolgt in Kapitel 7.2.

Mittels molekulargenetischer Analysen konnten in der Höhle 57 Individuen in einem Geschlechterverhältnis von 25 männlichen zu 32 weiblichen Individuen nachgewiesen werden. Hinsichtlich des Sterbealters waren alle Altersklassen vertreten, wobei 31 Individuen einer subadulten Klasse angehörten, während 23 Individuen zum Zeitpunkt ihres Todes bereits das Erwachsenenalter erreicht hatten. Drei Individuen wiesen ein Sterbealter im Übergang vom Juvenis zum Adultas auf.

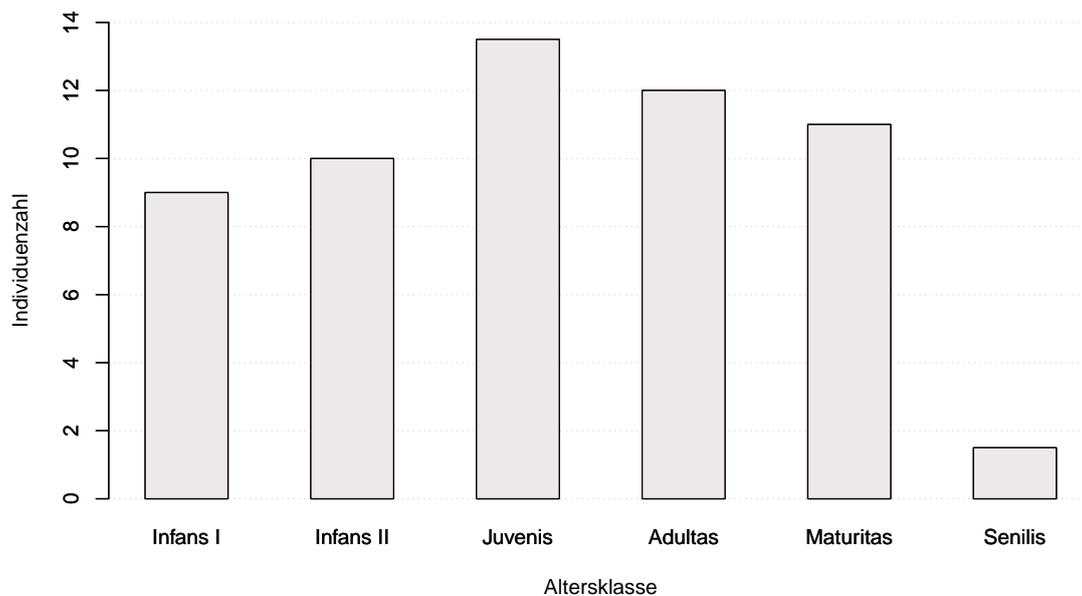
6.1 Altersstruktur

Die Altersstruktur der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen ist in Tabelle 6.1 sowie den Abbildungen 6.1 und 6.2 dargestellt. Die graphischen Darstellungen unterscheiden sich dahingehend, dass in Abbildung 6.1 die den sechs Altersklassen insgesamt zugeordneten Individuen aufgetragen wurden, während in Abbildung 6.2 eine Unterteilung der Altersklassen in die jeweiligen frühen, mittleren und späten Abschnitte vorgenommen wurde. Hierbei ist zu beachten, dass die subadulten Altersklassen Infans I bis Juvenis jeweils lediglich sechs, beziehungsweise acht Jahre umfassen, während die erwachsenen Klassen Adultas und Maturitas jeweils einen Bereich von zwanzig Jahren beschreiben (vgl. Kapitel 3.3). Eine weitere Unterteilung der subadulten Altersklassen resultiert demnach in Altersbereichen von zwei bis drei Jahren, weshalb eine genaue Einordnung oftmals nur anhand des Zahnstatus möglich ist. In der Folge wurde, insbesondere bei nur wenigen beurteilbaren und/oder fragmentierten Skelettelementen, häufig ein Alter im Übergang zwischen zwei Altersklassen angegeben. Dies führt dazu, dass in Abbildung 6.2 eine erhöhte Sterblichkeit am Übergang zwischen den subadulten Altersklassen suggeriert wird, wobei aus genannten Gründen davon auszugehen ist, dass die Sterblichkeit in den frühen und späten Abschnitten der Altersklassen leicht überschätzt, im mittleren Bereich entsprechend unterschätzt wurde. Für eine allgemeine Einordnung der Sterblichkeit der subadulten Individuen, bietet somit Abbildung 6.1 eine robustere Grundlage, während sich Abbildung 6.2 für eine detaillierte Beurteilung der Sterbealtersverteilung der erwachsenen Individuen besser eignet.

Tabelle 6.1: Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle

Altersklasse	Individuenzahl	Altersklasse	Individuenzahl
Infans I	9 $\hat{=}$ 15,8%	Adultas	12 $\hat{=}$ 21,1%
früh	5	früh	6
mittel	1	mittel	4
spät	3	spät	2
Infans II	10 $\hat{=}$ 17,5%	Maturitas	11 $\hat{=}$ 19,3%
früh	5	früh	2,5
mittel	1,5	mittel	5
spät	3,5	spät	3,5
Juvenis	13,5 $\hat{=}$ 23,7%	Senilis	1,5 $\hat{=}$ 2,6%
früh	6,5	früh	0,5
mittel	2	mittel	1
spät	5		

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

**Abbildung 6.1:** Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

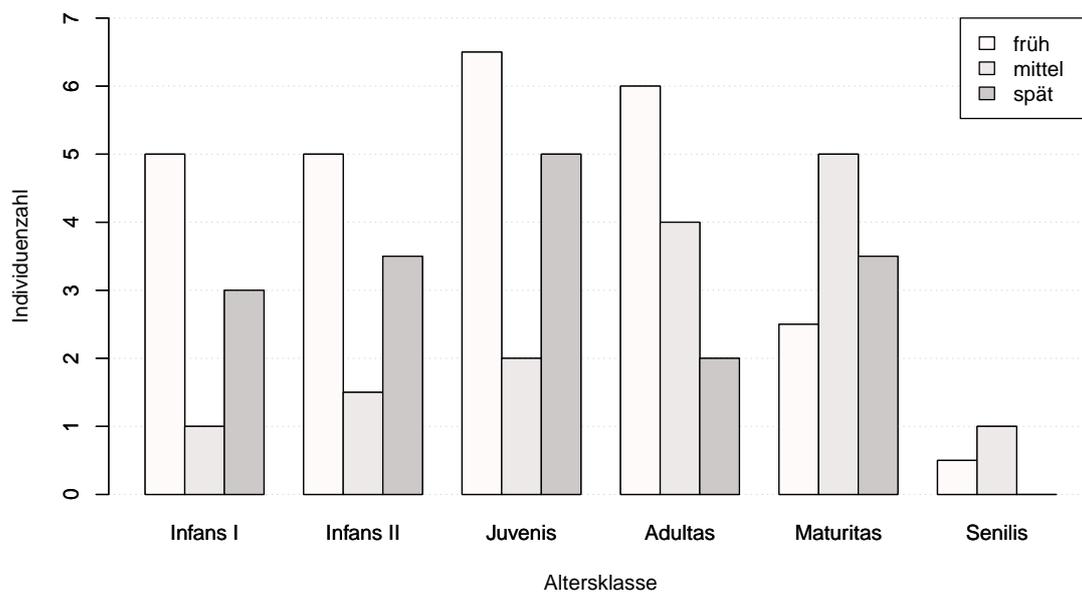


Abbildung 6.2: Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle mit Unterteilung der Altersklassen

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

6.1.1 Sterbealtersverteilung der erwachsenen Individuen

Innerhalb der Altersklassen Adultas, Maturitas und Senilis deckt sich das beobachtete Verhältnis etwa mit den Daten bronzezeitlicher und eisenzeitlicher Serien (Schutkowski & Hummel 1991) und entspricht damit den Erwartungen. So ist etwa die Hälfte der erwachsenen Individuen im Adultas verstorben, die zweite Hälfte wurde älter als 40 Jahre.

Innerhalb der Altersklasse Adultas konnte wiederum im ersten Drittel (20 bis 27 Jahre) die höchste Sterblichkeit (50%) beobachtet werden. Ein derartiger Sterbegipfel im frühen bis mittleren Adultas wurde auch von Schutkowski & Hummel (1991) in einigen der von ihnen untersuchten Serien beschrieben und ist möglicherweise auf eine erhöhte Sterblichkeit durch Komplikationen bei einer Schwangerschaft oder Geburt zurückzuführen (vgl. Kapitel 6.2).

Hinsichtlich der Individuen, welche ein Individualalter von über 40 Jahren erreicht haben, verstarben etwa zwei Drittel der Individuen im mittleren bis späten Maturitas (47 bis 60 Jahre). Dies deutet darauf hin, dass das natürliche Sterbealter in der betrachteten Gruppe in diesem Bereich lag, wobei zwei Individuen über 60 Jahre alt geworden sind. Die Lebensumstände der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen ermöglichten es demnach, ein verhältnismäßig hohes Alter zu erreichen, wobei der überwiegende Anteil vor Erreichen des Senilis verstarb. Auch diese Beobachtung deckt sich mit den Ergebnissen anderer Untersuchungen, in denen ebenfalls einige wenige im Senilis verstorbenene Individuen nachgewiesen wurden (Schutkowski & Hummel 1991, Rebay-Salisbury et al. 2018).

6.1.2 Sterblichkeit im Infans II und Juvenis

Das Verhältnis zwischen den subadulten und erwachsenen Individuen beträgt 57% zu 43%, was grundsätzlich vergleichbar mit anderen Bestattungsplätzen ähnlicher Zeitstellung ist (Schutkowski & Hummel 1991, Rebay-Salisbury et al. 2018). Jedoch ist die Anzahl der im späten Infans II und Juvenis verstorbenen Individuen auffällig hoch. Die Altersgruppen machen zusammen etwa 30% der gesamten Bestattungen aus und liegen hiermit deutlich über den in anderen Skelettserien zu beobachtenden Werten (Schutkowski & Hummel 1991, Rebay-Salisbury et al. 2018).

Eine Erklärung für die in der betrachteten Skelettserie hohe Anzahl der im späten Infans II verstorbenen Individuen kann nicht gegeben werden, da es sich bei dieser Altersklasse in der Regel um die Gruppe mit dem geringsten Sterberisiko handelt (Herrmann et al. 1990). Eine mögliche Ursache für den Tod weiblicher Individuen im Juvenis könnten Komplikationen beim Austragen oder der Geburt eines Kindes aufgrund einer zu frühen Schwangerschaft sein. Hiermit lässt sich jedoch lediglich der Anteil weiblicher, juveniler Individuen erklären. Der frühe Tod männlicher Heranwachsender könnte durch die Übertragung von Aufgaben und Pflichten resultieren, welche zum Beispiel mit einem erhöhten Unfallrisiko verbunden waren. Hinweise durch entsprechende Traumata sind jedoch am Skelett der Jugendlichen nicht zu finden. Auch eine erhöhte Risikobereitschaft in dieser Altersklasse wäre als Ursache für die erhöhte Mortalitätsrate denkbar, jedoch anhand des Skelettmaterials ebenfalls nicht nachweisbar. In jedem Fall wäre davon auszugehen, dass die genannten Ursachen für einen frühzeitigen Tod nicht auf die in der Lichtensteinhöhle bestattete Bevölkerung beschränkt wären, sondern auch für andere Serien gelten.

Die erhöhte Sterblichkeit im späten Infans II und Juvenis könnte daher auf eine Ursache zurückzuführen sein, welche sich auf die Lichtensteinhöhle begrenzte. Denkbar wäre hier ein spezieller Initiationsritus oder eine Krankheit. Eine genetisch bedingte Erkrankung, welche unbehandelt zu einem frühen Tod des betroffenen Individuums im Kindesalter führt (Paul & Wiedemann 1997), ist zum Beispiel die Cystische Fibrose. Eine Untersuchung des entsprechenden Markers $\Delta F508$ wurde von Scholten (2006) durchgeführt, um zu überprüfen, ob es sich bei dieser Erkrankung um eine mögliche Ursache für die hohe Zahl früh verstorbener Individuen handeln kann. Für alle untersuchten Individuen konnte jedoch ausschließlich das Wildtyp-Allel detektiert werden, weshalb diese Erkrankung als Todesursache ausgeschlossen werden kann.

6.1.3 Kleinkinderdefizit

Die Zahl der im Infans I verstorbenen Individuen ist mit knapp 16% der gesamten Bestattungen vergleichsweise niedrig. Skelettkollektive ähnlicher Zeitstellungen weisen in dieser Altersklasse durchschnittlich über 30% der Individuen auf (Schutkowski & Hummel 1991, Rebay-Salisbury et al. 2018), was aufgrund der Kindersterblichkeit in der Urgeschichte (Rebay-Salisbury et al. 2018) wahrscheinlicher erscheint. Insbesondere fällt auf, dass in der Lichtensteinhöhle lediglich fünf Individuen identifiziert wurden, welche im frühen Infans I verstorben sind, wovon jedoch keines der Individuen deutlich jünger war als ein Jahr. Aufgrund fehlender medizinischer Möglichkeiten bei Komplikationen während der Geburt wäre jedoch eine gewisse Zahl im Zuge der Geburt verstorbener Föten/Neugeborener zu

erwarten, wie es zum Beispiel bei Rebay-Salisbury et al. (2018) der Fall war.

Ursächlich für ein solches Kleinkinderdefizit können verschiedene Faktoren sein. Zum einen ist es möglich, dass aus kulturellen oder religiösen Gründen sehr jung verstorbene Kinder an einer gesonderten Stelle bestattet wurden (z.B. Herrmann et al. (1990), Lassen et al. (2000), Rebay-Salisbury (2017a), Rebay-Salisbury (2018)). Hierbei ist jedoch zu beachten, dass in der Lichtensteinhöhle einzelne jung verstorbene Kinder nachgewiesen werden konnten, weshalb eine abweichende Bestattungsform für diese Altersklasse nur einen Teil der Kinder betroffen hätte.

Eine weitere Erklärung für das Fehlen sehr junger Individuen in der Lichtensteinhöhle kann eine Verschleppung der Knochen durch Wildtiere sein, welche klein genug waren, um in die Höhle zu gelangen aber lediglich kleinere Elemente entfernen konnten. Hiervon ebenfalls betroffen wären vergleichbar große Skelettelemente wie die der Autopodien erwachsener Individuen, welche in der Tat in zu geringer Anzahl in der Höhle vorgefunden wurden (vgl. Kapitel 4.2). Aufgrund der systematischen Beprobung ausgewählter Knochen erwachsener und subadulter Individuen (s. Kapitel 4.1) müssten in solch einem Fall jedoch die Skelettelemente gesamter Individuen fortgebracht worden sein. Eine Verschleppung von Knochen könnte demnach zwar in gewissem Maße als Erklärung für die zu niedrige Anzahl kleiner Knochen dienen, als Begründung für das vollständige Fehlen von Individuen ist sie jedoch eher auszuschließen.

Auch die Tatsache, dass es sich bei der Lichtensteinhöhle um einen Sekundärbestattungsplatz handelte, kann ursächlich dafür sein, dass in der Höhle insbesondere junge Kinder unterrepräsentiert sind. So könnte die Dekomposition der fragileren Knochen zum Zeitpunkt der Exhumierung bereits weiter fortgeschritten gewesen sein (z.B. Grupe et al. (2015)), sodass die Knochen nicht mehr in die Höhle eingebracht werden konnten. Hiergegen spricht jedoch, dass die vorhandenen Knochen von Kindern der Altersgruppe Infans I in der Regel gute Erhaltungszustände aufwiesen. Ebenfalls wahrscheinlich erscheint es daher, dass die Knochen vieler Kinder bewusst nicht in die Höhle eingebracht wurden. Auch Nagar & Eshed (2001) geben für das von ihnen beobachtete Kleinkinderdefizit als Erklärung an, dass Kinder vorsätzlich nicht wiederbestattet wurden, was nach den Autoren möglicherweise den geringeren Stellenwert dieser Altersgruppe in der Kupferzeit zeigte. Dem gegenüber steht jedoch die Beobachtung von Grosskopf (2004), welche anhand der Beigaben sowie der Repräsentanz spätbronzezeitlicher bis früheisenzeitlicher Leichenbrände auf eine Wertschätzung auch jüngerer Kinder schließen lässt.

6.1.4 Sterbetafel

Eine verkürzte Sterbetafel für die in der Lichtensteinhöhle bestattete Gruppe zeigt Tabelle 6.2. Den höchsten Wert der mittleren Lebenserwartung (e_x) weisen die im Infans I verstorbenen Individuen auf. Dies ist eher untypisch, da der Wert im Infans I durch die zumeist hohe Kindersterblichkeit üblicherweise niedriger ist, als in den folgenden Altersklassen Infans II und Juvenis, in welchen das Sterberisiko in der Regel deutlich geringer ist. Auch der Vergleich der mittleren Lebenserwartung der Individuen aus der Lichtensteinhöhle mit den Daten anderer spätbronzezeitlicher Serien (s. Abb. 6.3) zeigt einen leicht abweichenden Verlauf der Werte in den subadulten Altersklassen. So liegen die Werte der

Lichtensteinhöhle in diesem Lebensabschnitt unter den Werten anderer Serien, während die mittlere Lebenserwartung in der Lichtensteinhöhle ab dem Adultas vergleichsweise hoch ist. Die im Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle beobachtete ungewöhnliche Sterbealtersverteilung im subadulten Bereich sowie das Kleinkinderdefizit spiegelt sich demnach auch in der Sterbetafel wider.

Tabelle 6.2: Verkürzte Sterbetafel für das Skelettkollektiv aus der Lichtensteinhöhle

x	a	D _x	d _x	l _x	q _x	L _x	T _x	e _x
Infans I	6	9	157,9	1000,0	0,158	5526,3	23036,0	23,0
Infans II	6	10	175,4	842,1	0,208	4526,3	17509,6	20,8
Juvenis	8	13,5	236,8	666,7	0,355	4386,0	12983,3	19,5
frühes Adultas	6,6	6	105,3	429,8	0,245	2489,5	8597,4	20,0
mittleres Adultas	6,6	4	70,2	324,6	0,216	1910,5	6107,9	18,8
spätes Adultas	6,6	2	35,1	254,4	0,138	1563,2	4197,4	16,5
frühes Maturitas	6,6	2,5	43,9	219,3	0,200	1302,6	2634,2	12,0
mittleres Maturitas	6,6	5	87,7	175,4	0,500	868,4	1331,6	7,6
spätes Maturitas	6,6	3,5	61,4	87,7	0,700	376,3	463,2	5,3
Senilis	6,6	1,5	26,3	26,3	1,000	86,8	86,8	3,3

x = Altersklasse; a = Umfang der Altersklasse [Jahre]; D_x = Anzahl der in x verstorbenen Individuen; d_x = Anteil der innerhalb x verstorbenen Individuen [%]; l_x = Anteil der Überlebenden zu Beginn von x [%]; q_x = Sterbewahrscheinlichkeit in x; L_x = Anzahl der insgesamt gelebten Jahre (bezogen auf eine normierte Population von 1000 Individuen); T_x = Anzahl der insgesamt noch zu lebenden Jahre (bezogen auf eine normierte Population von 1000 Individuen); e_x = mittlere Lebenserwartung in x

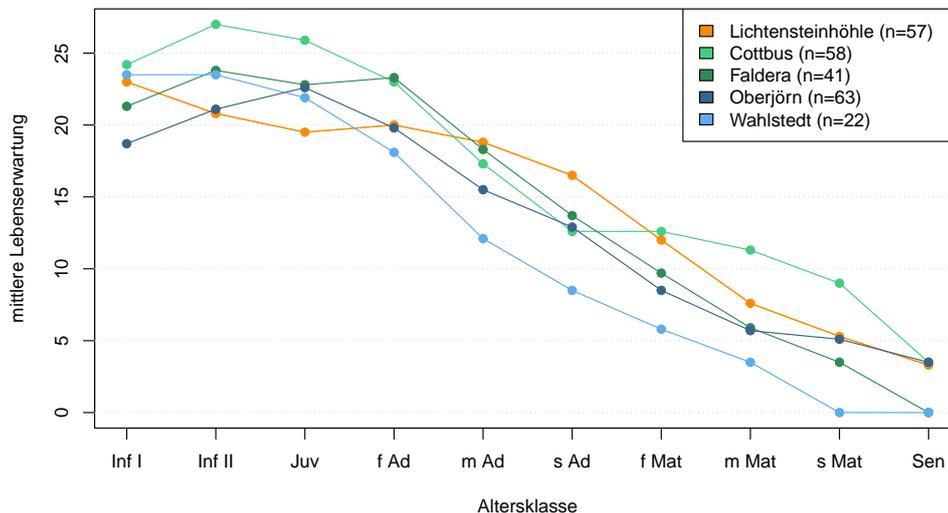


Abbildung 6.3: Vergleich der mittleren Lebenserwartung der Lichtensteinhöhle mit verschiedenen spätbronzezeitlichen Serien Deutschlands

Cottbus = Stadt in Brandenburg; Wahlstedt = Stadt in Schleswig-Holstein; Faldera und Oberjörn bezeichnen verschiedene Fundstellen in Neumünster (Schleswig-Holstein).
 Inf = Infans; Juv = Juvenis; Ad = Adultas; Mat = Maturitas; Sen = Senilis;
 f = früh; m = mittel; s = spät.

Die einzelnen Datenpunkte jeder Serie wurden lediglich zur besseren Erkennbarkeit verbunden, ein linearer Zusammenhang besteht nicht.

Datengrundlage: Grosskopf (2004) (Cottbus), Schutkowski & Hummel (1991) (Faldera, Oberjörn, Wahlstedt)

6.2 Geschlechtsdifferente Sterbeverteilung

Eine Übersicht über die Geschlechterverteilung in den verschiedenen Altersklassen geben Tabelle 6.3 sowie die Abbildungen 6.4 und 6.5. Es ist ersichtlich, dass das Geschlechterverhältnis in den subadulten Altersklassen annähernd ausgeglichen ist (χ^2 -Test: $p = 0,84$; Fisher-Exakt-Test: $p = 1$), wobei im Infans I und II geringfügig mehr männliche Individuen verstorben sind, im Juvenis hingegen unwesentlich mehr weibliche Individuen. Auffällig ist zwar, dass es sich bei den im frühen Infans I verstorbenen Individuen überwiegend um männliche Individuen handelte, da jedoch die Zahl der dem späten Infans I zugeordneten männlichen Individuen deutlich geringer ist, als die der weiblichen Individuen, ist eine Übersterblichkeit eines der Geschlechter oder geschlechtsdifferenter Infantizid nicht anzunehmen.

Tabelle 6.3: Sterbealtersverteilung innerhalb der Altersklassen

Altersklasse	Individuenzahl	
	weiblich (n=32)	männlich (n=25)
Infans I	4	5
früh	1	4
mittel	0,5	0,5
spät	2,5	0,5
Infans II	4	6
früh	2	3
mittel	0,5	1
spät	1,5	2
Juvenis	7	6,5
früh	2,5	4
mittel	1	1
spät	3,5	1,5
Adultas	9,5	2,5
früh	3,5	2,5
mittel	4	0
spät	2	0
Maturitas	6	5
früh	1,5	1
mittel	3	2
spät	1,5	2
Senilis	1,5	0
früh	0,5	0
mittel	1	0

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

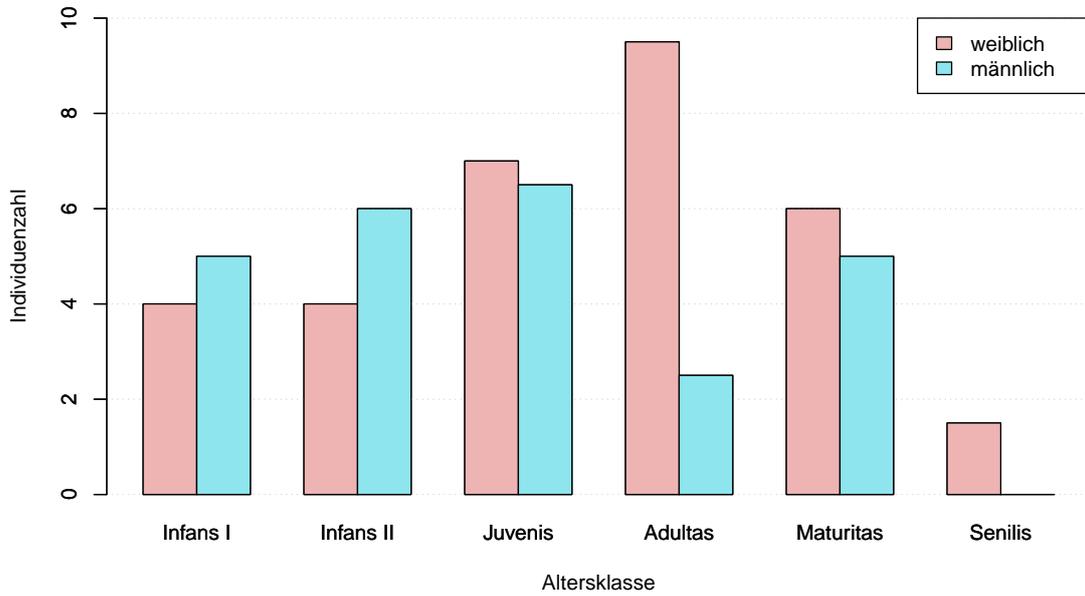


Abbildung 6.4: Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle nach Geschlechtern

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

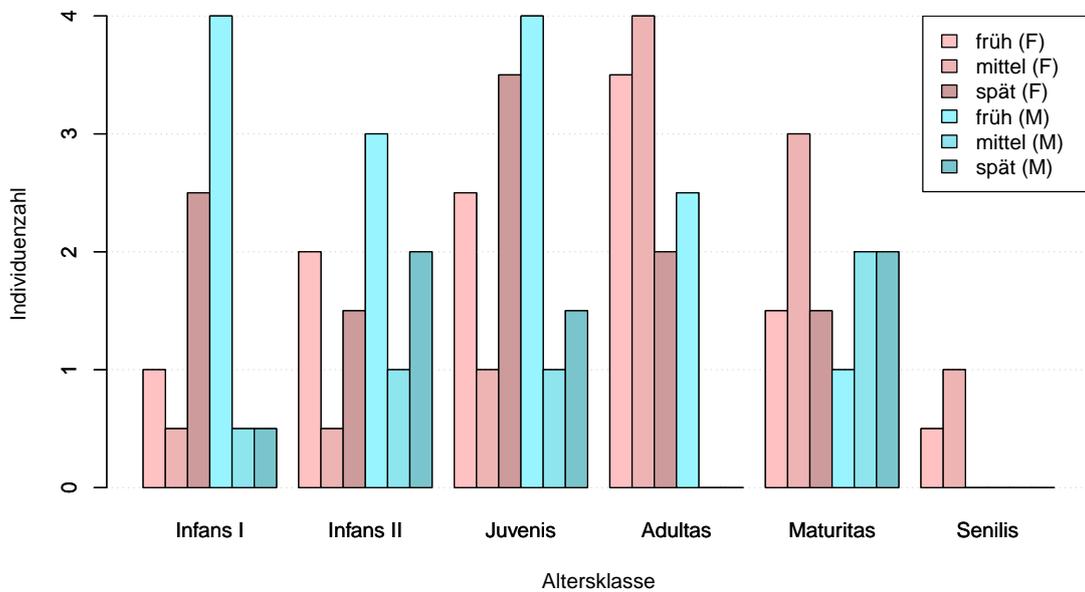


Abbildung 6.5: Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle nach Geschlechtern mit Unterteilung der Altersklassen

(F) = weibliche Individuen; (M) = männliche Individuen

Werte von ,5 Individuen resultieren aus Altersbestimmungen im Übergang zwischen zwei Altersklassen (vgl. Kapitel 3.3)

Auffällig ist hingegen das Ungleichgewicht zwischen den im Adultas verstorbenen männlichen und weiblichen Individuen (Test of Proportions: $p = 0,083$), welches sich auch in einem sehr geringen Maskulinitätsindex (MI) von 26 in dieser Altersklasse widerspiegelt ($MI = \frac{n(\text{Männer}) \cdot 100}{n(\text{Frauen})}$, $MI < 100 \hat{=}$ Frauenüberschuss (Herrmann et al. 1990)).

Grundsätzlich wird ein Sterbegipfel weiblicher Individuen im adulten Altersbereich häufig beobachtet und kann auf ein erhöhtes Sterberisiko im Zusammenhang mit Schwangerschaft und Geburt zurückgeführt werden (z.B. Rebay-Salisbury (2017a)). Es wäre jedoch zu erwarten, dass in solch einem Fall die Zahl der männlichen Verstorbenen in einer anderen Altersklasse entsprechend höher läge, sodass das Verhältnis wieder ausgeglichen wird. Tatsächlich ist dies in der Lichtensteinhöhle jedoch nicht der Fall. Das Geschlechterverhältnis der im Maturitas verstorbenen Individuen ist ausgeglichen und lediglich ein bis zwei weibliche Individuen haben ein Alter von mindestens 60 Jahren erreicht. Der Maskulinitätsindex von 44 für die gesamten erwachsenen Individuen sowie der Vergleich mit anderen Skelettkollektiven zeigt somit, dass in der Lichtensteinhöhle deutlich weniger erwachsene männliche Individuen bestattet wurden, als es für einen regulären Bestattungsort zu erwarten wäre. Die Gründe für ein solches Ungleichgewicht können vielfältig sein und werden in Kapitel 7.1.4 erörtert.

7 Verwandtschafts- und Sozialstrukturen

Im Anschluss an die Identifikation und Charakterisierung der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen wurden diese auf Basis ihrer genetischen Muster (autosomale STRs sowie Y-chromosomale und mitochondriale Haplotypen) in einer genealogischen Struktur angeordnet. Hierdurch werden die Verwandtschaftsverhältnisse zwischen den nachgewiesenen Individuen deutlich und Rückschlüsse auf deren Sozialstrukturen sind möglich. Hierzu zählen unter anderem Informationen über die familiären Strukturen, wie die Familiengröße, beziehungsweise die Zahl der Nachkommen, aber auch weiterführende Interpretationen hinsichtlich der Heiratsmuster und des Residenzverhaltens der Gruppe.

7.1 Genealogische Struktur

Die in der vorliegenden Arbeit ermittelte Genealogie basiert auf der von Seidenberg (2016) vorgestellten Verwandtschaftsstruktur der bis dahin identifizierten Individuen. Die Überarbeitung und Erweiterung der Genealogie resultierte in erster Linie aus den im Rahmen der vorliegenden Arbeit generierten Ergebnissen molekulargenetischer Analysen. Zusätzlich war in einzelnen Fällen das morphologisch bestimmte Individualalter ausschlaggebend für die Positionierung von Individuen in der Genealogie.

Die zeitliche Anordnung der Familiengruppen innerhalb der Genealogie wurde aufgrund archäologischer Anhaltspunkte durchgeführt. So fanden die Archäologen Hinweise darauf, dass der Jentschluf als erster Höhlenabschnitt der circa 100 Jahre andauernden Nutzungsphase belegt wurde (Flindt & Hummel 2021). Die in diesem Abschnitt bestatteten Individuen müssen demnach zu Beginn der Höhlennutzung bereits verstorben gewesen sein und wurden somit in den frühen Generationen der Genealogie eingeordnet. Der Berndsaal hingegen diente zunächst für zeremonielle Handlungen und wurde erst am Ende der Höhlennutzung als Bestattungsplatz genutzt (Flindt & Hummel 2021). Dementsprechend ist davon auszugehen, dass die hier bestatteten Individuen erst vergleichsweise spät verstorben sind, weshalb sie in den späteren Generationen positioniert wurden. Für die übrigen Räume war anhand archäologischer Kriterien keine Nutzungsreihenfolge auszumachen, sodass die Lage eines Individuums in diesen Höhlenabschnitten zunächst keine konkrete zeitliche Einordnung in der Genealogie zur Folge hatte. Jedoch ergaben sich zahlreiche Positionierungen aus den Verwandtschaftsverhältnissen zu bereits zeitlich eingeordneten Individuen.

Das Ergebnis der Verknüpfung molekulargenetischer, morphologischer und archäologischer Aspekte zeigt Abbildung 7.1. Dem klassischen Schema entsprechend erfolgte die Darstellung männlicher Individuen durch Quadrate, während weibliche Individuen durch Kreise repräsentiert werden. Verbindungen zwischen den Individuen sind durch Linien gekennzeichnet, wobei Eltern unterhalb der jeweiligen Symbole verbunden sind, Geschwister hingegen oberhalb. Da die Geschwisterreihenfolge nicht bestimmt werden konnte, erfolgte die Anordnung von Geschwistern innerhalb der Familiengruppe aufsteigend nach deren Sterbealter.

Gestrichelte Linien deuten darauf hin, dass zwischen den betroffenen Individuen eine genetische Verbindung besteht, diese jedoch nicht konkret angegeben werden kann. Ursächlich hierfür können verschiedene mögliche Verwandtschaftsverhältnisse sein oder die Anzahl von

Individuen oder Generationen, welche sich zwischen den verbundenen Individuen befinden, ist unklar.

Die Farbgebung der Symbole ergibt sich aus den mitochondrialen und Y-chromosomal-malen Haplotypen der Individuen. Die Farben blau, violett, rot und grün repräsentieren bei allen Individuen die mitochondrialen Haplogruppen H (blau), J (violett), T (rot) und U (grün). Verschiedene Farbtöne repräsentieren verschiedene Haplotypen innerhalb der Gruppen (z.B. hellgrün = U2e1, dunkelgrün = U4a1). Gleiches gilt für die Y-chromosomal-malen Haplogruppen I und R bei den männlichen Individuen, wobei Haplogruppe I durch verschiedene Gelb- und Orangetöne dargestellt wird, während Haplogruppe R durch eine türkise Farbe gekennzeichnet ist. Individuen, welche in der Genealogie angegeben, jedoch nicht farbig ausgefüllt sind, konnten in der Höhle nicht nachgewiesen werden, sind für die Rekonstruktion der Familien jedoch zwingend notwendig. Erklärungsansätze für das Fehlen dieser Individuen werden in Kapitel 7.1.4 diskutiert.

