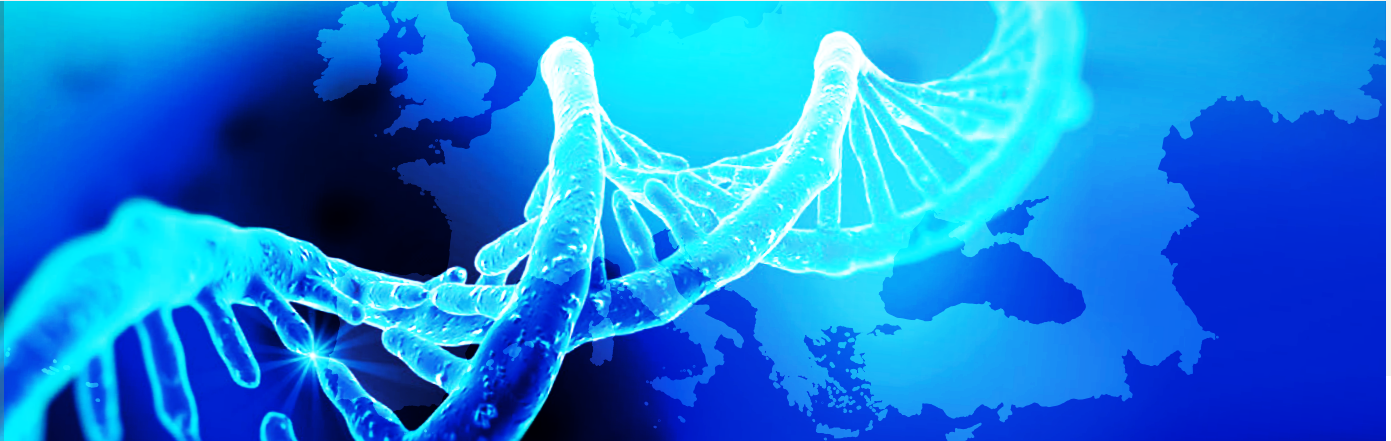


JOHANNES KRAUSE

MAX-PLANCK-INSTITUT FÜR MENSCHHEITSGESCHICHTE, JENA

Die genetische Herkunft der Europäer: Biologische Anpassung und Mobilität in der Vorgeschichte



Die genetische Forschung hat im vergangenen Jahrzehnt eine wahre Revolution erlebt. Mit der Entwicklung hochmoderner Technologien zur DNA-Sequenzierung gelang es, die Leistungsfähigkeit und Effizienz genomischer Untersuchungen in nur wenigen Jahren um den Faktor zehn Millionen zu steigern. In wenigen Stunden und für wenige hundert Euro können wir heute komplette menschliche Genome mit ihren Milliarden von Basenpaaren entschlüsseln. Wir leben in einer Art „Sequenzierzeitalter“. Zehntausende Genome von Menschen aus der ganzen Welt wurden bereits entschlüsselt – und täglich kommen neue hinzu.

Der Reiz und die Hoffnung dieser massiven genetischen Forschung besteht darin, Antworten auf große Fragen der Menschheit zu finden: Wie hat sich der Mensch entwickelt und woher kommt er? Welche Rolle spielen Gene für die Entwicklung und Ausbreitung von Krankheiten? Welche genetisch bedingten Gemeinsamkeiten und Unterschiede gibt es zwischen menschlichen Populationen? So hat die Genetik, entgegen ihrer fatalen Assoziation mit rassistischen und kolonialistischen Regimes im 19. und 20. Jahrhundert die Erkenntnis geliefert, dass der Großteil der genetischen Vielfalt nicht zwischen, sondern innerhalb einzelner menschlicher Populationen existiert: Mehr als 80 Prozent aller genetischen Unterschiede in der DNA-Sequenz von Menschen, die als Single Nucleotide Polymorphismen (SNPs) bezeichnet werden, treten innerhalb ein und derselben menschlichen Population auf, wie zum Beispiel Europäern oder Asiaten. Mit anderen Worten: Um den Großteil der genetischen Vielfalt der Menschen außerhalb Afrikas zu erfassen, ist es nicht notwendig, geografisch möglichst weit voneinander entfernte Individuen zu untersuchen, sondern es genügt, ein paar Hundert Thüringer oder Rheinländer genetisch zu vergleichen.

