

Sprache und Genetik

Bearbeitung: Wolfgang Klein

Der Mensch ist von Natur aus mit der einzigartigen Fähigkeit ausgestattet, überaus komplexe sprachliche Systeme zu entwickeln, sie von anderen zu lernen und sie dazu zu verwenden, um Gedanken, Gefühle und Wünsche mit anderen auszutauschen: der Mensch ist das einzige Lebewesen, das über die Fähigkeit der Sprache verfügt. Zwar besitzen auch andere Lebewesen gewisse Möglichkeiten sich auszudrücken; aber sie reichen nicht im entferntesten an die Komplexität und den Reichtum einer menschlichen Sprache mit ihren tausenden und abertausenden von Wörtern und Regeln heran. Die Sprachfähigkeit des Menschen ist Teil seiner genetischen Ausstattung und daher Teil seiner biologischen Natur. Zugleich aber ist sie aufs engste mit dem menschlichen Handeln und Denken verbunden, sie ist die Grundlage von Gesellschaft, Kultur und Wissenschaft. Sie ist daher gleichermaßen Gegenstand der naturwissenschaftlichen und der geisteswissenschaftlichen Forschung.

Die menschliche Sprache, ihre Strukturen, ihre Verbreitung, ihr Erwerb im Kindes- und Erwachsenenalter, ihre Verarbeitung im Gehirn, ihre Rolle für Denken und Handeln, ihre Verflechtung mit Kultur und Erziehung bilden seit langem einen Schwerpunkt der Forschung in der Max-Planck-Gesellschaft, und hier insbesondere in den Instituten der Geistes-, Sozial- und Humanwissenschaftlichen Sektion. Zu nennen sind hier insbesondere das Max-Planck-Institut für Psycholinguistik in Nijmegen, das Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie und das Max-Planck-Institut für Kognitions- und Neurowissenschaften, beide in Leipzig, das Max-Planck-Institut für Bildungsforschung in Berlin und das Max-Planck-Institut für ethnologische Forschung in Halle.

Ein zentraler Aspekt der menschlichen Sprache hat in dieser Forschung sowohl innerhalb der MPG wie auch an anderen Einrichtungen weltweit bislang eine relativ geringe Rolle gespielt - das ist ihre **genetische Basis**. Die Fähigkeit, Sprachen zu entwickeln, zu lernen und zur Kommunikation zu verwenden, ist in den Genen des Menschen angelegt, und da keine andere Spezies über eine vergleichbare Fähigkeit verfügt, muss es ihr auch etwas Spezifisches in unserer genetischen Ausstattung zugrundeliegen. Was dies ist und wie es mit anderen höheren kognitiven Funktionen, etwa dem besonderen menschlichen Gedächtnis, der Fähigkeit zum Rechnen, zum Komponieren und dergleichen mehr zusammenhängt, ist bislang kaum untersucht, geschweige denn verstanden. Das liegt vor allem daran, dass es lange keine geeigneten Methoden gegeben hat. Die stürmische Entwicklung der modernen Genetik, insbesondere der Humangenetik, hat hier in den letzten Jahren ganz neue Möglichkeiten der raschen und zunehmend kostengünstigeren Analyse eröffnet. Es ist erstmals in Greifweite gerückt, die biologischen Grundlagen der menschlichen Kognition und damit auch der Sprache, so wie sie in unseren Genen angelegt sind, systematisch zu untersuchen. Dazu hat auch die Forschung in verschiedenen Max-Planck-Instituten wesentlich beigetragen. Innerhalb der GSHS gilt dies insbesondere für die von Svante Pääbö geleitete Abteilung "Evolutionäre Genetik" am MPI für Evolutionäre Anthropologie. Komplementär dazu ist eine Abteilung "Language and Genetics", die derzeit am MPI für Psycholinguistik aufgebaut wird und die in Teilen auch auf eigene Vorarbeiten in diesem Bereich zurückgreifen kann; sie wird sehr eng mit den übrigen

Abteilungen des Instituts, insbesondere der Gruppe “Language Production” (Leiter: Peter Hagoort) und der Gruppe “Language and Cognition” (Leiter: Stephan Levinson) zusammenarbeiten. An beiden Instituten gibt es auch je eine selbständige Nachwuchsgruppe, die Fragen im Schnittfeld von Linguistik und Genetik gewidmet ist.