Abbildung 7.1 zeigt, dass die betrachtete Bevölkerungsgruppe aus mehreren Untergruppen bestand, aber auch einzelne, nicht an andere Individuen oder Familien angebundene Individuen existierten. Letztere wiesen genetische Profile und Haplotypen auf, anhand derer keine Zuordnung zu einem oder mehreren anderen Individuen möglich war. Eine ausführliche Betrachtung dieser Individuen sowie mögliche Erklärungsansätze finden sich in Kapitel 7.1.3. Hinsichtlich der Untergruppen konnten mehrere Familien rekonstruiert werden, welche jeweils zwei oder drei Generationen umfassten. Insgesamt erstreckte sich die Nutzung der Lichtensteinhöhle über fünf Generationen, was sich aus der archäologisch bedingt zeitversetzten Anordnung der einzelnen Untergruppen ergibt.

Es ist zu beachten, dass lediglich die 57 durch ihren genetischen Fingerabdruck in der Lichtensteinhöhle nachgewiesenen Individuen betrachtet werden konnten. Wie in Kapitel 4.1 erläutert wurde, handelt es sich hierbei um eine Mindestindividuenzahl, weshalb nicht auszuschließen ist, dass den Familiengruppen weitere, nicht identifizierte Individuen angehörten. Darüber hinaus ist davon auszugehen, dass nicht alle Mitglieder der Großgruppe, sondern lediglich ein Ausschnitt hiervon in der Lichtensteinhöhle bestattet wurde. Dies gilt insbesondere für das Ende der Höhlennutzung, da in jedem Fall Individuen gelebt haben müssen, welche die Verstorbenen in die Lichtensteinhöhle eingebracht haben, selbst aber nicht mehr in der Höhle bestattet wurden.

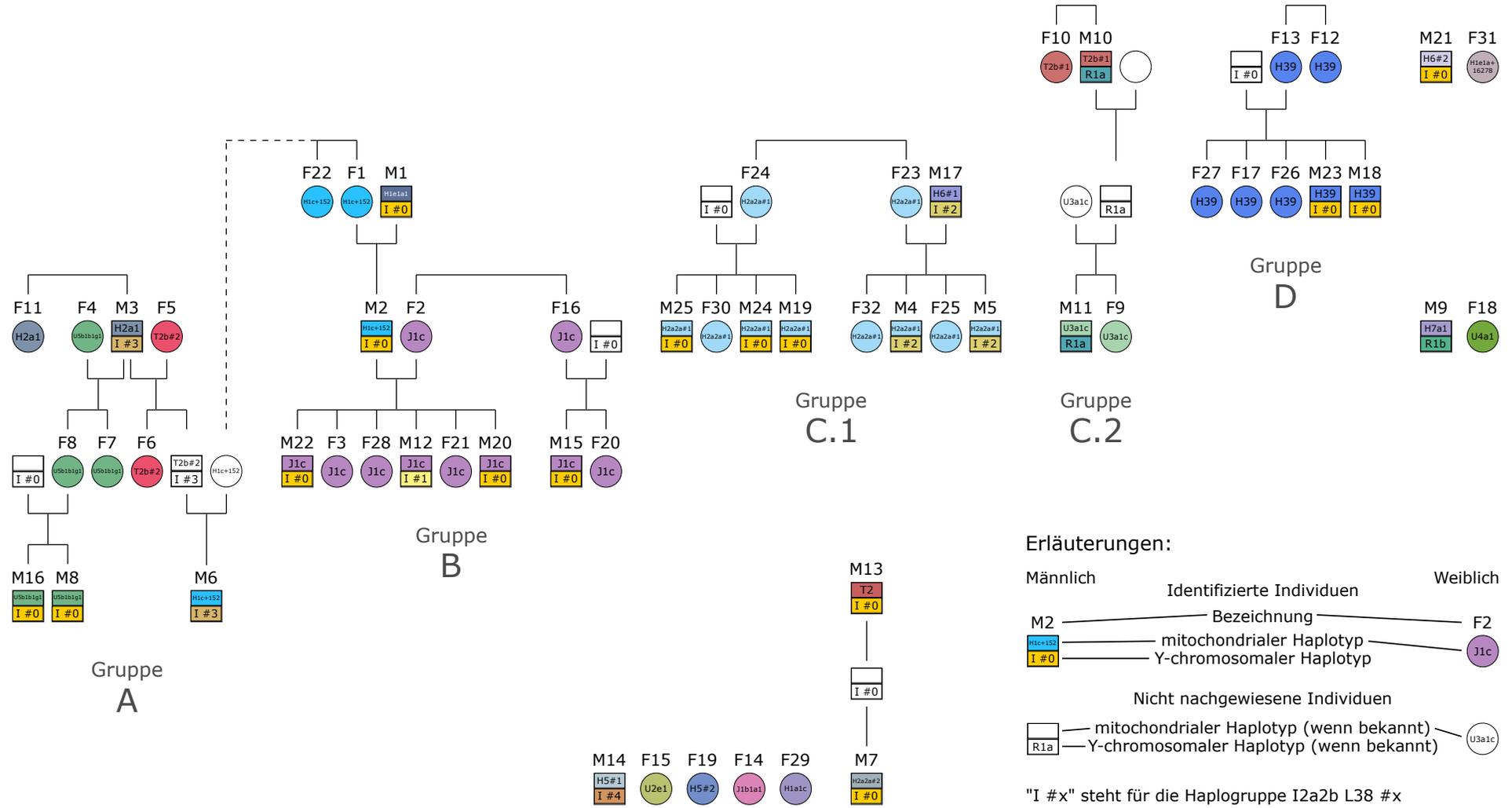


Abbildung 7.1: Rekonstruktion der genealogischen Strukturen der in der Lichtensteinhöhle identifizierten Individuen. Gleiche Farben repräsentieren gleiche Haplotypen. Die gestrichelte Linie zeigt eine genetische Verbindung an, welche anhand der nachgewiesenen Individuen nicht genauer beschrieben werden kann.

7.1.1 Darstellung der Lebendbevölkerung

Die Rekonstruktion der Genealogie ermöglicht es, Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den nachgewiesenen Individuen nachzuvollziehen. Sie gibt jedoch nur bedingt Auskunft darüber, welche Individuen zu einem bestimmten Zeitpunkt gelebt haben. Informationen hierüber können aus der Rekonstruktion der Lebendbevölkerung entnommen werden, welche in Abbildung 7.2 gezeigt ist. Hierbei handelt es sich um eine alternative Darstellung der Genealogie, in welcher die Verwandtschaftsbeziehungen ebenfalls nachvollziehbar sind, jedoch zusätzlich die Lebensdauer der Individuen integriert wurde. Darüber hinaus sind Eltern und Nachkommen nicht in separaten Generationen angeordnet, sondern um zwanzig Jahre versetzt nebeneinander dargestellt, um zu verdeutlichen, dass Eltern und Kinder für eine gewisse Zeit zeitgleich gelebt haben. Erste Überlegungen zur Rekonstruktion der Lebendbevölkerung der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen wurden im Rahmen der vorliegenden Arbeit von Schwan (2020) durchgeführt, einzelne Parameter bei der Herangehensweise wurden hier jedoch anders gewählt.

Für die dargestellte Lebendbevölkerung wurde angenommen, dass eine Frau zum Zeitpunkt der Geburt ihres ersten Kindes zwanzig Jahre alt war, wobei diese Annahme aufgrund der Fundsituation in der Lichtensteinhöhle nicht belegt werden kann. Anhand archäologischer sowie anthropologischer Merkmale geben Rebay-Salisbury et al. (2018) für eine frühbronzezeitliche Skelettserie an, dass die Geburt des ersten Kindes einer Frau bereits vor Erreichen des Adultas erfolgte, die Fertilität ab dem 20. Lebensjahr der Frau jedoch deutlich anstieg. Für die Eisenzeit hingegen liegen Hinweise für eine erste Niederkunft im Adultas vor (Rebay-Salisbury 2017b). Die hier getroffene Annahme einer ersten Geburt mit zwanzig Jahren ist daher realistisch, kann jedoch gegebenenfalls nach unten angepasst werden.

Aus Abbildung 7.2 geht hervor, dass ein Großteil der Nachkommen bereits vor oder etwa zeitgleich mit der Mutter verstorben ist. Lediglich für M2 kann gesichert angenommen werden, dass dieser nach seinen Eltern verstorben ist. Zur individuellen Beurteilung der übrigen Familien ist eine bekannte Geburtenreihenfolge erforderlich. Diese ist anhand des Skelettkollektivs jedoch nicht rekonstruierbar, weshalb Geschwister durch eine waagerechte Linie verbunden sind. Für die Interpretation der Lebendbevölkerung ist demnach zu beachten, dass diese Linie tatsächlich diagonal verlaufen müsste, um die Zeiträume zwischen den Geburten abzubilden. Die Rolle der Geburtenreihenfolge wird in Abbildung 7.3 deutlich, in welcher am Beispiel des Individuums F24 und ihrer Nachkommen gezeigt wird, wie sich die Geburtenreihenfolge auf die Beurteilung des Todeszeitpunkts der Familienmitglieder auswirkt.

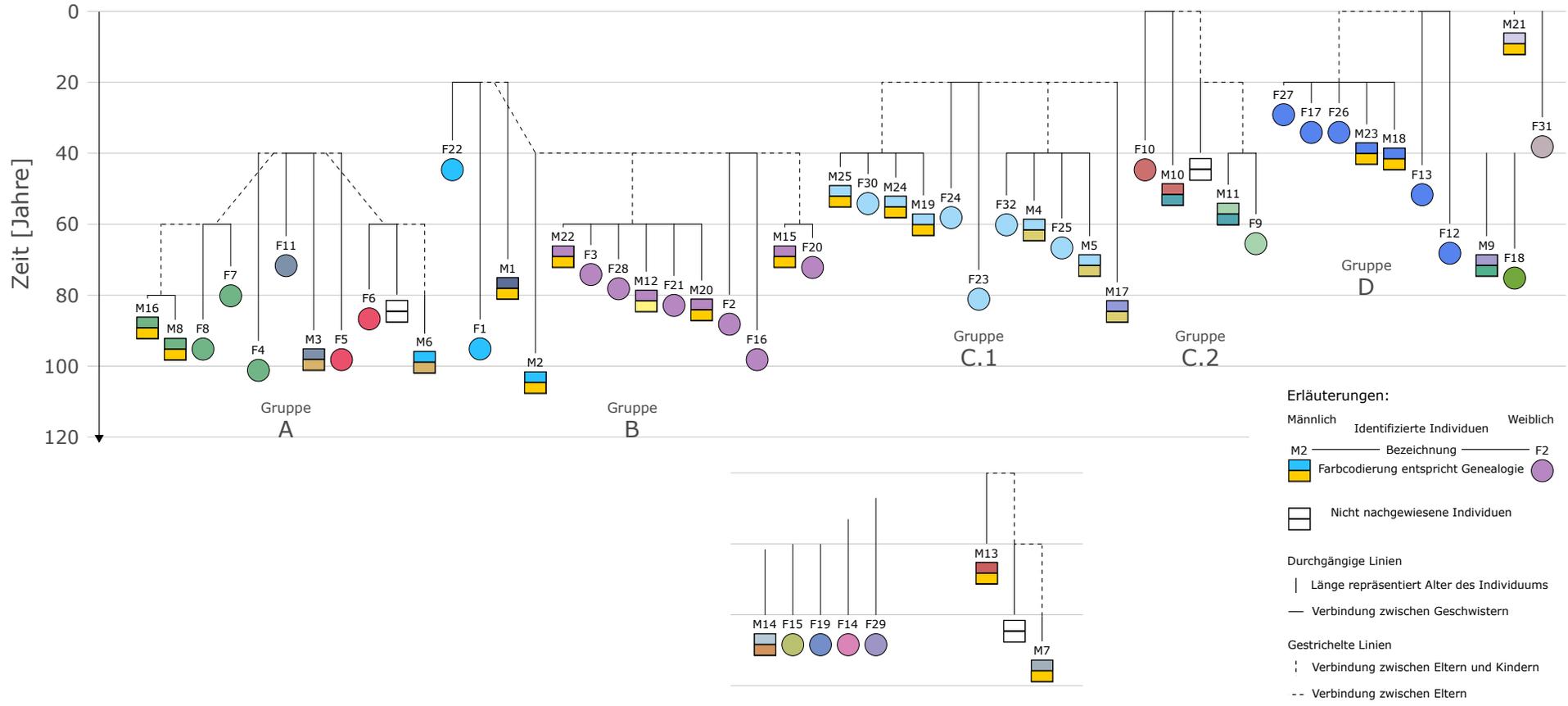
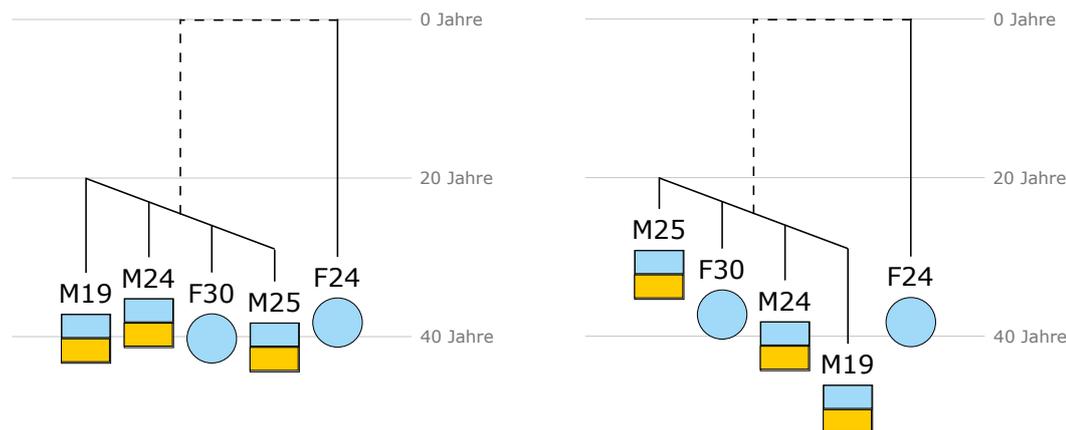


Abbildung 7.2: Darstellung einer Lebendbevölkerung auf Basis der rekonstruierten Genealogie. Gleiche Farben repräsentieren gleiche Haplotypen. Aus Gründen der Übersichtlichkeit wurden nicht nachgewiesene Individuen wenn möglich nicht mit eingezeichnet.



(a) Individuum M19 als erstes Kind von F24 (b) Individuum M19 als viertes Kind von F24

Abbildung 7.3: Auswirkungen der Geburtenreihenfolge am Beispiel der Familie von F24

Szenario a in Abbildung 7.3 nimmt an, dass M19 das erste Kind des Individuums F24 war. Aus dem Sterbealter des Individuums F24 im mittleren Adultas, beziehungsweise im Übergang zwischen Infans II und Juvenis für M19 ergibt sich somit, dass die Individuen etwa gleichzeitig verstorben sind. Wird hingegen, wie in Szenario b (Abbildung 7.3b), davon ausgegangen, dass M19 das letzte der vier Kinder war und die Mutter F24 bei dessen Geburt verstorben ist, lag zwischen den Todeszeitpunkten der Individuen eine Zeitspanne von über zehn Jahren. Das gewählte Beispiel geht zwar insbesondere in Szenario b von Extremfällen aus, es verdeutlicht jedoch, welche Rolle die Geburtenreihenfolge spielen kann. Die Darstellung der Lebendbevölkerung kann somit zwar keine exakten Angaben darüber machen, wann ein Individuum gelebt hat, sie ermöglicht jedoch eine Einschätzung der Altersstrukturen innerhalb der Familien, auf welche in den folgenden Kapiteln zurückgegriffen werden kann.

7.1.2 Familiengruppen innerhalb der Genealogie

Die Untergruppen der Genealogie unterscheiden sich durch ihre Familienkonstellationen und -größen. So umfassen die Gruppen A, B und C.2 jeweils drei Generationen, während Gruppe C.1 und D jeweils aus einer Elterngeneration und deren Nachkommen bestehen. Darüber hinaus variiert die Zahl der identifizierten Kinder von zwei bis sechs. Eine Beschreibung der verschiedenen Untergruppen findet sich in den folgenden Abschnitten, eine gemeinsame Einordnung der ermittelten familiären Strukturen wird in Kapitel 7.2 durchgeführt. Die zeitliche Anordnung der Gruppen relativ zueinander erfolgte aufgrund der Lage der Individuen, beziehungsweise einzelner Skelettelemente in der Höhle und wird in den jeweiligen Gruppenbeschreibungen thematisiert.

Gruppe A umfasst insgesamt zehn nachgewiesene Individuen, welche sich über drei Generationen erstrecken. Neun der zehn Individuen wurden im zuletzt belegten Berndsaal bestattet, weshalb die Gruppe in der Genealogie in den späteren Generationen positioniert wurde. Die Großfamilie kann in zwei, durch M3 verbundene Familienzweige unterteilt werden, da für dieses Individuum sowohl mit F4 als auch mit F5 Nachkommen identifiziert werden konnten. Aussagen darüber, ob die Halbgeschwister gleichzeitig gelebt haben oder

ob F4 und F5 nacheinander oder zeitgleich die Partnerinnen von M3 waren, können anhand der vorhandenen Daten nicht getroffen werden.

Bei den Nachkommen der Individuen M3 und F4 handelt es sich um zwei Töchter (F7 und F8), von denen F8 wiederum zwei Söhne (M8 und M16) zugeordnet wurden. Der Vater der Brüder M8 und M16 konnte nicht identifiziert werden. Beide Söhne sind, ebenso wie ihre Tante F7 in jungem Alter verstorben, weshalb für diese Individuen keine Nachkommen zu erwarten sind.

Für den zweiten Familienzweig der Gruppe A, welcher von M3 und F5 begründet wird, konnte F6 als Tochter identifiziert werden, welche somit eine Halbschwester der Individuen F7 und F8 darstellt. Nachkommen sowie Vollgeschwister konnten für das spätjuvenile Individuum F6 nicht identifiziert werden. Es ist jedoch anzunehmen, dass M3 und F5 neben der Tochter F6 einen Sohn hatten, welcher den Y-chromosomal Haplotyp I2a2b L38 #3 von M3 an das Individuum M6 weitergegeben hat. Ein solches Großvater-Enkel-Verhältnis zwischen M3 und M6 ist die nach dem Parsimonieprinzip wahrscheinlichste Konstellation, da es sich um die einzigen Individuen mit diesem Y-chromosomal Haplotyp handelt. Eine Vaterschaft von M3 zu M6 kann aufgrund der genetischen Fingerabdrücke der Individuen ausgeschlossen werden. Durch die unterschiedlichen mitochondrialen Haplotypen kommt außerdem eine Konstellation als Vollgeschwister für die Individuen M3 und M6 nicht in Frage. Eine Verbindung als Halbgeschwister kann nicht ausgeschlossen werden, jedoch gibt es hierfür keine konkreten Hinweise durch weitere Individuen, welche als Eltern(teile) in Frage kämen. Als Schwester des Individuums M3 konnte jedoch F11 rekonstruiert werden, für welche keine Nachkommen identifiziert wurden.

M6 nimmt in der Gruppe eine besondere Position ein, da dieses Individuum durch seinen mitochondrialen Haplotyp eine Verbindung zu Gruppe B der Genealogie darstellt. Eine direkte Verbindung zu einem Individuum dieser Gruppe konnte über den genetischen Fingerabdruck jedoch nicht rekonstruiert werden. Für M6 konnte demnach keines der beiden Elternteile identifiziert werden, worauf in Kapitel 7.1.4 näher eingegangen wird. Die nächsten in mütterlicher Linie identifizierten Verwandten sind die in Gruppe B eingeordneten Schwestern F1 und F22, deren genaues Verhältnis zu M6 jedoch nicht ermittelt werden kann.

Gruppe B umfasst neben den Schwestern F1 und F22 zwölf weitere nachgewiesene Individuen, welche sich ebenfalls über drei Generationen erstrecken. Die beiden Schwestern bilden hierbei zusammen mit M1 die erste Generation der Familiengruppe. Für das juvenile Individuum F22 wurden keine Nachkommen identifiziert, während für F1 zusammen mit M1 ein Sohn (M2) nachgewiesen wurde. M2 konnte wiederum als Vater von sechs Kindern (M12, M20, M22, F3, F21, F28) identifiziert werden, welche er gemeinsam mit F2 hatte. Innerhalb des Skelettkollektivs der Lichtensteinhöhle ist dies mit sechs Nachkommen die größte nachweisbare Kernfamilie. Auffällig ist, dass jedes der sechs identifizierten Kinder in jungem Alter (spätestens im Juvenis) verstorben ist und der Familienzweig somit nicht fortgesetzt wurde.

Des Weiteren ist anzumerken, dass der Sohn M12 einen von seinem Vater M2 sowie seinen Brüdern (M20 und M22) abweichenden Y-chromosomal Haplotyp aufweist (M2,

M20, M22: I2a2b L38 #0 – M12: I2a2b L38 #1). Da es sich um eine Abweichung von einer Repeatsinheit in einem STR-System handelt (DYS19; I2a2b L38 #0: Allel 16 – I2a2b L38 #1: Allel 17), wurden die verschiedenen Haplotypen auf ein spontanes Mutationsereignis zurückgeführt (vgl. Kapitel 8.2.3).

Ein zweiter Familienzweig der Gruppe B wird durch F16 begründet, welche die Schwester des Individuums F2 war. F16 wurden zwei Kinder (M15 und F20) zugeordnet, wobei kein Vater identifiziert werden konnte.

Die Positionierung der Gruppe B in der Genealogie orientierte sich an den Fundstellen der Skelettelemente der Individuen F2 (Gruppe B) und M3 (Gruppe A). Die Skelettelemente dieser Individuen wurden am Übergang zwischen Reinhardsgrotte und Berndsaaal geborgen, weshalb eine etwa zeitgleiche Einbringung dieser Individuen naheliegend ist. M3 und F2 wurden somit in der Genealogie der selben Generation zugeordnet, woraus sich die Anordnung der gesamten Gruppen ergibt.

Gruppe C.1 verteilt sich im Gegensatz zu den Gruppen A und B auf lediglich zwei Generationen. Sie beinhaltet elf nachgewiesene Individuen, welche sich auf zwei, durch die Schwestern F23 und F24 verbundene Familien aufteilen. F24 wurden die vier Kinder M19, M24, M25 und F30 zugeordnet, deren Vater jedoch nicht identifiziert werden konnte. Alle vier Kinder verstarben in einem Alter von Infans I bis frühem Juvenis und hatten ihrem Alter entsprechend keine eigenen Nachkommen.

Eine Familie bestehend aus den Eltern F23 und M17 sowie den Nachkommen M4, M5, F25 und F32 konnte für den zweiten Familienzweig der Gruppe C.1 rekonstruiert werden. Die Kinder des Elternpaares F23 und M17 sind in einem frühjuvenilen bis frühadulten Altersbereich verstorben. Obgleich es daher für die Individuen F25 und M5 aufgrund ihres Alters denkbar wäre, wurden ebenfalls keine Nachkommen nachgewiesen.

Hinsichtlich der Anordnung der gesamten Gruppe C.1 in der Genealogie war das Individuum M5 ausschlaggebend, da dessen Skelettelemente mit Ausnahme des Craniums 908 (vgl. Kapitel 4.3) im Berndsaaal geborgen wurden. Die Geschwister des Individuums sowie die übrigen Individuen der Gruppe wurden hingegen in verschiedenen, früher belegten Höhlenabschnitten bestattet. So wurden unter anderem die beiden Schwestern F25 und F32 aus der Reinhardsgrotte geborgen, weshalb diese mit ihrem Bruder M5 in einer Generation mit den am Übergang zwischen Berndsaaal und Reinhardsgrotte nachgewiesenen Individuen M3 und F2 eingeordnet wurden.

Gruppe C.2 besteht aus den nachgewiesenen Geschwisterpaaren F10 und M10 sowie M11 und F9 und nimmt eine besondere Stellung in der Gruppe ein. Auffällig ist der für die männlichen Individuen ermittelte Y-chromosomale Haplotyp R1a. Dieser sowie der Y-chromosomale Haplotyp R1b gehören zur Haplogruppe R und wurden bei insgesamt lediglich drei der 25 in der Höhle nachgewiesenen männlichen Individuen bestimmt, während die übrigen 22 Individuen dem Haplotyp I2a2b L38 angehören. Rückschlüsse, welche sich hieraus ziehen lassen, werden in Kapitel 7.3 sowie Kapitel 8 diskutiert. Die Verbindung zwischen den beiden Geschwisterpaaren ist aufgrund des übereinstimmenden Y-chromosomalen Haplotyps der Individuen M10 und M11 in männlicher Linie anzunehmen. Eine direkte Verwandtschaft mit M10 als Vater von M11 und F9 kann durch die genetischen

Fingerabdrücke ausgeschlossen werden. M10 kommt jedoch als Großvater der Geschwister in Frage, was nach dem Parsimonieprinzip die wahrscheinlichste Konstellation ist.

Eine weitere Besonderheit der Gruppe C.2 zeigt sich bei der Betrachtung des genetischen Markers CCR5, für welchen das Wildtyp-Allel sowie eine 32 Basenpaare lange Deletion ($\Delta 32\text{ccr}5$) bekannt sind. Bei drei der vier Individuen (M10, M11, F9) der Familiengruppe wurde die Deletion nachgewiesen, während sie unter den übrigen 53 Individuen lediglich bei drei weiteren Individuen (F14, F18, F29) vorlag (vgl. Tab. 5.12).

Die zeitliche Einordnung der Untergruppe erfolgte analog zu der von Gruppe C.1, indem die Geschwister F9 und M11 aufgrund ihrer Lage in der Höhle (Berndsaal und Reinhardsgrotte) in einer Generation mit den vergleichbar positionierten Geschwistern M5, F25 und F32 angeordnet wurden.

Gruppe D stellt mit sieben nachgewiesenen Mitgliedern eine verhältnismäßig kleine Familiengruppe dar und erstreckt sich ebenfalls über zwei Generationen. Es handelt sich hierbei um die Schwestern F12 und F13 sowie die fünf Nachkommen (M18, M23, F17, F26, F27) des Individuums F13. Der Vater der fünf Kinder konnte auch in diesem Fall nicht identifiziert werden. Eine Besonderheit stellen die Töchter F17 und F26 dar, bei denen es sich möglicherweise um eineiige Zwillinge handelt (s. Kapitel 5.1). Für das Individuum F12 konnten keine Nachkommen unter den in der Höhle bestatteten Individuen nachgewiesen werden.

Die Position der ältesten Gruppe der Genealogie wurde der Familie aufgrund der linken Scapula 7231.01 des Individuums F13 zugeteilt, welche als einziges Skelettelement dieses Individuums im Jensschluf geborgen wurde, während sich die übrigen Knochen in der Reinhardsgrotte befanden. Die Besonderheit liegt hierbei darin, dass der Jensschluf archäologisch gesichert als erster Höhlenabschnitt belegt und anschließend zum Teil verfüllt wurde (Flindt & Hummel 2021), sodass auch die Scapula zu einem sehr frühen Zeitpunkt in die Höhle gelangt sein muss. Die übrigen Knochen des Individuums können unmittelbar im Anschluss, aber auch erst später in die Höhle gelangt sein. Wie es zu einer solchen Aufteilung der Knochen des Individuums gekommen sein kann, wurde in Kapitel 4.3 erörtert.

M7 und M13 stellen keine Familiengruppe im eigentlichen Sinne dar, aufgrund ihres identischen Y-chromosomalen Haplotyps I2a2b L38 #0 ist jedoch eine Verwandtschaft in männlicher Linie wahrscheinlich. Eine Beziehung als Vater und Sohn konnte aufgrund der genetischen Fingerabdrücke der Individuen ausgeschlossen werden, während die verschiedenen mitochondrialen Haplotypen zeigen, dass es sich nicht um Vollgeschwister handeln kann. Die nach dem Parsimonieprinzip wahrscheinlichste Verbindung ist somit die zwischen einem Großvater (M13) und seinem Enkel (M7). Eine umgekehrte Darstellung wäre auf rein genetischer Basis ebenso möglich, ist aufgrund des Individualalters von M7 (Infans II) jedoch ausgeschlossen. Auch das Sterbealter des Individuums M13 ist mit etwa 20 Jahren vergleichsweise niedrig, eine Vaterschaft ist jedoch in diesem Alter denkbar. Eine alternative Verwandtschaftskonstellation wäre, dass es sich bei M7 und M13 um Halbbrüder mit verschiedenen Müttern handelt, wie es in Gruppe A der Genealogie bereits nachgewiesen wurde.

In jedem Fall ist bei der Einordnung der Individuen M7 und M13 zu beachten, dass der für beide Individuen bestimmte Haplotyp I2a2b L38 #0 bei fünfzehn der 25 männlichen Individuen und in verschiedenen Familiengruppen identifiziert wurde und somit den in der Lichtensteinhöhle am häufigsten nachgewiesenen Y-chromosomal Haplotyp darstellt. Es ist daher wahrscheinlich, dass die Individuen M7 und M13 auch mit anderen Individuen mit diesem Y-chromosomal Haplotyp verwandt sind. Da enge Verwandtschaften (Vater-Sohn, Brüder) zu anderen Individuen jedoch ausgeschlossen werden konnten, wurden die beiden Individuen aufgrund der Übereinstimmung mindestens eines Allels in zehn von dreizehn beurteilbaren STR-Systemen nach dem Parsimonieprinzip als Großvater und Enkel angeordnet, jedoch an keine größere Familiengruppe mit diesem Y-chromosomal Haplotyp angeschlossen. Auf die Darstellung der in der Lichtensteinhöhle nicht nachweisbaren Mutter und Großmutter des Individuums M7 wurde aus Gründen der Übersichtlichkeit verzichtet und lediglich ein männliches Individuum angegeben, welches die Verbindung zwischen M7 und M13 anzeigt.

Eine zeitliche Einordnung der Individuen wurde nicht vorgenommen, da hierfür keine archäologischen Anhaltspunkte vorlagen.

7.1.3 Nicht in die Genealogie eingebundene Individuen

Während 48 nachgewiesene Individuen in verschiedenen komplexen Familiengruppen strukturiert werden konnten, war für neun Individuen keine Anbindung an ein oder mehrere Individuen möglich. Grund hierfür waren in erster Linie die für die betroffenen Individuen identifizierten mitochondrialen und Y-chromosomal Haplotypen, welche in der Lichtensteinhöhle ausschließlich bei diesen Individuen gefunden wurden und somit die möglichen Verwandtschaftsverhältnisse stark einschränkten. Lediglich M21 wies den in der Höhle vielfach vertretenen Y-chromosomal Haplotyp I2a2b L38 #0 auf, eine direkte Anbindung war aufgrund des genetischen Fingerabdrucks jedoch nicht möglich. Für die übrigen Individuen kamen aufgrund ihrer Haplotypen ausschließlich Vater-Tochter-Verbindungen untereinander sowie mit Individuen der Genealogie in Frage, welche jedoch durch den Abgleich der genetischen Fingerabdrücke ausgeschlossen werden konnten.

Direkte genetische Anbindungen konnten für diese neun Individuen somit nicht nachgewiesen werden. Eine soziale Verbindung wie die zwischen Eltern lässt sich jedoch nur identifizieren, wenn auch Nachkommen vorhanden sind, welche die genetischen Merkmale beider Eltern in sich vereinen. Existierten noch keine Nachkommen oder wurden diese nicht in der Höhle bestattet, fehlt das verbindende Element und erwachsene Individuen erscheinen als alleinstehende oder außenstehende Personen. Entsprechend verhält es sich bei subadulten Individuen ohne konkrete Anbindung an die Genealogie, wenn deren Eltern nicht in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden. Die Gründe für das Fehlen verbindender Nachkommen oder Elternteile in der Höhle sind hierbei vielfältig und werden in Kapitel 7.1.4 erläutert.

Eine weitere Erklärungsmöglichkeit ist, dass es sich bei den nicht angebotenen Individuen um Personen einer anderen sozialen Schicht, im Sinne von Knechten und Mägden handelte, welche nicht Teil der genetischen Familien waren, aber dennoch wie die übrigen Mitglieder der Gruppe in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden. Vergleichbar zu den

von Mittnik et al. (2019) untersuchten bronzezeitlichen Individuen könnten Unterschiede hinsichtlich des sozialen Status der betroffenen Individuen hierüber Aufschluss geben. Aufgrund der Bestattungsform in der Lichtensteinhöhle, welche kaum eine Zuordnung der verschiedenen archäologischen Funde zu konkreten Individuen zuließ, gehen aus dem Fundkomplex jedoch keine derartigen Informationen hervor.

Die Positionierung der nicht eingebundenen Individuen im Bezug zu den verschiedenen Familiengruppen der Genealogie erfolgte für vier Individuen anhand deren Lage in der Lichtensteinhöhle. Die Skelettelemente der Individuen F31 und M21 wurden im zuerst belegten Jenschluf geborgen, weshalb davon auszugehen ist, dass diese zu den zuerst in die Höhle eingebrachten Individuen gehören und somit auf einer Höhe mit der frühesten Generation angeordnet wurden. Darüber hinaus wurde ein Knochen des Individuums F13 ebenfalls aus dem Jenschluf geborgen, was eine zeitliche Verbindung der Einbringung der Individuen nahelegt. Die Individuen F18 und M9 wurden in einer Generation mit F2 und M3 dargestellt, da die Skelettelemente aller vier Individuen auf der Grenze zwischen dem Berndsaal und der Reinhardsgrotte lagen. Auch hier ist demnach eine etwa zeitgleiche Einbringung anzunehmen. Für die übrigen nicht angeordneten Individuen lagen keine gesicherten Hinweise auf den Zeitpunkt der Einbringung vor, weshalb diese in einer Reihe abseits der Genealogie dargestellt wurden. Es ist jedoch zu beachten, dass mit großer Wahrscheinlichkeit soziale Verbindungen zwischen diesen Individuen und den Familien der Genealogie vorlagen. Vergleichbare Situationen beschrieben Žegarac et al. (2021) und Fowler et al. (2021) in den von ihnen untersuchten bronzezeitlichen, beziehungsweise neolithischen Skelettkollektiven, wobei auch hier soziale Beziehungen zu den übrigen Individuen angenommen wurden.

