

5. ZUSAMMENFASSUNG

Im Rahmen dieser Arbeit wurden zwei rumänische Populationsstichproben sowie eine sibirische Populationsstichprobe aus der Republik Jakutien mit Hilfe von drei polymorphen DNS-Markern untersucht.

Die Geschichte Rumäniens und seiner Bevölkerung ist kompliziert und wird außerordentlich kontrovers beurteilt. Das rumänische Gebiet stellte für Jahrhunderte eine Region der durchziehenden sowie siedelnden Völker dar. Wanderungsbewegungen sind zu allen Zeiten, beginnend in der Steinzeit, nachweisbar. Vor allem in der Periode nach der letzten Eiszeit, im Meso- und Neolithikum, kam es zu verstärkten Immigrationen in das Gebiet des heutigen Rumäniens als auch zu Durchwanderungen verschiedener Volksstämme. Dabei zogen diese zunächst, dem Rückzug der Gletscher folgend, nach Norden. Später waren Zuwanderungen aus allen Richtungen zu verzeichnen. In diesen Zeiten stellten die schwer zugänglichen Gebiete der Karpaten für die Einwohner Rumäniens Zufluchtstätten vor eindringenden Völkern dar.

Wissenschaftliche Daten über rumänische Populationen in der angelsächsischen (oder allgemeiner: der westlichen) Literatur sind auch einige Jahre nach der Öffnung des „Eisernen Vorhangs“ und der Liberalisierung der Kommunikation, immer noch nicht sehr zahlreich. Es kommt hinzu, dass nationale rumänische Veröffentlichungen meist in der Landessprache abgefasst sind. Die entsprechenden Zeitschriften sind hier überwiegend nicht erhältlich und außerdem stellen sich der inhaltlichen Verwertung meist sprachliche Hindernisse entgegen.

In diesem Kontext sollten im Rahmen dieser Arbeit genetische Daten zur rumänischen Population gesammelt werden. Ein weiteres Ziel war, genetische Einflüsse europäischer Nachbarpopulationen nachzuweisen, um Einblicke in die Entstehung des rezenten rumänischen Genbestands zu erhalten. Diese Fragestellungen wurde durch die molekulare Analyse von drei sehr polymorphen, autosomalen DNS-Markern untersucht. Polymorphe DNS-Marker sind für phylogenetische und populationsgenetische Untersuchungen aufgrund ihrer hohen Mutationsraten und der Vielzahl von Allelen geeignet. Insbesondere können mit diesen Markern weit in der Populationsgeschichte zurück liegende Ereignisse indirekt untersucht werden. Denn im Gegensatz zu mitochondrialen und y-chromosomal Markern liegt für autosomale Marker eine höhere effektive Populationsgröße vor. Diese lässt Evolutionsfaktoren wie z.B. genetische Drift langsamer

wirken, als für mt-DNS und y-chromosomale Marker, deren effektive Populationsgröße um einiges geringer ist.

Die Daten dieser Arbeit wurden für genetische Abstandsanalysen der rumänischen Stichprobe um Daten aus der Literatur zu weiteren Markern und Populationen ergänzt.

Es lagen als Ausgangsmaterial Blutproben von zwei rumänischen Populationen (aus Bukarest und Ploiesti) vor. Der statistische Vergleich der Allel- und Genotypenhäufigkeiten ergab für den ApoB 3' Minisatelliten eine signifikante Gleichheit beider Gruppen. Für die Marker D1S80 und HumVWA31A lagen die p-Werte für die Tests auf Unterschiede an der Signifikanzgrenze. Die Ursache könnte ein für beide Gruppen zu geringer Stichprobenumfang sein. Die Markerdaten beider Stichproben wurden für die weiteren Analysen trotz dieser geringfügigen Verschiedenheiten zusammengefasst.

Zusätzlich zur Untersuchung der Rumänen erfolgte eine genetische Charakterisierung der Populationsstichprobe aus Jakutien mit den autosomalen Markern. Diese Population stellt ebenfalls eine bislang nur in geringem Ausmaß mit genetischen Daten beschriebene Gruppe dar, insbesondere sind Daten zu autosomalen Markern nur in sehr begrenztem Umfang vorhanden.

Die jakutische Gruppe, für die auf der Basis von y-chromosomalen Markeranalysen eine eingeschränkte genetische Diversität nachgewiesen wurde, sollte darauf untersucht werden, ob für die autosomalen Marker ähnliche Effekte nachgewiesen werden können. Die Daten der rumänischen Populationsstichprobe wurden diesen zur vergleichenden Beurteilung gegenübergestellt.