Weltweit steht Forschung zu den genetischen Grundlagen der Sprache und anderer kognitiver Funktionen noch in den Anfängen (einen umfassenden Überblick geben Ramus und Fisher, in press). Dies bedeutet zum einen, dass man bislang auf relativ wenig Vorarbeiten zurückgreifen kann; auf der anderen Seite eröffnet sich ein reiches Spektrum an Fragen, deren Beantwortung man nunmehr schrittweise in Angriff nehmen kann. Im folgenden werden drei Themenbereiche skizziert, die, ohne Anspruch auf Vollständigkeit, dieses Spektrum illustrieren. Dabei wird jeweils kurz auf den bisherigen Forschungsstand eingegangen.

A. Genetisch bedingte Unterschiede in der Sprachverarbeitung

Das menschliche Genom bringt keine Sprache hervor; vielmehr schafft es durch eine besondere Organisation des menschlichen Hirns und mancher peripherer Organe die Voraussetzungen dafür, dass sprachliche Systeme geschaffen, gelernt und zu Sprachproduktion und Sprachverstehen genutzt (“verarbeitet”) werden können. Dieses angeborene Sprachvermögen ist grundsätzlich allen Menschen gemeinsam. Das schließt aber nicht aus, dass es - wie auch in anderen Bereichen dessen, was uns angeboren ist - erhebliche genetische Unterschiede zwischen den Individuen gibt. Solche Unterschiede sind in der bisherigen Forschung zur Sprachverarbeitung fast nie untersucht worden, obwohl sie sehr massiv sein können. Am deutlichsten wird dies bei den Extremen - es gibt Menschen, die sprachlich in besonderer Weise talentiert sind, beispielsweise leicht viele Sprachen lernen oder gut zum Simultandolmetschen befähigt sind. Auffälliger ist das andere Extrem der Variation - mehr oder minder schwere angeborene Sprachstörungen. Was im Genom ist für solche Abweichungen verantwortlich? Dazu gibt es seit wenigen Jahren Untersuchungen, die im Fall einer bestimmten Sprachstörung zu konkreten Ergebnissen geführt haben. Diese als “Dyspraxie” bezeichnete Störung führt vor allem zu Problemen in der Artikulation, zeigt sich aber auch an anderen sprachlichen Symptomen. Genetische Untersuchungen an einer englischen Familie, in der diese Dyspraxie gehäuft auftritt, haben gezeigt, dass ihr eine Mutation in einem auf Chromosom 7 liegenden Gen zugrundeliegt, das als FOXP2 bezeichnet wird (Lai u.a. 2000). Inzwischen konnte geklärt werden, wie diese Mutation sich über mehrere Zwischenschritte auf sprachbezogene Bereiche des Zentralnervensystems auswirkt (Vargha-Khadem u.a. 2005). Die genannte Sprachstörung ist relativ selten. Es gibt jedoch Hinweise, dass derselbe genetische Mechanismus auch bei anderen, viel verbreiteteren angeborenen Sprachpathologien eine Rolle spielt (Vernes 2008).

Dies sind Anfänge. Das FOXP2-Gen ist auch kein “Sprachgen”, wie es bisweilen in den Medien hieß. Die genannte Mutation wirkt sich beispielsweise auch auf die Leber aus, und das nichtmutierte Gen findet sich bei vielen Lebewesen, die definitiv nicht sprechen, beispielsweise bei Mäusen. Es ist eine von vielen genetischen Komponenten, die bei der Ausbildung des menschlichen Sprachvermögens von Bedeutung sind. Aber mit seiner Entdeckung ist eine erste, noch sehr kleine Bresche in die Mauer geschlagen, die uns bislang den Blick auf die genetischen Grundlagen der menschlichen Sprache versperrt hat.