7.1.4 Fehlende Individuen

Aus der Genealogie geht hervor, dass in einigen Fällen konkret benennbare Individuen (weiße Kreise und Quadrate) existiert haben müssen, diese jedoch unter den aus der Lichtensteinhöhle geborgenen Individuen nicht nachgewiesen werden konnten. Des Weiteren fällt auf, dass in der jüngsten Generation jeder der Untergruppen fast ausschließlich jung verstorbene Individuen identifiziert wurden. Nachkommen, welche das Erwachsenenalter erreicht haben, fehlen hier nahezu vollständig.

Ein solches Fehlen von Individuen an verschiedenen Positionen der Genealogie ist in erster Linie darauf zurückzuführen, dass es sich bei den identifizierten Individuen lediglich um den Ausschnitt einer Personengruppe handelt. Individuen, welche vor, beziehungsweise nach der Höhlennutzung verstorben sind, waren zwar Teil dieser Gruppe, in der Genealogie können sie jedoch nicht abgebildet werden. Darüber hinaus handelt es sich bei den 57 nachgewiesenen Individuen um eine Mindestindividuenzahl (s. Kapitel 4.1), sodass nicht auszuschließen ist, dass einzelne weitere Mitglieder der Gruppe in der Höhle bestattet wurden, sie aufgrund fortgeschrittener DNA-Degradierung jedoch nicht identifiziert werden konnten.

Nicht identifizierte, aber konkret benennbare Individuen finden sich an verschiedenen Positionen der Genealogie. Die nicht identifizierten Eltern des Kindes M6 können anhand dessen Haplotypen den Untergruppen A (väterliche Familienlinie I2a2b L38 #3)

und B (mütterliche Familienlinie H1c+152) zugeordnet werden. Eine direkte Verwandtschaft zwischen M6 und einem der nachgewiesenen Individuen dieser Gruppen kann jedoch aufgrund der genetischen Fingerabdrücke ausgeschlossen werden. Eine mögliche Erklärung für das Fehlen der Eltern des Individuums M6 ergibt sich aus der Position der Kleinfamilie in den späten Generationen der Genealogie. So ist es möglich, dass die Eltern des Kindes M6 nach ihrem Sohn sowie nach der Nutzung der Lichtensteinhöhle als Bestattungsplatz verstorben sind und somit nicht mehr in der Höhle bestattet wurden. Darüber hinaus ist unklar, wie viele Individuen oder Generationen sich zwischen der Mutter von M6 und den Schwestern F1 und F22 aus Gruppe B befanden und in welchem Verhältnis diese zueinander standen (gestrichelte Linie). Überlegungen hierzu hängen von verschiedenen Variablen ab und können daher lediglich spekulativen Charakter haben.

Ähnlich wie bei den Eltern des Individuums M6 verhält es sich bei den Eltern der Geschwister F9 und M11 aus Gruppe C.2. Zwar wurden deren Eltern in einer früheren Generation eingeordnet, dennoch ist denkbar, dass sie ein vergleichsweise hohes Individualalter erreicht haben und somit nach ihrer im Berndsaal bestatteten juvenilen Tochter F9 verstorben sind.

Auffällig sind die in verschiedenen Generationen der Genealogie fehlenden Väter. Auch hier kann der Todeszeitpunkt des jeweiligen Individuums ursächlich dafür sein, dass es nicht in der Lichtensteinhöhle bestattet wurde, jedoch wäre in diesem Fall zu erwarten, dass vergleichbar viele Mütter fehlen, was jedoch nicht der Fall ist. Darüber hinaus zeigt die demographische Struktur der nachgewiesenen Individuen, dass deutlich weniger erwachsene männliche Individuen in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden (vgl. Kapitel 6.2). Eine mögliche Erklärung hierfür ist, dass Männer an einem anderen Platz bestattet wurden, was jedoch aufgrund der Tatsache, dass nicht alle erwachsenen männlichen Individuen fehlen eher unwahrscheinlich erscheint. Vielmehr ist vorstellbar, dass die Männer nicht in ihrer Heimat verstorben sind und daher nicht zusammen mit ihren Familien bestattet wurden. Mögliche Gründe hierfür können unter anderem Handelsbeziehungen oder kriegerische Auseinandersetzungen sein, wie sie in der Bronzezeit vermehrt zu beobachten waren (z.B. Pellegrini et al. (2011), Kristiansen & Suchowska-Ducke (2015)). Darüber hinaus lieferten in der Höhle aufgefundene Perlen Hinweise darauf, dass die betrachtete Gruppe Handelsbeziehungen in den süddeutschen Raum und/oder die heutige Schweiz pflegte (Flindt & Hummel 2014).

Ebenfalls möglich ist die Annahme, dass die Männer die Gruppe nach dem Tod ihrer meist vergleichsweise jung verstorbenen Partnerin verlassen haben, um eine neue Familie mit einer weiteren Frau zu gründen. Hinweise darauf, dass in einigen Fällen die in der Lichtensteinhöhle bestatteten Frauen aus weiter entfernten Regionen stammen, liefern die Isotopenanalysen, welche an den Zähnen einiger Individuen durchgeführt wurden. Eine genauere Betrachtung dieser Ergebnisse sowie deren Beurteilung hinsichtlich der Interpretation der Heiratsmuster und des Residenzverhaltens findet in Kapitel 7.3 statt.

Das Fehlen erwachsener Individuen in den späteren Generationen einer jeden Untergruppe der Genealogie ist auffällig, obgleich es sich hierbei nicht um konkret benennbare Individuen handelt. Aufgrund ihrer späteren Einordnung in der Genealogie ist

insbesondere für Gruppe A denkbar, dass die im erwachsenen Alter verstorbenen Mitglieder dieser Gruppe zwar ihre Vorfahren in der Lichtensteinhöhle bestattet haben, selbst jedoch an einem anderen Bestattungsort beigesetzt wurden. Eine vergleichbare Begründung kann auch für scheinbar fehlende erwachsene Individuen in Gruppe B zutreffen. Aus dieser Gruppe wurde das Elternpaar F2 und M2 sowie drei ihrer sechs Kinder im Berndsaal bestattet, weshalb auch für diese Gruppe anzunehmen ist, dass einige ihrer Mitglieder vergleichsweise spät in die Höhle eingebracht wurden. Individuum F16 sowie ihre beiden im Infans I verstorbenen Kinder wurden hingegen in der Fiddikluft, beziehungsweise der Horstspalte bestattet, welche vor der Nutzung des Berndsaals als Bestattungsort belegt wurden. Für diese Familie sowie die mitunter ebenfalls früh eingebrachten Individuen der Untergruppen C und D erscheint die Erklärung, dass die erwachsenen Individuen aufgrund des Endes der Höhlennutzung nicht mehr in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden daher weniger wahrscheinlich, wenn auch nicht ausgeschlossen.

Eine mögliche Ursache für das Fehlen erwachsener Individuen in diesen, aber auch den übrigen Familien lässt sich eher durch Abwanderung einzelner Individuen erklären. Dies ist insbesondere für weibliche Individuen denkbar, da diese in der Prähistorie oftmals an den Ort des Partners zogen (vgl. Kapitel 7.3). Eine ähnliche Begründung für das Fehlen erwachsener Töchter in den von ihnen untersuchten neolithischen Gruppen gaben Sjögren et al. (2020) und Fowler et al. (2021) an. Hinsichtlich scheinbar fehlender männlicher Individuen ist hingegen anzunehmen, dass diese in der Regel nicht dauerhaft an einem anderen Ort sesshaft wurden, sich aber dennoch für eine gewisse Zeit andernorts aufhielten (vgl. Kapitel 7.3).

7.2 Familienstrukturen

Aus der rekonstruierten Genealogie können verschiedene Informationen über die familiären Strukturen sowie die Fertilität der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen abgeleitet werden. Ein Vergleich mit anderen prähistorischen Bestattungsorten ist nur eingeschränkt möglich, da bisher nur für wenige prähistorische Skelettkollektive genealogische Strukturen ermittelt wurden (Mittnik et al. 2019, Sjögren et al. 2020, Fowler et al. 2021). Des Weiteren liegen einzelne Studien vor, welche die Rolle von Müttern und damit einhergehend deren Fertilität untersuchen (z.B. Rebay-Salisbury (2017a), Rebay-Salisbury et al. (2018)). So konnte für ein frühbronzezeitliches Skelettkollektiv anhand einer Simulation ermittelt werden, dass die Fertilitätsrate bei etwa acht Kindern liegt, sofern die Frau ein Individualalter von 50 Jahren erreicht hat (Rebay-Salisbury et al. 2018).

Hinsichtlich der Anzahl der Nachkommen unter der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Gruppe lagen Kleinfamilien mit lediglich einem oder zwei Kindern vor, aber auch mehrere größere Familien mit bis zu sechs Kindern konnten nachgewiesen werden. Hierbei gilt es zu beachten, dass es sich bei den angegebenen Nachkommen ebenfalls um eine Mindestzahl handelt, da nicht auszuschließen ist, dass Familienmitglieder aus verschiedensten Gründen nicht in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden (vgl. Kapitel 4.1, Kapitel 6.1 sowie Kapitel 7.1.4). Die dennoch mitunter hohe Anzahl an Nachkommen deutet darauf hin, dass die Gruppe einen guten Zugang zu Ressourcen, insbesondere hinsichtlich ihrer Nahrung hatte, da das Austragen sowie die Versorgung eines Kindes einen deutlich erhöhten

Energiebedarf darstellt (Rebay-Salisbury 2017c). Auch die $\delta^{15}\text{N}$ -Werte der Isotopenanalysen an den Knochen einiger Individuen ergaben, dass der größte Teil dieser Individuen eine normale Mischdiät zu sich genommen hat und viele Individuen regelmäßig Fleisch konsumierten (Struck et al. 2018; Ergebnisse s. Anhang G).

Darüber hinaus lässt die teils hohe Anzahl von Nachkommen darauf schließen, dass Geburten, welche aufgrund möglicher Komplikationen ein erhöhtes Sterberisiko mit sich brachten, in der Regel gut verliefen. Dies kann wiederum ein Indiz dafür sein, dass eine gute Versorgung der werdenden Mütter gewährleistet wurde (Rebay-Salisbury 2017a). Auch hinsichtlich der Betreuung und Versorgung der Kleinkinder ist anzunehmen, dass die Mütter unterstützt wurden, da die Anzahl der Nachkommen sowie das Alter einiger Mütter darauf hindeuten, dass die Geburten zum Teil in kurzen Abständen stattgefunden haben müssen. Am Beispiel der sechsfachen Mutter F2, welche im Übergang vom späten Adultas zum frühen Maturitas verstorben ist, läge der Intergeburtenabstand bei etwa drei Jahren, wenn davon ausgegangen wird, dass die erste Geburt im Alter von 20 Jahren stattgefunden hat und ihr Tod zeitnah zur Geburt des letzten Kindes eingetreten ist. Wird ein jüngeres Alter bei der Geburt des ersten Kindes angesetzt (vgl. Rebay-Salisbury (2018), Rebay-Salisbury et al. (2018)) oder lagen Mehrlingsgeburten vor, verlängert sich der Intergeburtenabstand entsprechend.

Vergleichbare Abstände zwischen den Nachkommen ergeben sich für die Individuen F8 und F24, welche im Übergang vom frühen zum mittleren, beziehungsweise im mittleren Adultas verstorben sind und zwei, beziehungsweise vier Kinder zur Welt gebracht haben. Ein möglicherweise größerer Intergeburtenabstand von über vier Jahren ergibt sich für die fünf Kinder der Frau F13, da diese im frühen Maturitas verstorben ist. Darüber hinaus liegen Hinweise darauf vor, dass es sich bei den Töchtern F17 und F26 um eineiige Zwillinge handeln könnte (vgl. Kapitel 5.1), was zur Folge hätte, dass der Intergeburtenabstand mehr als fünf Jahre betragen haben könnte. Jedoch ist zu beachten, dass auch weitere Nachkommen existiert haben können, welche nicht in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden. Des Weiteren ist es nicht möglich, verlässliche Aussagen über das Einsetzen der Menopause in der Bronzezeit zu treffen, weshalb der Intergeburtenabstand gegebenenfalls nach unten korrigiert werden muss.

Die für die Lichtensteinhöhle ermittelte Zeitspanne von circa drei Jahren zwischen den Nachkommen entspricht etwa dem von Rebay-Salisbury et al. (2018) angegebenen Intergeburtenabstand und lässt sich mit dem von Fulminante (2015) rekonstruierten Abstillen zwischen dem zweiten und dritten Lebensjahr vereinen. Hierbei konnte der Intergeburtenabstand durch die Sesshaftwerdung und technische Weiterentwicklung im Zuge der Neolithisierung verkürzt werden, sodass durch den gesicherten Zugang zu Nahrung sowie geeignete Zubereitungsformen die Kinder früher abgestillt werden konnten und die Frauen früher wieder empfängnisbereit waren (Buikstra et al. 1986, Rebay-Salisbury 2017c). Ein Stilleffekt, welcher durch erhöhte $\delta^{15}\text{N}$ -Werte in der Stickstoff-Isotopensignatur gekennzeichnet ist (Fuller et al. 2006), konnte für die Individuen M21, F27 und M25 in abnehmender Intensität nachgewiesen werden (Struck et al. 2018). Das Sterbealter der Individuen M21 und F27 lag im frühen Infans I und stellt somit keinen Widerspruch zu der Einschätzung eines Intergeburtenabstands von drei Jahren dar. Für das Individuum

M25 kann das Individualalter nur vergleichsweise ungenau im mittleren bis späten Infans I angegeben werden, jedoch ist der Stilleffekt hier bereits geringer als bei den jüngeren Kindern. Eine mögliche Ursache hierfür kann die Umbaurate des Knochens sein, welche dazu führen kann, dass die Isotopensignatur auch nach dem Abstillen noch Hinweise auf einen Stilleffekt gibt (Tsutaya & Yoneda 2013). Ähnliches kann für die Kinder M8 (frühes Infans II) und F20 (zweite Hälfte Infans I) gelten, deren Knochen Stickstoffisotopenwerte aufweisen, welche auf einen sehr geringen Stilleffekt oder einen vergleichsweise hohen Fleischkonsum hindeuten. Präzisere Aussagen zu der Zeitspanne, in welcher die Kinder gestillt wurden und somit implizite Hinweise auf den Intergeburtenabstand können nicht getroffen werden, da nicht für alle Kinder Werte zur Isotopensignatur vorliegen.

Trotz der offenbar guten Versorgung der Individuen in Zusammenhang mit der Schwangerschaft und der Betreuung der Kinder, liegt der Verdacht nahe, dass die hohe Zahl von Geburten in kurzer Zeit ursächlich dafür war oder zumindest dazu beigetragen hat, dass einige der betroffenen Frauen vergleichsweise früh verstorben sind. So zeigen für Individuum F24 die histologischen Dünnschnitte der Femurdiaphysen eine irreguläre Struktur der Knochenkompakta, welche eher auf ein juveniles bis höchstens frühadultes Individuum, beziehungsweise ungewöhnliche Wachstumsschübe hindeutet. Die morphologische Altersbestimmung an den vorhandenen Knochen hingegen lässt eher auf ein mitteladultes Individuum schließen. Ein Zusammenhang zwischen derartigen Auffälligkeiten und dem frühen Tod eines Individuums kann letztlich nicht belegt werden, da hierfür zahlreiche individuelle Faktoren verantwortlich sein können. Dennoch kann eine Schwangerschaft in Abhängigkeit der äußeren Umstände eine starke körperliche Belastung für die Frau darstellen (Rebay-Salisbury et al. 2018).

Dass eine höhere Geburtenzahl nicht zwangsläufig zu gesundheitlichen Problemen, beziehungsweise einem frühen Tod führten, wird an Individuum F23, der Schwester der früh verstorbenen Mutter F24 deutlich. So wurden für F23 ebenfalls vier Kinder nachgewiesen, das Individuum erreichte jedoch ein Individualalter in der zweiten Hälfte des Maturitas (s. Abb. 7.4).

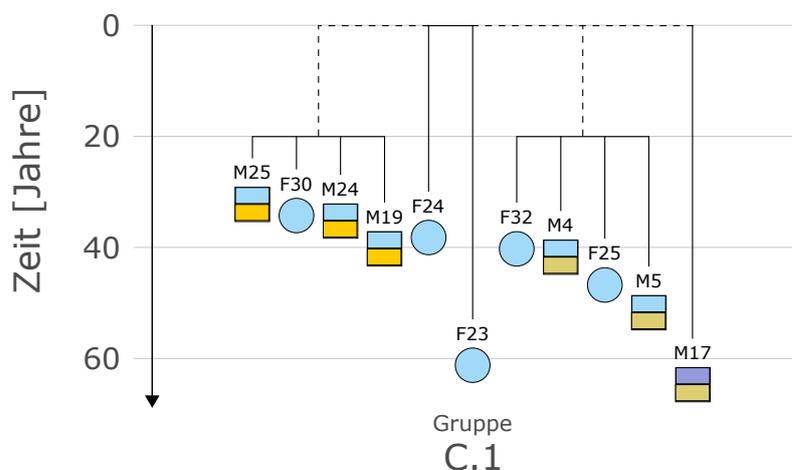


Abbildung 7.4: Ausschnitt der Familiengruppe C.1 aus der Lebendbevölkerung

Auffällig ist in diesem Kontext, dass alle nachgewiesenen Kinder des Individuums F23 ein Individualalter im Juvenis bis frühen Adultas erreicht haben, während ein Großteil der

Nachkommen der Individuen F2, F8, F13 und F24 bereits vor dem Erreichen des zwölften Lebensjahrs verstorben ist. Der frühe Tod der Mutter könnte demnach ursächlich für das geringe Individualalter der jeweiligen Nachkommen sein oder zumindest insofern eine Rolle gespielt haben, als dass die Versorgung der jungen Kinder nicht mehr gewährleistet war. Unabhängig vom Sterbealter der Mutter ist für sehr jung verstorbene Kinder wie M15, M16, M21 und M22 anzunehmen, dass durch den Tod der Mutter während der Stillzeit das Sterberisiko für die Kinder deutlich erhöht war (Rebay-Salisbury 2017c). Da sich aus dem Skelettkollektiv jedoch keine gesicherte Sterbereihenfolge ableiten lässt, ist unklar, in welchem Zeitfenster und in welcher Reihenfolge der Tod der jeweiligen Individuen eintrat.

Auch ein zeitgleicher Tod mehrerer Familienmitglieder ist nicht auszuschließen. Infektionskrankheiten können hierbei eine Rolle gespielt haben, da sich diese insbesondere im engen Familienkreis schnell ausbreiten konnten. Eine gemeinsame Todesursache im Zusammenhang mit einer Gewalttat, wie sie von Haak et al. (2008) für eine spätsteinzeitliche Gruppe von Individuen nachgewiesen werden konnte, ist jedoch aufgrund nicht vorhandener Traumata unwahrscheinlich.

Auszuschließen ist weiterhin, dass alle Mitglieder der Gruppe zur gleichen Zeit verstorben sind. Deutlich wird dies insbesondere an der durch F1, M1 und M2 gebildeten Familie, in welcher der Sohn (M2) im späten Maturitas verstorben ist, während das Individualalter des Vaters (M1) im mittleren Maturitas lag. Die Individuen können somit nicht zeitgleich verstorben sein, da M1 zum Zeitpunkt der Geburt seines Sohnes mindestens in einem reproduktionsfähigen Alter gewesen sein muss und bei einem zeitgleichen Tod der Individuen eine entsprechende Differenz vorliegen müsste. Einen weiteren Hinweis darauf, dass nicht alle Individuen gleichzeitig verstorben sein können, geben die Individuen F1 und F22. Das für die Schwestern bestimmte Individualalter liegt im Senilis (F1), beziehungsweise im Juvenis (F22) sodass bei einem zeitgleichen Tod eine Altersdifferenz von über 40 Jahren vorgelegen haben müsste. Eine geringere, aber dennoch ungewöhnlich hohe Altersdifferenz von 25 bis 30 Jahren zwischen Geschwistern müsste außerdem bei den Individuen M3 und F11 sowie F23 und F24 vorgelegen haben. Zwar könnte es sich bei diesen Individuen jeweils um das älteste und das jüngste Kind einer Familie handeln, die zuvor betrachteten Daten deuten jedoch eher darauf hin, dass auch bei einer höheren Zahl an Nachkommen keine derart großen Zeitspannen zwischen Geschwistern zu erwarten sind.

Über den Altersunterschied zwischen Eltern können keine gesicherten Aussagen getroffen werden, da nicht bekannt ist, ob die jeweiligen Individuen zeitgleich oder zeitlich versetzt verstorben sind. Im Fall des Elternpaars F1 und M1 beträgt die Differenz zwischen dem Sterbealter der Individuen mehr als zehn Jahre, wobei F1 im Senilis, M1 hingegen im mittleren Maturitas verstorben ist. Die Bestattung der beiden Individuen in verschiedenen Höhlenabschnitten (Übergang Fiddikluft-Reinhardsgrotte, bzw. Reinhardsgrotte) kann auf einen zeitlich versetzten Tod der Individuen hindeuten, die Sterbereihenfolge kann hieraus jedoch nicht abgeleitet werden. Ein ähnliches Individualalter im mittleren bis späten Maturitas wurde für die Eltern M3, F4 und F5 sowie F23 und M17 bestimmt. Verschiedene Studien geben an, dass das Alter des Mannes in der Bronzezeit oft über dem der Frau lag (z.B. Rebay-Salisbury (2018), Rebay-Salisbury et al. (2018)), was zur Folge hätte, dass die in der Lichtensteinhöhle bestatteten Elternpaare in einem ähnlichen Alter, jedoch zu

verschiedenen Zeitpunkten verstorben sein müssten. Die Lage der Individuen in der Höhle gibt hierüber nur bedingt Aufschluss. So wurden die Individuen F23 und M17 in der Reinhardsgrotte, F1 und M1 in der Fiddikluft und der Reinhardsgrotte bestattet, wobei keine gesicherte zeitliche Einordnung für die Nutzung dieser beiden Höhlenabschnitte vorliegt. Die Skelettelemente des im mittleren Maturitas verstorbenen Individuums M3 hingegen wurden auf der Grenze zwischen Reinhardsgrotte und Berndsaaal geborgen, während sich die Knochen der beiden Frauen F4 und F5 ausschließlich im Berndsaaal befanden. Es ist zu beachten, dass unklar ist, ob die Frauen F4 und F5, welche ein ähnliches Alter im mittleren bis späten, beziehungsweise mittleren Maturitas aufwiesen, zeitgleich Teil der Gruppe waren oder ob sie nacheinander lebten. Letzteres ist aufgrund des vergleichsweise hohen Individualalters beider Frauen jedoch eher unwahrscheinlich, weshalb ihre Lage im zuletzt belegten Berndsaaal darauf hindeuten kann, dass beide Frauen nach M3 verstorben sind und dieser somit zu Lebzeiten älter war, als seine Partnerinnen. Eine genaue Einschätzung der Differenz ist nicht möglich.

Abweichend stellt sich die Situation im Fall des Elternpaars F2 und M2 dar. Hier deutet die Lage der Individuen auf der Grenze zwischen Berndsaaal und Reinhardsgrotte, beziehungsweise im Berndsaaal darauf hin, dass F2 früher in die Lichtensteinhöhle eingebracht wurde. Dies kann wiederum durch ihr Alter von etwa 40 Jahren bedingt sein, welches deutlich unter dem des im späten Maturitas verstorbenen Individuums M2 liegt. Hinsichtlich des Altersunterschieds der Individuen zu Lebzeiten ergibt sich aus dem versetzten Einbringen in die Höhle sowie der Differenz im Individualalter, dass M2 zwar älter als F2 gewesen sein kann, die Differenz jedoch weniger als eine Altersklasse (zwanzig Jahre) umfasst haben muss.

Grundsätzlich ist bei der Beurteilung der Altersdifferenzen zu beachten, dass Überlegungen hierzu auf der Annahme basieren, dass die Individuen in der selben Reihenfolge in die Lichtensteinhöhle eingebracht wurden, wie sie verstorben sind. Im Fall einer Sekundärbestattung kann diese Annahme jedoch nicht gesichert belegt werden (vgl. Kapitel 4.3).

Eine besondere Stellung nehmen die Individuen F10 und F12 ein, für welche trotz ihres vergleichsweise hohen Alters im Übergang von Adultas zu Maturitas, beziehungsweise Maturitas zu Senilis keine Nachkommen unter den in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen nachgewiesen werden konnten. Ursächlich kann auch hier der Nutzungszeitraum der Höhle sein. Nicht auszuschließen ist jedoch, dass es sich bei den Individuen um infertile Frauen handelte, welche nach Rebay-Salisbury (2017b) in der Eisenzeit einen Anteil von 5 bis 15% ausgemacht haben sollen. Hinweise dazu könnten Geburtstraumata an den Ossa coxae der Individuen geben, welche jedoch fragmentiert und zum Teil erodiert sind, weshalb eine Beurteilung nicht möglich ist.

7.3 Heiratsmuster und Residenzverhalten

Neben den verschiedenen Familienstrukturen lassen sich aus der Genealogie sowie der Diversität der mitochondrialen und Y-chromosomalen Haplotypen Informationen zum Heiratsmuster und Residenzverhalten der betrachteten Gruppe ableiten. Darüber hinaus ermöglichen die Ergebnisse der Isotopenanalysen eine Einschätzung darüber, ob die untersuchten Individuen aus der Region stammen, in welcher sie bestattet wurden oder ob sie

in anderen Gebieten aufgewachsen sind (Struck et al. 2018; Ergebnisse s. Anhang G).

Die Analyse der mütterlichen und väterlichen Familienlinien ergab einen deutlichen Unterschied zwischen deren Diversität. So wurden unter allen Individuen aus der Lichtensteinhöhle 22 verschiedene mitochondriale Haplotypen aus vier Haplogruppen nachgewiesen. Für die männlichen Individuen wurden hingegen sieben unterschiedliche Y-chromosomale Haplotypen aus zwei Haplogruppen bestimmt, wobei auffällig ist, dass fünfzehn der 25 männlichen Individuen einen identischen Y-chromosomalen Haplotyp (I2a2b L38 #0) aufweisen. Für sieben der übrigen zehn männlichen Individuen wurde ein nur minimal von diesem abweichender Haplotyp ermittelt (I2a2b L38 #1 – #4), während lediglich drei Individuen ein deutlich abweichendes Muster (R1a & R1b) zeigten. Genauere Beschreibungen der identifizierten Haplotypen sowie deren populationsgenetische Einordnung finden sich in Kapitel 8, jedoch deutet das ungleiche Verhältnis zwischen mütterlichen und väterlichen Familienlinien bereits darauf hin, dass es sich um eine patrilokale Gruppe handelt. Hierbei bleiben die männlichen Gruppenmitglieder am Wohnort ihres Vaters, während weibliche Individuen von außerhalb in die Familie kommen. Im Umkehrschluss verlassen die weiblichen Nachkommen die Familie, um selbst Teil einer anderen Gruppe zu werden. Dies hat zur Folge, dass stets neue weibliche Familienlinien in die Gruppe eingebracht werden und somit die Diversität der mitochondrialen Haplotypen vergleichsweise hoch ist. Die männlichen Familienlinien hingegen erfahren in einer patrilokalen Bevölkerung wenig Veränderung, was sich in einer Verteilung, wie sie für die Lichtensteinhöhle identifiziert wurde, widerspiegelt. Insbesondere der in jeder Untergruppe vertretene Haplotyp I2a2b L38 #0 deutet darauf hin, dass die Familien in männlicher Linie über ihre Vorfahren miteinander verbunden waren. Auch die unterschiedliche Variabilität in der für die erwachsenen Individuen ermittelten Körperhöhe (vgl. Kapitel 5.3) kann ein Hinweis darauf sein, dass die Männer näher miteinander verwandt waren, als die weiblichen Individuen. Die in der Lichtensteinhöhle bestattete Gruppe reiht sich somit in die für europäische Regionen historischer und prähistorischer Epochen übliche Residenzform der Patrilokalität ein (z.B. Pellegrini et al. (2011), Sjögren et al. (2016), Knipper et al. (2017), Rebay-Salisbury (2017a), Mitnik et al. (2019), Sjögren et al. (2020)).

Lediglich der mitochondriale Haplotyp U5b1b1g1 konnte in drei aufeinanderfolgenden Generationen identifiziert werden. Dies deutet darauf hin, dass Individuum F8 auch als Erwachsene noch Teil der Gruppe war oder zumindest in einem so engen Verhältnis zu ihrer Familie stand, dass sie und ihre beiden Söhne ebenfalls in der Lichtensteinhöhle bestattet wurden.

Die hohe Diversität der weiblichen Familienlinien zeigt, dass die zugezogenen Frauen überwiegend aus verschiedenen Familiengruppen stammten. Dennoch wurden in den Untergruppen B und C.1 jeweils Schwestern (F2 und F16, F23 und F24) nachgewiesen, welche Kinder mit verschiedenen Männern hatten. Darüber hinaus wurden in Gruppe B und D Schwestern (F1 und F22, F12 und F13) identifiziert, von denen für jeweils lediglich ein Individuum Nachkommen gefunden wurden. Eine mögliche Interpretation ist, dass die Schwestern gemeinsam in die Gruppe gekommen sind, um sich beispielsweise bei der Versorgung der Nachkommen zu unterstützen (Rebay-Salisbury 2017a). Alternativ können die Schwestern nacheinander zugezogen sein, um bereits bestehende Verbindungen zwischen

der Gruppe der Lichtensteinhöhle sowie der Familie der Frau zu stärken. Unwahrscheinlich erscheint es hingegen zumindest für einige Individuen, dass die Schwestern bereits vor Ort lebten, wie die Isotopenanalysen an den Zähnen einzelner Individuen zeigten. So liegen für die Individuen F2 und F13 Isotopensignaturen vor, welche darauf hindeuten, dass die Individuen nicht aus der Harzregion stammen, sondern im Mittelmeerraum oder Südengland aufgewachsen sind (Struck et al. 2018). Zwar handelt es sich hierbei um vergleichsweise große Distanzen, verschiedene Autoren geben jedoch an, dass in der Bronzezeit und den umliegenden Epochen auch weite Strecken von bis zu mehreren Hundert Kilometern zurückgelegt wurden (Evans et al. 2006, Frei et al. 2015, Frei et al. 2017, Rebay-Salisbury 2017a, Veeramah et al. 2018, Mittnik et al. 2019).

Die übrigen Individuen, für welche eine Analyse der Isotopensignatur durchgeführt wurde, sind in Abbildung 7.5 in Abhängigkeit ihrer Ergebnisse farbig hervorgehoben. Für einen Großteil der untersuchten Individuen wurde der erste Molar des linken Unterkiefers (36) beprobt, dessen Krone in der ersten Hälfte des Infans I gebildet wird (Ubelaker 1978). Lagen lediglich isolierte Zähne vor, ist es in wenigen Einzelfällen möglich, dass es aufgrund stärkerer Abrasion sowie der hohen Ähnlichkeiten zwischen den Molaren eines Individuums zu Fehlbestimmungen gekommen ist und es sich um einen der anderen, zum Teil später gebildeten Molaren handelt.

Für einzelne Individuen wurden mehrere Isotopensignaturen ermittelt, welche zum Teil widersprüchlich erscheinen. Wurden mehrere Zähne beprobt, können die verschiedenen Werte auf die versetzten Bildungszeiträume der entsprechenden Zahnkronen zurückgeführt werden. Hat ein Individuum seine Kindheit in verschiedenen Regionen verbracht, können die in den jeweiligen Zeiträumen gebildeten Zahnkronen somit abweichende Isotopensignaturen aufweisen. Liegen hingegen für eine Zahnkrone unterschiedliche Werte vor, scheint es sich um ein Artefakt der Bearbeitung zu handeln, genauere Angaben liegen hierzu seitens des durchführenden Labors jedoch nicht vor.

Aus Abbildung 7.5 geht hervor, dass mehrere erwachsene Frauen (F2, F5, F8, F10, F13) aber auch einige Männer eine Isotopensignatur aufweisen, welche für eine frühe Kindheit im Mittelmeerraum oder Südengland spricht (Struck et al. 2018). Für F5 liegen Ergebnisse verschiedener Zähne vor, wobei sich der Wert des zuletzt gebildeten dritten Molars deutlich von denen der übrigen untersuchten Zähne unterscheidet und die regionale Isotopensignatur des Harzvorlands aufweist (Ergebnisse von Struck et al. (2018) s. Anhang G). Für dieses Individuum kann demnach angenommen werden, dass es in einer anderen Region geboren wurde, während der Bildung des dritten Molars ab der zweiten Hälfte des Infans II (Ubelaker 1978) jedoch bereits in der Nähe der Lichtensteinhöhle gelebt hat. Es ist somit denkbar, dass weibliche Individuen, bereits in ihrer Kindheit in die Gruppe gekommen sind. Ein etwas höheres Alter (Juvenis) bestimmten Frei et al. (2017) und Knipper et al. (2017) für den Zeitpunkt der Migration der von ihnen untersuchten weiblichen Individuen, während Evans et al. (2006) anhand der von ihnen ermittelten Isotopensignaturen Bewegungen männlicher Individuen im Infans I, der zweiten Hälfte des Infans II sowie ab dem späten Juvenis angaben.

