



Kronen



schwarzer Stier des  
 Hauses von Clarence



Rosen

königliche Symbole  
 Eduards III.:  
 Falke, Fußfessel,  
 Rose und das Kreuz  
 von St. Georg



# Im Dickicht der Stammbäume

Modelle zur Vererbung kultureller und familiärer Merkmale enthüllen, wie eng wir Menschen miteinander verwandt sind. Herkömmliche Ansichten über Abstammungslinien erweisen sich als falsch.

Von Susanna C. Manrubia, Bernard Derrida und Damián H. Zanette

**D**er Earl von Warwick behauptet in Shakespeares Königsdrama Heinrich VI., Teil 2: »Das Klarste kann nicht klarer sein als dies! Heinrich besitzt den Thron von John von Gaunt, dem vierten Sohn; York heischt ihn von dem dritten! Bis Lionels Geschlecht erloschen, sollte seins [John von Gaunts] nicht regieren!«

In Wahrheit war zwei Generationen lang gar nichts klar. Im Lauf des englischen Rosenkriegs im 15. Jahrhundert schlachtete sich die Herrscherfamilie der Plantagenets fast komplett ab. Auslöser waren die rivalisierenden Thronansprüche der Häuser Clarence (Nachfahren Lionels, des dritten Sohns von Eduard III.), Lancaster (gegründet von John of Gaunt, dem vierten Sohn) und York (Haus des fünften Sohns Edmund). Der Nebel lichtete sich erst, nachdem Gaunts Nachfolger, Heinrich VII. von Tudor, den letzten König der Plantagenets, Richard III., in der Schlacht besiegt hatte. Er festigte seine Herrschaft, indem er innerhalb der eigenen Familie Elisabeth von York heiratete. Ihr Sohn, Heinrich

VIII., stammte gleich auf vier unterschiedliche Arten von König Eduard III. (1312–1377) ab, wobei jede Linie eine wichtige Allianz und einen Wendepunkt der englischen Geschichte markierte.

Die Historie der englischen Königshäuser zeigt nicht nur, wie sehr das Schicksal ganzer Nationen von Abstammungsfragen abhängen kann, sondern auch, wie häufig in geschlossenen Populationen so genannte Koaleszenz vorkommt: das Verschmelzen der Zweige eines Familienstammbaums. Die Plantagenets sind ein typisches Beispiel. In einer Population von tausend Personen, die ihre Partner zufällig wählen, reichen normalerweise schon zehn Generationen aus, damit zwei beliebige Personen einen gemeinsamen Vorfahren haben. Nach 18 Generationen haben zwei Mitglieder einer solchen Population in der Regel sogar sämtliche Vorfahren gemeinsam. Daher ist es kein Wunder, dass zu Beginn des 20. Jahrhunderts jeder erbliche Monarch in Europa von Eduard III. abstammte.

In den vergangenen Jahrzehnten hat uns die Genforschung gezeigt, wie überraschend eng alle Menschen miteinander verwandt sind. Die Untersuchung der mitochondrialen DNA, kurz mt- ▷

▶ Das prachtvolle Manuskript von 1461 zeigt die Komplexität eines königlichen Stammbaums. Die gut sechs Meter lange Pergamentrolle (links ganz abgebildet) führt die Linie von König Eduard IV. von England bis zu Noah zurück. Der vergrößerte Ausschnitt erstreckt sich von Eduard III. zu Richard, Graf von York (Ricardus, unten Mitte). Der mehrfarbige Rand von Richards Kasten deutet seine Verbindungen zu anderen Herrscherhäusern Europas an; diese Gemeinsamkeit von Vorfahren heißt Koaleszenz. Hingegen weisen die einfachen gelben Ränder der Könige Heinrich IV., V. und VI. auf wenige königliche Bindungen und entsprechend geringeren Thronanspruch hin.



▷ DNA, die – außer bei Mutationen – unverändert über die Mütter weitergegeben wird, sowie die Analyse bestimmter Gene auf dem vom Vater auf den Sohn vererbten Y-Chromosom ergaben: Die »mitochondriale Eva« und der »Y-Chromosom-Adam« lebten vor erstaunlich kurzer Zeit. Die in jeder menschlichen Zelle vorhandenen Mitochondrien sind das weltweite Erbe einer einzigen Frau. 1987 errechneten Rebecca Cann, Mark Stoneking und Allan Wilson an der Universität von Kalifornien in Berkeley, dass diese Frau vor 140 000 bis 290 000 Jahren gelebt haben muss.

## Warum sterben prominente Familien aus? Mindert ihr hoher Sozialstatus die Fruchtbarkeit – oder ist beim Verschwinden von Namen bloß der Zufall im Spiel?

Solche Analysen erzählen aber nur einen Teil der Geschichte, da sie auf »monoparentaler Vererbung« – durch einen Elternteil – beruhen. Den größten Teil unseres Genoms erben wir »biparental« von Vater und Mutter, und deren Gene werden durch Crossing-over und Rekombination der DNA neu gemischt. Unsere rekombinierte DNA enthält eine viel ausführlichere Geschichte unserer Vergangenheit; wir müssen nur lernen, sie zu lesen. Könnten wir weit genug in die Vergangenheit zurückblicken, würde jeder von uns einen ebenso verschlungenen Stammbaum vorfinden wie Heinrich VIII. – mit vielen Zweigen, die durch Koaleszenz miteinander verschmolzen sind.

Die mitochondriale DNA ist zwar ein mächtiges Werkzeug, da sie dieses Gestrüpp durchschneidet und einen einzigen Zweig hervorhebt, doch aus demselben Grund unterschlägt sie die Komplexität unserer Vergangenheit. Um die Geschichte der menschlichen Ahnenreihe ganz zu verstehen, müssen wir mathematische Modelle und Computersimulationen für die Entwicklung von Genen und Abstammungslinien über hunderte Generationen hinweg verwenden – denn so weit reichen Ahnentafeln nicht zurück. Diese biparentalen Modelle zeigen, dass die monoparentalen (gestützt auf die mitochondriale DNA) tatsächlich unterschätzen, wie schnell menschliche Populationen hinsichtlich ihrer Abstammung homogen werden.

