

Molekulargenetische Untersuchungen der Bestattungen des merowingerzeitlichen Gräberfeldes von Gotha-Boilstädt

JANINE MAZANEC, ANNA LENA FLUX und SUSANNE HUMMEL

Von dem merowingerzeitlichen Gräberfeld Gotha-Boilstädt liegt eine Skelettserie mit 54 Individuen vor. Zwei Grablegen – Befunde 96 und 131 – hoben sich durch Grabritus und -beigaben von den übrigen Bestattungen ab. Da aufgrund der Beigaben für beide Bestatteten eine gehobene gesellschaftliche Stellung angenommen wurde und Befund 131 ca. 30 Jahre jünger datiert als der Befund 96, wurde die Hypothese einer männlichen Genealogie aufgestellt. Die molekulargenetischen Untersuchungen der genetischen Fingerabdrücke sowie der väterlichen und mütterlichen Familienlinie konnten jedoch keine direkte Verwandtschaft nachweisen (vgl. *Beil.* 2; NOVÁČEK ET AL. 2020a). Die Untersuchungen zeigten aber, dass in den Skeletten der Individuen des Gräberfeldes Boilstädt mit einer guten DNA-Erhaltung zu rechnen ist. Daher wurden die molekulargenetischen Analysen auf das gesamte Kollektiv erweitert. Die Untersuchungen verwandtschaftlicher Beziehungen von Bestatteten können für die Interpretation der jeweiligen Fundsituationen eine wichtige Bedeutung haben. Der Nachweis oder Ausschluss von biologischer Verwandtschaft kann beispielsweise Rückschlüsse auf Bestattungsritus, Lokalität und Migration sowie auch soziale Strukturen erlauben. Im Falle der Lichtensteinhöhle, Osterode am Harz, Lkr. Göttingen, konnte durch derartige Untersuchungen gezeigt werden, dass es sich beim Bestattungsplatz nicht, wie zuvor angenommen, um eine Opferhöhle handelt, sondern um einen Sekundärbestattungsplatz einer mehrere Generationen umfassenden Großfamilie (SEIDENBERG 2016; FLINDT/HUMMEL 2021).

Auf dem Boilstädter Gräberfeld fällt eine Gruppe aus 13 Gräbern im unmittelbaren Umfeld von Befund 96 auf, der offenbar als zentrale Grablege in einem Grabhügel angelegt war (vgl. *Beil.* 1; s. Beitrag von CH. TANNHÄUSER in diesem Band). Diese Bestattungssituation lässt die Vermutung zu, dass es sich hier um eine sozial eng verbundene Gruppe, vielleicht sogar einen Familienverband handelt. Dass derartige genealogische Untersuchungen vielversprechende Ergebnisse liefern können, belegen zahlreiche Studien. So konnte gezeigt werden, dass bei Doppelbestattungen („Mutter-Kind-Bestattungen“) zwar eine biologische Verwandtschaft der beiden Individuen vorliegen kann, dies aber nicht immer Voraussetzung für eine gemeinsame Bestattung ist (FRISCHALOWSKI ET AL. 2015). Ein vergleichbares Ergebnis erbrachten die Analyseergebnisse einer der ersten Studien dieser Art für den Bestattungsplatz Eulau, Burgenlandkreis (HAAK ET AL. 2008). Bei anderen Bestattungssituationen, die beispielsweise durch ihre zeitlich nah beieinanderliegende Niederlegung, die aufeinander bezogene Orientierung der Gräber sowie eine ähnliche Qualität der Beigaben in den Gräbern ver-

wandtschaftliche Beziehung vermuten lassen, konnten diese biologischen Verbindungen nicht in allen Fällen bestätigt werden (MAZANEC ET AL. 2020).

Genealogische Untersuchungen

Für die Rekonstruktion von verwandtschaftlichen Beziehungen wird sich die Tatsache zunutze gemacht, dass jeder Mensch einerseits genetisch einzigartig ist und sich andererseits Erbinformationen mit seinen Verwandten teilt. Die genetische Einzigartigkeit wird durch den genetischen Fingerabdruck repräsentiert und mittels sog. *short tandem repeats* (STRs) untersucht (BUTLER 2005). STRs bestehen aus kurzen Basenabfolgen, die vielfach hintereinander wiederholt auftreten und sich in ihrer Anzahl zwischen verschiedenen Individuen unterscheiden, d. h. es existieren verschiedene Ausprägungen dieser Sequenzabschnitte, sog. Allele. Menschen besitzen immer zwei Allele pro STR-System, wobei sie eines von der Mutter und eines vom Vater vererbt bekommen. Durch die Untersuchung einer Vielzahl von STR-Systemen entsteht für jeden Menschen ein einzigartiger genetischer Fingerabdruck, welcher eine Identifikation im forensischen (z. B. JEFFREYS ET AL. 1992; GILL ET AL. 1994; MARJANOVIĆ ET AL. 2007) oder historischen Kontext (z. B. HAAK ET AL. 2008; VON GRUMBKOW ET AL. 2013; SEIDENBERG 2016) ermöglicht. Über die Untersuchung der genetischen Fingerabdrücke kann darüber hinaus auch gesichert festgestellt werden, ob eine enge Verwandtschaft im Sinne von Eltern-Kind-Beziehungen vorliegt (GJERTSON ET AL. 2007). Andere verwandtschaftliche Beziehungen, beispielsweise Geschwisterschaft oder Großelternschaft, die Ähnlichkeiten in den genetischen Fingerabdrücken aufweisen können, können hierüber jedoch nicht sichergestellt werden.

Daher können neben den STRs des genetischen Fingerabdrucks mütterliche und väterliche Familienlinien untersucht werden. Für die Feststellung der mütterlichen Familienlinie (Matrilinie) werden die hypervariablen Regionen der mitochondrialen DNA (mt-DNA) untersucht (PAKENDORF/STONEKING 2005). Väterliche Familienlinien (Patrilinie) werden über die STRs des Y-Chromosoms (ROEWER ET AL. 2005) analysiert. Die mt-DNA wird immer von der Mutter auf alle ihre Kinder vererbt, das Y-Chromosom wird vom Vater an alle seine Söhne weitergegeben. Beide dieser genetischen Markergruppen werden als sog. Haplotypen unverändert von den Eltern an ihre Nachkommen weitergegeben. Wird der gleiche Haplotyp bei verschiedenen Personen identifiziert, erlaubt dies, eine Zugehörigkeit zu einer Familienlinie festzustellen. Eine genealogische

Reihung dieser Personen kann jedoch nicht vorgenommen werden. Veränderungen in der mt-DNA und den Y-STRs treten im Laufe vieler Generationen nur durch Mutationen auf (BUTLER 2005). Ähnliche Haplotypen, die nur wenige Abweichungen in den Y-STR-Systemen oder der mt-DNA-Sequenz aufweisen, werden zu Haplogruppen zusammengefasst. Beide Haplogruppen (mt-DNA und Y-chromosomal) weisen weltweit unterschiedliche Frequenzen und Verteilungen auf und können somit für eine geografische Herkunftsbestimmung genutzt werden (WIK 2008).

Durch genetische Analysen lassen sich seit Kurzem auch individuelle Charakteristika, beispielsweise das äußere Erscheinungsbild, mit hoher Sicherheit rekonstruieren. Hierbei sind insbesondere die genetischen Markersysteme für die Rekonstruktion von Haar- und Augenfarbe besonders gut erforscht (KAYSER/SCHNEIDER 2009). Diese genetische Phänotypisierung ist besonders im Zusammenhang mit der Untersuchung historisch herausragender Persönlichkeiten von Interesse.