Für alle drei Marker konnten statistisch hoch signifikante Unterschiede der Jakuten zu den Rumänen nachgewiesen werden. Für die Gesamtstichprobe der Rumänen gab es keine Hinweise auf Inzucht oder durch sog. Populationssubstrukturierung veränderte Allel- bzw. Genotypfrequenzen. Allerdings zeigte sich für den Marker ApoB 3' Minisatellit ein gestörtes Hardy-Weinberg Gleichgewicht. Für die jakutische Populationsstichprobe konnten dagegen deutliche Anzeichen für eine eingeschränkte genetische Diversität nachgewiesen werden. Es lagen für die Marker D1S80 und ApoB3' Minisatellit statistisch signifikante Abweichungen von den Hardy-Weinberg Proportionen vor. Zusätzlich konnte für D1S80 ein deutliches Heterozygotendefizit nachgewiesen werden. Der F-Tests bestätigte diese Ergebnisse dadurch, dass sich mit diesem

Test starke Hinweise für Inzuchtverhalten innerhalb der jakutischen Populationsstichprobe ergaben.

Ein Versuch der Abschätzung des Zeitraumes der Populationstrennung von Rumänen, als Repräsentant osteuropäischer Populationen und den Sibiriern (Jakuten) lieferte Werte, die mit einer sehr großen Schwankungsbreite behaftet waren: Es wurde eine über alle drei Marker gemittelte Divergenzzeit von ungefähr 33.000 Jahren errechnet. Zur genaueren Einschätzung sollte eine erheblich größere Anzahl von Markern einbezogen werden.

Die genetischen Abstandsanalysen ergaben eine enge genetische Beziehung der Rumänen zu den Griechen. Ein etwas größerer genetischer Abstand fand sich zu den Italienern. Die Italiener waren den Rumänen dagegen im paarweisen Populationsvergleich näher, als die Griechen. Historisch lassen sich die griechischen Einflüsse aus stetigen und langjährigen Kontakten beider Ethnien ableiten sowie aus genetischen Vermischungen, die aus der Zeit der griechischen Kolonien (etwa 700 bis 500 v. Chr.) stammen. Genetische Einflüsse der Italiener können auf die Zeit der römischen Besatzung (etwa 100 bis 270 n. Chr.) zurückgeführt werden. Es kam während der römischen Herrschaft im heutigen rumänischen Gebiet zu Vermischungen, da sich in großer Zahl römische Siedler niederließen. Ein deutliches Zeichen für den römischen Einfluss ist die Einbringung der römischen Sprache in die rumänische Kultur.

Ungarn und Deutsche zeigten in den Distanzanalysen eine „mittlere“ genetische Nähe zu den Rumänen. Sie ordneten sich zwischen den slawischen Gruppen mit einem höheren Abstand und den Italienern bzw. Griechen mit einem geringen genetischen Abstand ein. Die paarweisen Vergleiche der Populationen zeigen eine größere Übereinstimmung der Ungarn mit den Rumänen, als die Deutschen. Mit den im rumänischen Gebiet lebenden Deutschen, die hauptsächlich zwischen dem 12. und dem 18. Jahrhundert einwanderten, haben Vermischungen offensichtlich in etwas geringerem Maße stattgefunden, als ungarischen bzw. magyarischen Populationen. Bedeutende genetische ungarische Einflüsse, die diese Ergebnisse belegen, bestanden ungefähr seit 900 n. Chr., als das im Nordosten gelegene Transsylvanien von Magyaren besiedelt wurde. Seit dieser Zeit ist in Transsylvanien ein hoher ungarischer Bevölkerungsanteil vertreten, der aufgrund der geografischen Nähe den hier nachgewiesenen genetischen Einfluss durch ständigen Genfluss ausmacht.

Die slawischen Populationen zeigten zur rumänischen Gruppe einen größeren genetischen Abstand als Griechen, Italiener, Deutsche und Ungarn. Dieser Befund ist deswegen bemerkenswert, da in der rumänischen Sprache bis heute ein bedeutender Anteil slawischer Elemente nachzuweisen ist, und viele slawische Stämme durch das Gebiet des heutigen Rumäniens zogen und auch dort siedelten. Für die paarweisen Populationsvergleiche lagen nur in sehr eingeschränktem Maße Daten vor. Hier wären weitergehende Untersuchungen sinnvoll.

Die in dieser Arbeit gewonnenen Daten zu den genetischen Verwandtschaftsbeziehungen der Rumänen beruhen auf zwar auf einer relativ geringen Zahl an genetischen Markern und Vergleichspopulationen. Trotzdem stellen sie eine Annäherung für die Einschätzung der Einflüsse auf den heutigen Genbestand der Rumänen im europäischen Kontext dar.