Der erste ernsthafte Versuch, ein genealogisches Problem mathematisch zu lösen, geht auf einen Streit zurück, an dem einer der berühmtesten britischen Wissenschaftler der Viktorianischen Ära beteiligt war: Sir Francis Galton, ein Cousin Charles Darwins, hatte 1869 ein Buch mit dem Titel »Hereditary Genius« (deutsch 1910: »Genie und Vererbung«) geschrieben, in dem er versuchte, den oft beobachteten Niedergang großer Familien zu erklären. »Es gibt viele Beispiele dafür, dass Nachnamen, die einst verbreitet waren, seltener wurden oder ganz verschwanden«, schrieb Galton einige

Jahre später. »Die Tendenz ist überall zu beobachten, und zu ihrer Erklärung wurde vorschnell der Schluss gezogen, dass eine Zunahme an physischem Komfort und intellektueller Fähigkeit notwendigerweise mit einer Minderung der »Fruchtbarkeit« einhergeht.« Galton selbst bot eine andere Erklärung an, die – für die damalige Zeit nicht verwunderlich – den Frauen die Schuld gab: Männer, deren Status sich kürzlich erhöht hat, versuchen ihre Position abzusichern, indem sie Erbinnen heiraten – per Definition Frauen aus Familien ohne Söhne. Solche Frauen, glaubte er, würden auch selbst mit geringerer Wahrscheinlichkeit Söhne gebären.

Doch ein Schweizer Botaniker namens Alphonse de Candolle wies mit Recht auf eine andere Möglichkeit hin: Das Verschwinden mancher Familiennamen könnte einfach Zufall sein. Solange Wissenschaftler die Wahrscheinlichkeit

nicht kennen, mit der Nachnamen zufällig aussterben, können sie auch nicht sagen, ob die Auslöschung »berühmter« Nachnamen in irgendeiner Weise anormal ist.

1874 bat Galton einen Mathematiker, den Geistlichen Henry William Watson, diese Frage zu klären. Watsons Ansatz war genial, und um ein Haar hätte er eine Grundlage der im 20. Jahrhundert entwickelten Theorie der Verzweigungsprozesse entdeckt.

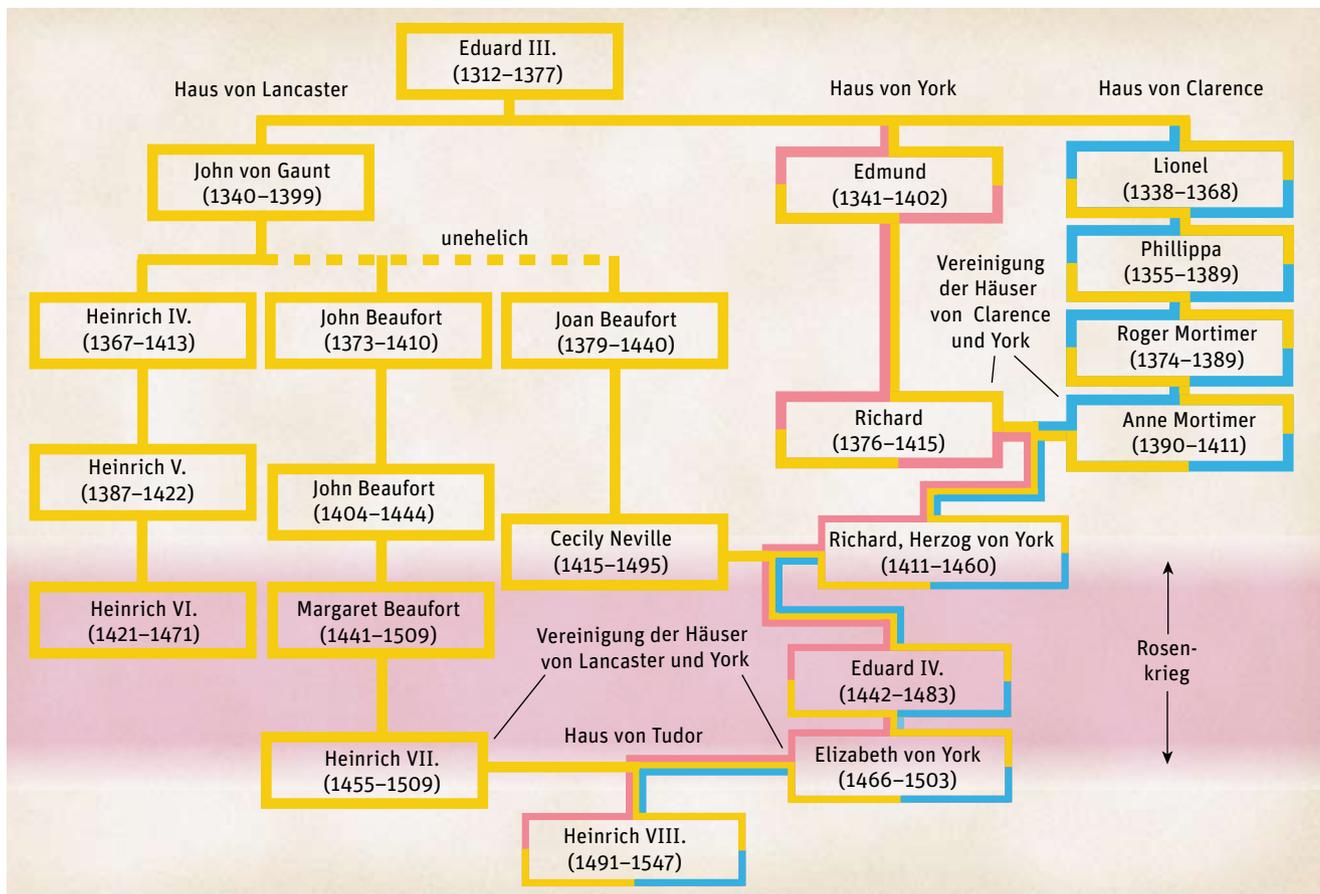
Um die Rolle des Zufalls zu ermitteln, nahm Watson an, alle Männer hätten gleiche angeborene Fruchtbarkeit. Somit hing die unterschiedliche Anzahl ihrer Nachkommen nur vom Zufall ab. Jeder Mann hatte mit Wahrscheinlichkeit  $p_0$  keinen Sohn, mit Wahrscheinlichkeit  $p_1$  einen Sohn, mit  $p_2$  zwei Söhne und so fort. Wenn ein Mann ohne Sohn blieb, starb sein Name natürlich sofort aus. Daher war die Wahrscheinlichkeit, nach einer Generation auszusterben – nennen wir sie  $q_1$  –, genauso groß wie  $p_0$ .