Charakteristika alter DNA und Analysestrategien

Alte DNA oder *ancient DNA* (aDNA) weist im Vergleich zu moderner DNA einige Besonderheiten auf, was eine Anpassung der Analysen erforderlich macht (HUMMEL 2003). Nach dem Versterben eines Individuums setzen autolytische Prozesse ein, die zu einer Fragmentierung der DNA führen. Diese kurzen DNA-Fragmente erfordern sowohl bei der Untersuchung der genetischen Fingerabdrücke als auch der mütterlichen und väterlichen Familienlinien, dass eigens entwickelte Kits für die Polymerase-Kettenreaktion (*polymerase chain reaction*, PCR) verwendet werden müssen, die auf die Besonderheiten alter DNA abgestimmt sind. Zusätzlich weisen aDNA-Extrakte meist nur vergleichsweise geringe Zahlen intakter Zielsequenzen auf, die für die PCR-Analytik geeignet sind, weshalb üblicherweise mehr Amplifikationszyklen als bei der Untersuchung moderner DNA notwendig sind.

Die genetischen Fingerabdrücke besitzen ein wesentliches Authentifizierungspotenzial. Zusätzlich wird die Validität der Ergebnisse durch das Reproduzierbarkeitskriterium sichergestellt. Um der Anforderung an die Reproduzierbarkeit zu genügen, werden mindestens zwei DNA-Extrakte unabhängig voneinander hergestellt. Darüber hinaus werden im weiteren Analysegang diese Extrakte jeweils in Doppelansätzen untersucht. Auf diese Weise stützt sich jedes Ergebnis auf wenigstens vier unabhängig durchgeführte Einzelanalysen. Die zweite Authentifizierungsstrategie über genetische Fingerabdrücke macht sich die Individualität der genetischen Muster jedes Individuums zunutze. Hierfür werden die Typisierungsergebnisse der historischen Individuen nicht nur untereinander verglichen, sondern auch mit den genetischen Fingerabdrücken aller jemals mit dem Probenmaterial in Kontakt gekommenen Be-

arbeiter abgeglichen. Als authentisch gilt ein aDNA-Ergebnis genau dann, wenn die Einmaligkeit des Musters festgestellt wird.

Untersuchungsmaterial der Bestattungen von Boilstadt

Für molekulargenetische Untersuchungen eignen sich Zahnwurzeln grundsätzlich sehr gut. Im Vergleich zu Knochen weisen Zähne eine höhere Festigkeit auf und sind somit widerstandsfähiger gegen liegebedingte Dekomposition durch physikalische, chemische und biogene Eigenschaften des Bodenmilieus, so z. B. Siedendruck, pH-Wert, Bakterien und Pilze. Die in der Zahnwurzel enthaltene DNA ist daher in der Regel besser erhalten als die des Knochens. Darüber hinaus liegt mit dem knöchernen Zahnfach, der sog. Alveole, ein Schutz gegen Kontamination durch die DNA von Bearbeitern vor.

Von den 54 merowingerzeitlichen Bestattungen wurden für die molekulargenetischen Untersuchungen 48 Individuen ausgewählt. Sechs Bestattungen waren so schlecht erhalten, dass hier von einer Beprobung abgesehen wurde. Soweit vorhanden, wurden ein bis drei Dauerzähne entnommen (30 Individuen, vgl. Tab. 1). Von den knöchernen Elementen des Skelettes eignen sich Felsenbeine, Wirbelbögen oder Fußknochen sehr gut für DNA-Untersuchungen, weshalb diese bevorzugt beprobt wurden, wenn keine Dauerzähne überliefert waren (acht Felsenbeine, vier Wirbelbögen, ein *Metatarsus*, vgl. Tab. 1). Bei vier Bestattungen waren lediglich Teile von Langknochen überliefert, so dass hier entsprechend *Diaphysen*-Fragmente ausgewählt wurden.

Probenvorbereitung und DNA-Extraktion

Für die molekulargenetischen Untersuchungen werden nur die Wurzeln der Zähne benötigt, da in den Wurzelspitzen die höchste Zelldichte vorliegt. Mithilfe eines diamantbesetzten Sägeblattes wurden die Wurzeln von den Kronen getrennt. Bei den Felsenbeinen wurden Knochenstücke im Bereich des *Apex* oder der *Eminentia arcuata* herausgesägt, die Beprobung der Wirbel erfolgte im Bereich des *Arcus*. Bei *Diaphysen*-Fragmenten und dem *Metatarsus* wurden Proben in Bereichen mit hoher *Compacta* entnommen. Da die Bergung und vorangegangene anthropologische Bearbeitung der Bestattungen ohne Schutzkleidung stattfanden, mussten die beprobten Zähne und Skelettelemente zunächst dekontaminiert werden. Eventuell anhaftende Zellen werden so entfernt und können die anschließenden Analyseergebnisse nicht verfälschen. Überwiegend wurde eine chemische Dekontamination gewählt. Die Zahnwurzeln und Felsenbeinfragmente wurden hierfür für 15 Minuten in Natriumhypochlorid (6 %) eingelegt, anschließend in Reinstwasser gespült und abschließend im Heizofen getrocknet. Bei den *Diaphysen*-Fragmen-

ten wurde aufgrund des schlechteren Erhaltungszustandes eine mechanische Abtragung von Oberflächen der aggressiveren chemischen Methode vorgezogen. Zahnwurzeln und Knochenfragmente wurden danach in einer Kugelschwingmühle zu feinem Pulver gemahlen. Hiervon wurden jeweils 0,25 g mit EDTA (Ethyldiamintetraacetat) und Proteinase K versetzt und unter Rotation inkubiert. EDTA bewirkt eine Dekalzifizierung der anorganischen Bestandteile von Knochen und Zähnen, während Proteinase K die organischen Zellbestandteile lysiert. Die fest in der Knochen- bzw. Zahnmatrix eingeschlossenen Zellen werden somit freigesetzt. Eine weitere Inkubation mit Proteinase K löst Proteine von der in den Zellen enthaltenen DNA ab. Um die nun frei vorliegende DNA aus dem Lysat zu extrahieren, wird eine manuelle Aufreinigung vorgenommen. Hierfür wird eine Phenol-Chloroform-Fällung mit einer Adsorption der DNA an eine Silikat-Membran kombiniert (MinElute®, Firma Qiagen). Die Extraktion mittels Phenol-Chloroform ist beispielsweise besonders gut geeignet, die im Boden vorkommenden Huminstoffe, die nachfolgende Analysen erschweren können, abzutrennen. Anschließend wird die DNA an eine Silikat-Membran gebunden, mit Waschpuffern gespült und abschließend in wässrige Lösung eluiert. Für alle Individuen wurden jeweils mindestens zwei DNA-Extrakte zeitlich unabhängig voneinander hergestellt, um die Reproduzierbarkeit der Analyseergebnisse zu gewährleisten. Die genauen Parameter des Extraktionsprotokolls finden sich beispielsweise in M. FRISCHALOWSKI ET AL. (2015) oder A. L. FLUX ET AL. (2017).

Polymerase-Kettenreaktion und elektrophoretische Auftrennung

Bevor der genetische Fingerabdruck, die Y-STRs und die mt-DNA analysiert werden können, müssen die entsprechenden DNA-Abschnitte mithilfe der PCR vervielfältigt werden. Im Anschluss an die jeweiligen PCR-Analysen werden die Amplifikationsprodukte elektrophoretisch in Agarose-Gelen aufgetrennt. Die Gele fungieren hierbei wie ein Molekularsieb, wodurch DNA-Fragmente beim Anlegen einer elektrischen Spannung ihrer Größe nach aufgetrennt werden. Mithilfe dieser ersten Gel-Elektrophorese werden vorrangig Sensitivität und Spezifität sowie der generelle Erfolg der PCR überprüft. Für die Bestimmung der genetischen Fingerabdrücke und der Y-Haplotypen sind im Folgenden exakte Fragmentlängenanalysen erforderlich. Hierfür werden hochauflösende Kapillar-Elektrophoresen (3500 Genetic Analyzer, Applied Biosystems™) eingesetzt. Für die Analyse der mt-Sequenzen werden die Amplifikationsprodukte zunächst noch einer Sequenzier-PCR unterzogen (BigDye® Terminator, Applied Biosystems™), bevor die Basenabfolgen dieser Produkte ebenfalls mithilfe der Kapillar-Elektrophorese bestimmt werden. Zu den Parametern dieser Analyse-schritte s. auch A. L. FLUX ET AL. (2017).