Eine weitere wichtige Erkenntnis populationsgenetischer Forschung ist, dass Afrikaner eine höhere genetische Vielfalt aufweisen, als die Populationen außerhalb Afrikas. Dieser Befund wird als Beweis für den Ursprung des modernen Menschen in Afrika interpretiert. Auch wenn man mit Hilfe der Erbsubstanz Stammbäume rekonstruiert, wird dies deutlich. In diesen Stammbäumen stellen sich die Menschen außerhalb Afrikas nur als ein kleiner Zweig innerhalb der afrikanischen Diversität dar oder anders gesagt: Genetisch gesehen sind alle Menschen dieser Erde Afrikaner!

MUTATIONEN ALS TREIBSTOFF DER EVOLUTION

Genetische Analysen erlauben auch evolutionäre Abspaltungen menschlicher Populationen zeitlich einzuordnen. Dazu kalibriert man die sogenannte molekulare Uhr. Dabei geht man davon aus, dass die Rate an genetischen Veränderungen immer ungefähr gleich hoch ist und dass jeder Mensch in etwa 100 Basenveränderungen (Mutationen) in sich trägt, die in der Keimbahn beider Eltern neu entstanden sind und damit nicht Teil der elterlichen DNA waren. Umgerechnet auf ein einzelnes Genom (jeder Mensch hat zwei, eines von der Mutter und eines vom Vater) ergibt sich eine Mutationsrate des Menschen von circa 50 Veränderungen pro Generation. Anhand der genetischen Unterschiede zwischen zwei Populationen und der durchschnittlichen Generationendauer (25–30 Jahre) lässt sich dann berechnen, wann sich diese Populationen voneinander getrennt haben. Betrachtet man beispielsweise die genetischen Unterschiede zwischen Afrikanern und Nicht-Afrikanern errechnet sich eine Abspaltung vor etwa 2 000 bis 2 500 Generationen, was einer Zeitspanne von rund 50 000 bis 60 000 Jahren entspricht. Diese Berechnung steht im Einklang mit archäologischen und paläoanthropologischen Befunden, die darauf hinweisen, dass vor etwa 42 000

Jahren die ersten modernen Menschen nach Europa einwanderten und den dort ansässigen Neandertaler verdrängten. Ähnliche Berechnungen lassen sich für Populationsaufspaltungen zwischen Asiaten und den Ureinwohnern Australiens oder Amerikas durchführen.

Oft werden für solche Berechnungen Verschiebungen in der Frequenz häufig vorkommender Genveränderungen verwendet, zum Beispiel SNPs. Die Häufigkeit dieser SNPs in menschlichen Populationen verändert sich im Laufe der Zeit. Solche Veränderungen können „gerichtet“ sein, wenn etwa eine bestimmte genetische Variante zu einem biologischen Vorteil führt, wie beispielsweise die Fähigkeit, als Erwachsener Milch zu verdauen und so die Versorgung mit Nährstoffen zu verbessern. Eine solche gerichtete Verschiebung wird auch als positive Selektion bezeichnet. Ebenso kann das Gegenteil, eine negative Selektion, auftreten, wenn eine bestimmte genetische Veränderung mit biologischen Nachteilen verbunden ist. Eine solche Veränderung würde im Laufe der Zeit negativ selektiert und wahrscheinlich nach wenigen Generationen wieder verschwinden.

Der Großteil der genetischen Unterschiede zwischen menschlichen Populationen verhält sich jedoch neutral und führt nicht zu einer Selektion. Das heißt, sie ist „ungerichtet“. Je länger Populationen geographisch voneinander isoliert leben, also keine Gene miteinander austauschen, desto mehr Unterschiede in der Frequenz dieser SNPs sammeln sich an. Dieser Prozess wird als genetische Drift bezeichnet. Geographisch benachbarte Populationen oder Populationen, die sich erst kürzlich voneinander getrennt haben, weisen dementsprechend weniger Frequenzunterschiede auf. Es besteht also ein enger Zusammenhang zwischen menschlicher Genetik und geographischer Herkunft.