In den nachfolgenden Generationen werden die Verhältnisse jedoch komplizierter, weshalb Galton um Hilfe gebeten hatte. Zum Beispiel kann ein Mann einen Sohn haben (Wahrscheinlichkeit  $p_1$ ), der selbst keinen Sohn hat (Wahrscheinlichkeit  $p_0$ ); die Wahrscheinlichkeit, dass die Namenslinie auf diese Weise erlischt, wäre dann das Produkt der Wahrscheinlichkeiten:  $p_1 p_0$ . Er könnte aber auch zwei Söhne bekommen (Wahrscheinlichkeit  $p_2$ ), die beide keine Söhne haben (Wahrscheinlichkeit  $p_0^2$ ). Die Wahrscheinlichkeit dafür wäre  $p_2 p_0^2$ . Die Summe der Wahrscheinlichkeiten für jeden dieser Fälle ergibt die Wahrscheinlichkeit  $q_2$ , mit der die Linie nach zwei Generationen ausstirbt:

$$q_2 = p_0 + p_1 p_0 + p_2 p_0^2 + p_3 p_0^3 \dots$$

### In Kürze

- ▶ Die **Abstammungslinien** von Stammbäumen können durch Koaleszenz miteinander verschmelzen. Dadurch sind die Menschen stärker verwandt als vermutet.
- ▶ Die mitochondriale DNA, die nur über die **mütterliche Linie** vererbt wird, gibt Genforschern Aufschluss über Ursprung und Verwandtschaft menschlicher Populationen über Jahrtausende hinweg.
- ▶ Doch erst **mathematische Modelle** für die Vererbung der Gene von Vater und Mutter offenbaren das ganze Ausmaß menschlicher Verwandtschaftsbeziehungen.



Watsons brillante Erkenntnis war nun, dass die rechte Seite dieser Gleichung, die so genannte Erzeugungsfunktion, bereits die gesamte Information über die Wahrscheinlichkeit einer Auslöschung in späteren Generationen enthält. Um Auslöschungswahrscheinlichkeiten zu berechnen, muss man bloß die Erzeugungsfunktion wiederholt anwenden. Mathematisch definierte Watson die Erzeugungsfunktion  $f(x)$ , indem er jedes  $p_0$  mit Ausnahme des ersten durch die Variable  $x$  ersetzte:

$$f(x) = p_0 + p_1x + p_2x^2 + p_3x^3 \dots$$

Dann zeigte er, dass sich die Auslöschungswahrscheinlichkeit für jede Generation durch Iteration errechnen lässt. Das heißt, die Auslöschungswahrscheinlichkeit der vorherigen Generation wird in die Funktion eingesetzt:

$$q_1 = f(0), q_2 = f(q_1), q_3 = f(q_2), \dots$$

Und wie groß wäre die Auslöschungswahrscheinlichkeit nach unbegrenzt vielen Generationen,  $q_\infty$ ? Das wäre einfach eine Iteration ihrer selbst:

$$f(q_\infty) = q_\infty$$

Diese Gleichung liefert die Wahrscheinlichkeit, dass jede Linie letzten Endes – nach einer, zehn oder beliebig vielen Generationen – ausstirbt.

### Watsons grober Schnitzer

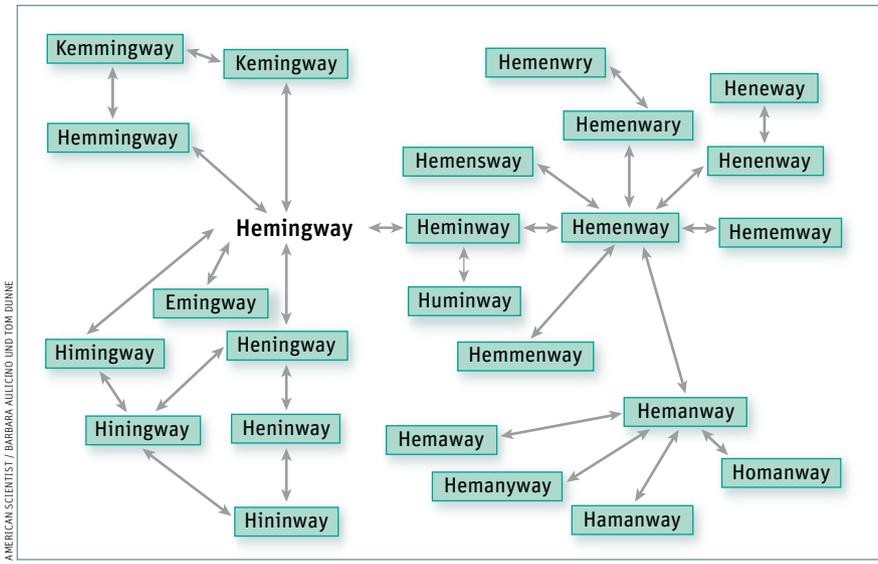
Als Watson schon fast eine Lösung hatte, machte er einen groben Schnitzer. Da er keine demografischen Daten besaß, aus denen die Wahrscheinlichkeit für keinen Sohn, einen Sohn, zwei Söhne und so weiter hervorging, riet er einfach:  $f(x) = (3+x)^5 / 4^5$ . Die Annahme war gar nicht übel, doch dann unterlief ihm ein mathematischer Fehler: Er übersah eine Lösung für seine Gleichung. Er glaubte, die einzige Lösung sei  $f(1) = 1$  und somit  $q_\infty = 1$ . Das würde bedeuten, dass jede Linie mit hundertprozentiger Sicherheit ausstirbt.