Genetische Fingerabdrücke

Für Verwandtschaftsanalysen werden die STR-Profile der genetischen Fingerabdrücke auf Ähnlichkeiten hin untersucht, gleichzeitig findet die Bestimmung des biologischen Geschlechts durch Untersuchung des Amelogenin-Gens statt. Neben der Möglichkeit, verschiedene verwandtschaftliche Konstellationen zu identifizieren, dient die STR-Typisierung auch der Individualisierung der Proben und damit der Authentifizierung der aDNA-Ergebnisse.

Für die Ermittlung der genetischen Fingerabdrücke wurden PCR-Analysen zunächst mit einem laborintern entwickelten Heptaplex-Kit speziell für degradierte DNA (SEIDENBERG ET AL. 2012) durchgeführt. Die DNA-Erhaltung hat sich dabei für etwa die Hälfte der Proben als sehr gut erwiesen (22 Individuen). Einige Proben zeigten guten bis mäßigen DNA-Erhalt (18 Individuen) und mussten deshalb mehrfach wiederholt amplifiziert werden, um reproduzierte Ergebnisse zu erbringen. Acht Proben erbrachten auch bei wiederholter Amplifikation keine oder nur sporadische, nicht reproduzierbare Typisierungsergebnisse (Bef. 7, 62, 63, 68, 97, 122, Ind. II, 128 und 129). Weitere STR-Untersuchungen wurden für diese acht Befunde nicht vorgenommen, so dass die weiterführenden Untersuchungen an 40 Individuen durchgeführt wurden.

Um eine möglichst große Anzahl von STR-Markern auf Verwandtschaften untersuchen zu können, wurden mit den verbliebenen Individuen zusätzlich PCR-Analysen mit einem kommerziellen STR-Kit (AmpFLSTR™ NGM™, Firma Thermo Fisher Scientific) durchgeführt. Ein Teil der untersuchten STR-Systeme ist sowohl im kommerziellen als auch im laborintern entwickelten Heptaplex-Kit vorhanden, so dass neben dem Amelogenin-Marker insgesamt 17 STR-Systeme typisiert werden konnten. Für jedes der 40 Individuen konnte ein einzigartiges STR-Muster erstellt werden. Für zwei der Individuen mit sehr schlechter DNA-Erhaltung (s. o.) konnte zumindest für den Amelogenin-Marker ein Ergebnis erzielt werden. Die Bestimmung des biologischen Geschlechts war somit für 42 Befunde möglich. Insgesamt konnten 20 Individuen als männlich bestimmt werden, 22 als weiblich (vgl. Amelogenin in Tab. 1).

Die genetischen Fingerabdrücke der Bestattungen des Gräberfeldes Boilstädt finden sich in Tab. 1. Die paarweisen Vergleiche aller Profile untereinander ergaben diverse Ähnlichkeiten und damit erste Hinweise, dass verwandtschaftliche Beziehungen bei einigen der Bestatteten vorliegen. Für eine direkte Verwandtschaft im Sinne Eltern-Kind müssen sich Individuen genau die Hälfte der Allele ihrer Fingerabdrücke teilen. Dies ist beispielsweise bei den Individuen I und II aus Befund 116 der Fall. Die Befunde 95 und 96 teilen sich hingegen nur annähernd die Hälfte ihrer Allelausprägungen. Eine Eltern-Kind-Beziehung ist somit nicht möglich, ein verwandtschaftliches Verhältnis im Sinne einer Geschwisterschaft oder Großelternschaft hingegen schon. Die Untersuchung maternaler und paternaler Familienlinien kann hier einen Erkenntnisgewinn bringen (vgl. Tab. 4).

Väterliche Familienlinien und deren regionale Einordnung

Für die Bestimmung der väterlichen Familienlinien werden Y-chromosomale STRs untersucht. Hierfür wurde ein eigens für aDNA entwickeltes Decaplex-Kit (VON GRUMBKOW 2013) verwendet, in welchem simultan zehn Y-chromosomale STR-Systeme analysiert werden können. 20 der 42 Individuen erwiesen sich bei der Untersuchung der genetischen Fingerabdrücke als männlich. Für den Großteil dieser 20 männlichen Individuen konnte ein annähernd vollständiges Y-STR-Profil erstellt werden (19 von 20 Individuen, s. Tab. 2). Ein Vergleich aller Y-Profile untereinander zeigt, dass überwiegend unterschiedliche männliche Familienlinien vorliegen. Drei Bestattungen, Befund 91, Individuen I und II, sowie Befund 122, Individuum I, weisen vollständige Übereinstimmungen in den erfolgreich amplifizierten Systemen auf. Ob bei den Bestatteten eine engere Verwandtschaft vorliegt und es sich beispielsweise um Vater und Sohn oder eher Brüder handelt, kann mithilfe der genetischen Fingerabdrücke und der maternalen Familienlinien genauer bestimmt werden (vgl. Tab. 4).

Über die Eingabe der Y-Profile in sog. Haplogruppen-Prädiktoren (hier NevGen¹) kann die Zugehörigkeit des speziellen Profils zu einer Haplogruppe bestimmt werden. Trotz unterschiedlicher Y-Profile ergibt sich für die meisten Boilstädter Haplotypen eine Zugehörigkeit zur Y-Haplogruppe ‚R‘ (13 von 19 Individuen). Die Y-Haplogruppe ‚R‘ ist eine typische und heutzutage häufige europäische Gruppe (ROEWER ET AL. 2005). Die Subhaplogruppe ‚R1b‘ findet sich mit hohen Frequenzen vor allem im Westen Europas (Eupedia R1b²), ‚R1a‘ hingegen vorwiegend in Osteuropa (Eupedia R1a³). Vier der Y-Profile ordnen sich der Gruppe ‚I‘ zu, einer ebenfalls typisch europäischen Haplogruppe. Jeweils ein Individuum sortiert sich den ebenfalls in Europa vorkommenden Gruppen ‚G‘ und ‚E‘ zu. Das ermittelte Haplogruppen-Spektrum fügt sich mit seiner Verteilung widerspruchsfrei in die heutige Verteilung innerhalb Deutschlands ein (vgl. ydna.eu⁴). Ein vergleichsweise etwas erhöhter Anteil der Haplogruppe ‚I‘ (über 20 %), konnte auch bei bronzezeitlichen Funden Mitteldeutschlands dokumentiert werden (SEIDENBERG 2016). Hier wurde postuliert, dass die Verdrängung der populationsgenetisch sehr alten und in Zentraleuropa ursprünglichen Y-Haplogruppe ‚I‘ durch die heute vorherrschenden Subgruppen ‚R1a‘ und ‚R1b‘ erst zu einem viel späteren Zeitpunkt erfolgte (SEIDENBERG 2016).

Zusätzlich zur Ermittlung der Haplogruppen wurden die individuellen Y-Profile in Datenbanken eingegeben (hier YHRD⁵), um zu überprüfen, ob diese speziellen Boilstädter Familienlinien heutzutage noch verbreitet sind. Vor allem die verschiedenen Linien der Gruppe ‚R1b‘ ergaben weltweit zahlreiche Treffer, vor allem in Europa, Nord- und Südamerika. Das Profil des Individuums von Befund 96 ist heutzutage weltweit sehr selten. Das Vorkommen beschränkt sich auf wenige Einzeltreffer in Deutschland, Polen, Russland und Mazedonien, obwohl die ermittelte Subhaplogruppe ‚R1a‘ gerade in Osteuropa mittlerweile sehr häufig zu finden ist.