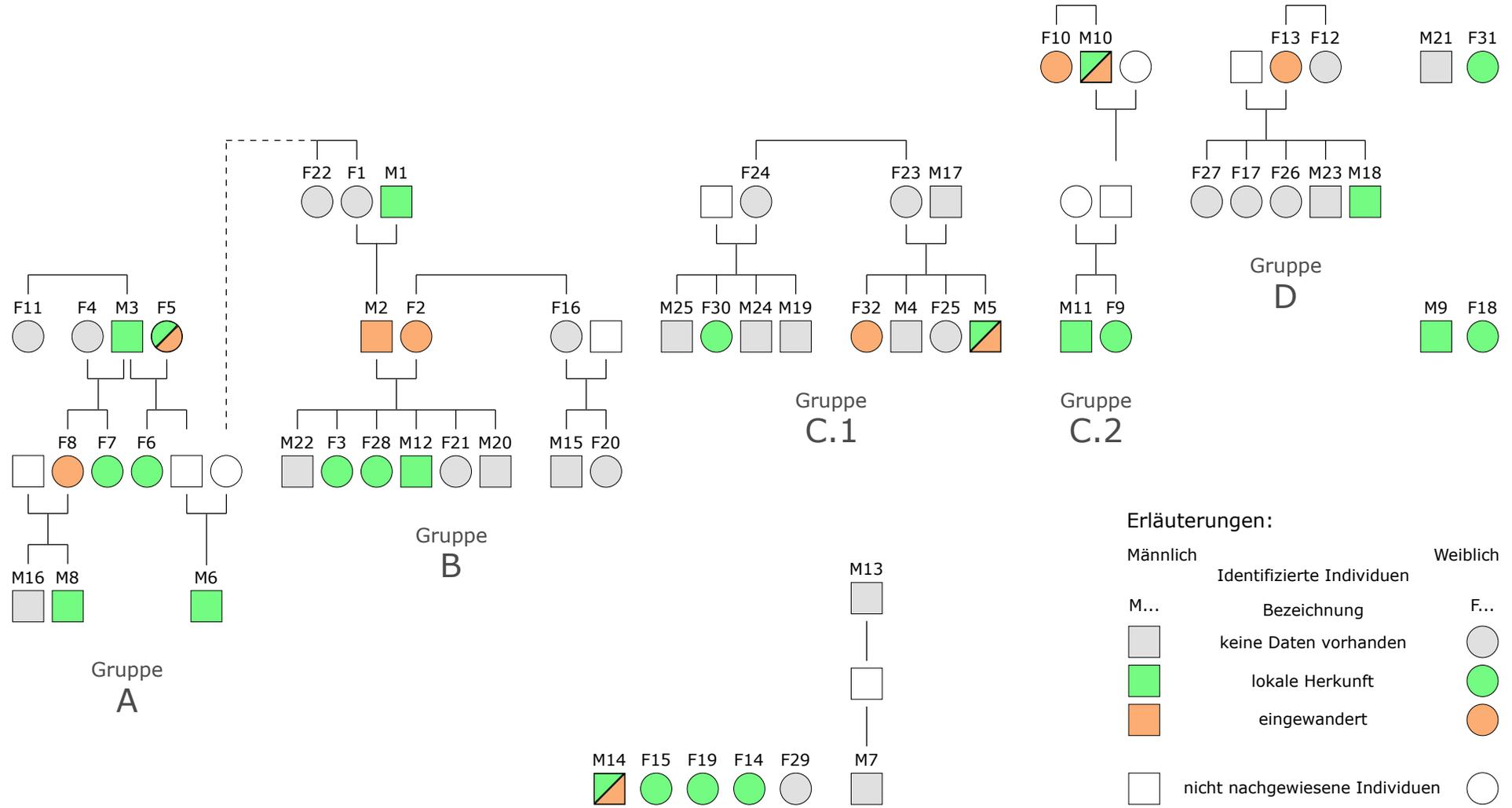


Abbildung 7.5: Darstellung der Genealogie mit Angaben zur Herkunftsbestimmung anhand der Isotopensignaturen
 Wurden für ein Individuum in verschiedenen Analysen Isotopensignaturen ermittelt, welche für eine regionale und entfernte Herkunft sprechen, wurden diese Individuen zweifarbig dargestellt

Auffällig ist das Ergebnis der Individuen F8 und M2, da diese als Nachkommen zweier Männer mit regionaler Signatur identifiziert wurden, selbst jedoch an einem anderen Ort aufgewachsen sind. Eine Erklärung könnte sein, dass Männer aus der Gruppe der Lichtensteinhöhle für eine gewisse Zeit zu der Gruppe ihrer Frau zogen und erst einige Jahre nach der Geburt ihres (ersten) Kindes wieder zu ihrer Gruppe zurückkehrten. Da derartige Bewegungen jedoch nur in bestimmten Fällen nachgewiesen werden können, liegen hierzu nur wenige Vergleichsdaten vor. Eine ähnliche Situation, jedoch zum Teil in anderen Lebensabschnitten, konnten Knipper et al. (2017) und Mittnik et al. (2019) für von ihnen untersuchte Individuum nachweisen, welche ihre frühe Kindheit in einer Region verbrachten, andernorts aufwuchsen, aber später wieder zurück in ihre Ursprungsregion reisten. Vergleichbar mit den Beobachtungen in der Lichtensteinhöhle ist ein von Sjögren et al. (2020) beschriebener Fall, für welchen ebenfalls als eine mögliche Erklärung angenommen wurde, dass ein männliches Individuum während der Kindheit seines Sohns in einer anderen Umgebung als seiner Heimat verweilte, die beiden Individuen später jedoch gemeinsam an den Ursprungsort des Vaters zurückkehrten. Als alternative Ursache für die widersprüchlichen Isotopensignaturen gaben die Autoren an, dass der Sohn seine Kindheit als Pflegekind in einer anderen Familie verbrachte und anschließend wieder zurück zu seinem leiblichen Vater zog. Einen Hinweis auf das Handlungsmuster in der Gruppe der Lichtensteinhöhle könnte die Isotopensignatur der jeweiligen Frauen (F4 und F1) geben, jedoch liegt diese in beiden Fällen nicht vor. Aufgrund nicht vorhandener Daten für die Individuen F23 und M17 bleibt auch der Grund für die Isotopensignaturen ihrer Nachkommen F32 und M5 fraglich, da insbesondere das Ergebnis für F32 darauf hindeutet, dass das Individuum nicht aus der Nähe der Lichtensteinhöhle stammt. Auch hier wäre denkbar, dass die Eltern für eine gewisse Zeit an einem anderen Ort gelebt haben, bevor sie (zurück) in die Harzregion gekommen sind. Aus den existierenden Daten lassen sich jedoch keine gesicherten Schlüsse ziehen.

Eine entfernte Herkunft der weiblichen Individuen kann auch ein Grund dafür sein, dass die Männer der Frauen F8, F16, F24 und F13 nicht in der Lichtensteinhöhle nachgewiesen werden konnten. So ist vorstellbar, dass diese Individuen nach dem mitunter frühen Tod ihrer Frauen die Gruppe verlassen haben, um eine weitere Frau zu finden, jedoch verstorben sind, bevor sie wieder zurück kamen. Hinweise darauf, dass ein Mann nach dem frühen Tod der ersten Partnerin eine zweite Frau hatte, leiten Rebay-Salisbury et al. (2018) aus einem Doppelgrab eines spätadulten bis frühmaturen Mannes und einer etwa zwanzig Jahre jüngeren Frau ab. Rebay-Salisbury et al. (2018) geben jedoch an, dass es sich hierbei auch um den in der Bronzezeit üblichen Altersunterschied zwischen Partnern gehandelt haben kann (vgl. Kapitel 7.2).

Nachkommen mit zwei verschiedenen Frauen wurden für die Lichtensteinhöhle lediglich für das Individuum M3 nachgewiesen, wobei nicht geklärt werden konnte, ob es sich hierbei um Bigamie oder um zwei aufeinander folgende monogame Beziehungen handelte. Mögliche Hinweise auf eine Bigamie liegen für ein frühbronzezeitliches Gräberfeld aus Österreich vor, wobei hier unklar ist, ob es sich bei der gemeinsamen Bestattung der drei Individuen um einen Mann mit seinen jüngeren Partnerinnen oder um Geschwister handelt (Rebay-Salisbury 2018). Nachkommen mit vier Frauen konnten Fowler et al. (2021) für ein

männliches Individuum einer neolithischen Skelettserie identifizieren. Auch in dieser Studie konnte nicht geklärt werden, ob die Partnerschaften parallel oder hintereinander existierten. Für mehrere weibliche Individuen wurden jedoch Nachkommen mit verschiedenen Männern ermittelt, was von den Autoren dahingehend interpretiert wurde, dass in der Gruppe eine Art "Adoptiv-Verwandtschaften" vorlagen (Fowler et al. 2021).

8 Populationsgenetische Einordnung

Die Ergebnisse molekulargenetischer Analysen ermöglichen, je nach untersuchten Markern, verschiedenste Aussagen über das jeweils untersuchte Individuum. Wird eine Gruppe von Individuen genetisch untersucht, können die Ergebnisse zusammengefasst und die Häufigkeit der verschiedenen Merkmale mit den jeweiligen Frequenzen in anderen Populationen verglichen werden. Auf diese Weise ist es möglich, zeitstellungsgleiche Gruppen verschiedener Regionen einander gegenüberzustellen, um herauszufinden, ob die verschiedenen Populationen Ähnlichkeiten aufweisen, welche zum Beispiel auf eine Verbindung hindeuten könnten. Darüber hinaus kann ein diachroner Vergleich zwischen Populationen mit ähnlichem geographischen Hintergrund vorgenommen werden, welcher es ermöglicht Entwicklungen in dieser Region nachzuvollziehen.

Entsprechend wurden die in der Lichtensteinhöhle identifizierten Haplotypen in einen zeitlichen sowie regionalen Kontext eingeordnet, wobei zu beachten ist, dass sowohl die Stichprobengröße der hier untersuchten Gruppe als auch die der meisten Vergleichspopulationen sehr klein war. Eine statistische Auswertung wurde somit lediglich für einzelne Vergleiche durchgeführt, da bei zu kleinen Stichproben die Aussagekraft der statistischen Tests zu gering ist. Stattdessen erfolgte eine qualitative Beurteilung anhand verschiedener Diagramme, welche die Verteilung der beobachteten Haplotypen zeigen. Auch hier ist zu beachten, dass die Darstellung der relativen Häufigkeiten oft auf sehr kleinen Ausschnitten der jeweiligen Population basierte und möglicherweise deren Diversität nicht korrekt widerspiegelt.

Hinsichtlich der regionalen Einordnung der Vergleichsdatensätze ist zu beachten, dass es sich bei den Angaben um die Fundplätze der jeweiligen Individuen handelt, da die heutigen Ländergrenzen nicht in allen betrachteten Epochen existierten.

8.1 Einordnung mitochondrialer Haplotypen

Den größten Teil populationsgenetischer Untersuchungen stellen Analysen mitochondrialer aDNA dar, da diese in der Regel deutlich besser erhalten ist, als die nukleare DNA. Sequenzbestimmungen mitochondrialer DNA liegen für verschiedene Populationen vor, sodass diese mit den in der Lichtensteinhöhle identifizierten Haplotypen verglichen werden konnten. Hierbei wurde der Fokus auf ausgewählte geographische Regionen gelegt, um eine möglichst gute Vergleichbarkeit zu gewährleisten.

8.1.1 Mitochondriale Haplotypen in der Lichtensteinhöhle

Die 57 in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen wurden jeweils einer der vier mitochondrialen Haplogruppen H, J, T oder U zugeordnet. Unterteilt wurden diese wiederum in insgesamt 22 verschiedene Haplotypen, deren Verteilung Tabelle 8.1 zu entnehmen ist. Die Bestimmung der Haplotypen erfolgte über die Sequenzierung der HVR I (Positionen 16051-16398) und der HVR II (Positionen 73-380, bzw. 73-315.1) und einem anschließenden Abgleich der Sequenzdaten mit der Haplogrep-Datenbank (<https://haplogrep.i-med.ac.at/>).

Tabelle 8.1: Verteilung der mitochondrialen Haplotypen in der Lichtensteinhöhle

Haplogruppe	Haplotyp	Individuen
H	n=13 $\hat{=}$ 59%	n=32 $\hat{=}$ 56%
	H1a1c	F29
	H1c+152	F1, F22, M2, M6
	H1e1a+16278	F31
	H1e1a1	M1
	H2a1	F11, M3
	H2a2a#1	F23, F24, F25, F30, F32, M4, M5, M19, M24, M25
	H2a2a#2	M7
	H39	F12, F13, F17, F26, F27, M18, M23
	H5#1	M14
	H5#2	F19
	H6#1	M17
	H6#2	M21
	H7a1	M9
J	n=2 $\hat{=}$ 9%	n=11 $\hat{=}$ 19%
	J1b1a1	F14
	J1c	F2, F3, F16, F20, F21, F28, M12, M15, M20, M22
T	n=3 $\hat{=}$ 14%	n=5 $\hat{=}$ 9%
	T2	M13
	T2b#1	F5, F6
	T2b#2	F10, M10
U	n=4 $\hat{=}$ 18%	n=9 $\hat{=}$ 16%
	U2e1	F15
	U3a1c	F9, M11
	U4a1	F18
	U5b1b1g1	F4, F7, F8, M8, M16
Gesamt	n=22	n=57

Haplogruppe H ist in der Lichtensteinhöhle sowohl hinsichtlich der verschiedenen Haplotypen (13 von 22) als auch in Bezug auf die der Haplogruppe zugehörigen Individuen (32 von 57) am umfangreichsten vertreten. Die zweitgrößte mitochondriale Haplogruppe bezüglich der Individuenzahl ist die Gruppe J (11 von 57). Es wurden zwei verschiedene Haplotypen identifiziert, wobei zehn Individuen den Haplotyp J1c aufwiesen, während nur ein Individuum dem Haplotyp J1b1a1 angehörte. Für fünf der 57 in der Höhle bestatteten Individuen wurde die Haplogruppe T bestimmt. Hierbei gehörten jeweils zwei Individuen den Haplotypen T2b#1 und T2b#2 an, während eines den Haplotyp T2 aufwies. Haplogruppe U ist hinsichtlich der Zahl der verschiedenen Haplotypen mit vier Typen nach Haplogruppe H am zweithäufigsten vertreten. In Bezug auf die Anzahl der Individuen, welche der Gruppe U angehören, liegt sie mit neun der 57 Individuen an dritter Stelle.

Um zu verdeutlichen, welchen Einfluss die nachgewiesenen familiären Beziehungen auf die Häufigkeitsverteilung der mitochondrialen Haplotypen haben, wurden in Abbildung 8.1 die Verteilungen der Individuen und der Haplotypen auf die vier Haplogruppen gegenübergestellt. Es zeigt sich, dass die Verhältnisse weitgehend ähnlich sind. Dennoch wird bei Betrachtung der Individuenzahl insbesondere die Haplogruppe J durch die große Kernfamilie der Untergruppe B (vgl. Kapitel 7.1.2) überrepräsentiert, während die Diversität der Haplogruppe T leicht unterrepräsentiert ist.

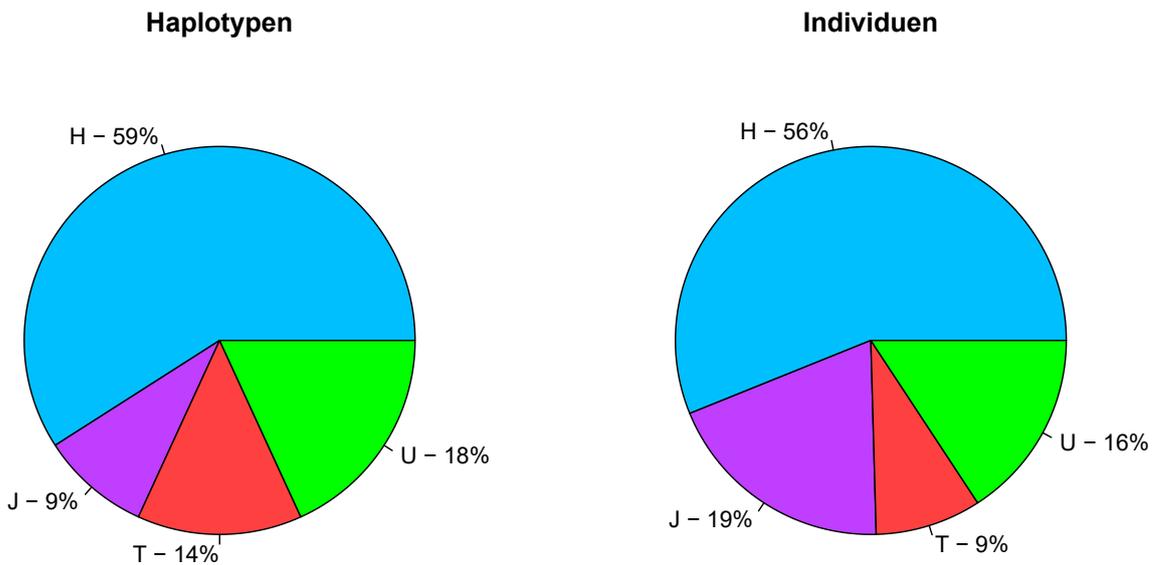


Abbildung 8.1: Vergleich der Häufigkeitsverteilungen der mitochondrialen Haplotypen (links) sowie der Individuen (rechts) auf die vier Haplogruppen

8.1.2 Vergleich mit anderen Populationen

Um die Ergebnisse der Lichtensteinhöhle in einen populationsgenetischen Kontext einordnen zu können, wurden Vergleichsdatensätze für andere Populationen herangezogen. Diese lagen für Jäger-Sammlergesellschaften, neolithische Kulturen sowie rezente Populationen aus verschiedenen Studien vor. Ein Vergleich der in der Lichtensteinhöhle identifizierten mitochondrialen Haplotypen mit den Daten der unterschiedlichen Bevölkerungsgruppen ist in den Abbildungen 8.2 bis 8.5 dargestellt. Um den Vergleich einheitlich zu gestalten, mussten einzelne Haplogruppen unter "Andere" zusammengefasst werden, da Angaben hierzu nicht für alle betrachteten Gruppen vorlagen.

Für die Lichtensteinhöhle wurden jeweils zwei Verteilungen angegeben. Zum einen gingen die Haplotypen aller 57 Individuen ein ("gesamt"), zum anderen wurde jeder identifizierte Haplotyp lediglich ein Mal gezählt ("nur Haplotypen"; $n=22$), um eine Verfälschung der Daten durch unterschiedliche Familiengrößen zu vermeiden (vgl. Abb. 8.1). Für die Vergleichsdaten war im Einzelfall nicht bekannt, wie mit (potentiell) verwandten Individuen verfahren wurde.

Die angegebenen Daten der Vergleichspopulationen setzen sich in den meisten Fällen aus den Ergebnissen mehrerer Studien zusammen, da die Stichprobengröße der einzelnen Untersuchungen mitunter sehr niedrig war. Dies kann wiederum darauf zurückgeführt werden, dass in den verschiedenen Arbeiten nicht alle Individuen haplotypisiert wurden oder

nur wenige den verschiedenen Kulturen zuzuordnende Individuen für die Analysen vorlagen. Durch die Zusammenfassung der Einzelergebnisse konnte die Größe der Vergleichsstichproben erhöht und allgemeingültigere Aussagen zur Diversität in den verschiedenen Gruppen getroffen werden.

Abbildung 8.2 zeigt den Vergleich zwischen den in der Lichtensteinhöhle beobachteten mitochondrialen Haplotypen und denen mitteleuropäischer, beziehungsweise spanischer und portugiesischer Jäger und Sammler. Beide Jäger-Sammlergesellschaften unterscheiden sich deutlich von der Lichtensteinhöhle, wobei die mitteleuropäischen Jäger und Sammler ausschließlich die Haplogruppe U aufwiesen (die unter "Andere" zusammengefassten Haplotypen gehören den Gruppen U und U8 an), während in der Gruppe der Iberischen Halbinsel zusätzlich die Haplogruppe H vertreten ist. Auf einen statistischen Test wurde in beiden Fällen verzichtet, da die Stichprobengröße der beiden Vergleichsgruppen jeweils unter zwanzig Individuen lag. Die Beobachtungen zeigen, dass sich die Verteilung der mitochondrialen Haplogruppen in Mitteleuropa im Verlauf des Neolithikums deutlich verändert haben muss, wobei, wie bereits von Brandt et al. (2013) und Brotherton et al. (2013) beschrieben, ein gewisser südwesteuropäischer Einfluss erkennbar ist.

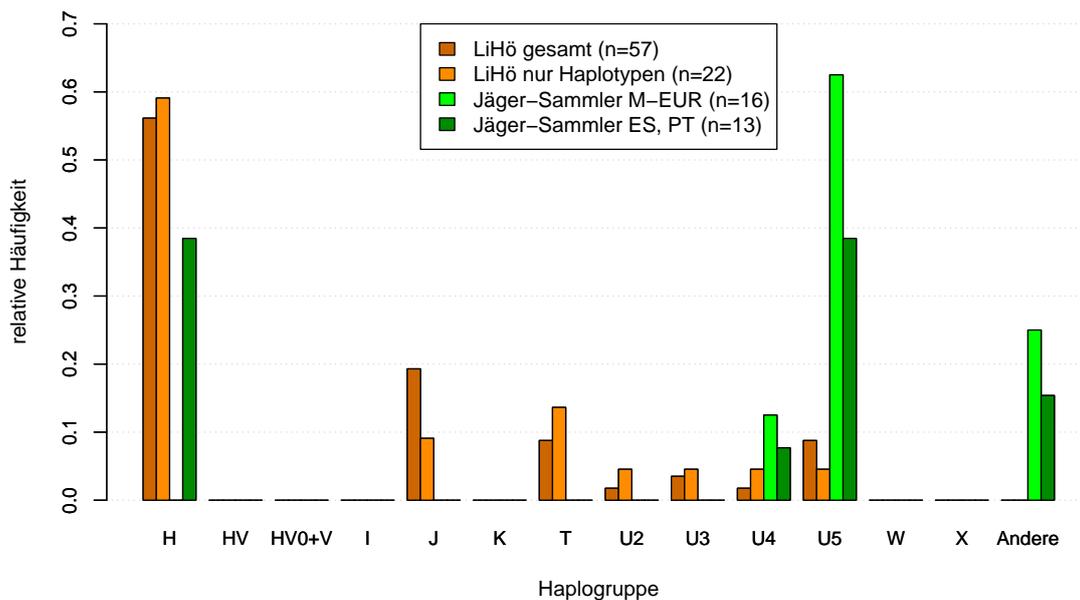


Abbildung 8.2: Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und europäischen Jäger-Sammlergesellschaften (M-EUR = Mitteleuropa; ES = Spanien; PT = Portugal)

Datengrundlage: Bramanti et al. (2009), Fu et al. (2013), folgende Arbeiten zitiert nach Brandt et al. (2013): Chandler (2003), Chandler et al. (2005), Hervella (2010), Hervella et al. (2012), Sánchez-Quinto et al. (2012)

Eine Angleichung der Frequenzen zwischen Mittel- und Südwesteuropa ist in Abbildung 8.3 erkennbar, welche die Verteilung der Haplogruppen im Neolithikum jener in der Lichtensteinhöhle gegenüberstellt. Hierbei wurden jeweils mehrere Kulturen der verschiedenen geographischen Regionen zusammengefasst und somit ein Zeitraum von circa 5500-1600 v. Chr. (Mitteleuropa), beziehungsweise 6400-2900 v. Chr (Südwesteuropa) abgedeckt.

Abbildung 8.3 zeigt außerdem, dass die Diversität der mitochondrialen Haplogruppen nach dem Mesolithikum deutlich zugenommen hat, was in gewissem Maß durch Aufspaltungen der bereits vorhandenen Haplogruppen erklärt werden kann. Größere Auswirkungen auf die Entwicklung der mitochondrialen Diversität Mitteleuropas dürften jedoch die Migrationsbewegungen der ersten Ackerbauern und Viehzüchter aus dem Nahen Osten sowie der pontischen Steppe gehabt haben (Haak et al. 2010, Haak et al. 2015).

Der Vergleich der neolithischen Verteilungen mit der Lichtensteinhöhle zeigt deutlich ähnlichere Frequenzen, als bei den Jägern und Sammlern. Der Fisher-Exakt-Test ergab keine signifikanten Unterschiede zwischen den Populationen, obgleich die p-Werte eher gering waren (Lichtensteinhöhle (unverwandt) vs. Mitteleuropa: $p = 0,07792$; Lichtensteinhöhle (unverwandt) vs. Südwesteuropa: $p = 0,3514$). Dies kann darauf hindeuten, dass auch nach den großen Migrationswellen im Neolithikum noch Veränderungen in Mitteleuropa stattgefunden haben, welche die genetische Diversität stärker beeinflussten, wie es auch von verschiedenen Autoren beschrieben wurde (z.B. Pinhasi et al. (2012), Brandt et al. (2013), Haak et al. (2015)). Nicht auszuschließen ist jedoch, dass die Werte (in gewissem Umfang) auf die geringe Stichprobengröße der Gruppe der Lichtensteinhöhle zurückzuführen ist.

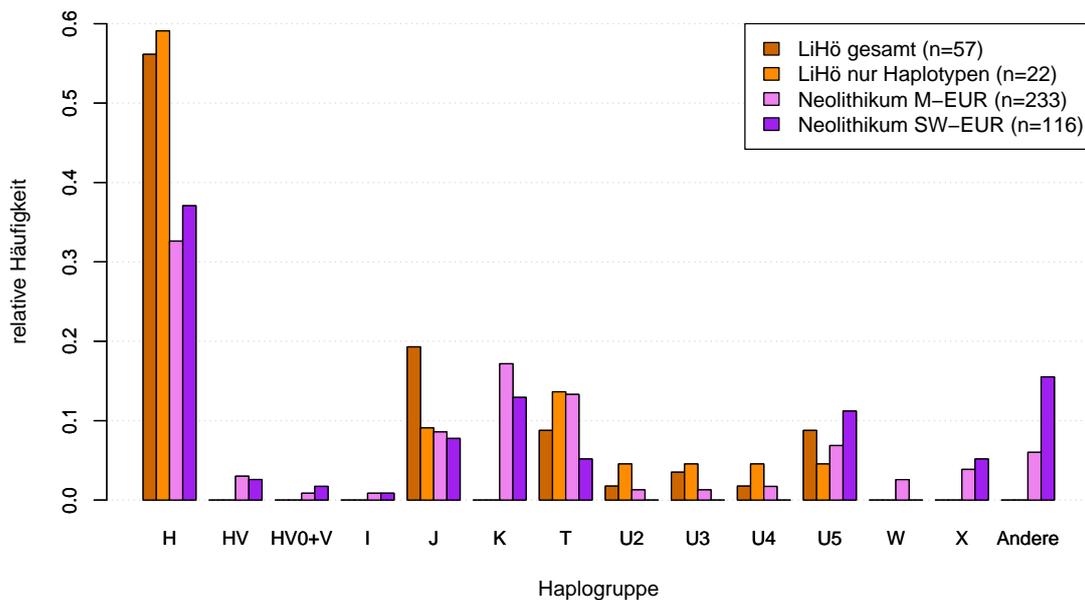


Abbildung 8.3: Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und neolithischen Gruppen Europas (M-EUR = Mitteleuropa; SW-EUR = Südwesteuropa)

Datengrundlage: Bramanti et al. (2009), Brandt et al. (2013), Brotherton et al. (2013), Furtwängler et al. (2020), Haak et al. (2005), Haak et al. (2008), Haak et al. (2010), Haak et al. (2015), Lacan et al. (2011a), Lacan et al. (2011b), Sjögren et al. (2020), folgende Arbeiten zitiert nach Brandt et al. (2013): Chandler (2003), Chandler et al. (2005), Gamba et al. (2012), Hervella (2010), Hervella et al. (2012)

Abbildung 8.4 zeigt schließlich den Vergleich zwischen der mitochondrialen Diversität in der Lichtensteinhöhle und dem heutigen Deutschland, beziehungsweise Europa. Abgesehen von der geringeren Diversität in der Lichtensteinhöhle, welche darauf zurückgeführt werden kann, dass es sich bei den betrachteten Individuen lediglich um einen kleinen Ausschnitt der bronzezeitlichen Bevölkerung handelt, weisen die Gruppen eine vergleichbare Verteilung der mitochondrialen Haplotypen auf. Dies spiegelt sich auch in dem Ergebnis des Fisher-Exakt-Tests wider, welcher einen p-Wert von 1 ergab. Hierbei ist zu beachten, dass aufgrund der allgemeineren Anwendbarkeit des Fisher-Exakt-Tests dessen Trennschärfe geringer ist als die des χ^2 -Tests, welcher jedoch bei kleinen Stichproben nicht genutzt werden sollte. Zum Abgleich wurde dennoch ein χ^2 -Test mit Yates-Korrektur für kleine Stichprobengrößen durchgeführt, welcher ebenfalls keine signifikanten Unterschiede zwischen den Gruppen ergab (Lichtensteinhöhle (unverwandt) vs. Deutschland: $p = 0,5451$; Lichtensteinhöhle (unverwandt) vs. Europa: $p = 0,5384$).

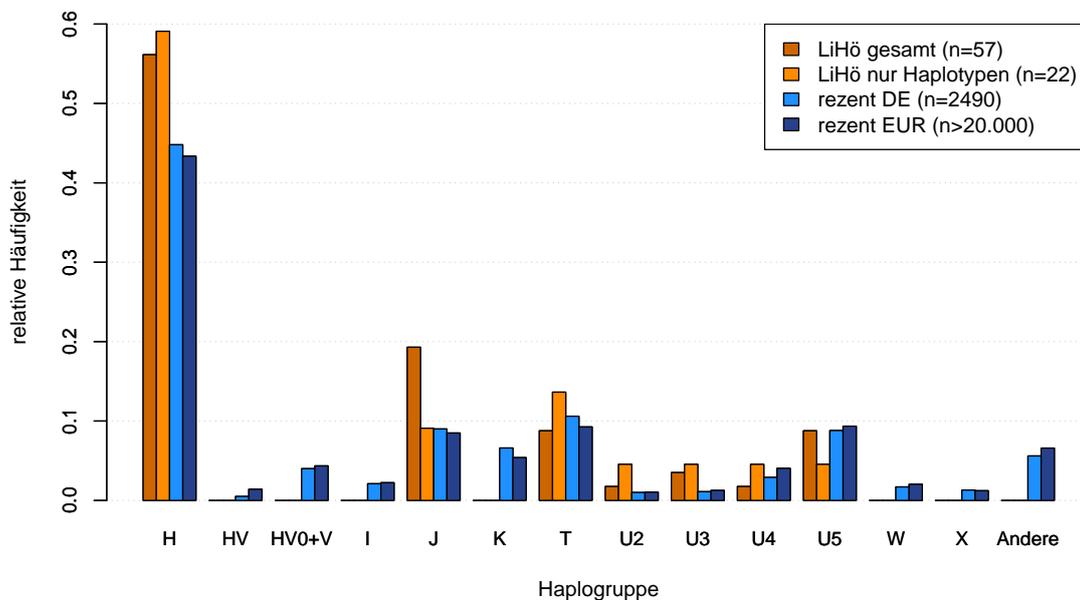


Abbildung 8.4: Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und der rezenten Deutschen (DE), beziehungsweise europäischen (EUR) Population. Datengrundlage: Internetquelle 1, Haak et al. (2010)

Anhand der vorliegenden mitochondrialen Daten kann somit darauf geschlossen werden, dass seit dem Ende der Bronzezeit keine größeren Migrationsereignisse mehr stattgefunden haben, welche die Diversität der mitochondrialen Haplogruppen stärker beeinflussten. Abbildung 8.5 zeigt hierzu einen diachronen Vergleich der verschiedenen Epochen in Deutschland, beziehungsweise Mitteleuropa. Dieser verdeutlicht nochmals, dass sich das Kollektiv aus der Lichtensteinhöhle gut zwischen den neolithischen Kulturen und der rezenten Population einfügt, wobei stets zu berücksichtigen ist, dass die Vergleichsgruppen mehrere Kulturen umfassen, die Lichtensteinhöhle hingegen lediglich den Ausschnitt einer einzigen bronzezeitlichen Gruppe darstellt.