Wie deprimierend! »Alle Nachnamen haben daher die Tendenz, in unbegrenzter Zeit auszusterben«, schrieb Watson. »Dieses Resultat war eigentlich vorherzusehen, denn ein Nachname, wenn er erst einmal verloren ist, kann niemals wiederhergestellt werden, und mit jeder

▲ Dieser stark vereinfachte Stammbaum des englischen Königs Heinrich VIII. zeigt vier Linien, die zu König Eduard III. zurückführen. Genealogische Koaleszenz tritt auf, wenn beide Eltern einer Person einen gemeinsamen Vorfahren haben. In der hier gezeigten Ahnenreihe gab es drei solcher Ehen, die mit politischer Absicht herbeigeführt wurden. Doch wie die Autoren zeigen, tritt Koaleszenz überraschend schnell in allen geschlossenen Populationen auf, selbst wenn die Partnerwahl ganz zufällig erfolgt.

nachfolgenden Generation erhöht sich die Chance des Verlusts.«

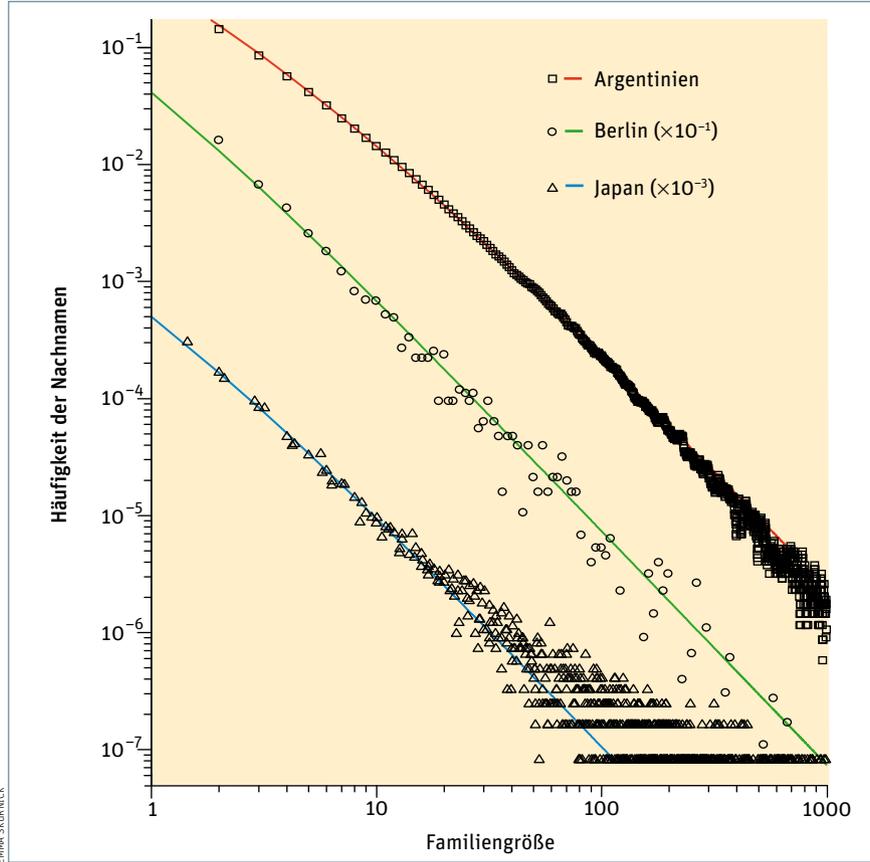
Watsons Analyse stimmt für schrumpfende oder konstante Populationen. Doch für eine wachsende Population hat  $q_\infty$  eine zweite Lösung. Bei der von Watson verwendeten Erzeugungsfunktion wuchs die Population um knapp neun Prozent pro Generation, und die zweite Lösung lautet:  $f(0,55) = 0,55$ . Das heißt, jede Linie stirbt mit 55 Prozent Wahrscheinlichkeit aus und besteht mit 45 Prozent ewig weiter. Stark vereinfacht kann man sagen, dass eine Linie – zum Beispiel die der Meiers oder die der



AMERICAN SCIENTIST / BARBARA ALLICINO UND TOM DUNNE

Die Schreibweise englischer Nachnamen war historisch einem starken Wandel unterworfen. Das Diagramm zeigt eine kleine Auswahl von Mutationen des Namens Hemingway, wie sie in US-Volkszählungen des 19. Jahrhunderts auftauchen.

Das Modell der Autoren liefert präzise Vorhersagen über die Anzahl von Nachnamen, die zu einer bestimmten Familiengröße gehören. Das Diagramm zeigt die im Modell berechnete Häufigkeit jeder Familiengröße (Linien) im Vergleich zu Telefonbuchdaten aus Argentinien (Quadrate), Berlin (Kreise) und Japan (Dreiecke). Die Daten für Argentinien und Berlin passen gut zum Modell, während die Japan-Daten deutlich abweichen. Die Autoren führen dies auf erst kürzlich eingeführte Nachnamen zurück.



EMMA SKURINEK

▷ Schmidts – eine kritische Masse erreichen kann, die praktisch ihr Weiterleben garantiert. Doch da Watson das Problem scheinbar gelöst hatte, fiel sein Fehler fünfzig Jahre lang niemandem auf.

In den 1920er Jahren legte eine neue Generation von Biologen und Mathematikern die Grundlagen der Populationsgenetik – und stieß bald auf Watsons Fehler. In einer wachsenden Bevölkerung hat jede Linie eine von null verschiedene Chance, unbegrenzt weiterzuleben. 1939 verwendete Alfred Lotka Daten aus der US-Volkszählung von 1929, um  $p_0$ ,  $p_1$  und so weiter abzuschätzen, und errechnete daraus für  $q_\infty$  einen Wert von 0,819. Demnach betrug damals in den USA die Wahrscheinlichkeit für das unbegrenzte Überleben eines Nachnamens, der nur einen Stammvater hatte, rund 18 Prozent. Oder, pessimistisch betrachtet: Die Wahrscheinlichkeit für das letztendliche Aussterben lag bei 82 Prozent.

**Nachnamen und Mitochondrien**

Solche Aussagen bergen freilich eine Gefahr: Sie klingen wie absolute Wahrheiten. Man muss sich vergegenwärtigen, dass sie von speziellen mathematischen Annahmen abhängen, die nicht unbedingt mit der Wirklichkeit übereinstimmen. In Watsons Modell – unter Populationsgenetikern als Galton-Watson-Prozess bekannt – sind einige Annahmen recht fragwürdig. Haben wirklich alle Männer die gleiche angeborene Fruchtbarkeit? Vielleicht überträgt die Zugehörigkeit zu einer bestimmten Familie bestimmte evolutionäre Vorteile; dann ist der Prozess nicht mehr »neutral«. Dies wird übrigens wahrscheinlicher, wenn man Galton-Watson-Prozesse auf biologische Merkmale anwendet statt auf Nachnamen. Ist die Fruchtbarkeit jedes Mannes wirklich unabhängig von der jedes anderen, und bleibt sie zeitlich konstant? Und was geschieht, wenn wir Mutationen von Nachnamen zulassen, ob durch Einwanderung oder veränderte Schreibweise?