Mütterliche Familienlinien und deren regionale Einordnung

Für die Bestimmung von maternalen Familienlinien werden zwei hypervariable Regionen (HVR I und HVR II) der mitochondrialen DNA untersucht. Hierfür wurden die Analysesysteme von L. FEHREN-SCHMITZ ET AL. (2010) und V. SEIDENBERG (2016) verwendet. Da mitochondriale DNA in hoher Kopienzahl in der Zelle vorkommt, kann auch bei Individuen mit schlechtem Überlieferungszustand eine Analyse der HVRs erfolgreich sein. Daher wurden die acht Individuen, welche keine reproduzierbaren STRs bei der Amplifikation der genetischen Fingerabdrücke gezeigt haben, in die Untersuchung der mt-DNA einbezogen. Mögliche Ergebnisse sind entsprechend mit Vorsicht zu interpretieren, weil keine Authentifizierung über die individualisierenden Fingerabdrücke möglich ist. Für 42 Individuen konnten die Sequenzabfolgen der HVR I und II bestimmt werden. Über einen Vergleich mit der internationalen Standardreferenz rCRS (PARSON ET AL. 2014) können davon abweichende Basenpositionen, sog. *single nucleotide polymorphisms* (SNPs), bestimmt werden (s. Tab. 3). 22 Individuen weisen in ihren mitochondrialen Sequenzen jeweils einzigartige SNPs und damit einzelne mütterliche Familienlinien auf. Jeweils sechs Befundpaare teilen sich die gleichen SNPs und damit eine gemeinsame mt-Linie, beispielsweise die Individuen I und II aus Befund 91. Weitere sechs Befunde, darunter das Individuum aus Befund 96, teilen sich ebenfalls die gleichen SNPs und somit vermutlich dieselbe mütterliche Linie. Für die Interpretation der verwandtschaftlichen Beziehungen der Individuen mit identischen mt-Linien müssen die genetischen Fingerabdrücke und ggf. Y-STR-Profile hinzugezogen werden (vgl. Tab. 4). Insgesamt konnten also bei 42 untersuchten Individuen 30 verschiedene mt-Profile bzw. maternale Linien identifiziert werden.

Analog zu den Y-Profilen wurden auch die SNPs der mt-Linien einer Datenbanksuche unterzogen (hier EMPOP⁶). Zusätzlich zu Informationen zur heutigen

1 <<http://www.nevgen.org>> (01.02.2021).

2 <https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1b_Y-DNA.shtml> (01.02.2021).

3 <https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1a_Y-DNA.shtml> (01.02.2021).

4 Distribution of European Y-Chromosome DNA (Y-DNA) Haplogroups by Country in Percentage, <https://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml> (01.02.2021).

5 <<https://yhrd.org>> (01.02.2021).

6 <<https://empop.online>> (01.02.2021).

Verbreitung der speziellen mt-Haplotypen wird in dieser Datenbank auch gleichzeitig eine Zuordnung zu einer mt-Haplogruppe vorgenommen (vgl. *Tab. 3*). Unter den 30 unterschiedlichen maternalen Linien finden sich die europäischen mt-Haplogruppen ,H‘ (8), ,J‘ (5), ,K‘ (6), ,R‘ (2), ,T‘ (3), ,U‘ (5) und ,W‘ (1). Die Boilstädter Individuen repräsentieren damit eine typische europäische Verteilung (LOOGVÄLI ET AL. 2004), bei der die Gruppe ,H‘ am häufigsten vertreten ist (ca. ein Drittel der Boilstädter Linien). Untersuchungen maternaler Linien einer langobardenzeitlichen Nekropole in Szólád, Komitat Somogy, Ungarn (ALT ET AL. 2014), ergaben ähnliche Vorkommen und Verteilungen. Die mitochondrialen Haplogruppen sind im Vergleich zu den Y-Haplogruppen innerhalb Europas sehr ähnlich verteilt (SIMONI ET AL. 2000), weshalb hier unter Umständen die Einordnung in eine bestimmte Gruppe keine Aussage über eine mögliche Herkunft zulässt.

Die Datenbanksuche (EMPOP) nach den speziellen mt-Haplotypen ergab für die Boilstädter mt-Profile unterschiedliche Ergebnisse. Etwa ein Drittel der Linien ist heutzutage weltweit sehr häufig zu finden (z. B. die mt-Linie von Bef. 96), ein weiteres Drittel ist mit wenigen Treffern im eurasischen Raum mit Schwerpunkt in Westeuropa zu finden (z. B. Bef. 90, 92) und beim letzten Drittel gibt es nur ganz vereinzelte bis keine Übereinstimmungen.

Ergebnisse der verwandtschaftlichen Untersuchungen

Um Aussagen über verwandtschaftliche Beziehungen treffen zu können, müssen die drei verschiedenen Markergruppen – genetische Fingerabdrücke, mitochondriale und Y-chromosomale Familienlinien – gemeinsam betrachtet werden (s. *Tab. 4*). Bei den Boilstädter Individuen ist der Vergleich mit den mütterlichen Familienlinien begonnen worden, da hier die meisten Übereinstimmungen zu finden waren (20 von 42 Individuen vs. nur drei Übereinstimmungen bei den Y-STR-Mustern). Weisen zwei Individuen die gleiche mütterliche Linie auf, so können sie direkt miteinander verwandt sein, im Sinne Mutter-Kind, oder auch im weiteren Sinne, wie beispielsweise Geschwister, Tante-Nichte/Neffe oder Großmutter (usw.). Direkte Verwandtschaft (Eltern-Kind) geht aus den STR-Mustern der genetischen Fingerabdrücke hervor, da sich jeweils genau die Hälfte der Allele geteilt wird (z. B. Bef. 116, Ind. I und II). Wenn beide Individuen im reproduktionsfähigen Alter verstorben sind, kann hieraus nicht abgelesen werden, welches Individuum das Elternteil und welches das Kind ist (z. B. Bef. 76 und 77). Die Information zum Sterbealter eines Individuums (s. Beitrag von J. NOVÁČEK in diesem Band) wurden bei der Ergebnisinterpretation dahingehend berücksichtigt, dass subadulte Individuen bis einschließlich Ende infans II (12 Jahre) nicht als Eltern in Betracht gezogen wurden (vgl. Bef. 116, Ind. I – Mutter, und Bef. 116, Ind. II – Kind). Vollgeschwister teilen sich auf statistischer Ebene

die Hälfte der STRs ihrer genetischen Fingerabdrücke, Großeltern und Enkel nur ein Viertel usw. Das bedeutet, bei Personen, welche sich zwar eine Familienlinie (mt oder Y) teilen, aber eben nicht genau die Hälfte ihrer genetischen Fingerabdrücke, kann die Art bzw. der Grad der verwandtschaftlichen Beziehung nicht sicher bestimmt werden. Generell wird bei der Rekonstruktion von genealogischen Verbindungen parsimonisch argumentiert, d. h. es wird immer die nächstmögliche Verwandtschaft angenommen. Bei den Befundpaaren 2, Individuum I, und 60; 90 und 92; 91, Individuen I und II; 95 und 96 sowie 117 und 139 wird daher von Geschwisterschaft über eine gemeinsame Mutter ausgegangen, obwohl Tante-Neffe/Nichte oder Großmutter-Enkel usw. nicht ausgeschlossen werden kann. Bei den hier vermuteten Brüderpaaren, Befunde 91, Individuen I und II, sowie 95 und 96, gibt die väterliche Familienlinie Auskunft darüber, ob es sich um Vollgeschwister (Bef. 91, Ind. I und II, gleiche Y-Linie) oder Halbgeschwister (Bef. 95 und 96, unterschiedliche Y-Linie) handeln kann. Individuum I aus Befund 122 weist die gleiche Y-Linie wie die Individuen I und II aus Befund 91 auf, jedoch eine unterschiedliche mt-Linie. Aufgrund der eher mäßigen DNA-Erhaltung aller drei Individuen ist hier keine genaue Aussage zur Verwandtschaft möglich. Infrage kommt Geschwisterschaft über einen gemeinsamen Vater, für Befund 91, Individuum I, und Befund 122, Individuum I, ist auch eine Vaterschaft möglich, wobei nicht bestimmt werden kann, welches Individuum der Vater und welches der Sohn war.