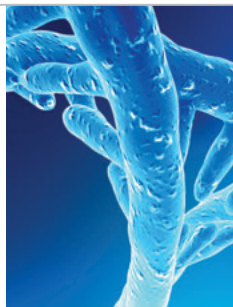
Eine Studie von John Novembre und Kollegen aus dem Jahre 2008 konnte diesen Zusammenhang eindrucksvoll darlegen. Der Forschungsgruppe gelang es, allein anhand der genetischen Unterschiede zwischen heutigen Einwohnern, die nicht weiter als 200 Kilometer vom Wohnort ihrer Großeltern entfernt leben, annähernd die Europakarte zu reproduzieren. Damit wurde deutlich, dass aus den genetischen Daten eines Menschen die geographische Herkunft seiner Vorfahren abgelesen werden kann. Bemerkenswert ist darüber hinaus, dass die Studie für Europa einen genetischen Gradienten aufzeigt, also eine kontinuierliche genetische Veränderung, die sich keineswegs mit den existierenden National- oder Sprachgrenzen deckt. Genetisch betrachtet sind Ländergrenzen unhaltbar, und der für das Festland charakteristische Gradient

belegt, dass benachbarte europäische Populationen im Laufe ihrer Geschichte immer auch Gene ausgetauscht haben. Hingegen macht sich geographische Isolation, wie die Insellage Sardinien, genetisch deutlich bemerkbar: Die Sarden stellen eine vom italienischen Festland abgegrenzte genetische Population dar.

MOLEKULARE ZEITREISEN

Archäogenetik ist ein Begriff, der in den 1990er Jahren geprägt wurde. Er steht für die Gewinnung und Analyse genetischen Materials aus archäologischen Funden. Die Revolution in der Sequenzieretechnologie führte auch hier zu neuen spektakulären Erkenntnissen. Bereits im Jahr 2008 gelang es erstmals, das vollständige Genom eines ausgestorbenen Mammuts zu entschlüsseln. Die Rekonstruktion der Genome eines 4 000 Jahre alten Paläo-Eskimos sowie des ausgestorbenen Neandertalers zwei Jahre später stellten weitere Meilensteine in der Erforschung ausgestorbener Populationen dar. Noch im selben Jahr 2010 konnte sogar eine bis dahin unbekannte Menschenform, der Denisova-Mensch, allein aufgrund der genetischen Untersuchung eines kleinen Fingerknochens nachgewiesen und sein Genom entschlüsselt werden. Mittlerweile konnte bis zu 500 000 Jahre alte Erbsubstanz aus menschlichen Knochen gewonnen werden.

**FÜR WENIGE HUNDERT EURO KÖNNEN WIR HEUTE
KOMPLETTE MENSCHLICHE GENOME ENTSCHLÜSSELN.
WIR LEBEN IN EINER ART „SEQUENZIERZEITALTER“.**



Während die Untersuchung von genetisch im Austausch stehenden eng verwandten heutigen Populationen nur begrenzt Rückschlüsse auf deren Vorgeschichte zulässt, eröffnet der Vergleich heutiger mit alter DNA neue Einblicke in die Menschheitsgeschichte. Der Rückgriff auf genomweite Daten aus der Vergangenheit macht es möglich, größere Verschiebungen in der genetischen Struktur menschlicher Populationen über längere Zeiträume aufzuzeigen. Er kann zudem wertvolle Einblicke in epochale Populationsumbrüche und Veränderungen in der Mobilität liefern, ebenso in die Ausbreitung einzelner Gruppen in der Vorgeschichte. Die Analyse alter Erbsubstanz ermöglicht es, Hypothesen aus Archäologie und Geschichts-

forschung zu testen und zu beleuchten, inwieweit kultureller Wandel mit veränderter Mobilität, mit Einwanderung und den daraus resultierenden Genflüssen korreliert.