In der Tat ist die Veränderlichkeit von Familiennamen stark kulturabhängig. In China wurden Nachnamen über Jahrtausende hinweg sorgsam gehütet. Eine Erhebung durch Kaiser Tang Taizong im Jahr 627 n. Chr. ergab insgesamt 593 verschiedene Namen. Im Jahr 960 listete das Buch »Nachnamen von hundert Familien« 438 Einträge auf. Heute tragen rund 40 Prozent der chinesischen Bevöl-



kerung einen der zehn häufigsten Namen, und 70 Prozent haben einen der 45 häufigsten. Vermutlich ist die Ursache für diese geringe Veränderlichkeit im chinesischen Schriftsystem zu suchen, das jeden Nachnamen durch ein einziges Zeichen wiedergibt.

Im Gegensatz dazu herrscht in Nordamerika die größte Namensvielfalt der Welt – Ausdruck der durch Immigration geprägten Geschichte der USA und Kanadas. Auch die extreme Veränderlichkeit englischer Schreibweisen hat die Namensvielfalt erhöht, wie der folgende Auszug einer Internetseite über die Hemingways zeigt (siehe Bild links oben):

Mein variabelster Vorfahr, Fisher Hemingway, geboren 1819 oder 1820 in New York, ... erscheint als: Hemensway, Fisher in der Volkszählung von 1880; Hemingway, Fisher bei der Heirat mit Catharine Chambers 1858; Hemenway, Fisher im Adressbuch von Cleveland für 1845/46; Henenway, Fisher in der Volkszählung von 1840; Hemmingway, Fisher bei der Heirat mit Elizabeth Elliott 1839 ... Meine aktuelle Liste von Hemingway-Varianten füllt viele Seiten, und ich vermute, dass ich viele übersehen habe.

Wir haben die Verteilung von Nachnamen mit einem einfachen Modell untersucht, das zu jedem Zeitpunkt eine kleine Wahrscheinlichkeit für Mutationen zulässt. Außerdem enthält es eine flexible Sterberate, die größer oder kleiner als die Geburtenrate angesetzt werden kann, aber auch ebenso groß. Wie im

Galton-Watson-Modell finden wir drastische Unterschiede zwischen wachsenden Populationen und statischen, bei denen Geburten- und Sterberate gleich sind.

In einer wachsenden Bevölkerung nimmt die Namensvielfalt mit der Zeit stets zu. Nach genügend langer Zeit wird die Anzahl der Namen  $n(y)$ , die zu exakt  $y$  Personen gehören, proportional zu  $1/y^2$  für genügend hohe  $y$ -Werte, das heißt für große Familien. Daher sollte es beispielsweise hundertmal so viele Nachnamen geben, die nur 20 Personen gehören, wie Namen, die 200 Personen gemeinsam sind.

In einer statischen Bevölkerung hingegen wird die Mutationsrate sehr wichtig. Ist sie zu niedrig, nimmt die Vielfalt sehr wahrscheinlich so lange ab, bis nur noch ein einziger Nachname vorherrscht. Ist die Mutationsrate hoch, nähert sich die Häufigkeitsfunktion  $n(y)$  einem stabilen Zustand, der allerdings viel stärker kleine Familien bevorzugt als in einer wachsenden Population.

Wohlgemerkt, diese stabilen Zustandsverteilungen gelten erst nach vielen Generationen. Das bedeutet umgekehrt: Abweichungen vom erwarteten stabilen Zustand können jüngste historische Ereignisse widerspiegeln. Zum Beispiel tauchten moderne japanische Nachnamen erst vor 120 Jahren auf. Darum sollte die Verteilung der Familiengrößen – insbesondere für große Familien – von den Anfangsbedingungen vor einem Jahrhundert geprägt sein.

Ein Vergleich mit realen Daten aus drei Quellen – dem Telefonbuch für ▷

FÜR MENSCHEN, DIE ES  
**GENAUER**  
WISSEN WOLLEN



Wissenschaft ist spannender, als es ein Blick in die Tageszeitung vermuten lässt. Entdecken Sie mit **spektrumdirekt**, der Wissenschaftszeitung im Internet, täglich neu die Faszination der Forschung.



[www.spektrumdirekt.de/heute](http://www.spektrumdirekt.de/heute)

**spektrumdirekt**  
Die Wissenschaftszeitung im Internet

▷ ganz Argentinien von 1996, den »A«-Einträgen des Berliner Telefonbuchs von 1996 und der Liste aller Nachnamen aus fünf japanischen Städten von 2000 – scheint diese Thesen zu bestätigen. In dieser Untersuchung definierten wir »Familie« als alle Menschen mit demselben Nachnamen.

Die argentinischen Daten decken sich – bis auf ein leichtes Defizit sehr großer Familien – hervorragend mit der Kurve  $n(y)$  für den stabilen Zustand. Dies passt zu Argentinien's demografischer Entwicklung: Eine überwiegend gesamt-europäische Bevölkerung wurde durch Einwanderer gegen Ende des 19. Jahrhunderts und nach dem Zweiten Weltkrieg ein wenig gestört. Die Berlin-Daten streuen stärker, weil der Datensatz kleiner ist, scheinen aber der stabilen Zustandsverteilung zu folgen. Doch die Japan-Daten weichen drastisch davon ab, mit einem deutlichen Überschuss großer Familien. Könnten wir ein, zwei Jahrhunderte zurückgehen, fänden wir vermutlich eine Verteilung, die sich enger an die Gerade im Diagramm auf S. 68 unten schmiegt. Dies würde aber nicht zutreffen, falls es in Japan eine längere Phase des Nullwachstums gegeben hätte.

Moderne Wissenschaftler kümmern sich vielleicht weniger als zu viktorianischen Zeiten um Nachnamen oder das Ende großer Familien. Dafür interessieren sie sich umso mehr für die mitochondriale DNA, die wie der Familienname monoparental vererbt wird. Die mtDNA der Mutter wird – abgesehen von seltenen Mutationen – intakt an all ihre Kinder vererbt; doch nur ihre Töchter können diese DNA an die nächste Generation weitergeben. Die

lige genetische Drift der mtDNA eine hervorragende genetische Uhr, die anzeigt, ob – und vor wie langer Zeit – zwei Menschen oder zwei Menschengruppen eine gemeinsame Vorfahrin hatten. Die Entdeckung dieser Uhr klärte einige wichtige historische Streitpunkte, sowohl für die jüngste Vergangenheit als auch für die graue Vorzeit.