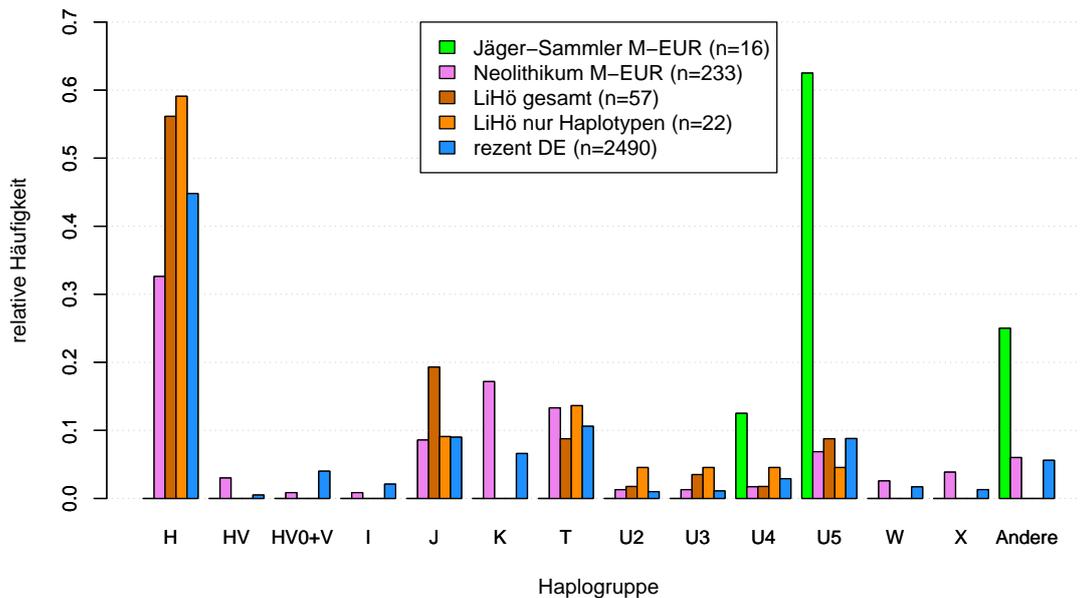


Abbildung 8.5: Diachroner Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen in Mitteleuropa (M-EUR = Mitteleuropa; DE = Deutschland)

Datengrundlage: Bramanti et al. (2009), Brandt et al. (2013), Brotherton et al. (2013), Fu et al. (2013), Furtwängler et al. (2020), Haak et al. (2005), Haak et al. (2008), Haak et al. (2010), Haak et al. (2015), Sjögren et al. (2020), Internetquelle 1

8.1.3 Genetische Distanzen innerhalb der Lichtensteinhöhle

Die Bestimmung des mitochondrialen Haplotyps ergibt sich aus den für ein Individuum beobachteten Polymorphismen in der HVR I und der HVR II, wobei die Positionen sowie die Kombination der SNPs relevant sind. Je mehr Polymorphismen zwischen den Sequenzen zweier Individuen vorliegen, desto weiter sind ihre Haplotypen genetisch voneinander entfernt. Die Häufigkeit von Spontanmutationen, welche zur Ausprägung unterschiedlicher mitochondrialer Haplotypen führten, wird zwischen verschiedenen Autoren diskutiert, wobei je nach Herangehensweise und Datengrundlage differierende Angaben resultieren (Sigurðardóttir et al. 2000, Bandelt et al. 2006, Brotherton et al. 2013, Fu et al. 2013). Eine konkrete zeitliche Einordnung der genetischen Distanzen ist somit ohne Weiteres nicht möglich, jedoch kann eine qualitative Beurteilung dieser Distanzen innerhalb der Lichtensteinhöhle auch ohne die Mutationsrate der mitochondrialen DNA erfolgen.

Aus Tabelle 8.2 geht hervor, dass sich die in der Lichtensteinhöhle nachgewiesenen Haplotypen der Haplogruppe H in den meisten Fällen nur durch wenige Polymorphismen unterscheiden. Eine deutlich größere Distanz zueinander zeigen die beiden Haplotypen der Haplogruppe J, welche im untersuchten Bereich an sieben Basenpositionen Polymorphismen aufweisen. Die Unterschiede zwischen den Haplotypen der Haplogruppe T sind wiederum vergleichbar mit denen der Haplogruppe H, während die mit bis zu vierzehn SNPs größten Distanzen zwischen den Haplotypen in Gruppe U zu finden sind. Eine graphische Übersicht über die Anzahl der SNPs innerhalb der vier Haplogruppen gibt Abbildung 8.6.

Tabelle 8.2: Polymorphismen zwischen den identifizierten mitochondrialen Haplotypen in der HVR I (analysierter Bereich: Positionen 16051-16398) und der HVR II (analysierter Bereich: Positionen 73-380, bzw. 73-315.1 (T2b#2))

Haplotyp	16051	16069	16074	16126	16129	16134	16145	16162	16172	16183	16189	16192	16209	16222	16249	16261	16270	16278	16294	16296	16299	16304	16343	16354	16356	16362	16390	73	93	150	152	185	195	217	228	239	242	263	295	309.1	309.2	315.1	340	
rCRS	A	C	A	T	G	C	G	A	T	A	T	C	T	C	T	C	C	C	C	C	A	T	A	C	T	T	G	A	A	C	T	G	T	T	G	T	C	A	C	-	-	-	C	
H1a1c	G	C	.	.	.	C	G	G	.	.	.	C	.
H1c+152	G	.	.	.	C	.
H1e1a+16278	T	G	.	C	.	C	.	
H1e1a1	G	.	C	G	.	.	.	C	.	
H2a1	H	G	.	C	.	C	.	
H2a2a#1	G	.	.	.	C	.	
H2a2a#2	G	.	C	C	C	.	
H5#1	C	G	.	.	.	C	.	
H5#2	C	G	.	C	C	C	.	
H6#1	C	C	G	.	.	.	C	.	
H6#2	C	.	.	.	C	C	G	.	C	.	C	.		
H7a1	T	G	.	C	.	C	.	
H39	G	G	.	.	.	C	.	
J1b1a1	.	T	.	C	.	.	A	.	C	T	.	T	G	T	G	T	.	.	C	.	
J1c	.	T	.	C	G	.	.	.	A	.	.	A	.	.	G	T	.	.	C	.		
T2	.	.	.	C	T	T	G	G	.	.	.	C	.
T2b#1	.	.	.	C	T	T	.	C	G	G	.	.	.	C	.	
T2b#2	.	.	.	C	T	T	.	C	G	G	.	C	.	C	×	
U2e1	G	.	.	.	C	C	C	C	.	G	.	C	.	.	C	G	.	C	C	C	T		
U3a1c	G	.	C	.	A	G	.	T	G	.	.	.	C	.	
U4a1	T	C	.	G	.	C	.	C	G	.	.	.	C	.	
U5b1b1g1	.	.	G	C	T	.	.	C	.	T	G	.	T	G	.	.	.	C	.	

rCRS = revised Cambridge Reference Sequence (NCBI Accession Number: NC_012920 AC_000021 (Andrews et al. 1999));
A, C, G, T = Referenzsequenz, bzw. von dieser abweichende Basen; · = mit der Referenzsequenz übereinstimmende Basen; × = nicht analysierte Position

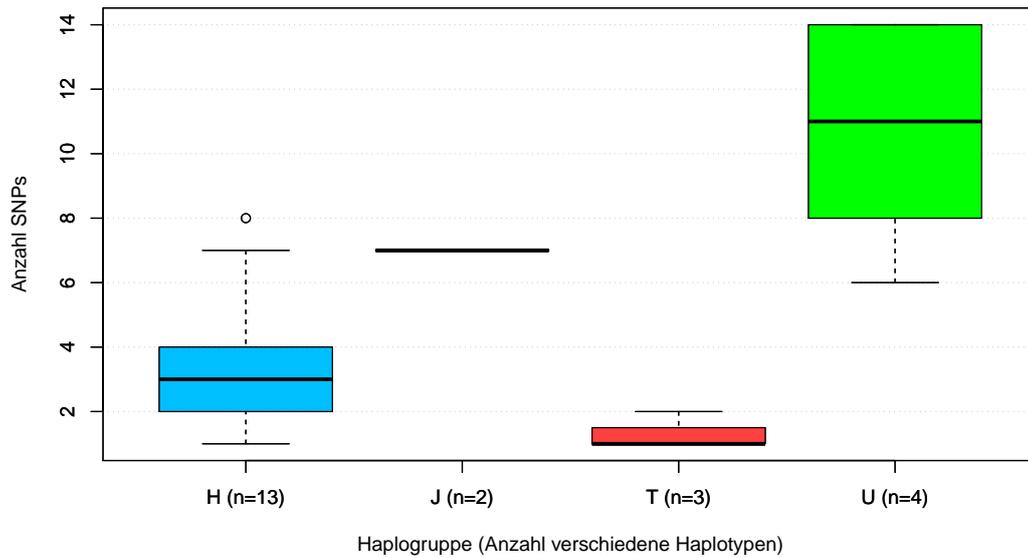


Abbildung 8.6: Vergleich der SNP-Anzahl zwischen den vier identifizierten Haplogruppen

Es wird deutlich, dass der Unterschied zwischen den Haplotypen der Haplogruppe H signifikant geringer ist, als es in Haplogruppe U der Fall ist (Wilcoxon-Rangsummentest: $p = 5,421 \cdot 10^{-5}$). Dies lässt sich mit dem Alter der Haplogruppe U erklären, welche die bei den Jägern und Sammlern am häufigsten vertretene, beziehungsweise einzige und in Mitteleuropa eine der ältesten Haplogruppen darstellt (z.B. Richards et al. (2000), Bramanti et al. (2009), Der Sarkissian et al. (2013)). In der Folge liegt eine große zeitliche Distanz zwischen der Entstehung dieser Haplogruppe und der Bronzezeit, sodass sich Mutationen akkumulieren konnten.

Entsprechend konnten für die Haplogruppe H, deren Diversität sich erst im Neolithikum entwickelte (Brotherton et al. 2013), nur wenige SNPs zwischen den verschiedenen Haplotypen identifiziert werden. Die Haplogruppen J und T weisen im Vergleich zu den Gruppen U und H ein mittleres Alter auf (Richards et al. 2000), was sich in den sieben SNPs zwischen den beiden Haplotypen J1b1a1 und J1c widerspiegelt. Die Distanzen zwischen den in Gruppe T identifizierten Haplotypen sind im Vergleich hierzu eher gering, was jedoch dadurch begründet sein kann, dass es sich bei den untersuchten Individuen nur um einen Ausschnitt der Bevölkerung handelte.

Hinsichtlich der geographischen Herkunft der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen, beziehungsweise deren Vorfahren, ist anhand der beobachteten mitochondrialen Haplotypen keine Aussage möglich, da die Verteilung der verschiedenen Haplogruppen innerhalb Deutschlands, beziehungsweise Europas weitgehend ähnlich ist. Von den genetischen Distanzen zwischen den bestimmten Haplotypen kann jedoch abgeleitet werden, dass für die meisten weiblichen Familienlinien keine in der unmittelbaren Vergangenheit liegende Verbindung bestand. Lediglich für Haplotypen, welche sich durch einen einzigen SNP unterscheiden, wie es in den Haplogruppen H und T der Fall ist, besteht die Möglichkeit, dass entfernte Verwandtschaften zwischen den in der Höhle identifizierten Individuen bestanden oder dass ihre Vorfahren aus ähnlichen Regionen stammten.

8.2 Einordnung Y-chromosomaler Haplotypen

Die Einordnung der in der Lichtensteinhöhle identifizierten Y-chromosomalen Haplotypen in einen populationsgenetischen Kontext gestaltete sich dahingehend schwierig, als dass aufgrund der schlechteren Erhaltungschancen für nukleare DNA nur sehr wenige Vergleichsdaten für prähistorische Funde vorliegen. Der Vergleich der für die Lichtensteinhöhle ermittelten Daten erfolgte daher mit Werten aus ganz Europa, wobei zu berücksichtigen ist, dass somit zum Teil größere regionale Distanzen zwischen den betrachteten Funden liegen, was die Vergleichbarkeit beeinträchtigen kann. Darüber hinaus ist zu beachten, dass die Y-chromosomalen Haplotypen der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen mittels Fragmentlängenanalyse von elf STR-Systemen bestimmt wurden, während zahlreiche andere Studien auf dem Y-Chromosom lokalisierte SNPs untersuchten. Da jedoch eine Korrelation zwischen den SNPs und den STR-Systemen vorliegt (z.B. Athey (2005)), sind die Ergebnisse dennoch vergleichbar. Für die Bestimmung des Y-chromosomalen Haplotyps anhand des Y-STR-Profiles existieren daher verschiedene Online-Tools, welche jedoch in Abhängigkeit ihrer Datengrundlage zu leicht variierenden Ergebnissen führen können. In der vorliegenden Arbeit wurde zur Ermittlung der Haplotypen das Tool der Internetseite Nevgen (<https://www.nevgen.org/>) genutzt, welches im Gegensatz zu der Website des ebenfalls häufig genutzten Haplogroup Predictors (<http://www.hprg.com/hapest5/>) regelmäßig aktualisiert wird (Stand Dez. 2021).

8.2.1 Y-chromosomale Haplotypen in der Lichtensteinhöhle

Unter den 25 in der Lichtensteinhöhle bestatteten männlichen Individuen wurden sieben verschiedene Y-chromosomale Haplotypen nachgewiesen, welche den Haplogruppen I und R zugeordnet werden konnten. Tabelle 8.3 gibt eine Übersicht über die Verteilung der verschiedenen Haplotypen, wobei die Haplogruppe I deutlich stärker vertreten ist. Eine Nummerierung der Haplotypen der Gruppe I war erforderlich, da diese sich zwar in den determinierten Allelen unterschieden, untereinander dennoch so ähnlich waren, dass sie von dem verwendeten Online-Tool dem selben Haplotyp zugeordnet wurden.

Tabelle 8.3: Verteilung der Y-chromosomalen Haplotypen in der Lichtensteinhöhle

Haplogruppe	Haplotyp	Individuen
I	n=5 $\hat{=}$ 71%	n=22 $\hat{=}$ 88%
	I2a2b L38 #0	M1, M2, M7, M8, M13, M15, M16, M18 bis M25
	I2a2b L38 #1	M12
	I2a2b L38 #2	M4, M5, M17
	I2a2b L38 #3	M3, M6
	I2a2b L38 #4	M14
R	n=2 $\hat{=}$ 29%	n=3 $\hat{=}$ 12%
	R1a	M10, M11
	R1b	M9
Gesamt	n=7	n=25

Innerhalb der Gruppe wurde der Haplotyp I2a2b L38 #0 am häufigsten beobachtet. Bei den fünfzehn männlichen Individuen mit diesem Haplotyp handelte es sich zum einen um nicht an die Genealogie angebundene Individuen, zum anderen gehörten sie mehreren Familiengruppen an, für welche keine direkte Verbindung in männlicher Linie identifiziert werden konnte. Eine Verwandtschaft der entsprechenden Individuen über gemeinsame Vorfahren in früheren Generationen ist dennoch wahrscheinlich. Die übrigen Haplotypen der Gruppe I sowie die Haplotypen R1a und R1b wurden jeweils für ein bis drei Individuen bestimmt, wobei Individuen mit identischem Haplotyp anhand mitochondrialer und/oder autosomaler Marker als nahe Verwandte identifiziert wurden.

8.2.2 Vergleich mit anderen Populationen

Bisherige Untersuchungen zur Entwicklung der Diversität Y-chromosomaler Haplotypen in Europa basierten in erster Linie auf Analysen rezenter Populationen. Die Haplogruppe R stellt hierbei in den meisten Teilen Europas die am häufigsten vertretene Gruppe dar, wobei sich das Verhältnis der Subgruppen R1a und R1b entlang der Ost-West-Achse verändert (z.B. Semino et al. (2000), Internetquelle 2, Internetquelle 3). Als Ursprung der Haplogruppe R gaben Semino et al. (2000) das paläolithische Europa an, Balaesque et al. (2010) hingegen verorteten den Ursprung der Subgruppe R1b im Nahen Osten.

Eindeutiger gestaltete sich die Situation hinsichtlich der Haplogruppe I, welche ausschließlich in Europa vertreten ist, weshalb auch ihr Ursprung im paläolithischen Europa angenommen wurde (Semino et al. 2000, Balaesque et al. 2010). Rootsi et al. (2004) ermittelten einen Anteil von 18% in der gesamten europäischen Bevölkerung (mit hohen Werten bis >40% insbesondere in den Balkanländern sowie Nordeuropa), wovon 95% auf die Untergruppe I1 entfielen. Einen insgesamt etwa ausgeglichenen Anteil der beiden Untergruppen I1 und I2 gaben hingegen Internetquelle 2 und 3 an. Battaglia et al. (2009) benannten in einer Analyse mehrerer südosteuropäischer Populationen den Anteil der Haplogruppe I mit 36%, wovon wiederum 77% auf den Haplotyp I2a1 entfielen. Als Grund für die beobachteten Frequenzen benannten die Autoren darüber hinaus komplexe Interaktionen zwischen den Jäger-Sammlergesellschaften und den Ackerbauern, statt eine Verdrängung der Jäger und Sammler. Die Angaben der sich mitunter stark unterscheidenden Verhältnisse der verschiedenen Untergruppen zeigen, dass zum Teil deutliche regionale Unterschiede existieren, welche die Beurteilung und Einordnung der Frequenzen erschweren.

Angaben zu dem in der Lichtensteinhöhle am häufigsten beobachteten Haplotyp I2a2b L38 zeigen, dass dieser in rezenten deutschen, beziehungsweise europäischen Populationen kaum vertreten ist (Internetquelle 2). Hinsichtlich der Häufigkeit dieses Haplotyps in der Vergangenheit können hieraus jedoch keine gesicherten Rückschlüsse gezogen werden. So ist denkbar, dass I2a2b L38 ein in der Bronzezeit, beziehungsweise der Vorgeschichte weit verbreiteter Haplotyp war, welcher jedoch später durch andere Haplotypen verdrängt wurde. Eine derartige Entwicklung vermuteten zum Beispiel Mitnik et al. (2018) für das Baltikum, indem dort die Haplogruppe I2a bereits während des Neolithikums durch die Subgruppe R1a ersetzt wurde. Dies deckt sich außerdem mit den Beobachtungen von Lazaridis et al. (2014), welche beschrieben, dass Haplogruppe I vor der Neolithisierung in Europa weit verbreitet war. Es ist demnach ebenso möglich, dass sich die Häufigkeit der

Haplogruppe I2a, und somit auch die des Haplotyps I2a2b L38, in der späten Bronzezeit bereits verringert hatte und es sich bei dem in der Lichtensteinhöhle beobachteten Ergebnis um ein Stichprobenartefakt handelt, indem zufällig eine Gruppe mit einem bereits in der Bronzezeit selteneren Muster untersucht wurde.

Das in der Lichtensteinhöhle beobachtete Verhältnis zwischen den Haplogruppen I und R ist aufgrund der Verwandtschaftsverhältnisse der Individuen sowie dem patrilokalen Residenzverhalten der Gruppe hinsichtlich der populationsgenetischen Einordnung ebenfalls wenig aussagekräftig. Der Nachweis der Haplotypen R1a und R1b zeigt lediglich, dass die beiden Subgruppen der Haplogruppe R in der späten Bronzezeit in Mitteleuropa bereits existierten, was jedoch zu erwarten war (z.B. Semino et al. (2000), Balaresque et al. (2010)).

Weitere Studien Y-chromosomaler Marker wurden an prähistorischem Material aus verschiedenen europäischen Ländern durchgeführt. Die Ergebnisse sind in Abbildung 8.7 zusammengefasst, wobei zu beachten ist, dass die einzelnen untersuchten Funde zum Teil nur wenige Individuen umfassten und sich mitunter über ganz Europa erstreckten. Dennoch ist ein klarer Trend zu erkennen, indem in der Vorgeschichte die Haplogruppen I und G vorherrschten, diese später jedoch den Subhaplogruppen R1a und in Deutschland insbesondere R1b wichen.

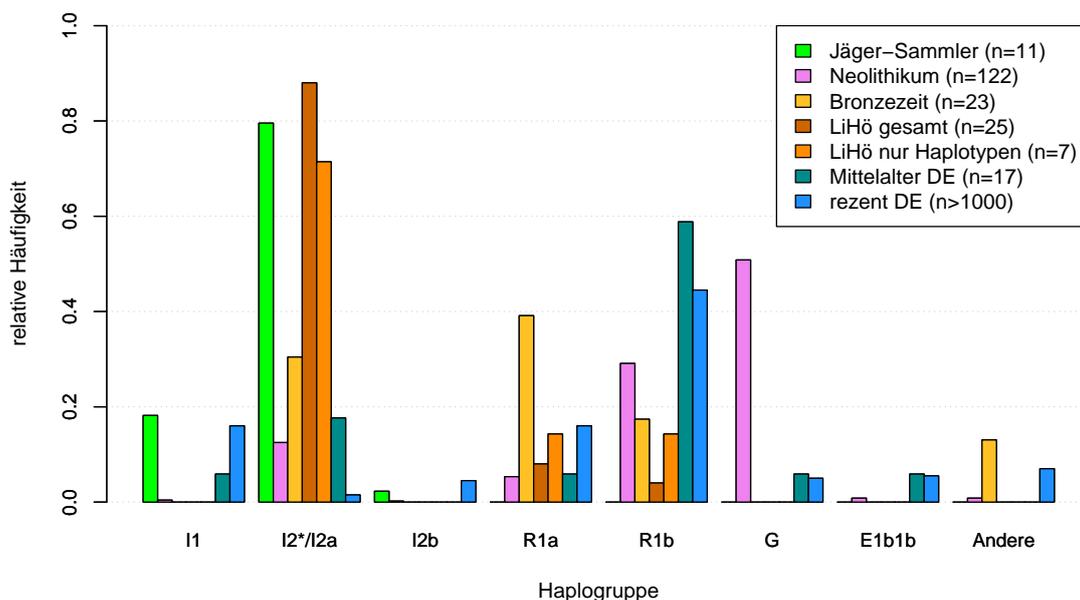


Abbildung 8.7: Diachroner Vergleich der Y-chromosomalen Haplogruppen in Europa (DE = Deutschland)

Datengrundlage: Furtwängler et al. (2020), Haak et al. (2015), Lacan et al. (2011a), Lacan et al. (2011b), Lazaridis et al. (2014), Mazanec (im Druck), Mitnik et al. (2018), Sjögren et al. (2020), Žegarac et al. (2021), Internetquelle 3

Den Haplotyp I2a2, welcher dem in der Lichtensteinhöhle am häufigsten identifizierten Haplotyp am nächsten kommt, konnten Haak et al. (2015) für ein frühbronzezeitliches Individuum der Aunjetitzer Kultur im südlichen Sachsen-Anhalt bestimmen. Auch zwei weitere Individuen, welche ebenfalls dieser Kultur zugeordnet und in Sachsen-Anhalt geborgen

wurden, wiesen Haplotypen der Untergruppe I2 auf, während ein spätbronzezeitliches Individuum der Haplogruppe R1a angehörte. Diese Beobachtungen zeigen, dass die Haplogruppe I2(a2) während der Bronzezeit noch in weiteren Regionen im Umland des Harzgebirges vertreten war. Hierbei ist nicht auszuschließen, dass Verbindungen zwischen den genannten Funden und der Gruppe der Lichtensteinhöhle vorlagen, insbesondere da die archäologischen Funde aus der Höhle Beziehungen in das südliche und südöstliche Harzvorland nahelegten (Flindt & Hummel 2021).

Eine Aussage bezüglich der Herkunft der in der Lichtensteinhöhle bestatteten männlichen Individuen, beziehungsweise ihrer Vorfahren ist auf Basis der Y-chromosomalen Haplotypen nicht möglich. Zwar lässt die vergleichsweise hohe Prävalenz der Haplogruppe I im rezenten Südosteuropa eine Herkunft aus dem Balkangebiet vermuten, jedoch ist nicht hinreichend bekannt, wie sich die Frequenzen der Haplogruppen in dieser Region während, beziehungsweise seit der Prähistorie entwickelt haben. Ebenso wahrscheinlich ist daher die Annahme, dass die Vorfahren der betrachteten spätbronzezeitlichen Gruppe bereits in Mitteleuropa lebten, wo die Haplogruppe I in dieser Epoche vermutlich noch weiter verbreitet war.

8.2.3 Genetische Distanzen innerhalb der Lichtensteinhöhle

Die den verschiedenen Y-chromosomalen Haplotypen zugrunde liegenden Allelmuster sind Tabelle 8.4 zu entnehmen. Es zeigt sich für die Haplotypen I2a2b L38 #1 bis #4 ein Unterschied zu I2a2b L38 #0 von jeweils einer Repeateinheit in einem (#1 und #2), beziehungsweise zwei STR-Systemen (#3 und #4). Zwischen dem Haplotyp I2a2b L38 #0 sowie denen der Haplogruppe R liegen hingegen Unterschiede in sieben, beziehungsweise neun STR-Systemen vor, welche darüber hinaus zum Teil mehr als eine Repeateinheit umfassen.

Tabelle 8.4: Allelmuster der in der Lichtensteinhöhle beobachteten Y-chromosomalen Haplotypen

Haplotyp	DYS19	DYS385a	DYS385b	DYS389I	DYS389II	DYS390	DYS391	DYS392	DYS393	DYS437	DYS438	DYS439
I2a2b L38 #0	16	13	17	12	28	25	11	11	13	15	10	11
I2a2b L38 #1	17	13	17	12	28	–	11	11	13	(15)	10	11
I2a2b L38 #2	16	13	17	12	28	24	11	11	13	15	10	11
I2a2b L38 #3	15	13	17	12	27	25	11	11	13	15	10	11
I2a2b L38 #4	15	13	17	12	–	25	11	11	13	14	10	11
R1a	15	11	(13)	13	30	25	11	11	13	14	11	11
R1b	14	11	14	13	29	23	11	13	13	15	12	12

fett gedruckte Allele stellen Abweichungen zu I2a2b L38 #0 dar
 – kennzeichnet Systeme, für welche kein Allel bestimmt werden konnte
 Allele in () konnten nicht reproduziert werden

Obleich der Y-chromosomale Haplotyp eines männlichen Individuums stets unverändert an dessen Söhne weitergegeben wird, wurde bei der Rekonstruktion der Genealogie (Abb. 7.1, Gruppe B) eine Vater-Sohn-Paarung angegeben, bei welcher die Individuen einen um eine Repeateinheit abweichenden Haplotypen aufwiesen (M2: I2a2b L38 #0 – M12: I2a2b L38 #1). Dies scheint zunächst ein Ausschlusskriterium darzustellen, jedoch führen auch bei Vaterschaftsanalysen oder Abstammungsgutachten, abhängig von der Anzahl untersuchter Marker, Abweichungen in ein oder zwei Systemen nicht zwingend zum Ausschluss einer Vaterschaft (Kayser & Sajantila 2001). Darüber hinaus sprachen der mitochondriale Haplotyp sowie die Ergebnisse der autosomalen STR-Typisierung klar für eine Elternschaft der Individuen M2 und F2 für das Kind M12 (vgl. Kapitel 7.1.2), weshalb angenommen wurde, dass es sich bei den abweichenden Y-chromosomal Haplotypen um das Ergebnis einer Spontanmutation handelt.

Die Mutationsrate liegt bei dem betroffenen STR-System DYS19 bei circa $2 \cdot 10^{-3}$ (Kayser & Sajantila (2001), Dupuy et al. (2004); Gusmão et al. (2005), Hohoff et al. (2007) und darin angegebene Vergleichswerte weiterer Autoren), wobei dieser Wert aufgrund der kleinen Stichprobe nur eine bedingte Aussagekraft besitzt. Nichtsdestotrotz ist es bei einer durchschnittlichen Mutationsrate von $2 \cdot 10^{-3}$ bis $2,8 \cdot 10^{-3}$ je nach betrachteten STR-Systemen (Kayser & Sajantila 2001, Gusmão et al. 2005, Hohoff et al. 2007) sowie elf untersuchten Markern nicht unwahrscheinlich, innerhalb der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Familien ein Mutationsereignis zu beobachten.

Hinsichtlich der Haplotypen I2a2b L38 #2 bis #4 ist entsprechend anzunehmen, dass in den vorherigen Generationen ebenfalls Spontanmutationen stattgefunden haben, welche zur Ausprägung der verschiedenen Haplotypen geführt haben. Hierbei dürfte die Aufspaltung zwischen I2a2b L38 #0 und I2a2b L38 #3, beziehungsweise I2a2b L38 #4 früher erfolgt sein, wobei Kayser & Sajantila (2001) in ihren Untersuchungen von Vater-Sohn-Paaren auch Mutationen in zwei Systemen beobachten konnten.

Eine weitere Möglichkeit wäre, dass es sich um unverwandte Linien handelte, welche lediglich in der selben Gruppe lebten. Auf Basis der heutigen, sehr geringen Frequenzen des Haplotyps I2a2b L38 (vgl. Kapitel 8.2.2) ist diese Erklärung als eher unwahrscheinlich anzusehen. Da die Haplogruppe I2 jedoch in prähistorischen Populationen häufiger vorzufinden war, ist das Vorhandensein sehr ähnlicher aber dennoch unverwandter Linien in der Gruppe der Lichtensteinhöhle nicht auszuschließen. Ein weiteres Argument für eine (entfernte) Verwandtschaft der verschiedenen Linien des Y-chromosomal Haplotyps I2a2b L38 stellt wiederum das patrilokale Residenzverhalten dar. Dieses wurde unabhängig von der Entstehung der Linien I2a2b L38 #2 bis #4 aus dem Verhältnis der identifizierten mitochondrialen und Y-chromosomal Haplotypen sowie aus der Häufigkeit des Haplotyps I2a2b L38 #0 abgeleitet (Kapitel 7.3), sodass es hier nicht zu einem Zirkelschluss kommt. Es ist somit wahrscheinlicher, dass es in der patrilokalen Gruppe durch Spontanmutationen zur Ausbildung der verschiedenen Haplotypen I2a2b L38 #0 bis #4 kam, als dass es sich um gänzlich unverwandte Linien handelte.

Bezüglich der drei Individuen, welche der Haplogruppe R zugeordnet wurden, lässt sich sicher sagen, dass diese auch in entfernterer männlicher Linie nicht mit den Individuen der Gruppe I verwandt waren. Hierfür liegen zu viele Unterschiede zu dem Muster dieser

Gruppe vor, aber auch untereinander weisen die in der Höhle identifizierten Haplotypen R1a und R1b Polymorphismen in acht der elf STR-Systeme auf, weshalb auch diese Individuen, zumindest in männlicher Linie, nicht näher verwandt waren. Die Identifikation dieser Haplotypen im Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle zeigt somit, dass die Bestattung in der Höhle nicht nur den Mitgliedern bestimmter Familiengruppen vorbehalten war, sondern auch Individuen eingebracht wurden, welche nicht unmittelbar der patrilokalen I2a2b L38-Gruppe angehörten.

9 Zusammenfassung

Der archäologische Teil der Lichtensteinhöhle, einer Gipskarsthöhle am südwestlichen Rand des Harzgebirges, wurde im Jahr 1980 entdeckt und seither in enger, interdisziplinärer Zusammenarbeit untersucht. Die Bronze- und Keramikfunde ermöglichten eine Datierung der Höhlennutzung in die späte Bronzezeit, konkret die Stufen Hallstatt B₁ und Hallstatt B_{2/3} der Urnenfelderkultur, weshalb das in der Höhle entdeckte unverbrannte, menschliche Skelettmaterial einen besonderen Fund darstellte. Weiterhin konnte die Fundsituation als außergewöhnlich beschrieben werden, da zwischen den Skelettelementen kein anatomischer Verbund erkennbar war, sondern die Knochen scheinbar willkürlich verstreut in den verschiedenen Abschnitten der Höhle aufgefunden wurden. Nachdem Raubgräber zunächst mehrere Schädel entwendet hatten, wurde die Höhle von der Mitte der 1990er Jahre bis 2016 in mehreren Kampagnen vollständig ergraben und das Skelettmaterial in der Abteilung für Historische Anthropologie und Humanökologie der Georg-August-Universität Göttingen anthropologisch bearbeitet.

Für die Interpretation der Fundstelle war es erforderlich, die aus der Höhle geborgenen Skelettelemente zu identifizieren, eine Mindestindividuenzahl zu ermitteln und die demographischen sowie verwandtschaftlichen Strukturen zu bestimmen. Das Spektrum der anthropologischen Untersuchungsmethoden umfasste daher morphognostische, morphometrische sowie histologische Befundungen, aber auch zahlreiche molekulargenetische Analysen, welche in verschiedenen Forschungsprojekten durchgeführt wurden. Einen letzten ausführlichen Überblick gab die Arbeit von Seidenberg (2016), wobei die Bearbeitung des Skelettmaterials zu diesem Zeitpunkt noch nicht beendet war. Im Rahmen der vorliegenden Dissertation wurden daher abschließende Untersuchungen des Skelettmaterials durchgeführt und die neuen Erkenntnisse mit den bereits vorliegenden Daten vereint und interpretiert.

Mittels molekulargenetischer Analysen von insgesamt 560 der 4189³ aus der Lichtensteinhöhle geborgenen Skelettelemente (3810 Knochen, 379 isolierte Zähne) konnten schließlich 57 in der Höhle bestattete Individuen anhand ihres genetischen Fingerabdrucks identifiziert werden. Den Individuen wurden zwischen ein bis 49 Skelettelemente zugeordnet, wobei der größte Teil der Zuordnungen auf molekulargenetischer Basis erfolgte, aber auch morphologische sowie archäologische Kriterien berücksichtigt wurden. Die eher geringe Zahl von im Mittel etwa elf pro Individuum zugeordneten Skelettelementen kann zwar in gewissem Umfang darauf zurückgeführt werden, dass nicht alle Funde genetisch typisiert wurden, jedoch befanden sich in der Lichtensteinhöhle insgesamt deutlich weniger Knochen, als es bei 57 Individuen zu erwarten gewesen wäre. Da eine Verschleppung der fehlenden Knochen ausgeschlossen werden konnte, ist von einer unvollständigen Einbringung des Skelettmaterials in die Höhle auszugehen, was am ehesten durch das Vorliegen einer Sekundärbestattung erklärt werden kann. Hierfür spricht außerdem, dass insbesondere kleinere Skelettelemente, wie die Knochen der Autopodien unterrepräsentiert waren, was vermutlich darauf zurückzuführen ist, dass sie bei der Exhumierung übersehen, nicht erkannt oder auf dem Transport verloren wurden.

³Aufgrund des versetzten Redaktionsschlusses sind geringfügige Abweichungen zu den von Flindt (im Druck) angegebenen Zahlen möglich.

Im Anschluss an die Identifikation der Individuen anhand ihrer genetischen Fingerabdrücke erfolgte eine morphologische Befundung, welche in erster Linie die Bestimmung des Sterbealters und die Ermittlung der Körperhöhe umfasste. Ebenfalls auf genetischer Basis wurden das Geschlecht sowie individuelle charakterisierende Merkmale, wie zum Beispiel die Augen- und Haarfarbe, die Blutgruppe oder die Laktosetoleranz für einen Großteil der Individuen untersucht. Bezüglich der demographischen Struktur der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Gruppe konnten einige Auffälligkeiten festgestellt werden. So wurde für 57% der Individuen ein Alter von unter zwanzig Jahren bestimmt, jedoch gehörten lediglich knapp 16% der gesamten Gruppe der Altersklasse Infans I an, welche in der Regel ein erhöhtes Sterberisiko, insbesondere im Vergleich zu den Altersklassen Infans II und Juvenis aufweist. In der Lichtensteinhöhle liegt somit ein Kleinkinderdefizit vor, wobei der Fundkomplex keine Rückschlüsse auf den Grund einer möglicherweise gesonderten Behandlung insbesondere der jüngeren Kinder zulässt. Auch für die ungewöhnlich hohe Zahl der im späten Infans II sowie im Juvenis verstorbenen Individuen konnte anhand des Skelettmaterials keine Erklärung gefunden werden, jedoch hinterlassen nur wenige Todesursachen Spuren am Skelett. Im Gegensatz zu der Sterbealterverteilung der subadulten Individuen entsprachen die Verhältnisse in den erwachsenen Altersklassen weitgehend den Erwartungen, indem jeweils etwa 20% der Individuen im Adultas, beziehungsweise im Maturitas verstarben, während weniger als 3% ein Alter von über 60 Jahren erreichten.