Eine verwandtschaftliche Beziehung, welche sich nicht in gemeinsamen Familienlinien, sondern eben nur im genetischen Fingerabdruck zeigt, ist die von Vater und Tochter. Deshalb wurden nicht nur die Y- und mt-Daten auf Gemeinsamkeiten hin überprüft, sondern die genetischen Fingerabdrücke aller Individuen paarweise miteinander verglichen. Aufgrund von DNA-Degradierung können jedoch bei etlichen Individuen nicht ausnahmslos alle 17 STR-Systeme beurteilt werden. Mögliche Vater-Tochter-Paare konnten trotz Degradierung nicht identifiziert werden. Beim Vergleich der Fingerabdruckmuster konnten neben den in *Tab. 4* bereits gelisteten Verwandtschaften zwei weitere weibliche Individuen identifiziert werden, welche sich die Hälfte ihrer STRs teilen, Befunde 60 und 73. Hier konnten Übereinstimmungen in 13 von 17 STR-Systemen gefunden werden, vier Systeme konnten aufgrund von DNA-Degradierung nicht sicher beurteilt werden. Eine Verwandtschaft im Sinne Mutter-Kind ist aber nicht möglich, da sich die beiden weiblichen Individuen keine gemeinsame mütterliche Linie teilen. Eine Vollgeschwisterschaft ist somit ebenfalls nicht möglich, in Betracht kommt jedoch, dass es sich um Halbschwestern mit einem gemeinsamen Vater handelt.

Die Individuen aus Befund 96 und 131

Zwei Bestattungen, Befunde 96 und 131, stachen aufgrund ihrer Ausstattung und Ausführung auf dem Grä-

berfeld Boilstädt besonders hervor (TANNHÄUSER 2015; s. Beitrag von CH. TANNHÄUSER sowie den Katalog in diesem Band). Von diesen zwei Kriegerbestattungen wurde auch auf Basis der Datierungen vermutet, dass es sich vielleicht um männliche Verwandte handeln könnte. Daraufhin wurden zunächst diese beiden Individuen für molekulargenetische Untersuchungen ausgewählt (NOVÁČEK ET AL. 2020a). Im Zuge dieser Pilotuntersuchung erwies sich zum einen der DNA-Erhalt der beiden Individuen als überdurchschnittlich gut, was eine Ausdehnung der Analysen auf das gesamte Gräberfeld Boilstädt aussichtsreich erscheinen ließ. Zum anderen konnte über die Untersuchung genetischer Fingerabdrücke sowie mütterlicher und väterlicher Familienlinien eine verwandtschaftliche Beziehung der beiden Krieger ausgeschlossen werden. Zusätzlich zu den genealogischen Untersuchungen konnte an beiden Befunden eine genetische Phänotypisierung zur Bestimmung von Haar- und Augenfarben vorgenommen werden. Hierfür wurden 24 für die Haar- und Augenfarbe codierende Marker mittels Biochip-Technologie (Firma Fluidigm®) untersucht (SCHMIDT ET AL. 2020). Die softwarebasierte Vorhersage der Haar- und Augenfarbe ergab für Befund 96, dass das Individuum blond und blauäugig war, der Krieger aus Befund 131 hingegen braune Haare und Augen hatte. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen flossen in die Weichteilrekonstruktion des Individuums aus Befund 96 mit ein (SCHEELEN ET AL. 2020), dessen Büste im Museum für Ur- und Frühgeschichte Thüringens in Weimar als Teil der Dauerausstellung zu sehen ist.

Die Bestattungen von 13 Individuen in direkter Nähe zur Grablege Befund 96 (vgl. *Beil. 1*) wirft auch hier wieder die Frage auf, ob diese Individuen verwandtschaftliche Beziehungen teilen oder ob hierdurch lediglich soziale Verbindungen abgebildet werden. Bei Befund 95, welcher direkt oberhalb der Grabkammer von Befund 96 bestattet war, ergab sich eine Halbbruderschaft über eine gemeinsame Mutter als wahrscheinlichste Verbindung. Weitere drei Bestattungen im Bereich des Grabhügels (Bef. 76, 77) bzw. in direkter Nähe dazu (Bef. 98) weisen ebenfalls dieselbe mütterliche Linie wie die Befunde 95 und 96 auf. Für die Befunde 76 und 77 lässt sich eine Mutter-Tochter-Verbindung belegen, auch wenn über die Genetik nicht geklärt werden kann, ob 76 die Mutter oder Tochter von 77 ist. Für die Beantwortung derartiger Fragen können weitere Informationen aus der Anthropologie und Archäologie hilfreich sein, beispielsweise das individuelle Sterbealter der Bestatteten und die Datierung der Befunde (vgl. die Beiträge von J. NOVÁČEK und CH. TANNHÄUSER in diesem Band). Das Individuum aus Befund 120, welches nicht in der Nähe des Grabhügels bestattet wurde, weist ebenfalls die gleiche mütterliche Linie auf. Über die genetischen Fingerabdrücke sind keine Aussagen über engere verwandtschaftliche Beziehungen zu einem der anderen Individuen möglich. Weiterhin im Bereich des Grabhügels bestattet fanden sich zwei Kinder (Bef. 7, 86). Die DNA-Erhaltung von Befund 7 erwies sich als zu schlecht für die Untersuchung genetischer Finger-

abdrücke, daher kann die tatsächliche verwandtschaftliche Beziehung zu Befund 86 nicht geklärt werden. Beide Kinder teilen sich jedoch eine gemeinsame, auf dem Gräberfeld einzigartige mütterliche Familienlinie. Damit könnte es sich um Geschwister oder Halbgeschwister handeln. Weitere einzigartige, je von nur zwei Individuen geteilte mütterliche Linien liegen mit den Befundpaaren 87 und 89, 90 und 92 sowie mit dem Befund 91, Individuen I und II, vor. Einzig die Befunde 88 und 99 lassen sich nicht auf Familienlinienniveau einer anderen Bestattung zuordnen. Für keines der 14 Individuen kann also eine direkte Verwandtschaft im Sinne Eltern-Kind zum Individuum aus Befund 96 gefunden werden. Zum Teil hohe Ähnlichkeiten in den individuellen Mustern der genetischen Fingerabdrücke (besonders Bef. 86, 91, Ind. II, und 92, vgl. *Tab. 1*) lassen jedoch die Vermutung zu, dass verwandtschaftliche Beziehungen bestanden haben könnten.

Diskussion

Molekulargenetische Untersuchungen können entscheidend zur Rekonstruktion der Lebensbedingungen historischer Populationen beitragen. Durch die Analyse alter DNA können biologische Verwandtschaften erfasst und Rückschlüsse auch auf soziale Strukturen bzw. sozioökonomische Aspekte gezogen werden.

Durch den Nachweis der geschlechtsspezifischen Chromosomen X und Y können sichere Bestimmungen des biologischen Geschlechts gerade auch von subadulten Individuen vorgenommen werden. Über eine genaue Benennung des Geschlechterverhältnisses auf einem Gräberfeld können möglicherweise vorliegende geschlechtsspezifische Übersterblichkeiten aufgedeckt oder soziobiologische Aspekte des Bestattungsritus beleuchtet werden (*sex* vs. *gender*). Unter Berücksichtigung der beiden Befunde, welche zwar keinen genetischen Fingerabdruck ergaben, wo jedoch unter Vorbehalt eine Auswertung des Amelogenin-Markers möglich ist (Bef. 62 und 122, Ind. II), ergibt sich eine Geschlechterverteilung von 20 männlichen und 22 weiblichen Bestattungen. Damit liegt ein ausgewogenes Verhältnis vor, Hinweise auf eine Übersterblichkeit eines Geschlechts gibt es nicht. Von den 42 geschlechtsbestimmten Individuen lassen sich 11 den subadulten Altersgruppen zuordnen (vgl. Beitrag von J. NOVÁČEK in diesem Band), wobei bei keinem dieser Individuen über morphologische Methoden eine sichere Geschlechtsbestimmung erfolgen konnte. Von den 11 subadulten Bestattungen waren sechs männlich und fünf weiblich.