Beispielsweise bewies die mtDNA einer Frau, die für Prinzessin Anastasia, die Tochter des letzten russischen Zaren, ge-

## Eine Analyse ihrer mitochondrialen DNA entlarvte die vermeintliche Zarentochter Anastasia

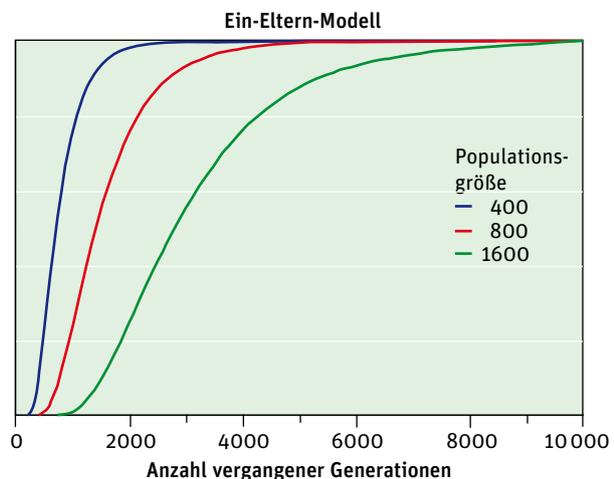
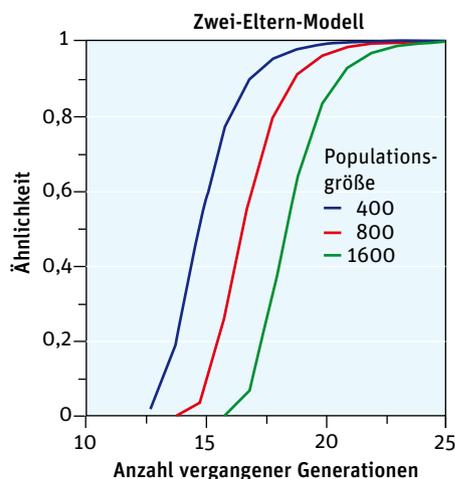
einfachste Zählweise eines DNA-Doppelstrangs ist das Basenpaar, das aus je einem Nukleotid pro Strang besteht. In der mtDNA gibt es einen speziellen Abschnitt, die so genannte Kontrollregion. Sie ist rund 500 Basenpaare lang und verhält sich offenbar evolutionsbiologisch neutral: Das Segment scheint keine spezifische Funktion zu haben, und seine Mutationen bieten keinen Überlebensvorteil. Daher bildet die langsame, zufäl-

halten wurde, dass sie mit anderen Überlebenden der Romanow-Dynastie nicht verwandt war. Die Mitochondrien von Bewohnern der Pazifik-Inseln weisen Mutationen auf, die unter Asiaten verbreitet sind; das beweist, dass die Pazifik-Insulaner aus Asien kamen und nicht, wie manche Historiker glaubten, vom amerikanischen Kontinent. Und die Analyse der mtDNA aus dem Oberarm eines 50 000 Jahre alten Neandertaler-

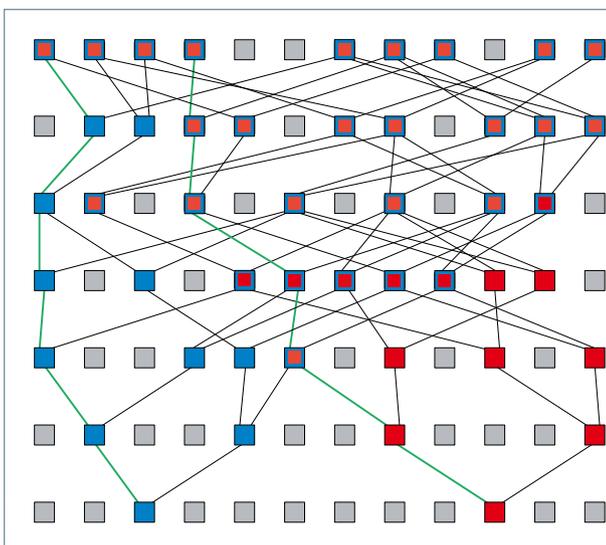
### BALD SIND ALLE VERWANDT

**IN GESCHLOSSENEN POPULATIONEN** mit zufälliger Partnerwahl entsteht erstaunlich schnell vollständige Koaleszenz. Hier werden zwei unterschiedliche Maße für genealogische Ähnlichkeit verwendet. Im Zwei-Eltern-Modell (links) bedeutet Ähnlichkeit die Wahrscheinlichkeit, dass ein Individuum alle Personen der  $n$ -ten Vorläufergeneration zu Vorfahren hat, die gegenwärtig Nachkommen haben. Die Geschwindigkeit des Übergangs von völliger Nichtverwandtschaft zu kompletter Verwandtschaft hängt nicht

von der Populationsgröße ab, wohl aber der Zeitpunkt des Übergangs: Größere Populationen benötigen mehr Generationen. Im Ein-Eltern-Modell bezeichnet Ähnlichkeit die Wahrscheinlichkeit, dass alle Personen der gegenwärtigen Population dieselbe mitochondriale DNA von einer vor  $n$  Generationen lebenden Person geerbt haben. Populationen von einigen hundert Personen brauchen mehr als tausend Generationen, bis alle mit großer Wahrscheinlichkeit dieselbe mitochondriale Ahnin haben. In diesem Fall hängt die Geschwindigkeit des Übergangs von der Populationsgröße ab; er verläuft bei großer Population langsamer.



EMMA SKURINICK



## DIE GEMEINSAME GROSSMUTTER

**KOALESCENZ ENTSTEHT IM ZWEI-ELTERN-MODELL** viel schneller als in einem Ein-Eltern-Modell. Jede Zeile dieses Diagramms repräsentiert eine Generation in einer konstanten Population von zwölf Personen. Aus der gegenwärtigen Generation (unterste Zeile) werden zwei Personen ausgewählt und ihre Vorfahren sechs Generationen weit zurückverfolgt. Der späteste gemeinsame Vorfahr (rot-blaues Quadrat) tritt in der zweiten Generation auf. In früheren Generationen nimmt die Anzahl gemeinsamer Ahnen immer weiter zu, bis sich in der sechsten Generation die roten und blauen Ahnenreihen komplett überlappen. Hingegen wird bei Vererbungsformen, an denen nur ein Elternteil beteiligt ist – zum Beispiel mitochondriale DNA –, nach sechs Generationen oft noch kein gemeinsamer Vorfahr entdeckt (grüne Linien).