DIE SESSHAFTWERDUNG DES MENSCHEN

Eine der wohl wichtigsten Fragen im Hinblick auf die Frühgeschichte Europas lautete lange Zeit, ob der Übergang von Jägern und Sammlern zu Ackerbauern vor rund 7 500 Jahren auch mit einem Bevölkerungswechsel einherging. Zwei Hypothesen standen sich gegenüber: Nach der ersten war die sogenannte Neolithische Revolution eine reine Verbreitung von Kultur und Wissen, welche von Region zu Region weitergegeben wurden, ohne dass die Menschen selbst wanderten. Die andere Hypothese nahm an, dass der Beginn des Ackerbaus in Europa auf eine Einwanderung von Menschen aus dem Nahen Osten zurückzuführen ist. Genauer aus der Region des sogenannten Fruchtbaren Halbmonds, wo die ältesten Spuren von Ackerbau gefunden wurden.



**DURCH DIE ANALYSE ALTER ERBSUBSTANZ KÖNNEN
WIR HYPOTHESEN AUS ARCHÄOLOGIE UND GESCHICHTS-
FORSCHUNG TESTEN UND SEHEN, WIE KULTURELLER
WANDEL MIT EINWANDERUNG UND DEN DARAUS
RESULTIERENDEN GENFLÜSSEN KORRELIERT.**

Um diese Hypothesen mit Hilfe der Genetik zu testen, wurden in einer Reihe von Studien kurze Abschnitte der – nur über die weibliche Linie vererbten – mitochondrialen DNA von Skeletten früher Ackerbauern und später Jäger und Sammler untersucht. Die Ergebnisse der Gegenüberstellung waren eindeutig: Die genetische Zusammensetzung der Jäger und Sammler unterschied sich deutlich von der der frühen Ackerbauern. Folglich begannen die Neolithische Revolution und die Sesshaftwerdung des Menschen mit einer Einwanderung.

Da ausschließlich mitochondriale DNA und keine DNA des Zellkerns untersucht wurde, blieben diese Pionierarbeiten zunächst auf die maternale Linie beschränkt und erlaubten keine detaillierten Erkenntnisse über die Herkunft und die genaue genetische Zusammensetzung der prähistorischen

Populationen, ebenso wenig über deren biologischen Beitrag zu den heutigen Europäern. In einer wegweisenden Studie gelang es im Jahr 2014 erstmals, die vollständigen Genome von einem Dutzend später Jäger und Sammler, die vor etwa 8 000 Jahren gelebt hatten, und früher Ackerbauern in Europa aus der Zeit vor 7 200 bis 5 400 Jahren zu entschlüsseln und miteinander zu vergleichen. Dabei stellte sich einerseits heraus, dass sich auch die Zellkern-DNA, also das Genom beider Gruppen stark voneinander unterscheidet. Andererseits wurde sichtbar, dass die frühen Ackerbauern genetisch eine größere Ähnlichkeit mit heutigen Einwohnern des Nahen Ostens aufweisen als mit europäischen Jägern und Sammlern. Damit konnte die Einwanderungstheorie der frühen Ackerbauern aus dem Fruchtbaren Halbmond auch genomweit bestätigt werden.

Die Studie brachte weitere bahnbrechende Erkenntnisse über die Herkunft und Entwicklungsgeschichte der Europäer: Alle heutigen Europäer tragen nicht nur die genetischen Spuren der Ur-Europäer in sich und sind damit eine genetische Mischung aus frühen Ackerbauern sowie Jägern und Sammlern, sondern sie sind offenbar noch durch eine dritte Population geprägt worden, die aus Nordeurasien zu stammen scheint. Diese dritte genetische Komponente ist bei allen heutigen Europäern zu finden, jedoch weder bei den untersuchten Jägern und Sammlern noch bei den frühen Ackerbauern. Damit ist sie ein eindeutiger Hinweis auf eine weitere spätere Einwanderungswelle.