Genealogische Untersuchungen von Gräberfeldern können dabei helfen, besondere Bestattungen zu interpretieren, beispielsweise Doppelbestattungen von Frauen und Kindern können so sicher als Mutter-Kind-Bestattung angesprochen werden (HAAK ET AL. 2008; FRISCHALOWSKI ET AL. 2015). Bei den Bestattungen von Boilstädt konnten für einen Teil der Individuen verwandtschaftliche Beziehungen festgestellt werden. Bei den Doppelbestattungen der Befunde 91, Individuen I

und II, sowie 116, Individuen I und II, liegen nahe Verwandtschaften vor. Bei den Befunden 122, Individuen I und II, können aufgrund schlechter DNA-Erhaltung des Befundes 122, Individuum II, keine genauen Aussagen hierzu getroffen werden, wobei aufgrund der unterschiedlichen mt-Linien zumindest eine Verwandtschaft über die mütterliche Linie ausgeschlossen werden kann. Bei den Individuen I und II aus Befund 61 liegt hingegen keine nähere biologische Verwandtschaft vor. Für die Interpretation der Doppelbestattungen des Gräberfeldes Boilstädt wirft dies damit die Frage auf, ob in dieser Gesellschaft vielleicht gleichrangig biologische und soziale Aspekte zur Vorstellung über die Bedeutung von Familie vorgelegen haben können (GERSTENBERGER ET AL. 1999; HAAK ET AL. 2008; FRISCHALOWSKI ET AL. 2015).

Für 21 von 42 Individuen ließen sich unterschiedliche Arten von verwandtschaftlichen Beziehungen zu einem anderen Befund des Gräberfeldes feststellen (direkt oder in Familienlinie). Einschließlich der Kriegerbestattung selbst finden sich 14 davon im Bereich des Grabhügels von Befund 96. Die Tatsache, dass der Großteil der gemeinsamen familiären Niederlegungen dort zu finden ist, lässt sicherlich der herausragenden Stellung des Individuums aus Befund 96 innerhalb der Gesellschaft noch mehr Bedeutung zukommen. Bei der weiteren, ähnlich reich ausgestatteten Kriegerbestattung (Bef. 131) lassen sich weder derart räumlich nahe Bestattungen verzeichnen noch finden sich überhaupt verwandte Individuen. Eine unvollständige Ausgrabung der Nekropole kann hier selbstverständlich ursächlich sein, da die Grabungsgrenze direkt am vermuteten Grabhügel des Kriegers aus Befund 131 verläuft (vgl. *Beil. 1*).

Weiterhin können durch die Untersuchung von Familienlinien sozioökonomisch wirksame Aspekte wie Heiratsmuster und Residenzverhalten einer Population beleuchtet werden (GERSTENBERGER ET AL. 2002; OOTA ET AL. 2001; SEIDENBERG 2016). In patrilokalen Gesellschaften bleiben Männer am Ort ihrer Geburt und es kommt zum Zuzug von Frauen. Dies führt zu einer höheren Diversität in den maternalen bzw. mitochondrialen Linien. Entsprechend bleiben in matrilo-kalen Systemen Frauen vor Ort und Männer ziehen zu, was sich in einer höheren Diversität in den paternalen bzw. Y-chromosomal Linien abbildet. Von den 42 untersuchten Boilstädter Individuen konnten 30 ver-

schiedene mt-Linien festgestellt werden ($30/42 \approx 72\%$). Bei den 19 männlichen Individuen fanden sich 17 verschiedene Y-Linien ($17/19 \approx 90\%$). Die Diversität der paternalen Familienlinien ist also in Boilstädt höher als die der maternalen, was ein Hinweis auf Matrilokalität ist. Dies stellt sich im diachronen und synchronen Vergleich als bemerkenswert heraus, da sowohl bei Untersuchungen einer frühmittelalterlichen Population (merowingerzeitliche Reihengräberfeldkultur Weingarten, Lkr. Ravensburg, GERSTENBERGER 2002) als auch bei der Untersuchung eines bronzezeitlichen Familienclans (urnenfelderzeitliche Körperbestattungen/Sekundärbestattungen Lichtensteinhöhle im Harz, SEIDENBERG 2016) vermehrt Hinweise auf patrilokales Residenzverhalten gefunden wurden.

Zusammenfassung

Auf dem mehrperiodischen Bestattungsplatz von Gotha-Boilstädt wurden 44 Grablegen der späten Merowingerzeit mit den Überresten von 54 menschlichen Individuen geborgen. Darunter befanden sich auch zwei sehr aufwendige und reich ausgestattete Kriegerbestattungen (Bef. 96, 131), für die eine mögliche biologische Verwandtschaft angenommen wurde. Dies hat sich molekulargenetisch jedoch nicht bestätigt (NOVÁČEK ET AL. 2020a). Befund 96 lag im Zentrum einer Gruppe aus insgesamt 14 Gräbern – ein Grabhügel mit zentraler Grablege und insgesamt 13 Nachbestattungen. Diese Bestattungssituation ließ vermuten, dass es sich um eine soziale oder sogar familiäre Gruppe handeln könnte. Über die Untersuchung der genetischen Fingerabdrücke sowie der mütterlichen und väterlichen Familienlinien konnten verwandtschaftliche Beziehungen zahlreicher dieser Individuen untereinander und für einige auch zum Bestatteten des primären Grabes bestätigt werden. Hierbei fällt auf, dass die verwandtschaftliche Verbindung des Individuums aus Befund 96 zu den 13 in seiner unmittelbaren Nähe bestatteten Personen vor allem über die mütterliche Linie gegeben zu sein scheint. Grundsätzlich ist die Diversität der paternalen Linien auf dem Gräberfeld Boilstädt höher als die der maternalen Linien, was auf eine matrilocale Gesellschaft hindeutet.