Skeletts ergab, dass sich die Neandertaler offenbar vor 500 000 Jahren von der zum heutigen Menschen führenden Entwicklungslinie abgespalten haben und darum keine mtDNA zu unserem Erbe beitragen. Im Allgemeinen vermag die mtDNA genau wie ein Familienname demografische Ereignisse in der Vergangenheit einer Population aufzuspüren – etwa Migrationen, Bevölkerungsentwässerungen oder Expansionen.

Die mitochondriale DNA hat uns wichtige Erkenntnisse über die Geschichte der Menschheit geliefert. Doch sie erzählt nicht alles, denn wir wissen, dass im Prinzip jeder Vorfahr in unserem Stammbaum zu unseren Genen beiträgt. Die »mitochondriale Eva« und der »Y-Chromosom-Adam« müssen weder gleichzeitig noch in derselben Region gelebt haben, und sie leisteten nicht unbedingt den wichtigsten Beitrag zu unserer genetischen Prägung. Tatsache ist: Wenn wir zu einer bestimmten Zeit einen gemeinsamen Vorfahren hatten, dann hatten wir fast sicher viele davon. Die mitochondriale Eva war nur zufällig die Mutter der Mutter der Mutter – und so weiter viele tausend Mal – unserer Mutter. Die Mitochondrien-Analyse kann uns nicht verraten, wer der Vater der Mutter des Vaters der Mutter – auch dies viele tausend Mal – unseres Vaters war. Einige dieser nicht nachweisbaren Vorfahren könnten vor viel kürzerer Zeit gelebt haben als die mitochondriale Eva.

Außerdem leisten gemeinsame Vorfahren nicht notwendigerweise gleiche Beiträge zu unserem Genom. Zwar tragen unsere Eltern je 50 Prozent zu unserem genetischen Material bei, aber un-

sere Großeltern lieferten nicht unbedingt jeweils 25 Prozent. Wenn man weiter zurückgeht, könnten manche Vorfahren ihren genetischen Beitrag durch Stammbaum-Koaleszenz erhöht haben: Mehr Zweige, die zu ihnen führen, bedeuten mehr Möglichkeiten, ihre DNA an uns weiterzugeben.

### Ein Elternteil oder zwei?

Zwei neuere Studien, eine von uns und die andere von Joseph Chang von der Yale-Universität, heben den Unterschied zwischen dem genetischen und dem genealogischen Ansatz der Koaleszenz hervor. Die mathematischen Abstammungsmodelle sind in beiden Studien sehr ähnlich, und wir konnten sie auf Populationen variierender Größe erweitern. Die Modelle schreiten von der Gegenwart zur Vergangenheit fort: Wir nehmen an, dass jedes Individuum zufällig zwei Eltern aus der vorhergehenden Generation auswählt.

Wie Chang einräumt, ist dieses einfache Modell nicht besonders realistisch, denn es ignoriert die Geschlechtsunterschiede und lässt unmögliche Stammbäume zu. Um dem zu begegnen, kann man jedes Individuum durch ein Paar ersetzen und erhält eine Population aus  $n$  monogamen Paaren. Die Zufallswahlen führen dann nicht zu Widersprüchen: Sowohl Ehemann als auch Ehefrau werden von einem Paar der vorigen Generation geboren. Das Modell stimmt gut mit Volkszählungsdaten zu Familiengrößen überein. Außerdem kann man es im Prinzip so umformulieren, dass es in Zeitrichtung vorwärtsschreitet; allerdings ist die Vorwärtsversion komplizierter.

Mit diesem Modell lassen sich viele Probleme untersuchen, zum Beispiel die Frage, die Galton und Watson interessierte: Wie hoch ist die Wahrscheinlichkeit, dass die eigene Namenslinie – nun definiert als sämtliche Nachkommen, nicht nur Söhne von Söhnen von Söhnen – ausstirbt? Wenn man per Zufall zwei Zeitgenossen auswählt, wie viele Generationen muss man dann zurückgehen, um einen gemeinsamen Vorfahren zu finden? Wie weit muss man zurückgehen, bis alle Vorfahren dieselben sind? Betrachten wir eine konstante Bevölkerung aus zwölf Personen (Bild oben).

Der erste gemeinsame Vorfahr von zwei Individuen ist eine Großmutter. Auf dem Weg zu noch früheren Generationen werden die gemeinsamen Vorfahren immer häufiger, und schon nach – oder besser vor – sechs Generationen haben die beiden Individuen alle Ahnen gemeinsam. Wohlgemerkt: Zu diesem Zeitpunkt haben sich die mitochondrialen Linien noch nicht vereinigt; ein Genetiker, der die mtDNA untersucht, würde kaum erkennen, wie eng die beiden heute lebenden Individuen miteinander verwandt sind.

Das Beispiel ist nicht ungewöhnlich. In einer konstanten Population mit  $n$  Individuen ist die Anzahl der Generationen bis zum ersten gemeinsamen Vorfahren ungefähr gleich dem Logarithmus von  $n$  zur Basis 2. Da der Logarithmus von 12 zur Basis 2 rund 3,6 ist, dürfen wir vor drei bis vier Generationen den ersten gemeinsamen Vorfahren erwarten. Chang zufolge ist die Generationenanzahl  $G$ , bis zu der zwei beliebige Individuen dieselben Vorfahren haben, 1,77 mal Logarith-

▷ mus n zur Basis 2. Man könnte das die Koaleszenzzeit der Population nennen. Für 12 Personen erhält man 6,3 Generationen, was zum Bildbeispiel passt.

Wir gingen anders vor als Chang, indem wir verglichen, wie oft ein bestimmter Vorfahr in zwei verschiedenen Stammbäumen vorkommt. Wie wir herausfanden, sind rund  $\log n$  Generationen nötig, bis die Anzahl der Wiederholungen jedes Vorfahren in allen Stammbäumen gleich groß wird. Dabei gibt es – unabhängig von der Populationsgröße – einen abrupten Übergang bei 14 Generationen, mit dem die Ähnlichkeit von 1 auf 99 Prozent springt.