Drei weitere im Jahr 2015 publizierte Studien untersuchten die Genome von insgesamt 230 prähistorischen Individuen aus Westeurasien. Diese lebten vor 8 000 bis 3 000 Jahren und ihr Erbgut belegt den großen genetischen Unterschied zwischen den frühen Ackerbauern und den späten Jägern und Sammlern Europas. So konnte gezeigt werden, dass die ersten Ackerbauern Europas eine verblüffend große genetische Ähnlichkeit mit den frühen Ackerbauern Anatoliens sowie den heutigen Einwohnern Sardinien aufweisen. Hieraus folgt, dass in Sardinien nach der Besiedlung durch frühe Ackerbauern vor etwa 7 000 Jahren kaum noch zusätzliche genetische Komponenten von außerhalb der Insel hinzukamen. Entwicklungsgeschichtlich konnte mithilfe der Genomanalysen der 230 Skelette gezeigt werden, dass der Anteil an Jäger- und Sammler-DNA geraume Zeit nach der Einwanderung der frühen Ackerbauern wieder anstieg. Die zugewanderten Bauern verdrängten also nach ihrer Einwanderung die Jäger und Sammler in Europa nicht, sondern beide Populationen existierten mehrere tausend Jahre parallel und vermischten sich erst dann.

DIE EINWANDERUNG DER STEPPENNOMADEN

Eine weitere Studie konnte außerdem die Frage nach der späteren Einwanderung und der Herkunft der dritten genetischen Komponente heutiger Europäer näher beleuchten. Die ersten genetischen Spuren dieser Einwanderung und der daraus resultierenden genetischen Verschiebung fanden sich in Skeletten, die mit der vor etwa 4 800 Jahren beginnenden Schnurkeramik-Kultur in Zentraleuropa in Verbindung stehen. Das heißt, die Einwanderung nach Zentraleuropa erfolgte in der Kupferzeit am Übergang zwischen Mittel- und Endneolithikum.

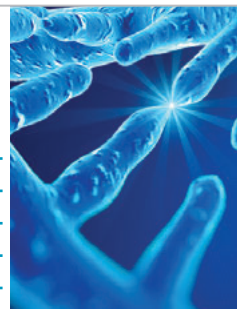
Die mit der Schnurkeramik in Verbindung stehenden Skelette zeigten eine unerwartet hohe genetische Ähnlichkeit zu rund 5 000 Jahre alten Individuen aus der pontischen Steppe nördlich des Schwarzen und Kaspischen Meeres. Die dortigen Individuen standen mit der materiellen Kultur der Jamnaja in Verbindung, einer Population von Hirtenvölkern, die einen nomadischen Lebensstil in der Steppe pflegten. Ihre Kultur zeichnet sich durch eine vermehrte Nutzung von Rad und Wagen aus, was mutmaßlich eine erhöhte Mobilität zur Folge hatte. Die Gene dieser Menschen breiteten sich offenbar im frühen fünften Jahrtausend vor unserer Zeit in wenigen hundert Jahren über die Steppe nach Osten bis ins Altai-Gebirge und nach Westen bis in die Schweiz aus. Für die Mittel-Elbe-Saale-Region, aus der ein Großteil der untersuchten Skelette stammt, ließ sich berechnen, dass mehr als 75 Prozent der gefundenen Ackerbauern-Gene durch die mit den Schnurkeramik assoziierten Gene aus der Pontischen Steppe verdrängt wurden. Heute sind die Gene aus der Steppe bei allen Europäern zu finden, wobei der Anteil der Steppen-DNA im Nordosten Europas am höchsten ist und in Richtung Südwesten graduell abnimmt: Die größte genetische Steppen-Komponente findet sich heute bei den Einwohnern Estlands, die niedrigste bei den Sarden.

Die erste große Einwanderung nach Europa vor etwa 7 500 Jahren lässt sich gut durch die Veränderung des Lebensstils erklären: Ackerbau und Viehzucht verbesserten die Versorgung mit Lebensmitteln und führten zu einer Bevölkerungszunahme, die eine territoriale Ausbreitung der Ackerbauern nach sich zog. Die zweite große Einwanderungsbewegung aus der pontischen Steppe lässt sich damit nicht erklären, da es sich – zumindest in Zentraleuropa – sowohl bei den Einwanderern als auch bei den bereits Ansässigen um Ackerbauern und Viehzüchter handelte. Mögliche alternative Erklärungen sind eine höhere Lebensmittelproduktion der Einwanderer aus der Steppe durch die Erschließung von Weideflächen, die für Ackerbau nicht geeignet waren, oder kriegerische Auseinandersetzungen, worauf archäologische Funde hindeuten, oder

aber ein Zusammenbruch der ansässigen Ackerbauern-Population durch das Auftreten von Krankheiten.