Befund	Probenmaterial	DI0S1248	vWA ^(*)	DI6S539	D2S1338	AMEL ^(**)	D8S1179	D21S11	D18S51	D22S1045	DI9S433	TH01 ^(***)	FGA ^(****)	D2S441	D3S1358	DI1S1656	D12S391	DI3S317	D5S818
1/I	Zähne 26, 55	13	-	-	-	X	Y	29 31 14	-	14 15 15.2	-	6 9 20 21	-	10	15 17	-	-	13 14 12	-
2/I	Zähne 37, 43, 44	13 15	17 17	12 12	19 20	X	Y	12 14 29 30 16 17	14 14	17 14 14.2	6 9.3 20 22	6 9.3 20 22	11 14 15 16 18 18	11 14 15 16 18 18	14 15 16 15 16 15	16 15 16 18 18	11 12 13 13	13	
7	Oberschenkelknochen					-	-	-	-		(7) (9)	-	-					-	-
60	Zähne 46, 47	13 14	15 16 (9)	14	-	X	X	10 14 31 32.2 12 17 15 16 13 14	8 9.3 22 23	11 12 (17)	18 14 17.3 15 19 8	11 12 (17)	18 14 17.3 15 19 8	11 12 (17)	18 14 17.3 15 19 8	11 12 (17)	18 14 17.3 15 19 8	11 12 13	13
61/I	Zähne 14, 24, 27	13	-	16 18 11 12 16	-	X	Y	14 - 30 31.2 13 14 15 16 14 16	9 9.3 22 23	11 14 17 - 15 - 18 - 11 13 10 12									
61/II	Felsenbein	13 14	16 (17) 11	- 19	-	X	Y	11 - 30 32.2 13 13 15 16 13 14	9.3 9.3 19 21 11	- 17 - 15 (16)	23 26 8 11	-							
62	Zähne 41, 43, 48					X	-	- - (11) (16)				8 - 21	-				(8)	-	-
63	Oberschenkelknochen					-	-	-	-			-	-					-	-
68	Zahn 11					-	-	-	-			-	-					-	-
70	Zähne 11, 14, 28	13 15	15 17 10 11 (23)	(25)	X	X	12 12 29 32.2 12 14 15 15 13 15	6 7 24 24	11 11 16 17 16 16 22 22	11 13 11 11									11 11
73	Lumbalwirbel	13	-	14 16 (9)	11 19 (20)	X	X	12 14 32.2 12 17 15 16 14 16.2	6 9.3 22 23	10 11 18 - (16)	19 23 8 9 (12)	-							
76	Zähne 11, 33	12 17	(15) - (11)	- (20)	-	X	X	(9) (14) (24.2) (30) 12 (17) 11 16 (14) (15)	7 9 23 23	11 14 15 16 12 16.3 20 - 10 11 10 (11)									
77	Zähne 15, 26	13 17	(18) (19) (14)	- (20)	-	X	X	14 - 30 30 12 17 11 16 15 16 7 9.3 23 24 (10)	14 16 17 12 - 15 21 (9) (10) (9) 11										
86	Felsenbein	14 16	15 17 9 13 19 24	(18)	20	X	X	11 13 29 30.2 14 18 15 16 14 14 7 9.3 21 26 10 12.3 15 18 16 17 17 22 9 10 12 14											
87	Zähne 35, 41, 46	14 15	18 18 11 (12)	(18)	20	X	X	11 14 29 29 13 17 15 16 13 15 6 9 21 22 11.3 13 16 18 16 17 20 23 12 10 11											
88	Zähne 16, 44	14 14	16 17 11 12 17	-	-	X	Y	13 15 30 31.2 16 17 11 15 14 14 7 9.3 20 23 11 11.3 14 15 14.3 16 17 21 11 11 13											
89	Zähne 15, 26, 43	15 16	15 18 11 12 (20)	(24)	X	Y	11 14 29 30 13 15 11 16 15 (15.2)	6 9.3 21 22 11 11.3 15 16 16 (17) 18.3 23 10 12 11 13											
90	Felsenbein	13 14	17 18 11 13 21 22	X	Y	10 13 29 31.2 15 19 15 16 13 14 6 9 21 23 11 15 14 16 15.3 17.3 16 23 9 13 11 12													
91/I	Zähne 25, 26	-	-	- (11)	-	-	X	Y	12 - 12 (14) 10 (16) (12)	- 6 9.3 21 - 10 14 16 -	-	-	-	-	-	-	-	-	(13)
91/II	Zähne 14, 28, 35	13	-	16 18 11 - (17)	-	X	Y	12 13 28 31.2 12 14 16 17 12 14 7 9 21 21 14 - 16 17 16 - 18 - 11 12 12 13											
92	Zähne 35, 47	13 16	15 18 11 12 17 21	X	X	10 12 28 31.2 12 13 11 16 13 15 7 9 22 24 10 10 15 17 15 17.3 23 11 12 11 12													
95	Felsenbein	13 15	17 18 (9) (14) (18)	-	-	X	Y	13 14 28 - 17 18 15 16 13 14 8 9.3 21 24 10 11 16 17 12 (17.3) 17 - 11 12 11 -											
96	Zahn 37	13 13	16 20 9 12 20 24	X	Y	12 13 28 28 14 18 15 18 15 15 7 9.3 21 25 14 14 15 16 15 16 18 22 10 11 12 13													
97	Oberschenkelknochen					-	-	-	-			-	-					-	-
98	Zähne 21, 26, 36	13 14	17 18 12 13	-	-	X	X	8 15 27 30 15 20 15 18 14 15 7 9 22 24 11 15 16 18 14 16.3 19 19.3 8 12 11 11											
99	Zähne 44, 45, 48	13 16	17 18 10 11 17 (23)	X	X	13 15 30 30 14 14 11 15 12 13 6 9.3 20 22 11.3 14 (13) 14 13 17.3 15 21 12 12 11 12													
112	Zähne 16, 34, 36	13 15	(18) - 12	- 27	-	X	X	(8) 13 30 30 14 20 15 16 13 - 6 9.3 22 25 14 - 15 18 (12) - 18 22 12 - 11 -											
113	Zähne 17, 28, 37	13 13	16 17 10 12 17 19	X	X	8 13 29 30 12 15 11 15 13 15 6 8 22 24 11 11 16 18 15.3 17.3 22 23 11 12 13 13													
114	Thorakalwirbel	13 16	17 17 9 11 (18)	19	X	X	14 15 29 32.2 16 18 15 16 13 13 9 9.3 20 20 10 11 14 18 12 16.3 19 25 11 12 12 12												
115	Felsenbein	13 (15)	14 (17) 13	-	-	X	Y	(14) 15 32.2 - 16 21 (15) 16 13 14 7 9.3 25 - 11 - 15 17 14 17.3 18 - 11 12 11 -											
116/I	Zähne 35, 43, 47	13 13	17 18 12 - 20 (23)	X	X	8 13 27 30.2 13 16 11 16 13 13 9 9.3 21 25 14 14 17 20 17.3 18.3 - 12 14 9 12													

Befund	Probenmaterial	D10S1248	vWA ^(*)	D16S539	D2S1338	AMEL ^(*)	D8S1179	D21S11	D18S51	D22S1045	D19S433	TH01 ^(*)	FGA ^(*)	D2S441	D3S1358	D1S1656	D12S391	D13S317	D5S818																		
116/II	Felsenbein	13	13	16	17	12	13	17	(20)	X	X	8	13	27	322	14	16	16	13	14	8	9	20	21	14	14	15	20	16	18.3	21	21	11	14	12	(13)	
117	Zähne 36, 46	13	14	16	-	-	-	24	-	X	X	10	14	28	30	(14)	(18)	15	-	(14)	-	6	7	23	24	10	-	(16)	18	12	17.3	19	-	9	12	(8)	-
118	Zähne 35, 36	14	16	17	18	9	12	18	(20)	X	Y	12	14	28	29	17	19	15	16	14	14	6	9.3	23	23	14	14	17	19	16	17.3	17.3	22	12	13	11	12
120	Zähne 24, 26	15	16	15	-	8	12	-	-	X	X	12	14	29	30	17	18	15	16	14.2	16	8	9.3	26	27	11	-	15	18	13	14.3	(22)	-	11	12	11	12
122/I	Cervikalwirbel	14	15	15	-	-	-	-	-	X	Y	13	14	29	31	13	14	15	-	13	16	6	6	20	-	11	-	15	(16)	-	-	18.3	-	10	12	(12)	-
122/II	Mittelfußknochen									X	Y			(29)	-	(16)	-				(6)	-	-	-	-								(11)	-	-	-	
123	Felsenbein	12	13	15	18	11	-	19	-	X	Y	13	14	29	322	12	18	14	(16)	13	13.2	9.3	9.3	20	21	11	14	15	16	13	15	15	19	9	11	-	-
128	Zähne 17, 25, 26									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
129	Oberarmknochen									-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
130	Zahn 43	12	14	16	18	-	-	-	-	X	X	13	14	30	332	18	21	15	16	13	(14)	6	7	23	24	11	11.3	15	17	14	(16)	-	-	12	14	(12)	-
131	Zahn 33	15	15	17	19	11	11	19	22	X	Y	13	15	29	332	17	19	14	15	12	14	6	9.3	22	25	11	14	15	16	11	14	17	23	8	8	12	12
134	Zähne 14, 38, 46	17	18	17	18	12	-	24	-	X	X	9	(17)	30	322	13	(22)	15	16	13	15	9	9.3	22	24	14	15.3	15	17	14	15.3	22	-	9	14	(12)	-
135	Felsenbein	12	13	14	18	14	-	-	-	X	X	13	16	30	30	15	16	15	-	13	-	7	9	24	24	10	11	15	-	15.3	19.3	15	20	11	12	(11)	-
139	Thorakalwirbel	13	14	16	-	12	-	-	-	X	Y	10	11	28	30	14	18	15	16	14	-	6	7	18	21	10	-	16	18	12	-	19	(21)	9	12	(13)	-
140	Zähne 28, 36, 38	14	15	15	19	9	11	(23)	-	X	Y	12	13	28	31	15	17	15	16	12	13	7	9.3	19	20	10	14	15	16	11	16	20	21	9	13	(11)	(12)
150	Zahn 16	14	-	16	18	12	-	-	-	X	X	13	-	30.2	31.2	17	18	15	16	12	14	9	9	22.2	23	10	11	16	18	12	-	-	-	8	14	(11)	-
152/II	Zähne 34, 43, 48	15	16	18	19	(11)	(12)	(17)	24	X	Y	13	15	28	29	14	18	16	17	12	13.2	8	9	20	23	10	15	17	18	12	16.3	16	21	9	9	(9)	(12)