### Wir alle sind königlichen Geblüts

Außerdem fanden sowohl Chang als auch unser Team heraus, dass es nicht nur einen universellen gemeinsamen Vorfahren gibt, sondern eine universelle Ahnen-Population. Zur Koaleszenzzeit entsteht eine vollständige Dichotomie: Jedes Individuum ist entweder ein Vorfahr aller Personen in der gegenwärtigen Generation – oder niemandes Vorfahr. Bei konstanter Population sind rund 80 Prozent der Personen in der G-ten Generation universelle Vorfahren, und die übrigen 20 Prozent gehören zu aussterbenden Linien. In einer wachsenden Bevölkerung ist der Anteil universeller Vorfahren höher, und aussterbende Linien sind entsprechend seltener.

Ganz offensichtlich stellen diese Resultate herkömmliche Ansichten über Stammbäume und mitochondriale Evas auf den Kopf. Darum lohnt ein kritischer Blick auf unsere Modellannahmen. Chang hat sicher Recht, wenn er davor warnt, die Ergebnisse direkt auf die Weltbevölkerung anzuwenden. In Wirklichkeit ist die Auswahl der Eltern – oder im Vorwärtsmodell die Auswahl der Partner – natürlich nicht zufällig. Geografische, ethnische, religiöse und soziale Faktoren beeinflussen die Partnerwahl. Dennoch erfahren wir aus den Modellen etwas Wichtiges: In Subpopulationen, in denen zufällige Partnerwahl möglich ist, entsteht erstaunlich schnell – eher in Hunderten als in Hunderttausenden von Jahren – eine Menge gemeinsamer Vorfahren.

Hingegen dauert es viel länger, bis in einer Population genetische Homogenität entsteht. Zwar verdoppelt sich mit jeder Generation im Stammbaum die Anzahl der Ahnen, aber das gilt nicht für einzel-

ne Gene; sie werden stets über einzelne Äste vererbt und folgen daher einem monoparentalen Modell. Man könnte eine genetische Koaleszenzzeit definieren als die Anzahl der Generationen, die nötig ist, um für jedes nicht rekombinierende Allel einen gemeinsamen Vorfahren zu finden. Das ist praktisch das Gleiche wie beim Problem der mitochondrialen DNA, wo jedes Individuum nur mit einem Elternteil verbunden ist. In einer bahnbrechenden Studie zeigte Sir John Frank Charles Kingman, derzeit an der Universität Cambridge tätig, dass die für diese Art von Koaleszenz erforderliche Anzahl von Generationen ebenso groß ist wie die Population selbst. Beispielsweise erreicht eine zufällig untereinander heiratende tausendköpfige Population in nur 18 Generationen genealogische Koaleszenz, braucht aber für genetische Koaleszenz tausend Generationen. Und selbst in diesem Fall können verschiedene Gene zu unterschiedlichen gemeinsamen Vorfahren führen. Darum spricht man besser von einer ganzen Ahnenpopulation statt von einer einzigen Eva.

Die Analyse der mitochondrialen DNA hat viele spektakuläre Erkenntnisse über die menschliche Evolution geliefert. Die mtDNA ist ein kleines, aber wesentliches Stück unseres Genoms. Sie gibt Aufschluss über Ursprung und Verwandtschaft menschlicher Populationen, weil sie – analog zu den männlich vererbten Familiennamen – nur über die mütterliche Linie weitergegeben wird. Doch unser genetisches Erbe ist viel reicher, denn unser Stammbaum enthält einen großen Teil der Gesamtpopulationen, die vor vielen Generationen gelebt haben. Auch unser Familienname besagt nicht viel über unsere Herkunft.

Mitochondriale Gene enthalten vor allem Informationen über die zelluläre Energieproduktion. Die meiste Information, die uns als menschliche Wesen kennzeichnet, steckt in den so genannten Kern-Genen, die mehr als 99,99 Prozent des menschlichen Genoms ausmachen. Jedes Mal, wenn sich ein Paar fortpflanzt, vermischen sich diese Gene durch Rekombination. Könnten wir alle Zweige verfolgen, durch die wir unsere Gene geerbt haben, würden wir wahrscheinlich feststellen, dass all unsere Ahnen etwas zu unserem genetischen Erbe beigetragen haben, und sei es noch so wenig. Nicht nur die mitochondriale Eva, sondern wohl auch die meisten ihrer Zeitgenossen

haben stille Spuren in unserem gemeinsamen Genom hinterlassen.

Wenn sich wieder einmal jemand seines königlichen Geblüts brüestet, können wir uns trösten: Mit recht hoher Wahrscheinlichkeit haben auch wir adelige Ahnen. Das wird durch die schnelle Vermischung der genealogischen Zweige binnen einiger Dutzend Generationen praktisch garantiert. Zweifelhaft bleibt freilich, wie viel königliches Erbe Sie noch in Ihren Genen tragen. Abstammung ist nicht gleichbedeutend mit Genen. Und darüber, wie sehr wir uns genetisch gleichen, streiten die Gelehrten weiter. ◀



**Susanna C. Manrubia** promovierte 1996 in Physik an der Polytechnischen Universität von Katalonien in Barcelona. Sie forscht am Zentrum für Astrobiologie in Madrid, interessiert sich für biologische Evolution und hat mathematische Modelle für komplexe Systeme untersucht. **Bernard Derrida** (Mitte) promovierte 1979 an der École normale supérieure (ENS) in Paris. Seit 1993 ist er Physikprofessor an der Université Pierre et Marie Curie und an der ENS. Er wendet die statistische Mechanik auf biologische Probleme an. **Damián H. Zanette** ist Professor am Centro Atómico Bariloche und am Instituto Balseiro in Argentinien. Er promovierte 1989 mit einer Arbeit über kinetische Gastheorie. Er untersucht soziale und biologische Systeme mit Methoden der statistischen Physik.

© American Scientist  
[www.americanscientist.org](http://www.americanscientist.org)

At the boundary between biological and cultural evolution: The origin of surname distributions. Von Susanna C. Manrubia und Damián H. Zanette in: *Journal of Theoretical Biology*, Bd. 216, S. 461, 2002

The Seven Daughters of Eve. Von Brian Sykes. W. W. Norton, New York 2001

Vertical transmission of culture and the distribution of family names. Von Damián H. Zanette und Susanna C. Manrubia in: *Physica A*, Bd. 295, S. 1, 2001

Recent common ancestors of all present-day individuals. Von Joseph T. Chang in: *Advances in Applied Probability*, Bd. 31, S. 1002, 1999

Weblinks zu diesem Thema finden Sie unter [www.spektrum.de/artikel/896268](http://www.spektrum.de/artikel/896268).