Der letzte Erklärungsansatz bekam im Jahr 2015 Aufwind, als es erstmals gelang, aus Skeletten der frühen Bronzezeit, Pesterreger-Genome zu rekonstruieren. Die ältesten untersuchten Pesterreger stammen aus etwa 5 200 Jahre alten Skeletten aus der zentralasiatischen Steppe. Dort könnte die Krankheit ihren Ursprung genommen und sich nach Westen ausgebreitet haben, denn auch in etwa 4 500 Jahre alten Skeletten Zentraleuropas und des Baltikums fanden Forscher die DNA des Pesterregers. Denkbar ist also, dass es vor 5 000 Jahren zu einer ersten großen Pestepidemie kam, die sich mit den Steppenbewohnern nach Westen ausbreitete und die frühen Ackerbauern Europas stärker beeinträchtigte, als es bei den Nomaden der pontischen Steppe der Fall war. Letztere lebten wohl bereits seit Jahrhunderten mit dem Pesterreger und besaßen daher möglicherweise eine höhere Immunität. Ein seuchenbedingter Zusammenbruch der Ackerbauern-Population Europas könnte wiederum ein Vakuum verursacht haben, in das die Steppennomaden vordringen konnten.

ALLE HEUTIGEN EUROPÄER SIND EINE GENETISCHE MISCHUNG AUS FRÜHEN ACKERBAUERN SOWIE JÄGERN UND SAMMLERN; ZUGLEICH SIND SIE DURCH EINE DRITTE POPULATION GEPRÄGT, DIE AUS DER PONTISCHEN STEPPE STAMMT.



DUNKLE HAUT UND BLAUE AUGEN – DAS ERSCHEINUNGSBILD DER FRÜHEN EUROPÄER

Die Analyse unterschiedlich alter Genome erlaubt es auch, zu bestimmen, wie sich das Aussehen der frühen Europäer im Laufe der Zeit veränderte. So gibt es genetische Varianten, die bestimmte Phänotypen verursachen und in hoher Frequenz bei heutigen Europäern zu finden sind. Ein Beispiel wäre das Gen HERC2, das in einer mutierten Form seinen jeweiligen Trägern eine helle Augenfarbe verleiht. Diese Variante des Gens trugen alle bisher untersuchten Jäger und Sammler Europas vom Ende der letzten Eiszeit vor etwa 14 500 Jahren bis zum Beginn des Neolithikums vor etwa 7 500 Jahren. Zugleich ergaben genetische Analysen, dass

die Hautfarbe der meisten dieser frühen Europäer der Hautfarbe heutiger Afrikaner entsprach. Die für die heutigen Europäer typische helle Haut breitete sich erst mit der Einwanderung der frühen Ackerbauern aus dem Nahen Osten aus. Es wird vermutet, dass es sich dabei um eine Anpassung an das Leben als Ackerbauern in Europa handelt: Über die Nahrung nehmen Ackerbauern – im Gegensatz zu Jägern und Sammlern – nur geringe Mengen Vitamin D auf. Dieses Vitamin ist wichtig für den Aufbau der Knochen und des Immunsystems. Im Gegensatz zu anderen Vitaminen kann es vom Körper des Menschen mithilfe von Sonneneinstrahlung selbst hergestellt werden. Eine stark pigmentierte Haut lässt weniger UV-Licht durch und reduziert darüber die Vitamin D-Produktion. In den meisten Regionen der Erde, in denen Landwirtschaft betrieben werden kann, scheint auch im Winter genügend Sonne, um ausreichend Vitamin D über die Haut zu produzieren. Mitteleuropa und vor allem Skandinavien bilden geografische Ausnahmen, sodass hier eine dunkle Haut vermutlich zu einem Mangel an Vitamin D führen würde.