B. Sprachen und Bevölkerungen

Die herrschende Meinung in der Anthropologie ist, dass der moderne Mensch einen gemeinsamen Ursprung in Afrika hat und sich von dort allmählich über die ganze Welt verbreitet hat. Diese Annahme stützt sich teils auf paläoanthropologische Funde, teils auf Vergleiche der genetischen Verwandtschaft zwischen den Völkern. Gibt es einen Zusammenhang zwischen der Verbreitung von Sprachen und genetischen Unterschieden zwischen den Bevölkerungen, die diese Sprachen sprechen? Bis vor wenigen Jahren war diese Frage nichts als ein Gegenstand von Spekulationen (und nicht selten auch Vorurteilen). Inzwischen lässt sie sich jedoch mit wissenschaftlichen Methoden in Angriff nehmen, und es gibt auch einige zwar noch vereinzelte, aber teils sehr überraschende Befunde. Einer der interessantesten davon betrifft die heutigen Finnen und ihre Sprache. Die meisten europäischen Sprachen zählen zur indogermanischen Sprachgruppe. Davon gibt es zwei auffällige Ausnahmen, nämlich Baskisch, das ziemlich isoliert steht, und verschiedene Vertreter der finno-ugrischen Sprachgruppe, insbesondere das Finnische selbst. Vor einigen Jahren konnte gezeigt werden (vgl. die Zusammenfassung in Pääbo 2000), dass die heutigen Finnen *genetisch* den Indogermanen sehr nahe stehen, sich hingegen von den benachbarten Saami - deren Sprache gleichfalls finno-ugrisch ist - *genetisch* stark unterscheiden. Genetische und linguistische Klassifikationen können also völlig auseinanderklaffen.

Zusammenhänge dieser Art werden derzeit systematisch in zwei Selbständigen Nachwuchsgruppen der GSHS untersucht. In der von Brigitte Pakendorf geleiteten Gruppe "Vergleichende Populationslinguistik" (MPI für evolutionäre Anthropologie"; Beginn: Januar 2007) geht es dabei um die genetischen und sprachlichen Auswirkungen des Kontakts zwischen verschiedenen prähistorischen Bevölkerungsgruppen. In welcher Weise führen bestimmte Kontaktsituation zu charakteristischen Veränderungen in den betreffenden Sprachen? Es wird allgemein angenommen, dass enger Kulturkontakt vornehmlich zu lexikalischen Entlehnungen führt, während bei Sprachwandel, bei dem die Sprache einer ganzen Gruppe oder Gruppen vollständig durch eine andere ersetzt wird, strukturelle Veränderungen in der neuen, übernommenen Sprache zu erwarten sind. Allerdings ist es oft schwierig, die Faktoren, die an verschiedenen sprachlichen Auswirkungen des Sprachkontakts beteiligt waren, ausschließlich mit linguistischen Methoden zu erforschen, da die Art der Kontaktsituation in vielen Fällen nicht bekannt ist. Hier nun können molekular-anthropologische Untersuchungen sehr hilfreich sein. Mit Hilfe von molekulargenetischen Analysen lassen sich frühere Vermischungsprozesse zwischen Populationen sowie prähistorische demographische Ereignisse wie z.B. ein so genannter Flaschenhals- oder Gründereffekt erkennen. Solche Analysen können auch Unstimmigkeiten zwischen genetischen Beziehungen und der sprachlichen Zugehörigkeit von Bevölkerungsgruppen aufzeigen, die einen Hinweis auf vergangenen Sprachwechsel liefern können. Molekulargenetische Ergebnisse ermöglichen somit eine Vorstellung von prähistorischen Ereignissen, welche dann mit den vorhandenen sprachlichen Veränderungen verglichen werden können. Dies wird in einer Reihe von Fallstudien in geographisch und soziokulturell sehr unterschiedlichen Regionen - mit Schwergewicht in Afrika und Sibirien - untersucht. Die genetischen Analysen liefern dabei Einblicke in mögliche prähistorische demographische Gegebenheiten wie Vermischung, Herkunftsunterschiede zwischen Männern und Frauen einer bestimmten Gruppe, Veränderungen der Bevölkerungsgröße oder Sprachwechsel. Parallele sozialanthropologische Untersuchungen vermitteln Einblicke in die

Faktoren ermöglichen, die bestimmen, welche Sprache wann und aus welchen Gründen in einer mehrsprachigen Gemeinschaft verwendet wird. Im engeren Sinne linguistischen Untersuchungen liefern schließlich Informationen über die Art der Veränderungen in den beteiligten Sprachen (Pakendorf 2007).