Die Geschlechterverteilung unter den erwachsenen Individuen wies einen deutlichen Frauenüberschuss auf, während das Geschlechterverhältnis in den subadulten Altersklassen ausgeglichen war. Die wahrscheinlichste Erklärung für das Fehlen erwachsener männlicher Individuen ist, dass sie fernab ihrer Heimat, zum Beispiel auf Handelsreisen verstorben sind und dementsprechend nicht gemeinsam mit ihrer Familie bestattet wurden. Durch Isotopenanalysen liegen außerdem Hinweise darauf vor, dass weibliche Individuen von weiter entfernten Regionen in die Gruppe aufgenommen wurden, weshalb es ebenfalls denkbar ist, dass die fehlenden Männer während Reisen zum Schluss neuer Bündnisse verstarben.

Hinsichtlich der familiären Strukturen, welche anhand der genetischen Fingerabdrücke sowie der mitochondrialen und Y-chromosomalen Haplotypen rekonstruiert werden konnten, zeigte sich, dass in der Lichtensteinhöhle mehrere Familiengruppen, aber auch nicht an die erstellte Genealogie angebundene Individuen bestattet wurden. Bei letzteren kann es sich sowohl um unverwandte Arbeitskräfte gehandelt haben als auch um Individuen, deren Verbindung mit anderen Individuen oder Familiengruppen aufgrund fehlender Nachkommen oder Vorfahren nicht erkennbar war. Die nachgewiesenen Familiengruppen umfassten jeweils zwei bis drei Generationen und es konnten kleine Kernfamilien mit lediglich ein oder zwei Nachkommen, aber auch größere Familien mit bis zu sechs Kindern identifiziert werden.

Die Diversität der mitochondrialen und Y-chromosomalen Haplotypen sowie die Ergebnisse der Isotopenanalyse deuteten auf ein patrilokales Residenzverhalten hin. Darüber hinaus wurden die in der Lichtensteinhöhle identifizierten Haplotypen in einen populationsgenetischen Kontext gebracht, was dahingehend von Bedeutung ist, dass aus der späten Bronzezeit nur wenige vergleichbare Daten mitteleuropäischer Skelettserien vorliegen. Der diachrone Vergleich mit anderen europäischen Funden zeigte, dass sich die Gruppe der

Lichtensteinhöhle hinsichtlich ihrer Haplotypen gut in die Reihe der Vergleichsdatensätze einfügt. Für die nachgewiesenen Y-chromosomalen Haplotypen ergab sich außerdem eine mögliche Verbindung zu einem frühbronzezeitlichen Individuum, welches im südlichen Sachsen-Anhalt geborgen und im Rahmen einer anderen Studie analysiert wurde. Eine Untersuchung, ob es sich hierbei in der Tat um einen Vorfahren der in der Lichtensteinhöhle bestatteten Individuen handeln kann, wäre insofern lohnenswert, als dass archäologische Funde aus der Höhle Beziehungen der Gruppe in das südöstliche Harzvorland nahelegten, welche durch eine genetische Verbindung bekräftigt werden könnten.

Weitere Erkenntnisse zu der betrachteten Gruppe könnte die Untersuchung des Primärbestattungsplatzes liefern, welcher allerdings bisher nicht gefunden werden konnte. Für die Interpretation des Fundplatzes Lichtensteinhöhle war dieser jedoch nicht zwingend erforderlich, sodass mit der vorliegenden Arbeit ein Abschluss der anthropologischen Bearbeitung des Skelettkollektivs erfolgen und ein wichtiger Beitrag zum Verständnis einer spätbronzezeitlichen Bevölkerungsgruppe Mitteldeutschlands geleistet werden konnte.

Literaturverzeichnis

- Aidonis A, Papavramidou N, Moraitis K, Papageorgopoulou C (2021) Trepanations in the ancient Greek colony of Akanthos: Skull surgery in the light of Hippocratic medicine. *International Journal of Paleopathology*, 35:8–21
- Allentoft ME, Sikora M, Sjögren KG, Rasmussen S, Rasmussen M, Stenderup J, Damgaard PB, Schroeder H, Ahlström T, Vinner L, et al. (2015) Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature*, 522(7555):167–172
- Alt KW, Vach W (1991) The reconstruction of “genetic kinship” in prehistoric burial complexes - problems and statistics. In: *Classification, data analysis, and knowledge organization*. Springer:299–310
- Alt KW, Vach W, Wahl J (1995) Verwandtschaftsanalyse der Skelettreste aus dem bandkeramischen Massengrab von Talheim, Kreis Heilbronn. Applikation mit odontologischen und klassisch-epigenetischen Merkmalen. *Fundberichte aus Baden-Württemberg*, 20:195–217
- Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, et al. (1981) Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290(5806):457–465
- Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N (1999) Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA. *Nature genetics*, 23(2):147
- Athey TW (2005) Haplogroup prediction from Y-STR values using an allele-frequency approach. *Journal of Genetic Genealogy*, 1:1–7
- Balaresque P, Bowden GR, Adams SM, Leung HY, King TE, Rosser ZH, Goodwin J, Moisan JP, Richard C, Millward A, et al. (2010) A predominantly Neolithic origin for European paternal lineages. *PLoS biology*, 8(1):e1000285
- Bandelt HJ, Kong QP, Richards M, Macaulay V (2006) Estimation of mutation rates and coalescence times: some caveats. In: Bandelt HJ, Macaulay V, Richards M (Hrsg.) *Human Mitochondrial DNA and the Evolution of Homo sapiens*. Springer:47–90
- Battaglia V, Fornarino S, Al-Zahery N, Olivieri A, Pala M, Myres NM, King RJ, Rootsi S, Marjanovic D, Primorac D, et al. (2009) Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in Southeast Europe. *European Journal of Human Genetics*, 17(6):820–830
- Behjati S, Tarpey PS (2013) What is next generation sequencing? *Archives of Disease in Childhood-Education and Practice*, 98(6):236–238
- Bertermann U (2004) Alte STR-Haplotypen und delta32 ccr5 – Untersuchungen zur Datierungsfrage einer immunologisch relevanten Mutation an Skelettfunden der Lichtensteinhöhle und des Frankenbergquartiers. Staatsexamensarbeit, Universität Göttingen

- Black TK (1978) Sexual dimorphism in the tooth-crown diameters of the deciduous teeth. *American Journal of Physical Anthropology*, 48(1):77–82
- Blume A (2012) Prehistoric risk behavior: Development of an analysis system for the 48bp variable number of tandem repeats polymorphism of the human dopamine receptor D4 (DRD4) applicable to aDNA. Masterarbeit, Universität Göttingen
- Boerwinkle E, Xiong W, Fourest E, Chan L (1989) Rapid typing of tandemly repeated hypervariable loci by the polymerase chain reaction: Application to the apolipoprotein B 3' hypervariable region. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 86(1):212–216
- Bramanti B, Hummel S, Chiarelli B, Herrmann B (2003) Ancient DNA analysis of the delta F508 mutation. *Human biology*, 75(1):105–115
- Bramanti B, Sineo L, Vianello M, Caramelli D, Hummel S, Chiarelli B, Herrmann B (2000) The selective advantage of cystic fibrosis heterozygotes tested by aDNA analysis: A preliminary investigation. *International Journal of Anthropology*, 15(3-4):255–262
- Bramanti B, Thomas MG, Haak W, Unterländer M, Jores P, Tambets K, Antanaitis-Jacobs I, Haidle MN, Jankauskas R, Kind CJ, et al. (2009) Genetic discontinuity between local hunter-gatherers and central Europe's first farmers. *Science*, 326(5949):137–140
- Brandt G, Haak W, Adler CJ, Roth C, Szécsényi-Nagy A, Karimnia S, Möller-Rieker S, Meller H, Ganslmeier R, Friederich S, et al. (2013) Ancient DNA reveals key stages in the formation of central European mitochondrial genetic diversity. *Science*, 342(6155):257–261
- Brotherton P, Haak W, Templeton J, Brandt G, Soubrier J, Adler CJ, Richards SM, Der Sarkissian C, Ganslmeier R, Friederich S, et al. (2013) Neolithic mitochondrial haplogroup H genomes and the genetic origins of Europeans. *Nature Communications*, 4(1764):1–11
- Buikstra JE, Konigsberg LW, Bullington J (1986) Fertility and the development of agriculture in the Prehistoric Midwest. *American Antiquity*, 51(3):528–546
- Bundesgesetzblatt (2019) Gesetz zur Modernisierung des Strafverfahrens. Teil I Nr 46
- Burger J, Hummel S, Herrmann B, Henke W (1999) DNA preservation: A microsatellite-DNA study on ancient skeletal remains. *Electrophoresis*, 20(8):1722–1728. doi:3.0.CO;2-4. URL <http://dx.doi.org/3.0.CO;2-4>
- Burger J, Kirchner M, Bramanti B, Haak W, Thomas MG (2007) Absence of the lactase-persistence-associated allele in early Neolithic Europeans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(10):3736–3741
- Cann RL, Stoneking M, Wilson AC (1987) Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325(6099):31–36

- Chamberlain JS, Gibbs RA, Rainer JE, Nguyen PN, Thomas C (1988) Deletion screening of the Duchenne muscular dystrophy locus via multiplex DNA amplification. *Nucleic Acids Research*, 16(23):11141–11156
- Chandler H, Sykes B, Zilhão J (2005) Using ancient DNA to examine genetic continuity at the Mesolithic-Neolithic transition in Portugal. In: *Actas del III Congreso del Neolítico en la Península Ibérica: Santander, 5 a 8 de octubre de 2003*. Servicio de Publicaciones:781–786
- Chandler HC (2003) Using ancient DNA to link culture and biology in human populations. Ph.D. thesis, University of Oxford
- Clayton T, Whitaker J, Maguire C (1995) Identification of bodies from the scene of a mass disaster using DNA amplification of short tandem repeat (STR) loci. *Forensic Science International*, 76(1):7–15
- Der Sarkissian C, Balanovsky O, Brandt G, Khartanovich V, Buzhilova A, Koshelev S, Zaporozhchenko V, Gronenborn D, Moiseyev V, Kolpakov E, et al. (2013) Ancient DNA reveals prehistoric gene-flow from Siberia in the complex human population history of North East Europe. *PLoS genetics*, 9(2):e1003296
- Dupuy BM, Stenersen M, Egelund T, Olaisen B (2004) Y-chromosomal microsatellite mutation rates: Differences in mutation rate between and within loci. *Human mutation*, 23(2):117–124
- Effenberger H (2018) The plant economy of the Northern European Bronze Age—more diversity through increased trade with southern regions. *Vegetation History and Archaeobotany*, 27(1):65–74
- Evans JA, Chenery CA, Fitzpatrick AP (2006) Bronze Age childhood migration of individuals near Stonehenge, revealed by strontium and oxygen isotope tooth enamel analysis. *Archaeometry*, 48(2):309–321
- Faerman M, Kahila G, Smith P, Greenblatt C, Stager L, Filon D, Oppenheim A (1997) DNA analysis reveals the sex of infanticide victims. *Nature*, 385(6613):212–213
- Farrell P, Férec C, Macek M, Frischer T, Renner S, Riss K, Barton D, Repetto T, Tzetzis M, Giteau K, et al. (2018) Estimating the age of p.(Phe508del) with family studies of geographically distinct European populations and the early spread of cystic fibrosis. *European Journal of Human Genetics*, 26(12):1832–1839
- Fehren-Schmitz L (2008) Molekularanthropologische Untersuchungen zur präkolumbischen Besiedlungsgeschichte des südlichen Perus am Beispiel der Palpa-Region. Dissertation, Universität Göttingen
- Flindt S (im Druck) Die Lichtensteinhöhle bei Osterode am Harz, Ldkr. Göttingen. Bestattungsort einer Großfamilie aus der Urnenfelderzeit. Materialhefte zur Ur- und Frühgeschichte Niedersachsens Band 61, Niedersächsisches Landesamt für Denkmalpflege

- Flindt S, Hummel S (2014) Die Lichtensteinhöhle. Bestattungsplatz einer Großfamilie aus der Bronzezeit. HöhlenErlebnisZentrum Iberger Tropfsteinhöhle – Ein Museum des Landkreises Osterode am Harz.
- Flindt S, Hummel S (2021) Rätsel Lichtensteinhöhle. Eine Großfamilie aus der Bronzezeit. Wissenschaftliche Buchgesellschaft, Darmstadt
- Flux AL, Mazanec J, Strommenger B, Hummel S (2017) Staphylococcus aureus sequences from osteomyelitic specimens of a pathological bone collection from pre-antibiotic times. Diversity, 9(4). doi:10.3390/d9040043. URL <https://www.mdpi.com/1424-2818/9/4/43>
- Förster R, Eberspächer B (1999) Evidence of DNA from epithelial cells of the hand of the suspect found on the tool of the crime. Archiv für Kriminologie, 203(1-2):45–53
- Fowler C, Olalde I, Cummings V, Armit I, Büster L, Cuthbert S, Rohland N, Cheronet O, Pinhasi R, Reich D (2021) A high-resolution picture of kinship practices in an Early Neolithic tomb. Nature:1–4
- Frei KM, Mannering U, Kristiansen K, Allentoft ME, Wilson AS, Skals I, Tridico S, Nosch ML, Willerslev E, Clarke L, et al. (2015) Tracing the dynamic life story of a Bronze Age Female. Scientific reports, 5(1):1–7
- Frei KM, Villa C, Jørkov ML, Allentoft ME, Kaul F, Ethelberg P, Reiter SS, Wilson AS, Taube M, Olsen J, et al. (2017) A matter of months: High precision migration chronology of a Bronze Age female. PLoS One, 12(6):e0178834
- Frischalowski M, Seidenberg V, Grosskopf B, Wulf FW, Hummel S (2015) Molekulargenetische Untersuchung des Verwandtschaftsverhältnisses von möglichen Mutter-Kind-Bestattungen aus dem frühneuezeitlichen Eldagsen. Nachrichten aus Niedersachsens Urgeschichte, 84:193–206
- Fu Q, Mittnik A, Johnson PL, Bos K, Lari M, Bollongino R, Sun C, Giemsch L, Schmitz R, Burger J, et al. (2013) A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. Current Biology, 23(7):553–559
- Fulge M (2005) Laktosetoleranz in der bronzezeitlichen Lichtensteinhöhle – Molekulargenetischer Nachweis des Polymorphismus C/T 13910 an prähistorischer DNA. Staatsexamensarbeit, Universität Göttingen
- Fuller BT, Fuller JL, Harris DA, Hedges RE (2006) Detection of breastfeeding and weaning in modern human infants with carbon and nitrogen stable isotope ratios. American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists, 129(2):279–293
- Fulminante F (2015) Infant feeding practices in Europe and the Mediterranean from Prehistory to the Middle Ages: A comparison between the historical sources and bioarchaeology. Childhood in the Past, 8(1):24–47

- Furholt M (2019) Re-integrating archaeology: A contribution to aDNA studies and the migration discourse on the 3rd millennium BC in Europe. *Proceedings of the Prehistoric Society*, 85:115–129
- Furtwängler A, Rohrlach AB, Lamnidis TC, Papac L, Neumann GU, Siebke I, Reiter E, Steuri N, Hald J, Denaire A, et al. (2020) Ancient genomes reveal social and genetic structure of Late Neolithic Switzerland. *Nature Communications*, 11(1):1–11
- Gamba C, Fernández E, Tirado M, Deguilloux MF, Pemonge MH, Utrilla P, Edo M, Molist M, Rasteiro R, Chikhi L, et al. (2012) Ancient DNA from an Early Neolithic Iberian population supports a pioneer colonization by first farmers. *Molecular Ecology*, 21(1):45–56
- Gerstenberger J, Hummel S, Schultes T, Häck B, Herrmann B (1999) Reconstruction of a historical genealogy by means of STR analysis and Y-haplotyping of ancient DNA. *European Journal of Human Genetics*, 7(4):469–477
- Gill P, Ivanov PL, Kimpton C, Piercy R, Benson N, Tully G, Evett I, Hagelberg E, Sullivan K (1994) Identification of the remains of the Romanov family by DNA analysis. *Nature Genetics*, 6(2):130–135
- Gilman A (1981) The development of social stratification in Bronze Age Europe. *Current anthropology*, 22(1):1–23
- Glaw JW (2020) Das spätbronze-und eisenzeitliche Brandgräberfeld von Porta Westfalica-Barkhausen, Kreis Minden-Lübbecke. *Ausgrabungen und Funde in Westfalen-Lippe*:49–168
- Goodwin W, Linacre A, Vanezis P (1999) The use of mitochondrial DNA and short tandem repeat typing in the identification of air crash victims. *Electrophoresis*, 20(8):1707–1711
- Grosskopf B (1990) Individualaltersbestimmung mit Hilfe von Zuwachsringen im Zement bodengelagerter menschlicher Zähne. *Zeitschrift für Rechtsmedizin*, 103(5):351–359
- Grosskopf B (2004) Leichenbrand. Biologisches und kulturhistorisches Quellenmaterial zur Rekonstruktion vor- und frühgeschichtlicher Populationen und ihrer Funeralpraktiken. Dissertation, Universität Leipzig
- Grosskopf B, McGlynn G (2011) Age diagnosis based on incremental lines in dental cementum: A critical reflection. *Anthropologischer Anzeiger*:275–289
- von Grumbkow P (2013) Das Leben in der napoleonischen Armee. Interdisziplinäre Untersuchung eines Massengrabs aus Kassel, Hessen. Dissertation, Universität Göttingen
- Grupe G, Harbeck M, McGlynn G (2015) *Prähistorische Anthropologie*. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg
- Gusmão L, Sánchez-Diz P, Calafell F, Martin P, Alonso C, Alvarez-Fernandez F, Alves C, Borjas-Fajardo L, Bozzo W, Bravo M, et al. (2005) Mutation rates at Y chromosome specific microsatellites. *Human Mutation*, 26(6):520–528

- Gymrek M (2017) A genomic view of short tandem repeats. *Current opinion in genetics & development*, 44:9–16
- Haak W, Balanovsky O, Sanchez JJ, Koshel S, Zaporozhchenko V, Adler CJ, Der Sarkissian CS, Brandt G, Schwarz C, Nicklisch N, et al. (2010) Ancient DNA from European early neolithic farmers reveals their near eastern affinities. *PLoS biology*, 8(11):e1000536
- Haak W, Brandt G, de Jong HN, Meyer C, Ganslmeier R, Heyd V, Hawkesworth C, Pike AWG, Meller H, Alt KW (2008) Ancient DNA, Strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the Later Stone Age. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(47):18226–18231. doi:10.1073/pnas.0807592105. URL <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.0807592105>
- Haak W, Forster P, Bramanti B, Matsumura S, Brandt G, Tänzer M, Villems R, Renfrew C, Gronenborn D, Alt KW, et al. (2005) Ancient DNA from the first European farmers in 7500-year-old Neolithic sites. *Science*, 310(5750):1016–1018
- Haak W, Lazaridis I, Patterson N, Rohland N, Mallick S, Llamas B, Brandt G, Nordenfelt S, Harney E, Stewardson K, et al. (2015) Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature*, 522(7555):207–211
- Hagelberg E, Sykes B, Hedges R (1989) Ancient bone DNA amplified. *Nature*, 342(6249):485
- Hamada H, Petrino MG, Kakunaga T (1982) A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 79(21):6465–6469
- Herrmann B, Grupe G, Hummel S, Piepenbrink H, Schutkowski H (1990) *Prähistorische Anthropologie. Leitfaden der Feld- und Labormethoden*. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg New York London Paris Tokyo Hong Kong Barcelona
- Herrmann B, Hummel S (1994) *Ancient DNA: Recovery and analysis of genetic material from paleontological, archaeological, museum, medical, and forensic specimens*. Springer-Verlag, New York
- Herrmann B, Newsely H (1982) Long-term decomposition of bones. 1. Mineral phase. *Anthropologischer Anzeiger*, 40(1):19–31
- Hervella M (2010) *Variación temporal del adnmt en poblaciones de la cornisa cantábrica. contribución del adn antiguo*. Ph.D. thesis, Tesis doctoral (inédita). Universidad del País Vasco (UPV/EHU)
- Hervella M, Izagirre N, Alonso S, Fregel R, Alonso A, Cabrera VM, de la Rúa C (2012) Ancient DNA from hunter-gatherer and farmer groups from Northern Spain supports a random dispersion model for the Neolithic expansion into Europe. *PloS one*, 7(4):e34417
- Heyd V (2007) Families, prestige goods, warriors & complex societies: Beaker groups of the 3rd millennium cal BC along the upper & middle Danube. *Proceedings of the Prehistoric Society*, 73:327–379

- Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, Ryder OA, Wilson AC (1984) DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature*, 312(5991):282–284
- Hochmeister M, Haberl J, Borer V, Rudin O, Dirnhofer R (1995) Clarification of a break-in theft crime by multiplex PCR analysis of cigarette butts. *Archiv für Kriminologie*, 195(5-6):177–183
- Hohoff C, Dewa K, Sibbing U, Hoppe K, Forster P, Brinkmann B (2007) Y-chromosomal microsatellite mutation rates in a population sample from northwestern Germany. *International Journal of Legal Medicine*, 121(5):359–363
- Horn GT, Richards B, Klinger KW (1989) Amplification of a highly polymorphic vnr segment by the polymerase chain reaction. *Nucleic Acids Research*, 17(5):2140
- Höss M, Jaruga P, Zastawny TH, Dizdaroglu M, Pääbo S (1996) DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues. *Nucleic Acids Research*, 24(7):1304–1307
- Hummel S (2003) *Ancient DNA Typing. Methods, strategies and applications.* Springer, Berlin Heidelberg
- Hummel S, Schmidt D, Kahle M, Herrmann B (2002) AB0 blood group genotyping of ancient DNA by PCR-RFLP. *International Journal of Legal Medicine*, 116(6):327–333. doi:10.1007/s00414-002-0315-x. URL <http://dx.doi.org/10.1007/s00414-002-0315-x>
- Hummel S, Schmidt D, Kremeyer B, Herrmann B, Oppermann M (2005) Detection of the CCR5- Δ 32 HIV resistance gene in Bronze Age skeletons. *Genes & Immunity*, 6(4):371–374
- Hunan Medical College (1980) *Study of an ancient cadaver in Mawantui tomb no.1 of the Han dynasty in Changsha.* Beijing Ancient Memorial Press, Beijing
- Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL (1985a) Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA. *Nature*, 316(6023):76–79
- Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL (1985b) Hypervariable ‘minisatellite’ regions in human DNA. *Nature*, 314(6006):67–73
- Jehaes E, Decorte R, Peneau A, Petrie JH, Boiry PA, Gilissen A, Moisan JP, Van den Berghe H, Pascal O, Cassiman JJ (1998) Mitochondrial DNA analysis on remains of a putative son of Louis XVI, King of France and Marie-Antoinette. *European Journal of Human Genetics*, 6(4):383–395
- Jennbert K (1991) Trepanations from the Stone Age to the Medieval Age in Scandinavian perspective. In: Jennbert K, Larsson L, Petré R, Wyszomirska Werbart B (Hrsg.) *Regions and Reflecons. In honour of Märta Strömberg.* Lund University: Department of Archaeology, *Acta Archaeologica*, 20:357–378

- Johnson PH, Olson CB, Goodman M (1985) Isolation and characterization of deoxyribonucleic acid from tissue of the woolly mammoth, *mammuthus primigenius*. *Comparative biochemistry and physiology B, Comparative biochemistry*, 81(4):1045–1051
- Kayser M, Sajantila A (2001) Mutations at Y-STR loci: Implications for paternity testing and forensic analysis. *Forensic Science International*, 118(2-3):116–121
- Kimpton C, Fisher D, Watson S, Adams M, Urquhart A, Lygo J, Gill P (1994) Evaluation of an automated DNA profiling system employing multiplex amplification of four tetrameric STR loci. *International Journal of Legal Medicine*, 106(6):302–311
- Klotz S (2021) Evolution and consequences of the genetic mutations delta32ccr5 and C/T 13910 - An investigation of Bronze Age skeletal individuals from the Lichtenstein Cave (Lower Saxony). Masterarbeit, Universität Göttingen
- Knipper C, Mittnik A, Massy K, Kociumaka C, Kucukkalipci I, Maus M, Wittenborn F, Metz SE, Staskiewicz A, Krause J, et al. (2017) Female exogamy and gene pool diversification at the transition from the Final Neolithic to the Early Bronze Age in central Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(38):10083–10088
- Krause I (2012) Reconstruction of the iris pigmentation from individuals of a Bronze Age archeological site. Masterarbeit, Universität Göttingen
- Krause S (2006) Genetische Analysen zur Bestimmung der Allelfrequenz von C282Y/H63D (erbliche Eisenspeicherkrankheit) an Skelettelementen eines bronzezeitlichen Fundkomplexes. Staatsexamensarbeit, Universität Göttingen
- Kristiansen K, Suchowska-Ducke P (2015) Connected histories: The dynamics of Bronze Age interaction and trade 1500–1100 BC. *Proceedings of the Prehistoric Society*, 81:361–392
- Kuhle EL (2020) Überarbeitung und Vervollständigung der genetischen Typisierung ausgewählter Individuen aus der bronzezeitlichen Lichtensteinhöhle. Bachelorarbeit, Universität Göttingen
- Kuijt I (1996) Negotiating equality through ritual: A consideration of Late Natufian and Prepottery Neolithic A period mortuary practices. *Journal of Anthropological Archaeology*, 15:313–336
- Lacan M, Keyser C, Ricaut FX, Brucato N, Duranthon F, Guilaine J, Crubézy E, Ludes B (2011a) Ancient DNA reveals male diffusion through the Neolithic Mediterranean route. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(24):9788–9791
- Lacan M, Keyser C, Ricaut FX, Brucato N, Tarrús J, Bosch A, Guilaine J, Crubézy E, Ludes B (2011b) Ancient DNA suggests the leading role played by men in the Neolithic dissemination. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(45):18255–18259
- Larsson AM (2003) Secondary burial practices in the Middle Neolithic. Causes and consequences. *Current Swedish Archaeology*, 11:153–170

- Lassen C, Hummel S, Herrmann B (2000) Molecular sex identification of stillborn and neonate individuals ("Traufkinder") from the burial site Aegerten. *Anthropologischer Anzeiger*, 58:1–8
- Lazaridis I, Patterson N, Mittnik A, Renaud G, Mallick S, Kirsanow K, Sudmant PH, Schraiber JG, Castellano S, Lipson M, et al. (2014) Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature*, 513(7518):409–413
- Lederer T, Betz P, Seidl S (2001) DNA analysis of fingernail debris using different multiplex systems: A case report. *International Journal of Legal Medicine*, 114(4):263–266
- Lee RB (1972) Population growth and the beginnings of sedentary life among the !Kung Bushmen. In: Spooner B (Hrsg.) *Population Growth: Anthropological Implications*. Cambridge, Massachusetts:329–342
- Lindahl T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature*, 362(6422):709–715. doi:10.1038/362709a0. URL <http://dx.doi.org/10.1038/362709a0>
- Ling J, Hjärthner-Holdar E, Grandin L, Stos-Gale Z, Kristiansen K, Melheim AL, Artioli G, Angelini I, Krause R, Canovaro C (2019) Moving metals IV: Swords, metal sources and trade networks in Bronze Age Europe. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 26:101837
- Llamas B, Harkins KM, Fehren-Schmitz L (2017) Genetic studies of the peopling of the Americas: What insights do diachronic mitochondrial genome datasets provide? *Quaternary International*, 444:26–35
- Lygo JE, Johnson P, Holdaway D, Woodroffe S, Kimpton C, Gill P, Whitaker J, Clayton T (1994) The validation of short tandem repeat (STR) loci for use in forensic casework. *International Journal of Legal Medicine*, 107(2):77–89
- Margulies M, Egholm M, Altman WE, Attiya S, Bader JS, Bembien LA, Berka J, Braverman MS, Chen YJ, Chen Z, et al. (2005) Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature*, 437(7057):376–380
- Mazanec J (2010) Die Lichtensteinhöhle als genetisches Archiv – Untersuchung des Markers delta32ccr5 an den bronzezeitlichen Individuen. Diplomarbeit, Universität Göttingen
- Mazanec J (im Druck) Identifikation – Von der Speziesbestimmung bis zur Identitätsfeststellung mit Hilfe von ancient DNA-Analysen. Dissertation, Universität Göttingen
- Mazanec J, Flux AL, Hummel S (im Druck) Molekulargenetische Untersuchungen der Bestattungen des merowingerzeitlichen Gräberfeldes von Gotha-Boilstädt. In: Tannhäuser, C (Hrsg.) *Das merowingerzeitliche Gräberfeld von Gotha-Boilstädt. Das Frühmittelalter in Thüringen*. 1. Weimarer Monographie zur Ur- und Frühgeschichte, 46
- Mittnik A, Massy K, Knipper C, Wittenborn F, Friedrich R, Pfrengle S, Burri M, Carlich-Witjes N, Deeg H, Furtwängler A, et al. (2019) Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe. *Science*, 366(6466):731–734

- Mittnik A, Wang CC, Pfrengle S, Daubaras M, Zariņa G, Hallgren F, Allmäe R, Khartanovich V, Moiseyev V, Tõrv M, et al. (2018) The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications*, 9(1):1–11
- Mullis KB, Faloona FA (1987) Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology*, 155:335–350
- Nagar Y, Eshed V (2001) Where are the children? Age-dependent burial practices in Peqi^cin. *Israel Exploration Journal*, 51(1):27–35
- Nature Methods (2008) Method of the year. *Nature Methods*, 5(1). doi:<https://doi.org/10.1038/nmeth1153>
- Orschiedt J (2012) Cave burials in prehistoric Central Europe. *Caves in Context, the Cultural Significance of Caves and Rockshelters in Europe*:212–224
- Otto M (2007) Mitochondriale Haplotypen in einer rezenten Bevölkerung des Harzvorlandes. Staatsexamensarbeit, Universität Göttingen
- Pääbo S (1984) Über den Nachweis von DNA in altägyptischen Mumien. *Das Altertum*, 30:213–218
- Pankowská A (2018) Diachronic variation in secondary burial practices in Bronze and Iron Age Moravia. *Journal of Archaeological Science: Reports*, 21:460–471
- Paul KD, Wiedemann B (1997) Altersstruktur, Prognose und Sauerstoff-Therapie bei Patienten mit Mukoviszidose in Deutschland. In: Paditz E (Hrsg.) *Nasale Maskenbeatmung im Kindes- und Erwachsenenalter*. Springer, Berlin Heidelberg:129–132
- Pearson K (1899) Mathematical contributions to the theory of evolution. V. On the reconstruction of the stature of prehistoric races. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series A*, 192:169 – 245
- Pellegrini A, Teschler-Nicola M, Bookstein F, Mitteroecker P (2011) Craniofacial morphology in Austrian Early Bronze Age populations reflects sex-specific migration patterns. *Journal of Anthropological Sciences*, 89:139–151
- Pepperl J (2008) Immungenetische Marker im Wandel der Zeit. Molekulargenetische Analyse von single nucleotide Polymorphismen immungenetischer Rezeptoren und Interleukine in historischen Bevölkerungen. Dissertation, Universität Göttingen
- Piggott S (1940) A trepanned skull of the Beaker period from Dorset and the practice of trepanning in prehistoric Europe. *Proceedings of the Prehistoric Society*, Cambridge University Press, 6:112–132
- Pinhasi R, Thomas MG, Hofreiter M, Currat M, Burger J (2012) The genetic history of Europeans. *Trends in Genetics*, 28(10):496–505
- Probst E (1996) Deutschland in der Bronzezeit. Bauern, Bronzegießer und Burgherren zwischen Nordsee und Alpen. Orbis Verlag, München