DIE FÄHIGKEIT MILCH ZU TRINKEN

Rund 70 Prozent der heutigen Europäer können auch als Erwachsene größere Mengen von Milchzucker verdauen. Verantwortlich hierfür ist eine Variante des Laktase-Gens. Häufig wird die Abwesenheit dieser Genvariante auch als Laktoseintoleranz bezeichnet, wobei die meisten Menschen auf der Welt sowie alle Säugetiere laktoseintolerant sind. Die genetische Untersuchung alter Skelette zeigt, dass in der frühen Bronzezeit die mutierte Variante des Laktase-Gens nur bei wenigen Individuen aus der Steppe vorlag, die frühen Ackerbauern Europas waren zu dieser Zeit noch alle laktoseintolerant. Dass die mutierte Variante des Gens heute bei der Mehrheit aller Zentraleuropäer zu finden ist, ist offenbar einer starken positiven Selektion zu verdanken, die vermutlich frühestens nach der Einwanderung aus der Steppe vor etwa 4 800 Jahren begann. Diese Variante des Laktase-Gens

weist die stärkste positive Selektion auf, die bisher bei einem menschlichen Gen detektiert worden ist. Über die Ursachen dafür kann bislang nur spekuliert werden. Eventuell wurde die Milchwirtschaft stark intensiviert und die Milchproduktion pro Kuh durch gezielte Züchtung verstärkt. So können heutige Kühe bis zu zwanzig Mal mehr Milch produzieren als die Kühe der ersten Ackerbauern Europas.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass die Analyse der Genome alter Skelette aus der Vorgeschichte Europas erstaunlich viele biologische Veränderungen erkennen lässt. Innerhalb nur weniger tausend Jahre kam es zu zwei massiven Einwanderungswellen nach Europa, die die genetische Zusammensetzung der ansässigen Jäger und Sammler deutlich erweiterten. Mit den Einwanderern aus dem Nahen Osten vor rund 8 000 Jahren kamen auch Landwirtschaft und Viehzucht nach Europa und damit die Grundlage moderner Gesellschaften. Gleichzeitig begannen sich Gene in Europa auszubreiten, die eventuell eine wichtige biologische Anpassung an das Leben als Ackerbauer in Europa darstellen. Die Steppenbewohner Osteuropas brachten vor rund 5 000 Jahren in einer zweiten massiven Einwanderungswelle neben neuen Techniken und Kulturen auch Gene nach Europa, die es unter anderem Erwachsenen erlauben, größere Mengen Milch zu verdauen. Andererseits lassen die genetischen Untersuchungen auch vermuten, dass die zunehmende Bevölkerungsdichte und Mobilität der Europäer die Ausbreitung von Krankheiten begünstigte, mit eventuell katastrophalen Folgen. Mit den Einwanderern kamen wahrscheinlich auch neue Sprachen nach Europa. Vieles deutet darauf hin, dass die von den meisten heutigen Europäern gesprochenen indoeuropäischen Sprachen sich ursprünglich mit den Steppennomaden ausbreiteten. Genetische Untersuchungen bestätigen eindrucksvoll, dass Migration und Mobilität schon immer Teil der Menschheitsgeschichte waren: Alle heutigen Europäer sind ein Potpourri von Genen aus unterschiedlichen Teilen Eurasiens, eine klare genetische Abgrenzung zwischen den heutigen Einwohnern Europas ist daher unmöglich. Aus genetischer Sicht lassen sich keine Nationen als eigenständige Population erkennen. Eine weitere Erkenntnis besteht darin, dass in der frühen europäischen Geschichte mit großen Einwanderungswellen immer auch Innovationen nach Europa gelangten, die das Leben der Menschen hier grundlegend veränderten.



DIE MEISTEN JÄGER UND SAMMLER IN EUROPA UM ETWA 10.000 VOR CHRISTUS HATTEN EINE HAUTFARBE ÄHNLICH WIE DIE HEUTIGEN AFRIKANER, ALLERDINGS MEIST BLAUE AUGEN.