In der von Michael Dunn geleiteten Gruppe “Evolutionary processes in language and culture” (MPI für Psycholinguistik, Beginn: Januar 2009) geht es hingegen primär um Entwicklung und Ausbreitung von Sprachen über größere geographische Areale. Wie lassen sich sprachliche Diversität und sprachlicher Wandel als Teil eines integralen evolutionären Systems deuten? Mit den bisher in der vergleichenden historischen Sprachwissenschaft üblichen Verfahren, die sich vor allem auf Verwandtschaften im Wortschatz stützen, erreicht man allenfalls eine Zeittiefe von wenigen tausend Jahren. Das Projekt wendet in der Biologie und der Genetik gängige Verfahren auf sie zur Konstruktion kladistischer Stammbäume an; dabei stützt es sich im wesentlichen auf phonologische, morphologische und syntaktische Eigenschaften statt auf lexikalische. Das Schwergewicht liegt zunächst auf den Sprachen und Bevölkerungen der melanesischen Inseln, die sich durch eine außerordentliche Differenziertheit auszeichnen. Das Verfahren wurde am Beispiel einer kleinen, gut erforschten Subgruppe der austronesischen Sprachen entwickelt und getestet und wird nun auf die wesentlich komplexeren Verhältnisse bei den in derselben Gegend gesprochenen Papuasprachen angewandt. Die Ergebnisse deuten darauf, dass diesen Sprachen auf ein gemeinsames Phylum zurückgehen, das wesentlich älter ist als das der Träger der australischen Sprachen, die erst von etwa dreitausend Jahren in dieses Areal eingewandert sind (Dunn u.a. 2005; Dunn u.a. 2008). Parallel dazu wird untersucht, wie linguistisch definierte Ähnlichkeiten zwischen diesen Sprachen und genetisch definierte Ähnlichkeiten zwischen ihren Sprechern zusammenhängen (Huntley u.a. 2008).

C. Genetische Disposition für strukturelle Unterschiede zwischen Sprachen

Keinem ist eine bestimmte Sprache angeboren - man muss Deutsch, Chinesisch, Malayalam oder irgendeine andere der derzeit rund 7000 Sprachen auf der Welt lernen, ein langwieriger Prozess, der sich über rund ein Jahrzehnt erstreckt. Es gibt auch keinen Grund für die Annahme, dass ein chinesisches Kind, das ausschließlich unter Deutschen aufwächst, schlechter deutsch lernt als ein deutsches oder indisches Kind. Möglicherweise gibt es aber doch gewisse genetische Dispositionen für spezifische strukturelle Eigenschaften. Gezeigt wurde dies erstmals mit hoher Plausibilität für den Unterschied zwischen Tonsprachen und - dies ist der weitaus häufigere Fall - Nicht-Tonsprachen (Dediu und Ladd 2007). Das bekannteste Beispiel einer Tonsprache ist das Chinesische in seinen verschiedenen Varianten; dort kann eine einzelne Silbe eine ganz unterschiedliche Bedeutung haben, je nachdem, ob sie (im Mandarin) mit gleichbleibend hohem, steigendem, fallend-steigendem oder fallendem Ton gesprochen wird; andere Varianten des Chinesischen, insbesondere Kantonesisch, haben noch komplexere Tonunterscheidungen. Tonsprachen finden sich noch in einer Reihe weiterer Weltgegenden, insbesondere in Afrika. Dediu und Ladd haben nun gezeigt, dass die Verteilung von Tonsprachen und Nicht-Tonsprachen auf der Welt weitgehend der Verteilung eines von zwei Allelen (d.h. Ausprägungen) der Gene ASPM und Microcephalin entspricht. Daraus kann man nicht folgern, dass die diese beiden Allele unbedingt zur Ausbildung von Tonsprachen führen, noch kann man