- Rebay-Salisbury K (2012) Inhumation and cremation: How burial practices are linked to beliefs. *Embodied knowledge: Historical perspectives on technology and belief*, Oxford, Oxbow:15–26
- Rebay-Salisbury K (2016) *The human body in early Iron Age Central Europe: Burial practices and images of the Hallstatt world*. Routledge
- Rebay-Salisbury K (2017a) Bronze age beginnings: The conceptualisation of motherhood in Prehistoric Europe. In: Cooper D, Phela C (Hrsg.) *Motherhood in antiquity*. Palgrave Macmillan, New York:169–196
- Rebay-Salisbury K (2017b) Big Mamas? Mutterschaft und sozialer Status im eisenzeitlichen Mitteleuropa. In: Keller C, Winger K (Hrsg.) *Frauen an der Macht? Neue interdisziplinäre Ansätze zur Frauen- und Geschlechterforschung für die Eisenzeit Mitteleuropas*. Universitätsforschungen zur prähistorischen Archäologie Verlag Dr Rudolf Habelt GmbH, Bonn, 299:57–73
- Rebay-Salisbury K (2017c) Breast is best - and are there alternatives? Feeding babies and young children in prehistoric Europe. *Mitteilungen der Anthropologischen Gesellschaft in Wien (MAGW)*, 147:13–30
- Rebay-Salisbury K (2018) Personal relationships between co-buried individuals in the Central European Early Bronze Age. In: Lillehammer G, Murphy E (Hrsg.) *Across the generations: The old and the young in past societies*. *AmS-Skrifter*, Stavanger, 26:35–48
- Rebay-Salisbury K, Pany-Kucera D, Spannagl-Steiner M, Kanz F, Galeta P, Teschler-Nicola M, Salisbury RB (2018) Motherhood at early bronze age Unterhautzenthal, lower Austria. *Archaeologia Austriaca*, 102:71–134
- Richards M, Macaulay V, Hickey E, Vega E, Sykes B, Guida V, Rengo C, Sellitto D, Cruciani F, Kivisild T, et al. (2000) Tracing European founder lineages in the Near Eastern mtDNA pool. *The American Journal of Human Genetics*, 67(5):1251–1276
- Riesen M (2007) Y-chromosomale Haplotypen in einer rezenten Bevölkerung des Harzvorlandes. Staatsexamensarbeit, Universität Göttingen
- Robb J, Elster ES, Isetti E, Knüsel CJ, Tafuri MA, Traverso A (2015) Cleaning the dead: Neolithic ritual processing of human bone at Scaloria Cave, Italy. *Antiquity*, 89(343):39–54
- Rogers SO, Bendich AJ (1985) Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Molecular Biology*, 5(2):69–76
- Rohlf J (2011) Molekulargenetische Typisierung der Rhesusfaktor D-Eigenschaften in bronzezeitlichen Individuen der Lichtensteinhöhle. Diplomarbeit, Universität Göttingen
- Rootsi S, Kivisild T, Benuzzi G, Help H, Bermisheva M, Kutuev I, Barac L, Pericic M, Balanovsky O, Pshenichnov A, et al. (2004) Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe. *The American Journal of Human Genetics*, 75(1):128–137

- Rosenstock E, Groß M, Hujić A, Scheibner A (2015) Back to good shape: Biological standard of living in the Copper and Bronze ages and the possible role of food. In: The third food revolution? Proceedings of the International Workshop SSocio-Environmental Dynamics over the Last 12,000 Years:121–152
- Rummel S, Hölzl S, Horn P (2007) Isotopensignaturen von Bio- und Geo-Elementen in der Forensik. In: Herrmann B & Saternus KS (Hrsg.) Biologische Spurenkunde: Band 1: Kriminalbiologie. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg:381–407
- Saiki RK, Scharf S, Faloona F, Mullis KB, Horn GT, Erlich HA, Arnheim N (1985) Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. *Science*, 230(4732):1350–1354
- Sánchez-Quinto F, Schroeder H, Ramirez O, Ávila-Arcos MC, Pybus M, Olalde I, Velazquez AM, Marcos MEP, Encinas JMV, Bertranpetit J, et al. (2012) Genomic affinities of two 7,000-year-old Iberian hunter-gatherers. *Current biology*, 22(16):1494–1499
- Schücker K (2012) Analyses of hair pigmentation of human remains from the Bronze Age. Masterarbeit, Universität Göttingen
- Schilz F (2006) Molekulargenetische Verwandtschaftsanalyse am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle. Dissertation, Universität Göttingen
- Schmid C (2020) Evaluating cultural transmission in Bronze Age burial rites of central, northern and northwestern Europe using radiocarbon data. *Adaptive Behavior*, 28(5):359–376
- Schmidt N, Schücker K, Krause I, Dörk T, Klintschar M, Hummel S (2020) Genome-wide SNP typing of ancient DNA: Determination of hair and eye color of Bronze Age humans from their skeletal remains. *American Journal of Physical Anthropology*, 172(1):99–109
- Schneider H, Neuhuber F (1996) Detection of saliva traces on perpetrator masks and their attribution to a particular criminal. *Archiv für Kriminologie*, 198(1-2):31–37
- Scholten A (2006) Genetische Analysen zur Bestimmung der Allelfrequenz von $\Delta F508$ an menschlichen Skelettelementen eines bronzezeitlichen Fundkomplexes. Diplomarbeit, Universität Göttingen
- Scholz M, Hengst S, Broghammer M, Pusch CM (2001) Intrapopulation relationships in ancient societies: A multidisciplinary study. *Zeitschrift für Morphologie und Anthropologie*:5–21
- Schultes T (2000) Typisierung alter DNA zur Rekonstruktion von Verwandtschaft in einem bronzezeitlichen Skelettkollektiv. Dissertation, Universität Göttingen
- Schutkowski H (1987) Sex determination of fetal and neonate skeletons by means of discriminant analysis. *International Journal of Anthropology*, 2(4):347–352

- Schutkowski H, Hummel S (1991) Vorgeschichtliche Bevölkerungen in Schleswig-Holstein. Offa Berichte und Mitteilungen zur Urgeschichte, Frühgeschichte und Mittelalterarchäologie, 48:133–262
- Schwan AL (2020) Versuch der Rekonstruktion einer bronzezeitlichen Lebendbevölkerung. Bachelorarbeit, Universität Göttingen
- Seebode C (2010) Die Lichtensteinhöhle als genetisches Archiv – Untersuchung des Laktosetoleranzmarkers C/T 13910 an den bronzezeitlichen Individuen. Diplomarbeit, Universität Göttingen
- Seidenberg V (2016) Ein bronzezeitlicher Familienclan als genetisches Archiv. Morphologisch-paläogenetische Bearbeitung des Skelettkollektivs aus der Lichtensteinhöhle. Dissertation, Universität Göttingen
- Seidenberg V, Schilz F, Pfister D, Georges L, Fehren-Schmitz L, Hummel S (2012) A new miniSTR heptaplex system for genetic fingerprinting of ancient DNA from archaeological human bone. *Journal of Archaeological Science*, 39 (2012):3224–3229
- Semino O, Passarino G, Oefner PJ, Lin AA, Arbuzova S, Beckman LE, De Benedictis G, Francalacci P, Kouvatsi A, Limborska S, et al. (2000) The genetic legacy of Paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: A Y chromosome perspective. *Science*, 290(5494):1155–1159
- Sigurðardóttir S, Helgason A, Gulcher JR, Stefansson K, Donnelly P (2000) The mutation rate in the human mtDNA control region. *The American Journal of Human Genetics*, 66(5):1599–1609
- Sjögren KG, Olalde I, Carver S, Allentoft ME, Knowles T, Kroonen G, Pike AW, Schröter P, Brown KA, Brown KR, et al. (2020) Kinship and social organization in Copper Age Europe. A cross-disciplinary analysis of archaeology, DNA, isotopes, and anthropology from two Bell Beaker cemeteries. *Plos one*, 15(11):e0241278
- Sjögren KG, Price TD, Kristiansen K (2016) Diet and mobility in the Corded Ware of Central Europe. *PloS one*, 11(5):e0155083
- Staden R (1979) A strategy of DNA sequencing employing computer programs. *Nucleic Acids Research*, 6(7):2601–2610
- Stone AC, Milner GR, Pääbo S, Stoneking M (1996) Sex determination of ancient human skeletons using DNA. *American Journal of Physical Anthropology: The Official Publication of the American Association of Physical Anthropologists*, 99(2):231–238
- Struck U, Falk M, Hölzl S, Lösch S, Hummel S, Seidenberg V, Flindt S (2018) Stabile Isotope in Knochen und Zähnen der Funde aus der Lichtensteinhöhle - ein Überblick. unpublizierter Untersuchungsbericht
- Suray D (2007) Interleukin-10-Haplotypen eines bronzezeitlichen Skelettkollektivs aus dem Harzer Vorland. Diplomarbeit, Universität Göttingen

- Tsutaya T, Yoneda M (2013) Quantitative reconstruction of weaning ages in archaeological human populations using bone collagen nitrogen isotope ratios and approximate Bayesian computation. *PLoS One*, 8(8):e72327
- Ubelaker DH (1978) *Human skeletal remains. Excavation, analysis, interpretation.* Aldine, Chicago
- Veeramah KR, Rott A, Groß M, van Dorp L, López S, Kirsanow K, Sell C, Blöcher J, Wegmann D, Link V, et al. (2018) Population genomic analysis of elongated skulls reveals extensive female-biased immigration in Early Medieval Bavaria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(13):3494–3499
- Wahl J (2012) Erfolgreiche Steinzeitchirurgen im Taubertal. Verschiedene Operationstechniken und eine hohe Überlebensrate. *Denkmalpflege in Baden-Württemberg–Nachrichtenblatt der Landesdenkmalpflege*, 41(2):83–88
- Weichhold GM, Bark JE, Korte W, Eisenmenger W, Sullivan KM (1998) DNA analysis in the case of Kaspar Hauser. *International Journal of Legal Medicine*, 111(6):287–291
- Žegarac A, Winkelbach L, Blöcher J, Diekmann Y, Krečković Gavrilović M, Porčić M, Stojković B, Milašinović L, Schreiber M, Wegmann D, et al. (2021) Ancient genomes provide insights into family structure and the heredity of social status in the early Bronze Age of southeastern Europe. *Scientific Reports*, 11(1):1–11

Internetquellen

Internetquelle 1 = https://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml

(zuletzt aufgerufen 04.12.2021, 10:00)

Internetquelle 2 = <https://site.nevgen.org/2020/05/03/comparative-overview-of-distribution-of-y-dna-haplogroups-in-europe/>

(zuletzt aufgerufen 08.12.2021, 13:15)

Internetquelle 3 = https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml

(zuletzt aufgerufen 08.12.2021, 13:20)

Online-Tools

Bestimmung mitochondrialer Haplotypen: <https://haplogrep.i-med.ac.at/>

(zuletzt aufgerufen 13.12.2021, 10:40)

Bestimmung Y-chromosomaler Haplotypen: <https://www.nevgen.org/>

(zuletzt aufgerufen 13.12.2021, 10:55)

Bestimmung Y-chromosomaler Haplotypen: <http://www.hprg.com/hapest5/> (wird nicht mehr aktualisiert)

(zuletzt aufgerufen 13.12.2021, 10:45)

Tabellenverzeichnis

3.1	Einteilung der anthropologischen Altersklassen	30
4.1	Anzahl geborgener sowie molekulargenetisch untersuchter Skelettelemente	39
4.2	Gegenüberstellung erwarteter sowie geborgener Skelettelemente	41
5.1	Genetische Fingerabdrücke der identifizierten Individuen	50
5.2	Bestimmung der Haarfarbe	52
5.3	Bestimmung der Augenfarbe	52
5.4	Bestimmung der Haar- und Augenfarben der weiblichen Individuen	53
5.5	Bestimmung der Haar- und Augenfarben der männlichen Individuen	54
5.6	Ergebnisse der Untersuchung auf Laktosetoleranz	55
5.7	Analyse verschiedener Marker zur AB0-Blutgruppenbestimmung	56
5.8	Untersuchung des Rhesusfaktor D Gens	57
5.9	Untersuchung immungenetisch relevanter SNPs in verschiedenen Genen für Interleukine (ILs) sowie toll-like receptors (TLRs)	58
5.10	Untersuchung auf Cystische Fibrose	59
5.11	Analyse der Marker C282Y und H63D des Hämochromatosegens	59
5.12	Untersuchungen zum CCR5-Marker sowie den STR-Systemen IRI 3.1 und IRI 3.2	60
5.13	Analyse des Dopamin Rezeptor D4 Gens	61
6.1	Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle	126
6.2	Verkürzte Sterbetafel für das Skelettkollektiv aus der Lichtensteinhöhle	130
6.3	Sterbealtersverteilung innerhalb der Altersklassen	131
8.1	Verteilung der mitochondrialen Haplotypen in der Lichtensteinhöhle	157
8.2	Polymorphismen zwischen den identifizierten mitochondrialen Haplotypen in der HVR I und HVR II	163
8.3	Verteilung der Y-chromosomalen Haplotypen in der Lichtensteinhöhle	165
8.4	Allelmuster der in der Lichtensteinhöhle beobachteten Y-chromosomalen Haplotypen	168
C.1	Primersequenzen für die Amplifikation der HVRs	198
C.2	Heptaplex-Primerset	198
C.3	Dekaplex-Primerset	199
C.4	Y-Dekaplex-Primerset	199
F.1	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Claviculae	206
F.2	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Humeri	207
F.3	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Radii	207
F.4	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Ulnae	208
F.5	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Ossa coxae und Ossa sacra	208
F.6	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Femora	209
F.7	Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Tibiae	209
G.1	Isotopensignaturen der Sauerstoff- und Kohlenstoffisotopen	211
G.2	Isotopensignaturen der Stickstoffisotopen	212

Abbildungsverzeichnis

1.1	Blick auf den Lichtenstein	13
1.2	Grundriss der Lichtensteinhöhle	14
1.3	Ungeordnete Knochenlage im Berndsaal	15
1.4	Knochenfunde zwischen Berndsaal und Reinhardsgrotte	16
3.1	Metatarsalia im anatomischen Verbund	29
3.2	Schematische Darstellung der Vererbung des mitochondrialen sowie Y-chromosomalen Haplotyps	32
3.3	Vergleich der Darstellung einer Familiengruppe in der Genealogie und der Lebendbevölkerung	35
4.1	Anzahl geborgener sowie molekulargenetisch untersuchter Skelettelemente	39
4.2	Anteil der geborgenen Knochen von den erwarteten Skelettelementen	41
4.3	Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M1	44
4.4	Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums F13	45
4.5	Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M21	45
4.6	Lage der einzelnen Skelettelemente des Individuums M5	46
4.7	Darstellung der Lebendbevölkerung der bestatteten Individuen nach deren Position in der Höhle	48
5.1	Körperhöhen der erwachsenen Individuen aus der Lichtensteinhöhle	62
5.2	Unterarm-Teilskelett des Individuums F17	123
5.3	Anzahl der jeweils insgesamt zugeordneten Skelettelemente nach Altersklassen	124
5.4	Anzahl der jeweils genetisch zugeordneten Skelettelemente nach Altersklassen	124
6.1	Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle	126
6.2	Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle mit Unterteilung der Altersklassen	127
6.3	Vergleich der mittleren Lebenserwartung der Lichtensteinhöhle mit verschiedenen bronzezeitlichen Serien Deutschlands	130
6.4	Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle nach Geschlechtern	132
6.5	Sterbealtersverteilung in der Lichtensteinhöhle nach Geschlechtern mit Unterteilung der Altersklassen	132
7.1	Rekonstruktion der genealogischen Strukturen der in der Lichtensteinhöhle identifizierten Individuen	136
7.2	Darstellung einer Lebendbevölkerung auf Basis der Genealogie	138
7.3	Auswirkungen der Geburtenreihenfolge am Beispiel der Familie von F24	139
7.4	Ausschnitt der Familiengruppe C.1 aus der Lebendbevölkerung	148
7.5	Darstellung der Genealogie mit Angaben zur Herkunftsbestimmung anhand der Isotopensignaturen	153
8.1	Vergleich der Häufigkeitsverteilungen der mitochondrialen Haplotypen sowie der Individuen auf die vier Haplogruppen	158
8.2	Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und europäischen Jäger-Sammlergesellschaften	159
8.3	Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und neolithischen Gruppen Europas	160

8.4	Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen zwischen der Lichtensteinhöhle und der rezenten Deutschen, beziehungsweise europäischen Population . . .	161
8.5	Diachroner Vergleich der mitochondrialen Haplogruppen in Mitteleuropa . .	162
8.6	Vergleich der SNP-Anzahl zwischen den vier identifizierten Haplogruppen .	164
8.7	Diachroner Vergleich der Y-chromosomalen Haplogruppen in Europa	167

Anhang

A Liste vorheriger Arbeiten am Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle

Autor	Jahr	Titel	Abschluss
Burger, J	1997	Erhaltungszustand von DNA aus praehistorischen Zähnen unterschiedlichen Liegemilieus und verschiedener Art der Lagerung	Magisterarbeit
Schultes, T	1997	Zuordnung isolierter Skelettelemente mittels Typisierung von alter DNA	Diplomarbeit
Haack, K	1999	Detektion von aDNA-Sequenzen mit über 300 bp Länge aus menschlichen bodengelagerten Skelettmaterial	Diplomarbeit
Schmerer, WM	1999	Optimierung der STR-Genotypenanalyse an Extrakten alter DNA aus bodengelagertem menschlichem Skelettmaterial	Dissertation
Burger, J	2000	Sequenzierung, RFLP-Analyse und STR-Genotypisierung alter DNA aus archäologischen Funden und historischen Werkstoffen	Dissertation
Krebs, O	2000	Extraktion von aDNA aus stark inhibierten Proben durch HPLC	Diplomarbeit
Müller, A	2000	DNA-Extraktion aus Knochen – ein Methodenvergleich	Diplomarbeit
Schultes, T	2000	Typisierung alter DNA zur Rekonstruktion von Verwandtschaft in einem bronzezeitlichen Skelettkollektiv	Dissertation
Müller, B	2002	Design einer Multiplex-PCR zur Typisierung von Y-STR Haplotypen aus degradiertes DNA	Diplomarbeit
Hess, C	2003	Prinzipien des Nachweises langer Deletionen an degradiertes DNA aus forensischem und historischem Probenmaterial	Diplomarbeit
Schilz, F	2003	Design einer Multiplex-PCR zur Typisierung von 16 short tandem repeats in degradiertes DNA aus forensischem und historischem Probenmaterial	Diplomarbeit
Bertermann, U	2004	Alte STR- Haplotypen und delta32 ccr5 – Untersuchungen zur Datierungsfrage einer immunologisch relevanten Mutation an Skelettfunden der Lichtensteinhöhle und des Frankenbergquartiers	Staatsexamensarbeit
Pollmann, J	2004	Zerstörungsfreie DNA - Extraktion aus historischen Skelettelementen.	Diplomarbeit
Schmidt, D	2004	Entwicklung neuer Markersysteme für die ancient DNA - Analyse	Dissertation
Croll, St	2005	Fingerprinting an Tibiae aus der Lichtensteinhöhle – Molekulargenetische Analysen von short tandem repeats zur Aufdeckung von Verteilungsmustern isoliert vorliegender Skelettelemente aus einer bronzezeitlichen gestörten Fundsituation	Diplomarbeit
Gaertner, S	2005	Fingerprinting an bronzezeitlichen Ossa radii – Molekulargenetische Analysen von short tandem repeats zur Aufdeckung von Verteilungsmustern isoliert vorliegender Skelettelemente aus einer gestörten Fundsituation	Staatsexamensarbeit
Fulge, M	2005	Laktosetoleranz in der bronzezeitlichen Lichtensteinhöhle – Molekulargenetischer Nachweis des Polymorphismus C/T 13910 an prähistorischer DNA	Staatsexamensarbeit

A LISTE VORHERIGER ARBEITEN AM SKELETTKOLLEKTIV DER LICHTENSTEINHÖHLE

Autor	Jahr	Titel	Abschluss
Klingner, S	2005	Fingerprinting an Calcanei aus der Lichtensteinhöhle – Molekulargenetische Analysen von short tandem repeats zur Aufdeckung von Verteilungsmustern isoliert vorliegender Skelettelemente aus einer bronzeitlich gestörten Fundsituation	Diplomarbeit
Mußlick, D	2005	Fingerprinting an Humeri aus der Lichtensteinhöhle – Molekulargenetische Analysen an short tandem repeats zur Aufdeckung von Verteilungsmustern isoliert vorliegender Skelettelemente aus einer bronzeitlich gestörten Fundsituation	Diplomarbeit
Puder, Y	2005	Molekulargenetische Identifikationen der Allelhäufigkeit eines immungenetischen Markers der IL-6-Promotorregion bei bronzeitlichen Individuen aus Mitteleuropa	Diplomarbeit
Stauch, J	2005	Die Lichtensteinhöhle im Harz – Archäologisch-anthropologische Untersuchungen anhand isolierter Skelettreste eines Individuums mit Trepanation aus einem bronzeitlichen Skelettkollektiv	Magisterarbeit
Zierdt, H	2005	Steroidhormone in bodengelagertem Skelettmaterial – Ein Ansatz zur Abschätzung von Fertilitätsparametern in historischen Bevölkerungen	Dissertation
Adler, M	2006	Degradierungsmuster alter DNA Quantifizierung von DNA-Erhaltung unterschiedlicher chromosomaler Lokalisation durch Real-Time-PCR	Diplomarbeit
Krause, S	2006	Genetische Analysen zur Bestimmung der Allelfrequenz von C282Y/H63D (erbliche Eisenspeicherkrankheit) an Skelettelementen eines bronzeitlichen Fundkomplexes	Staatsexamensarbeit
Schilz, F	2006	Molekulargenetische Verwandtschaftsanalysen am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle	Dissertation
Scholten, A	2006	Genetische Analysen zur Bestimmung der Allelfrequenz von $\Delta F508$ an menschlichen Skelettelementen eines bronzeitlichen Fundkomplexes	Diplomarbeit
Wenzel, M	2006	Optimierung der Parameter der Probenvorbereitung und Extraktion mit dem BioRobot EZ1	Diplomarbeit
Otto, M	2007	Mitochondriale Haplotypen in einer rezenten Bevölkerung des Harzvorlandes	Staatsexamensarbeit
Riesen, M	2007	Y-chromosomale Haplotypen in einer rezenten Bevölkerung des Harzvorlandes	Staatsexamensarbeit
Stelz, S	2007	Untersuchungen zur DNA-Degradierung in Abhängigkeit von Zustand, Aufbereitung und Lagerungsdauer des Probenmaterials	Diplomarbeit
Suray, D	2007	Interleukin-10-Haplotypen eines bronzeitlichen Skelettkollektivs aus dem Harzer Vorland.	Diplomarbeit
Jungk, A	2008	Identifikation und Zuordnung von prähistorischen menschlichen Skelettelementen der oberen Extremität aus zwei Abschnitten der Lichtensteinhöhle	Staatsexamensarbeit
Pepperl, J	2008	Immungenetische Marker im Wandel der Zeit. Molekulargenetische Analyse von single nucleotide Polymorphismen immungenetischer Rezeptoren und Interleukine in historischen Bevölkerungen.	Dissertation

A LISTE VORHERIGER ARBEITEN AM SKELETTKOLLEKTIV DER LICHTENSTEINHÖHLE

Autor	Jahr	Titel	Abschluss
Schiel, M	2008	Identifikation und Zuordnung von prähistorischen menschlichen Skelettelementen aus zwei Abschnitten der Lichtensteinhöhle	Bachelorarbeit
Hollerbuhl, T	2009	Identifikation und Zuordnung prähistorischer menschlicher Skelettelemente aus dem Bernd-Saal der Lichtensteinhöhle anhand morphologischer und molekulargenetischer Kriterien	Diplomarbeit
Söchtig, J	2009	Entwicklung von molekulargenetischen Analysesystemen zur Rekonstruktion der Pigmentierung von Augen und Haaren	Diplomarbeit
Schubert, J	2009	Identifikation und Zuordnung prähistorischer menschlicher Skelettelemente aus der Reinhardsgrotte und der Fiddi-Kluft der Lichtensteinhöhle anhand morphologischer und molekulargenetischer Kriterien	Diplomarbeit
Blume, A	2010	Zur Frage der Nutzung der Lichtensteinhöhle als Primär- oder Sekundärbestattungsplatz – Prüfung des DNA-Erhalts auf Abhängigkeit von in situ-Lage und Individuenzugehörigkeit genetisch analysierter Skelettelemente	Bachelorarbeit
Brandt, A	2010	Untersuchung der Mikrostruktur der Femurkompakta mit dem Ziel der Altersdiagnose und der Dokumentation hypermineralisierter Linien am prähistorischen Skelettkollektiv der Lichtensteinhöhle	Bachelorarbeit
Knorre, K	2010	Zur Frage der Nutzung der Lichtensteinhöhle als Primär- oder Sekundärbestattungsplatz – Untersuchung von Dekompositionerscheinungen an ausgewählten, menschlichen Skelettelementen	Bachelorarbeit
Mazanec, J	2010	Die Lichtensteinhöhle als genetisches Archiv – Untersuchung des Markers delta32ccr5 an den bronzezeitlichen Individuen	Diplomarbeit
Merkes, M	2010	Zur Frage der Nutzung der Lichtensteinhöhle als Primär- oder Sekundärbestattungsplatz – Klassifizierung und Bewertung der Oberflächentextur ausgewählter menschlicher Skelettelemente	Bachelorarbeit
Oberthür, R	2010	Rekonstruktion der Körperhöhe aus Maßen der Langknochen von Individuen des prähistorischen Skelettkollektives der Lichtensteinhöhle	Bachelorarbeit
Seebode, C	2010	Die Lichtensteinhöhle als genetisches Archiv – Untersuchung des Laktosetoleranzmarkers C/T 13910 an den bronzezeitlichen Individuen	Diplomarbeit
Zeidler, S	2010	Zur Frage der Nutzung der Lichtensteinhöhle als Primär- oder Sekundärbestattungsplatz – Eine Analyse des Verteilungsmusters und Streuungsgrad innerhalb der Höhle.	Bachelorarbeit
Becker, M	2011	Molekulargenetische Überprüfung morphologischer Zuordnungen von isolierten Skelettelementen aus der bronzezeitlichen Lichtensteinhöhle	Diplomarbeit
Rohlf, J	2011	Molekulargenetische Typisierung der Rhesusfaktor D-Eigenschaften in bronzezeitlichen Individuen der Lichtensteinhöhle	Diplomarbeit
Blume, A	2012	Prehistoric Risk Behavior: Development of an analysis system for the 48bp variable number of tandem repeats polymorphism of the human dopamine receptor D4 (DRD4) applicable to aDNA	Masterarbeit

A LISTE VORHERIGER ARBEITEN AM SKELETTKOLLEKTIV DER LICHTENSTEINHÖHLE

Autor	Jahr	Titel	Abschluss
Krause, I	2012	Reconstruction of the iris pigmentation from individuals of a Bronze Age archeological site	Masterarbeit
Schücker, K	2012	Analyses of hair pigmentation of human remains from the Bronze Age	Masterarbeit
Seidenberg, V	2016	Ein bronzzeitlicher Familienclan als genetisches Archiv. Morphologisch-paläogenetische Bearbeitung des Skelettkollektivs aus der Lichtensteinhöhle.	Dissertation
Meißner, L	2018	Investigation of single nucleotide polymorphisms associated with thrombophilia on samples from patients who died from pulmonary embolism and aDNA samples from the bronze age Lichtenstein cave	Masterarbeit
Schmidt, N	2018	Forensic DNA phenotyping of ancient and forensic DNA material using a nanofluidic high-throughput genotyping method	Masterarbeit
Schulz, A	2018	Allele determination of the dopamine D4 receptor (DRD4) as an indicator for increased risk-taking behavior in (pre-) historic skeletal material	Masterarbeit
Kuhle, E	2020	Überarbeitung und Vervollständigung der genetischen Typisierung ausgewählter Individuen aus der bronzzeitlichen Lichtensteinhöhle	Bachelorarbeit
Schwan, A	2020	Versuch der Rekonstruktion einer bronzzeitlichen Lebewbevölkerung	Bachelorarbeit
Klotz	2021	Evolution and Consequences of the Genetic Mutations delta32ccr5 and C/T 13910 - An Inverstigation of Bronze Age Skeletal Individuals from the Lichtenstein Cave (Lower Saxony)	Masterarbeit

B Abkürzungen und Einheiten

Δ	Delta (für Deletion)
°C	Grad Celsius
%	Prozent
‰	Promill
&	und
6-FAM	6-carboxy-fluorescein
A	Adenin
Abb.	Abbildung
aDNA	ancient DNA
aq. dest.	destilliertes Wasser
aq. bidest.	doppelt destilliertes Wasser
BC	before Christ (vor Christus)
BDT	BigDye [®] Terminator v1.1 Ready Reaction Mix
bp	Basenpaar
bzw.	beziehungsweise
C	Cytosin
cm	Zentimeter
DNA	deoxyribonucleic acid (Desoxyribonukleinsäure)
ddNTP	Didesoxynukleosid Triphosphat
dNTP	Desoxynukleosid Triphosphat
DRD4	Dopamin Rezeptor D4
EDTA	ethylenediaminetetraacetic acid
EDTA*	ethylenedinitrilotetraacetic acid (Titriplex [®] III)
et al.	et alii (und andere)
evtl.	eventuell
F...	Frau... (Bezeichnung von Individuen)
g	Gramm
G	Guanin
GS	Gene Scan
H ₂ O	RNase-freies Wasser
Ha	Hallstatt
HEX	4,7,2',4',5',7'-hexachloro-6-carboxy-fluorescein
Hi-Di	highly-deionized
HPLC-Wasser	LiChrosolv [®] Water for chromatography
HVR	Hypervariable Region
Hz	Hertz (Schwingungen pro Sekunde)
IL	Interleukin
kb	Kilobase(n)
LIZ	Fluoreszenzfarbstoff (orange) (Applied Biosystems [®] , unpubliziert)
M	molar
M...	Mann... (Bezeichnung von Individuen)

mbar	Millibar
mg	Milligramm
min	Minute(n)
ml	Milliliter
µl	Mikroliter
mm	Millimeter
µm	Mikrometer
µM	Mikromolar
mtDNA	mitochondriale DNA
n	Anzahl
nd	nicht determiniert
NED	2-chloro-5'-fluoro-7',8'-benzo-1,4-dichloro-6-carboxyfluorescein
NTC/NC	no template control/negative control (Negativkontrolle)
PC	positive control (Positivkontrolle)
PCR	polymerase chain reaction (Polymerasekettenreaktion)
PET	Fluoreszenzfarbstoff (rot) (Applied Biosystems [®] , unpubliziert)
pH	potential of hydrogen
POP	Performance Optimized Polymer
Proteinase K	'K' steht für Keratin
®	registered trademark
rcf	relative centrifugal forces
rCRS	revised Cambridge Reference Sequence
RFLP	restriction fragment length polymorphism
rfu	relative fluorescent units (relative Fluoreszenzeinheiten)
Rh	Rhesus
ROX	6-carboxy-X-rhodamine
rpm	rounds per minute
s.	siehe
Sek	Sekunde(n)
SDS	sodium dodecyl sulfate
SNP	single nucleotide polymorphism
STR	short tandem repeat
T	Thymin
Tab.	Tabelle
Taq	<i>Thermus aquaticus</i>
TBE buffer	tris-borate-EDTA* buffer
™	trademark
TLR	toll-like Rezeptor
U	unified atomic mass unit (atomare Masseneinheit)
UV	ultraviolet
V	voltage (Spannung)
v. Chr.	vor Christus
vgl.	vergleiche

VIC	2'-chloro-7'-phenyl-1,4-dichloro-6-carboxy-fluorescein
VNTR	variable number tandem repeat
wt	Wildtyp
z.B	zum Beispiel

C Verwendete Chemikalien, Einwegmaterialien, Geräte und Software

C.1 Chemikalien

70% Ethanol

Agarose NEEO Ultra-Qualität Roti[®] garose für die DNA/RNA-Elektrophorese (Carlroth[®])

Alconox[®] Powdered Precision Cleaner (Alconox[®])

Allelleitern Multiplex-PCRs (im Institut selbst hergestellt)

AmpliTaQ Gold[®] 360 Master Mix (Applied Biosystems[®])

BigDye[®] Terminator v1.1 5x Sequencing Buffer (Applied Biosystems[®])

BigDye[®] Terminator v1.1 Ready Reaction Mix;

Farbmarkierungen der ddNTPs: A-grün, T-rot, G-gelb, C-blau (Applied Biosystems[®])

Borsäure EMSURE[®] ACS,ISO,Reag. Ph Eur, M=61.83 g/mol (Merck KGaA)

Bromophenol Blue sodium salt (Sigma-Aldrich[®])

Buffer PB Binding buffer (Qiagen[®])

Buffer PE Wash buffer (Qiagen[®])

Destilliertes Wasser

Doppelt destilliertes Wasser

Ethidiumbromidlösung (Sigma-Aldrich[®] Fluka Bio Chemika)

Ethanol (absolut)

ExoSAP-IT[™] Express reagent (affymetrix, ThermoFisher Scientific)

GeneScan[™] 500 ROX[™] Size Standard (Applied Biosystems[™])

GeneScan[™] 600 LIZ[™] Size Standard (Applied Biosystems[™])

Hi-Di[™] Formamide (Applied Biosystems[®])

LiChrosolv[®] Water for chromatography (Merck KGaA)

Loading dye (10 ml enthalten 0.025 g Bromophenol Blue sodium salt, 4 g Saccharose gelöst in aq.dest.)

Low Molecular Weight DNA Ladder (New England Biolabs[®] Inc.)

Multiplex PCR Master Mix plus (2x) (Qiagen[®])

Natriumacetat, pH 5.2 ± 0.1 (Sigma[®] Life Science)

Natriumhypochloritlösung 12.5% Cl DAC, 6.0-13.0 m/m active chlorine (Hedinger) (verdünnt auf 6.25%)

POP 7[™] 3500 Series (384) (Applied Biosystems[®])

Primer für HVRs (Tab. C.1)

Primersets Heptaplex PCR, Dekaplex PCR, Y-Dekaplex PCR (Tabellen C.2 - C.4)

Proteinase K 0.01 M, 600 mAnson-U/ml, pH 7.5 (Merck KGaA)

rAPid Alkaline Phosphatase 1 U/µl (Roche)
RNase-free water (Qiagen®)
Saccharose (für Biochemie), M=342.30 g/mol (Merck KGaA)
Sodium dodecyl sulfate 10 mg/ml (Sigma® Life Science)
Titriplex® III (ethylenedinitrilotetraacetic acid disodium salt dihydrate), M=372.24 g/mol (Merck KGaA)
Tris-borate-EDTA* buffer (1x; 1l contains 10.903 g tris, 5.565 g H₃BO₃, 0.931 g EDTA* gelöst in aq.dest.)
TRIS PUFFERAN® ≥99,3 %, Buffer Grade, M=121.14 g/mol (Carlroth®)
UltraPure™ 0.5 M EDTA, pH 8.0 (invitrogen™ by life technologies™)

Tabelle C.1: Primersequenzen für die Amplifikation der HVRs

Abschnitt	Primer	Primersequenz (5' → 3')	Produktlänge	µM in PCR
HVR I	mt_H_15995	GCTAAGATTCTAATTTAAACTATTCT	262 bp	0,2
	mt_L_16256	GCTTTGGAGTTGCAGTTGATGTGT		
HVR I	mt_H_16194	ATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA	236 bp	0,2
	mt_L_16429	GCGGGATATTGATTTACACGGA		
HVR II	mt_H_034	GGGAGCTCTCCATGCATTTG	229 bp	0,2
	mt_L_262	GGCTGTGCAGACATTCAATTGT		
HVR II	mt_H_159	TATCGCACCTACGTTCAATATTACAG	254 bp	0,2
	mt_L_412	CGCCAAAAGATAAAAATTTGAAATC		

Primersequenzen für HVR I vgl. Fehren-Schmitz (2008), Sequenzen für HVR II nicht publiziert

Tabelle C.2: Heptaplex-Primerset

Marker		Primersequenz (5' → 3')	Farbstoff	µM in PCR
Amelogenin	up	CCCTGGGCTCTGTAAAGAATAGTG	6-FAM	0,2
	low	AGCTGATGGTAGGAAGTGTAAAAT		
D13S317	up	CTAACGCCTATCTGTATTTACAAATA	6-FAM	0,16
	low	AGCCCAAAAAGACAGACAGA		
D21S11	up	CAATTCCCCAAGTGAATTGC	6-FAM	0,24
	low	GGAGGTAGATAGACTGGATAGATAGAC		
D18S51	up	CACTGCACTTCACTCTGAGTGAC	HEX	0,28
	low	GTGTGTGGAGATGTCTTACAATAACA		
TH01	up	GCCTGTTCCCTCCCTTATTTTC	NED	0,24
	low	ATTCCGAGTGCAGGTCACAG		
D5S818	up	GGTATCCTTATGTAATATTTTGAAGAT	NED	0,15
	low	ATCATAGCCACAGTTTACAACATT		
FGA	up	AATAAAATTAGGCATATTTACAAGCTAG	NED	0,32
	low	ATTGCTGAGTGATTTGTCTGTAATTG		

Primerdesign vgl. Seidenberg et al. (2012)

Tabelle C.3: Dekaplex-Primerset

Marker		Primersequenz (5' → 3')	Farbstoff	µM in PCR
Amelogenin	up	CCTGGGCTCTGTAAAGAATAGTG	6-FAM	0,6
	low	AGCTGATGGTAGGAACGTGAAAAAT		
D9S1120	up	TGTGTGGGTATATATTATATGTAGTGTATAGA	6-FAM	0,2
	low	ATTCTTACTATAGAACATAGGACTCACATATT		
VWA	up	TGATAAATAGATACATAGGTTAGATAGAGATAG	6-FAM	0,2
	low	ACTAGTGGATGATAAGAATAATCAGTATGT		
D16S539	up	CTCTTCCCTAGATCAATACAGACAG	VIC	0,16
	low	ACATCTCTGTTTTGTCTTTCAATGA		
D7S820	up	ACCAAATATTGGTAATTAATGTTTACTA	VIC	0,3
	low	GGGTATGATAGAACACTTGTCATAGTT		
D21S11	up	CCAAGTGAATTGCCTTCTATCTA	VIC	0,2
	low	GTTGTATTAGTCAATGTTCTCCAGAG		
D3S1358	up	TCTCTTATACTCATGAAATCAACAGAG	NED	0,16
	low	GAGCAAGACCCTGTCTCATAGA		
D2S1338	up	GCCATAATCATGAGTTATTCAGT	NED	0,2
	low	ACATAATCCAGCTGTGGGAGG		
D19S433	up	ATAAAAATCTTCTCTTTTCTTCTCT	PET	0,3
	low	AGAATAAGATTCTGTTGAAGGAAA		
D8S1179	up	ACGGCCTGGCAACTTATATG	PET	0,2
	low	ATTGCGTGAATATGCCTTAATTTA		

Primerdesign vgl. Seidenberg (2016)

Tabelle C.4: Y-Dekaplex-Primerset

Marker		Primersequenz (5' → 3')	Farbstoff	µM in PCR
DYS19	up	CTGAGTTTCTGTTATAGTGTTTTTTAATATAT	6-FAM	0,15
	low	ATGGGTTAAGGAGAGTGTCACTATAT		
DYS389	up	ATCCAACCTCATCTGTATTATCTATGT	6-FAM	0,4
	low	GACTGCTAGATAAATAGATAGATTGATAGAG		
DYS385	up	AGAGAAAGAGGAAAGAGAAAGAAAG	VIC	0,4
	low	AAAAATAATCTATCTATTCCAATTACATAGTC		
DYS438	up	GAATAGTTGAACGGTAAACAGTATATTT	VIC	0,2
	low	GAGTGAACCTCCATTTCAAATAGAA		
DYS390	up	CATTTTGGTACCCATAATATATTC	NED	0,2
	low	AGCAATGTGTATACTCAGAAACAAG		
DYS393	up	GTGGTCTTCTACTTGTGTCAATAC	NED	0,15
	low	AAAACCTCAAGTCCAAAAAATGAGG		
DYS439	up	GGAGACAGATAGATGATAAATAGAAGAT	NED	0,1
	low	ACCATCATCTCTTTACTTATACTTTCTATC		
DYS391	up	CTCTTGTGTATCTATTCATTCAATCATA	PET	0,2
	low	AAATTGCCATAGAGGGATAGGTAG		
DYS392	up	CTACCAATCCCATTCCCTTAGTAAA	PET	0,2
	low	AAGGAAAACAATTTTTTTCTTGTA		
DYS437	up	AGTGATCCTCCTACCTCAGTCTC	PET	0,25
	low	ACCACAGATAAATATCATTTCATAGATAA		

Primerdesign vgl. von Grumbkow (2013)

C.2 Einwegmaterialien

Einweghandschuhe MediSafe (Careline)
Einweghandschuhe Gentle Skin[®] classic (Meditrade[®])
Einweghandschuhe NITRIL NextGen[®] (Meditrade[®])
epT.I.P.S.[®] pipette tips standard/bulk (0.5-20 µl) (eppendorf[®])
Falcon Tubes 15 and 50 ml (Sarstedt)
MinElute Spin Columns + Collection Tubes (Qiagen[®])
NucleoSEQ[®] Säulchen (Macherey-Nagel)
OP-Gesichtsmaske (Farstar[®] medical)
Parafilm[®] "M"[®] laboratory film (Pechiney plastic packaging)
Quality pipette tips (0.1-10 µl, 200 µl, 1000 µl) (Sarstedt)
Safe-Lock Tubes[®] (0.5 and 2.0 ml) (eppendorf[®])
Surgical Hood Barrier[®] (Mölnlycke Healthcare) Wägebapier MN 226 (Macherey-Nagel)

C.3 Geräte und Werkzeuge

3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems[®])
Agarosegelkammer Horizontal Gel Electrophoresis System Horizon[™] 58
(+ Käbme mit 8, bzw. 14 Taschen) (Bethesda Research Laboratories)
Agarosegelkammer Migration chamber
 midi-large horizontal (+ Käbme mit 22, bzw. 26 Taschen) &
 mini horizontal (+ Käbme mit 11, bzw. 13 Taschen) (G&P Labor & Kunststofftechnik)
Diamantsägeblatt (Horico[®])
Digitalwaage Acculab[®] VIC212 (sartorius group)
Electronic shaker Vibrofix VF1 (IKA[®])
Electrophoresis power supply ST 606 (Gibco[®] BRL life technologies)
Equipment für QiaVac Extraktion (Qiagen[®])
Heizofen Typ B 5028 (Heraeus)
Intas[®] UV-Systeme
K-Control Fußpedal (KaVo)
K-POWERgrip Handstück 4941 (KaVo)
Kugelschwingmühle MM 200 (Retsch[®])
Lab dancer (IKA[®])
Magnetrührer RET (Ikamag[®])
Mastercycler[®] (eppendorf[®])
Mastercycler[®] gradient (eppendorf[®])
Mastercycler[®] personal (eppendorf[®])
Mörser
Pinzette
Pipetten Reference[®] (0.1-0.25 µl, 0.5-10 µl, 2-20 µl, 10-100 µl, 50-200 µl, 50-250 µl,
 100-1000 µl, 500-2500 µl) (eppendorf[®])
Pipetten Research[®] plus (0.5-10 µl, 2-20 µl) (eppendorf[®])
Retainer & Base Set (Standard) for 3500/3500xL Genetic Analyzers, 96 well

(Applied Biosystems®)
Test-tube-rotator 34528 (snijders)
Thermomixer® comfort (eppendorf®)
Vacuumpumpe Laboport® (KnF)
Waage Balance 1205 MP (sartorius group)
Zentrifuge 5415R (eppendorf®)
Zentrifuge 5430 (eppendorf®)

C.4 Software

3500 Data Collection Software 2
DNASTar Lasergene 10 software package (including SeqMan Pro, MegAlign, and EditSeq)
GeneMapper® Software 5
GeneScan® Analysis Software v3.1.2
Inkscape 0.92.5
Intas® Science Imaging GDS
JabRef 5.0
Microsoft Office 365
MiKTeX Console 2.9.7364
R version 3.6.3
Sequencing Analysis Software 6
Texmaker 5.0.4

D Protokolle der genetischen Laboranalysen

Die verwendeten Protokolle und Reaktionsansätze werden im folgenden lediglich kurz geschildert. Ausführliche Informationen finden sich in den Arbeiten von Fehren-Schmitz (2008), Seidenberg et al. (2012), von Grumbkow (2013), Seidenberg (2016) und Frischalowski et al. (2015). Angaben zu Herstellern und Eigenschaften der verwendeten Chemikalien und Geräte finden sich in den Kapiteln C und B. Zur Kontaminationsvermeidung wurde entsprechende Schutzkleidung getragen. Dennoch wurde in jeder PCR eine Negativkontrolle mitgeführt, um eventuelle Kontaminationen der verwendeten Chemikalien umgehend zu erkennen.

Probenvorbereitung

Abhängig von der Art der Probe wurde zur Entfernung eventuell anhaftender Fremd-DNA entweder die Oberfläche des Knochens abgetragen (Langknochen) und anschließend ein Stück ausgesägt (mindestens 0,3g) oder die entnommene Probe anschließend für maximal 2 Minuten in 6,25%iger Natriumhypochlorit-Lösung dekontaminiert und über Nacht getrocknet (restliche Skelettelemente).

- Zerkleinerung der Proben mittels Kugelschwingmühle (24Hz, 10 - 30 Sek)
- Inkubation von 0,25g Knochen-/Zahnpulver (18 Stunden, 37°C) in 3900ml EDTA + 100 µl Proteinase K
- Zugabe von 50 µl Proteinase K und Inkubation (2 Stunden, 56°C)
- Zugabe von 50 µl SDS und Inkubation (5 Minuten, 65°C)
- Zentrifugation des Lysats (3 Minuten, 3300rcf)

Extraktion

- Überstand des Lysats + 16ml PB-Buffer + 100 µl Natriumacetat
- Zentrifugation des Gemischs (3 Minuten, 3300rcf)
- Überführen des Überstands in MinElute-Säulchen (Trichteraufsatz)
- Entfernen der Flüssigkeit durch Anlegen eines Vakuums (-850mbar)
- Zugabe von 700 µl PE-Buffer, Inkubation für 5 Minuten, Entfernen der Flüssigkeit durch Vakuum
- Vorherigen Schritt 2 Mal wiederholen
- MinElute-Säulchen in Collection Tube zentrifugieren (1 Minute, 13.000rpm)
- Säulchen in neues Eppendorf Cup (2ml) einsetzen
- Restliche Pufferflüssigkeit bei geöffnetem Deckel (abgedeckt) abdampfen lassen (15 - 30 Minuten)

- 20 µl H₂O (vorgewärmt auf 56°C) auf die MinElute-Membran pipettieren, 5 Minuten inkubieren und zentrifugieren (1 Minute, 13.000rpm)
- Vorherigen Schritt 2 Mal wiederholen
- Eluat mit extrahierter DNA bei -20°C aufbewahren

Amplifikation & Auswertung

Die Amplifikation der zu untersuchenden STR-Systeme erfolgte mittels multiplex-PCRs, während die Abschnitte der mitochondrialen HVRs in singleplex-PCRs vervielfältigt wurden. Der Einsatz des DNA-Extrakts wurde an die einzelnen Proben angepasst und das Reaktionsvolumen der PCR-Ansätze mit RNase-freiem Wasser auf 25 µl (20 µl bei Sequenzier-PCR) aufgefüllt:

Heptaplex-PCR

PCR-Ansatz:

- 12,5 µl Qiagen MM plus
- 2,85 µl Primerset
- 9,65 µl maximaler DNA-Einsatz

Cyclingparameter:

- Initial: 95°C - 5 Minuten
- Denaturierung: 94°C - 1 Minute; Annealing + Elongation: 59°C - 2,5 Minuten
- 40 Zyklen (bei stärkerer DNA-Degradierung ggf. erhöhen)
- Endadenylierung: 60°C - 45 Minuten

Dekaplex-PCR

- 12,5 µl Qiagen MM plus
- 1,98 µl Primerset
- 0,07 µl Ammoniumsulfat (\cong 8 mM)
- 10,45 µl maximaler DNA-Einsatz

Cyclingparameter:

- Initial: 95°C - 5 Minuten
- Denaturierung: 94°C - 1 Minute; Annealing: 56°C - 1,5 Minuten; Elongation: 72°C - 1 Minute
- 40 Zyklen (bei stärkerer DNA-Degradierung ggf. erhöhen)
- Endadenylierung: 60°C - 45 Minuten

Y-Dekaplex-PCR

- 12,5 µl Qiagen MM plus
- 2,25 µl Primerset
- 0,25 µl Ammoniumsulfat (\cong 30 mM)
- 10 µl maximaler DNA-Einsatz

Cyclingparameter:

- Initial: 95°C - 5 Minuten
- Denaturierung: 94°C - 1 Minute; Annealing: 62°C - 1,5 Minuten; Elongation: 70°C - 1 Minute
- 10 Zyklen
- Denaturierung: 90°C - 1 Minute; Annealing: 59°C - 1,5 Minuten; Elongation: 70°C - 1 Minute
- 30 Zyklen (bei stärkerer DNA-Degradierung ggf. erhöhen)
- Endadenylierung: 60°C - 45 Minuten

Singleplex-PCR HVRs

- 12,5 µl 360°MM
- 0,5 µl Primer_up (0,2 µM)
- 0,5 µl Primer_low (0,2 µM)
- 11,5 µl maximaler DNA-Einsatz

Cyclingparameter:

- Initial: 95°C - 10 Minuten
- Denaturierung: 95°C - 1 Minute; Annealing: 55°C (HVR I)/57°C (HVR II) - 1 Minute; Elongation: 72°C - 1,5 Minuten
- 40 Zyklen (bei stärkerer DNA-Degradierung ggf. erhöhen)
- Endadenylierung: 60°C - 45 Minuten

Der Amplifikationserfolg wurde mittels Agarosegelelektrophorese überprüft. Hierzu wurde ein 2,5%iges Agarosegel hergestellt und vor dem Aushärten Ethidiumbromid zugegeben, welches später in die DNA interkalierte und diese somit unter 254nm UV-Licht erkennbar machte. Das Amplifikationsprodukt wurde mit Loading Dye versetzt und als Längenstandard eine Low Molecular Weight DNA Leiter zugegeben.

Die Fragmentlängenanalyse der amplifizierten STR-Systeme folgte im Anschluss, wobei anhand der Intensität des Bandenmusters der Einsatz (0,1 - 2 µl) des Amplifikationsprodukts für die Kapillarelektrophorese abgeschätzt wurde. Das PCR-Produkt wurde mit 12 µl HiDi-Formamid sowie 0,25 µl des lane internal standard ROX 500 (Heptaplex) oder LIZ 600 ((Y-)Dekaplex) versetzt und in die Kapillarelektrophorese eingesetzt. Die Befüllung der 36cm Kapillaren erfolgte mit POP7. Für die Datenaufnahme wurde die 3500 Data Collection Software 2, für die Fragmentlängenanalyse die GeneMapper[®] Software 5 verwendet.

Die PCR-Produkte der Singleplex-PCRs zur Amplifikation der HVRs wurden nach der Agarosegelelektrophorese zunächst enzymatisch aufgereinigt, eine Sequenz-PCR sowie eine zweite Aufreinigung durchgeführt:

Enzymatische Aufreinigung der PCR-Produkte

- 5 µl PCR-Produkt + 2 µl ExoSAP-IT Express reagent
- Inkubation (4 Minuten, 37°C)
- Inaktivierung (1 Minute, 80°C)

Sequenzier-PCR

- 4 µl Seq Buffer (5x) BDT
- 2 µl BDT
- 0,3 µl entsprechender Primer
- 13,7 µl maximaler Einsatz aufgereinigtes PCR-Produkt

Cyclingparameter:

- Initial: 96°C- 10 Minuten
- Denaturierung: 96°C - 10 Sekunden; Annealing: 50°C - 5 Sekunden; Elongation: 60°C - 4 Minuten
- 25 Zyklen
- Abkühlen auf 10°C bis zur weiteren Verarbeitung

Die Aufreinigung der Sequenzier-PCR-Produkte erfolgte mittels NucleoSEQ[®] Säulchen nach Herstellerangaben. Die aufgereinigten PCR-Produkte wurden vollständig in die Kapillarelektrophorese eingesetzt. Die Datenerfassung erfolgte ebenfalls mit der 3500 Data Collection Software 2, die Sequenzanalyse anschließend mit der Sequencing Analysis Software 6.

E Einzelergebnisse der molekulargenetischen Analysen

Die im Rahmen der vorliegenden Arbeit durchgeführten umfangreichen STR-Einzeltypisierungen, die Ergebnisse der parallel angefertigten Examensarbeiten von Kuhle (2020) und Klotz (2021) sowie die Sequenziererergebnisse befinden sich auf der beigefügten CD. Eine Liste der Typisierungsergebnisse aus vorherigen Bearbeitungen findet sich in Seidenberg (2016).

F Morphologische Zuordnung zusammengehöriger, paariger Knochen

Die auf morphologischer Basis anhand individueller Merkmale und Charakteristika zusammengeordneten Knochen finden sich in den Tabellen F.1 bis F.7. Es wurde zwischen sicheren und möglichen Zuordnungen unterschieden, wobei letztere in den meisten Fällen auf die Fragmentierung von Knochen oder stärkere Dekompositionerscheinungen zurückzuführen sind.

Tabelle F.1: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Claviculae

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
305.03	237.05	933.01	929.01
541.01	65.07	1474	1158.01
1098	1834.01	1744.09	1744.10
1570	1539.02	2729.01	N969.07
1745.09	1746.01	4318.02	4315.01
1751.02	1223.02		
2092	2420		
2629	2373		
2786	1223.01		
3379.09	4063.01		
3640	3981.01		
3674	4316.01		
3841.01	3993.01		
3997.01	3794		
4060.01	4061.01		
7043.05	7043.04		

Tabelle F.2: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Humeri

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
65.05	198.01	58.14	913.18
204.01	414.01	87.08	3714
411.01	909.04 + 412.02	925.01	934.01
914.01	930.01	926.03	179.01
N965.02	1744.08 + N964.02	1745.08	1494
1004.01	305.01	1774.02	N968.05
1398.01	1035	2915	3380
1573	1492	6495	133.01
1585.03	N968.04		
1917	1948		
2009	3630		
2108	3670		
2255.03	2364		
2601	1183		
3661	4014		
3675	3745		
3710	3994		
3971	2389		
4058	3812		
4767	5503.01		
5521	3664		
7043.02	7227.02		
E11	E12		
E13	1775.03		
OF2	58.13		

Tabelle F.3: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Radii

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
87.10	3744	174	384.02
101	28	237.04	1080.01
323.02	6463	1461	3288.03
389	204.03	1827.02	909.05
393.01	1576	2106	2105
N965.03	1744.06	3190.01	909.03
1171	1944	4008	4079
1537.01	1571		
1547.04	1547.05		
1745.07	87.07		
2255.02	2395		
2593.01	1463		
2965	3082		
3695	4062		
3856.01	5424		
3998	3987		
4007	3379.03		
4310.01	3850		
4311.01	4323.01		
4559	2519		
5598	4342.01		
7043.03	7052.01		
E 25	N962.01		

Tabelle F.4: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Ulnae

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
66.03 + 58.17	177	158	005.01
87.09	87.06	256.01	935.02
323.01	1189	N965.04	N959.01
325.01	2125	1493	2784.01
410	126.01	E 19	E 20
510.01	202		
533.01	477		
920.01 + 59.07	546.01		
1147	1539.01		
1246	1826.01		
2034	4495		
2060	5597		
2255.01	2441		
2399	2442		
2460	2380		
2552	N969.04		
2966	3000.23		
3665	4070		
3702	3667		
3719	3379.01		
4015	4324.01		
4046	5192		
4052	3621		
E 21	E 22		

Tabelle F.5: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Ossa coxae und Ossa sacra

rechts	links	Os sacrum
20	911.01	na
41 + 928.04	103.03 + 113	na
84.01	182.01	na
87.13	1603	1179
154	na	155
408	479	na
411.02	415	na
653.01	56.03	na
933.03	929.28	na
N965.05	N959.03	na
1082.03	1159.01	233.01
1572	1475	1082.02
1746.03	1850.01	na
2058	1750	na
2102	2522	na
3600	3620	2078.01
3615	3475	3609
3619	na	3701
3626	5603	na
3716	na	3726
3973	na	3643
4001	3666	na
4025	3743	na
6465	1956	1946
E08	E09	na

Tabelle F.6: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Femora

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
56.01	57.02 + 926.25	58.04 + 903.02	87.11
58.02	902.01	65.01	58.03
58.05	58.01	204.02	183.01
58.06	66.02	900.01	58.07 + 903.01
67.01	1076	1457 + 1548.11	1471 + N969.10
67.03	300.01	2103	3622
105	26	3715	901.01
200	199	EOF1	E03
385	1044		
904.03	905.01		
N965.01 + 3379.29	N964.01		
1186	1911		
1827.01	1500		
1905	1916		
1928	1206.01		
2061	2030.01		
2579	1585.07		
3379.02	3742		
3605	1102		
3728	3750		
3756	3990		
4361.01	3308		
4374	4372		
5518	1103		
7030.06	6962		
E01	E02		

Tabelle F.7: Auf morphologischer Basis zusammengeordnete Tibiae

sichere Zuordnungen		mögliche Zuordnungen	
rechts	links	rechts	links
32	107	65.08	1079.01
39	27	229	533.02
186	66.01	447 + E05.02	3379.05 + 3379.13
201	1065	913.01	E30
300.02	304	915.01	1547.02
303.01	523.01	1744.35	1547.01
319	1919	3300	3299
412.01	387	3628	3474
901.03	906.02	3658	913.02
1069	321	4047	2088
1084	1484	E29	3157
1548.01	1548.02		
1745.10	1188		
2096	3704		
3380.06	5522		
3654	3729 + 4022.01		
3669	3707 + 4326.01		
3672	3720		
3703	327.02		
5533	3748		
6982	7339		
E06	N969.05		

G Isotopensignaturen

Die Tabellen G.1 und G.2 zeigen die Untersuchungsergebnisse der von Struck et al. (2018) durchgeführten Isotopenanalysen. Tabelle G.1 gibt hierbei Auskunft über die Herkunft der untersuchten Individuen, während anhand der Daten aus Tabelle G.2 Aussagen über die Ernährung und einen Stilleffekt möglich sind.

Tabelle G.1: Isotopensignaturen der Sauerstoff- und Kohlenstoffisotopen

Proben ID	Run	ZahnID	d18O VSMOW	Stdev 18O	d13C VPDB	Stdev 13C	pot. Herkunft
398		M1DM	20,73	0,17	-8,56	0,13	lokal
7075.01	a	Z36	21,9	0,12	-13,28	0,11	lokal
FN3876	a	Z36	22,01	0,08	-9,82	0,09	lokal
2263	b	Z36	22,01	0,12	-12,54	0,11	lokal
1905	b	Z36	22,06	0,1	-10,9	0,14	lokal
4b		Z43	22,27	0,14	-7,7	0,18	lokal
2263	a	Z36	22,43	0,15	-12,93	0,08	lokal
2030.01	a	Z36	22,47	0,19	-11,59	0,18	lokal
E33	a	Z36	22,49	0,07	-12,65	0,08	lokal
2030.01	b	Z36	22,54	0,02	-12,65	0,06	lokal
3742	a	Z36	22,89	0,09	-12,07	0,16	lokal
1247		M46	23,02	0,14	-8,41	0,09	lokal
1905	a	Z36	23,11	0,15	-10,92	0,17	lokal
3742	b	Z36	23,18	0,12	-11,85	0,04	lokal
5517	b	Z36	23,18	0,15	-11,31	0,14	lokal
5517	a	Z36	23,37	0,13	-13,18	0,13	lokal
1103	b	Z36	23,41	0,13	-10,77	0,1	lokal
FN969.01	a	Z36	23,45	0,15	-10,82	0,09	lokal
FN3037.02	a	Z36	23,47	0,01	-8,08	0,11	lokal
7075.01	a	Z36	23,47	0,14	-11,02	0,11	lokal
1482	a	Z36	23,51	0,19	-11,09	0,15	lokal
3713		M48	23,7	0,12	-9,52	0,15	lokal
1076	a	Z36	24,1	0,13	-11,87	0,14	lokal
902.01	a	Z36	24,13	0,2	-11,18	0,12	lokal
2588	b	Z36	24,17	0,16	-9,15	0,11	lokal
3380		Z37	24,19	0,11	-9,63	0,09	lokal
1176	b	Z36	24,23	0,13	-12,96	0,13	lokal
1482	b	Z36	24,31	0,13	-10,21	0,12	lokal
FN3876	b	Z36	24,46	0,15	-7,64	0,11	lokal
1076	b	Z36	24,59	0,13	-11,64	0,11	lokal
3757	a	Z36	24,8	0,1	-11,98	0,12	lokal
2588	a	Z36	24,86	0,11	-9,54	0,15	lokal
2388		Z75	24,92	0,27	-6,13	0,18	lokal
FN915.05	a	Z36	24,94	0,06	-6,45	0,07	lokal
3706		Z26	24,95	0,15	-6,34	0,14	lokal
3380		UK	25,06	0,27	-8,28	0,18	eingewandert
3644		M37	25,11	0,1	-9,21	0,12	eingewandert
3713		M47	25,27	0,12	-10,47	0,16	eingewandert
FN915.05	b	Z36	25,48	0,06	-6,4	0,06	eingewandert
3695	b	Z36	25,59	0,05	-7,48	0,08	eingewandert
1078	a	Z36	25,6	0,06	-12,29	0,09	eingewandert
3713		M47	25,65	0,05	-10,32	0,05	eingewandert
3713		Z44	25,74	0,06	-10,05	0,08	eingewandert
FN4420.04	a	Z36?	25,84	0,15	-11,71	0,09	eingewandert
3695	a	Z36	25,87	0,11	-8,53	0,06	eingewandert
FN 1719.04	b	Z36	25,87	0,09	-11,12	0,05	eingewandert
FN4420.04	b	Z36?	26,02	0,03	-12,42	0,02	eingewandert
902.01	b	Z36	26,03	0,05	-10,57	0,03	eingewandert
3644		Z43	26,06	0,15	-8,76	0,07	eingewandert
FN57.08	a	Z36	26,13	0,09	-10,32	0,06	eingewandert
FN57.08	b	Z36	26,15	0,08	-9,75	0,08	eingewandert
FN928.07	a	Z36	26,19	0,11	-9,03	0,1	eingewandert
FN928.07	b	Z36	26,32	0,05	-9,63	0,06	eingewandert
302		Z42	26,35	0,1	-13,98	0,11	eingewandert
1078	b	Z36	26,44	0,12	-12,78	0,1	eingewandert
302		M46	26,48	0,19	-13,03	0,15	eingewandert

Daten entnommen aus Struck et al. (2018)

Tabelle G.2: Isotopensignaturen der Stickstoffisotopen

Sample ID	Knochen	d15N AIR	%N	d13C VPDB	%C
1076	TiRe	9,06	3,97	-17,45	14,39
1078	FeLi	8,77	4,02	-17,54	13,93
1103	FeLi	8,41	4,17	-16,64	14,62
1176	FeLi	9,16	3,97		13,94
1482	FeLi	8,82	4,14	-17,65	14,66
1905	TiRe	8,83	3,97		
2588	TiRe	7,91	3,95	-17,6	13,47
3695	HuRe	7,75	3,64	-17,27	12,93
3742	FeLi	8,96	3,66	-15,45	12,83
3757	FeRe	10,01	3,44	-17,9	13,19
5517	FeLi	9,17	4,04	-17,68	13,75
7043	FeLi	12,4	3,97	-18,75	14,03
2030.01	HuLi	8,67	4,03	-17,22	13,74
7075.01	TiRe	9,01	3,99	-17,61	14,32
902.01	FeLi	9,13	3,89	-17,98	13,76
107	TiRe	8,42	3,87	-16,81	13,54
1102	FeLi	8,76	3,64	-16,89	13,33
133.01	HuLi	9,46	3,65	-18,96	13,26
1461	RaRe	8,99	3,54	-16,97	13,02
1467	HuLi	9,51	2,74	-18,23	11,38
1471	FeLi	9,49	3,73	-18,11	13,07
1500	HuLi	8,3	3,61	-18,66	11,87
1547.01	TiRe	8,95	3,46	-17,53	12,56
1547.03	HuRe	9,38	3,38	-17,31	11,78
1548.01	TiRe	8,61	3,39	-17,77	11,66
1585.07	FeLi	8,24	3,5	-17,47	13,54
183.01	FeLi	8,95	3,63	-16,29	13,62
187	HuRe	8,05	3,16	-17,89	12,23
2096	TiRe	7,51	3,4	-17,66	12,34
300.01	FeLi	8,2	3,37	-17,39	12,92
3628	FeLi	8,33	3,87	-18,31	12,94
3635	FeLi	7,04	3,59	-18,44	12,7
3714	HuLi	7,1	1,61	-18,58	8
3756	FeLi	9,3	3,62	-17,2	13,05
3812	HuLi	9,97	3,2	-18,27	11,17
39	TiRe	8,71	3,7	-17,81	12,26
4374	FeRe	9,06	4,06	-17,57	13,93
516	HuLi	11,31	3,72	-17,54	12,64
5803	HuLi	11,73	3,46	-14,48	12,91
57.02	FeLi	9,65	3,69	-17,5	11,69
58.04	FeRe	8,61	2,8	-17,62	9,2
6495	HuRe	9,02	3,65	-18,35	13,38
65.01	FeRe	8,44	3,61	-17,1	12,37
65.03	TiLi	8,69	3,68	-17,6	12,95
65.05	HuRe	7,84	3,3	-16,18	11,83
66.02	FeLi	9,6	3,22	-16,43	10,95
67.02	FeRe	9,01	3,57	-17,91	12,52
901.01	FeLi	7,89	3,38	-17,48	12,87
903.01	FeLi	9,36	3,45	-19,02	11,04
904.05	TiRe	7,37	2,95	-19,81	10,63
905.01	FeLi	8,98	3,85	-15,51	13,16
907.01	FeLi	10,91	3,51	-16,96	11,65
926.03	HuRe	8,18	3,31	-16,85	13,19
E11	HuRe	8,91	3,75	-16,39	12,73
N962.01	RaLi	9,28	3,69	-16,6	12,35
N907.01	Cla Re	9,71	2,52	-17,02	8,23

Daten entnommen aus Struck et al. (2018)

H Danksagung

Rückblickend gab es in den letzten Jahren viele Höhen und Tiefen, durch die ich von einigen Menschen begleitet wurde, denen ich an dieser Stelle danken möchte!

Zunächst gilt mein herzlicher Dank meinen Betreuern Peter Kappeler und Julia Ostner, die mir die Durchführung dieser Arbeit ermöglichten.

Großer Dank gebührt Susanne Hummel, ohne deren unermüdlichen Einsatz die letzten Jahre in dieser Form nicht möglich gewesen wären. Ohne Deine Unterstützung in sämtlichen Belangen hätte diese Arbeit nicht zustande kommen können.

Für den regen Austausch und seine Geduld möchte ich Stefan Flindt danken, dessen immer neue Anfragen einen wichtigen Bestandteil dieser Arbeit ausmachten.

Birgit Großkopf danke ich für die Beratung bei morphologischen Fragen und Unklarheiten, aber auch für die frustabbauenden Gespräche, die manchmal einfach sein müssen.

Ein stets offenes Ohr hatten Rita und Marion, die immer für eine Ablenkung zur Verfügung standen, wenn sie vielleicht nicht sinnvoll, oft aber doch nötig war. Danke aber auch für den ständigen Papierkram, liebe Rita, und die unzähligen Kleinigkeiten, die Du, Marion, so oft für mich erledigt hast.

Janine möchte ich für die Unterstützung und Beratung in sämtlichen Laborangelegenheiten danken. Außerdem für das Teamwork in den letzten Wochen und natürlich die gemeinsamen Abende mit "den Frikadellen".

Last but not least danke ich Lena – Büronachbarin, Leidensgenossin, Versorgerin, Freundin. Ohne Dich wären die letzten Jahre nur halb so lustig und lecker gewesen, aber auch bei ernstesten Angelegenheiten konnte ich immer auf Dich zählen.

Abschließend möchte ich meiner Familie danken, die mich stets unterstützt hat. Größter Dank gilt hierbei Martin, der mir zu jeder Zeit den Rücken gestärkt hat, mich unterstützt hat wo er nur konnte, meinen Frust ertragen und mich immer wieder aufgebaut hat und noch so vieles mehr. Danke! Ich liebe Dich!

I Selbstständigkeitserklärung

Hiermit versichere ich,

Marthe Frischalowski,

die vorliegende Dissertation mit dem Titel

Genetische Diversität in der Lichtensteinhöhle – Ableitungen zur Demographie und Interpretationen zu sozialen Strukturen sowie Bestattungssitten in einer bronzezeitlichen Bevölkerung

selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet habe.

Göttingen, den 04.01.2022