daraus folgern, dass Kinder, die über das jeweils andere (evolutionär jüngere) Allel verfügen, keine Tonsprachen lernen könnten. Wohl aber deutet es darauf, dass hier eine bestimmte *genetische Disposition* vorliegt, die die Entstehung einer bestimmten strukturellen Eigenschaft, hier der Verwendung von Tönen zur Bedeutungsunterscheidung, wahrscheinlicher macht - eine Situation, die bei genetischen Anlagen sehr typisch ist. Es liegt nun nahe zu untersuchen, ob es auch für andere strukturelle Eigenschaften, beispielsweise Armut und Reichtum der Flexion, ähnliche genetische Dispositionen gibt. Vor wenigen Jahren noch wären solche Untersuchungen völlig undenkbar gewesen; inzwischen sind sie jedoch in die Reichweite der empirischen Forschung gerückt.

Zweierlei sollte aus diesen kurzen Skizzen deutlich geworden sein: Die empirische Forschung über den Zusammenhang zwischen Sprache - und, damit verbunden, anderen höheren kognitiven Funktionen - steht zum einen erst in ihren Anfängen und kann noch nicht auf reiche Ergebnisse verweisen; zum andern aber eröffnet sie uns ganz neuartige Einblicke in die Natur des menschlichen Sprachvermögens und damit in das, was jedem menschlichen Denken und Handeln zugrundeliegt.

Literatur

Dediu, D., and Ladd, R. (2007): Linguistic tone is related to the population frequency of the adaptive haplogroups of two brain size genes, ASPM and Microcephalin. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 10.1073.

Dunn, M., Terrill, A., Reesink, G., Foley, R. A., & Levinson, S. C. (2005). Structural phylogenetics and the reconstruction of ancient language history. *Science*, 309(5743), 2072-2075

Dunn, M., Levinson, S. C., Lindström, E., Reesink, G., & Terrill, A. (2008). Structural phylogeny in historical linguistics: Methodological explorations applied in Island Melanesia. *Language*, 84(4), 710-759.

Hunley, K., Dunn, M., Lindström, E., Reesink, G., Terrill, A., Healy, M. E., et al. (2008). Genetic and linguistic coevolution in Northern Island Melanesia. *PLoS Genetics*, 4(10)

Lai, C., Fisher, S., Hurst, J., Levy, E., Hodgson, S., Fox, M., Jeremiah, S., Povey, S., Jamison, D., Green, E., Vargha-Khadem, F., Monaco, A. (2000). "The SPCH1 region on human 7q31: genomic characterization of the critical interval and localization of translocations associated with speech and language disorder". *Am. J. Hum. Genet.* 67 (2): 357-68.

Pääbo, S. (2000): Gene, Sprache und die Besiedelung des europäischen Nordens. Zum Ursprung von Populationen aus molekulargenetischer Sicht. In: *Wie entstehen neue Qualitäten in komplexen Systemen? 50 Jahre Max-Planck-Gesellschaft.* Vandenhoeck und Ruprecht, Göttingen, S. 49-56.

Pakendorf, B. (2007): Contact in the Prehistory of the Sakha (Yakuts): Linguistic and Genetic Perspectives. LOT Dissertation series 170. Utrecht: LOT.

Ramus, F., & Fisher, S. E. (in press): Genetics of language. In M. S. Gazzaniga (Ed.), *The Cognitive Neurosciences IV*. Cambridge, MA: MIT Press.

Vargha-Khadem, F., Gadian, D.G., Copp, A., Mishkin, M. (2005): FOXP2 and the neuroanatomy of speech and language. *Nature reviews Neuroscience*. 6(2). S. 131-8.

Vernes, S. C, Newbury, D, F; Abrahams, B. S, Winchester, L. Nicod, J., Groszer, M., Alarcón, M., Oliver, P. L., Davies, K. E., Geschwind, D. H., Monaco. A. P, Fisher, S. E. (2008): A functional genetic link between distinct developmental language disorders. *New England journal of medicine* 359(22), S. 2337-45.