Tab. 1 Die genetischen Fingerabdrücke der Bestattungen des Gräberfeldes Boilstadt. – kein Signal für den amplifizierten Marker aufgrund von DNA-Degradierung; () – unsicheres Ergebnis aufgrund von DNA-Degradierung; grau hinterlegt – Marker nicht untersucht; * – Von Willebrand Faktor Gen, Intron 40; ** – Amelogenin; *** – Intron 01 des Tyrosinhydroxylase-Gens; **** – Humanes Alpha Fibrinogen Gen

Befund	DYS389 I	DYS19	DYS389 II	DYS438	DYS385	DYS439	DYS393	DYS390	DYS392	DYS391	DYS437	paternale Linie (YHRD)
Bef. 1/I	12	(16)	28	10	14	11	13	(26)	(11)	(11)	15	I2a2b L38*
Bef. 2/I	12	15	29	10	14-15	11	14	22	11	11	16	G2a2b2a1b - L497*
Bef. 61/I	12	17	29	10	13-18	11	14	25	11	11	15	I2a2b L38*
Bef. 61/II	13	14	(29)	13	11-13	13	13	24	13	10	15	R1b-M529
Bef. 88	12	13	30	10	16-17	12	13	24	11	10	14	E1b1b-V13
Bef. 89	13	14	29	12	11-14	11	13	23	13	11	15	R1b-L48
Bef. 90	13	14	29	12	11-13	12	13	24	13	12	15	R1b-M167
Bef. 91/I	(13)	14	–	(12)	11-14	11	–	24	13	–	(15)	R1b-U152
Bef. 91/II	13	14	29	12	11-14	11	13	24	13	11	15	R1b-U152
Bef. 95	13	14	–	12	11-15	12	13	25	13	10	15	R1b-U106
Bef. 96	13	14	29	11	11-14	10	13	25	11	10	14	R1a-M17
Bef. 115	13	(10)	29	12	12-14	13	13	(23)	13	11	(15)	R1b*
Bef. 118	14	14	30	12	11-15	12	13	24	13	11	15	R1b-P312
Bef. 122/I	13	14	(29)	12	11-14	11	(13)	24	13	11	–	R1b-U152
Bef. 123	13	14	(29)	12	11-14	(12)	13	24	13	11	15	R1b-U106
Bef. 131	12	14	28	12	11-14	12	13	24	13	11	15	R1b-P312
Bef. 139	14	15	(32)	10	13-16	11	14	22	12	10	14	I2a2a M223*
Bef. 140	12	14	28	10	14-14	11	12	22	11	11	16	I1
Bef. 152/II	14	14	29	10	13-14	13	12	25	13	11	15	R1b M73*

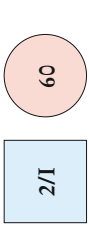
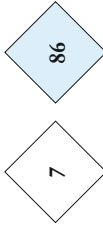
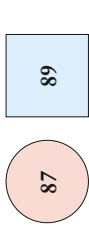
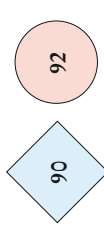
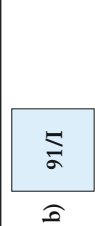
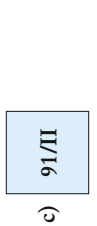
Tab. 2 Y-chromosomale Typisierungsergebnisse und wahrscheinliche Haplogruppen-Zugehörigkeit. – kein Signal für den amplifizierten Marker aufgrund von DNA-Degradierung; () – unsicheres Ergebnis aufgrund von DNA-Degradierung; * – die paternale Linie konnte nicht über ‚YHRD‘ ermittelt werden. Die Einordnung erfolgte über die Eingabe der Y-Profile in einen Haplogruppen-Prädiktor (NevGen, vgl. *Anm. 1*); grau hinterlegt – ein Vergleich der Profile zeigt in den zu beurteilenden Systemen eine komplette Übereinstimmung für die Individuen, es handelt sich also wahrscheinlich um Männer einer Familienlinie

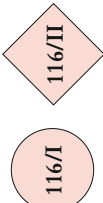
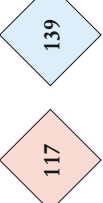
Probe	analysierter Sequenzabschnitt		SNPs HVR I				SNPs HVR II				maternale Linie (EMPOP)								
	Start	Ende																	
Bef. 1/I	16036	16408	T16224C	C16245T	C16278T	T16311C			A73G	A263G	-309.1C	-309.2C	-315.1C	K1a4a1a2					
	54	388																	
Bef. 2/I	16036	16408												R0					
	54	388							A263G	-309.1C	-315.1C								
Bef. 7	16043	16408	G16129A	T16224C	T16311C				A73G	T146C	T195C	A263G	-315.1C	K2b1b					
	71	381																	
Bef. 60	16036	16408												R0					
	54	388							A263G	-309.1C	-315.1C								
Bef. 61/I	16036	16385	T16126C	T16140C	T16189C	A16194C	T16195C	C16294T	C16296T	T16311C				T2f2					
	71	388																	
Bef. 61/I	16036	16408	C16069T	T16126C										J1c					
	71	388							A73G	G185A	G228A	A263G	C295T	-315.1C					
Bef. 70	16036	16408	T16126C	C16294T	C16296T	T16304C								T2b3+151					
	54	388							A73G	C151T	A263G	-315.1C							
Bef. 73	16036	16408	C16069T	T16126C	G16145A	T16231C	C16261T							J2a1a1a					
	71	388							A73G	C150T	T152C	T195C	A215G	A263G	C295T	C311T	-315.1C	-315.2C	T319C
Bef. 76	16036	16408												R0					
	54	388							A263G	-315.1C									
Bef. 77	16036	16408												R0					
	54	388							A263G	-315.1C									
Bef. 86	16036	16408	G16129A	T16224C	T16311C									K2b1b					
	54	388							A73G	T146C	T195C	A263G	-315.1C						
Bef. 87	16036	16408	T16356C	T16362C										U4b1a1a1					
	54	388							A73G	T195C	A263G	-315.1C							
Bef. 88	16036	16408	T16126C	C16266T	C16294T	T16304C								T2b33					
	71	388							A73G	A263G	-309.1C	-309.2C	-315.1C	A385G					
Bef. 89	16036	16408	T16356C	T16362C										U4b1a1a1					
	54	388							A73G	T195C	A263G	-315.1C							
Bef. 90	16036	16408	C16223T	C16292T	T16362C									W5a					
	54	388							A73G	A189G	C194T	T195C	T204C	G207A	A263G	-309.1C	-315.1C		

Probe	analysierter Sequenzabschnitt		SNPs HVR I	SNPs HVR II	maternale Linie (EMPOP)
	Start	Ende			
Bef. 91/I	16036	16408			H+152
	71	381		C151T T152C A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 91/II	16036	16408			H+152
	71	388		C151T T152C A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 92	16036	16408	C16223T C16292T T16362C		W5a
	71	381		A73G A189G C194T T195C T204C G207A A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 95	16036	16408			R0
	54	388		A263G -315.1C	
Bef. 96	16021	16408			R0
	54	388		A263G -315.1C	
Bef. 98	16036	16408			R0
	54	388		A263G -315.1C	
Bef. 99	16036	16408	T16124C T16224C T16311C		K2a11
	54	388		A73G T146C T152C A263G -315.1C	
Bef. 112	16036	16408	A16343G G16390A		U3a
	71	388		A73G C150T A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 113	16036	16408	C16069T T16092C T16126C C16261T		J1c7
	54	388		A73G G185A G228A A263G C295T -309.1C -315.1C	
Bef. 114	16036	16408	C16069T T16126C A16160G C16222T		J1c3c
	54	388		A73G G185A G228A A263G C295T -315.1C	
Bef. 115	16036	16408	T16263C		H1c1
	54	388		A263G -315.1C	
Bef. 116/I	16036	16408	C16256T C16270T A16399G		U5a1+@ 16192 U5a1i
	54	388		A73G A263G -315.1C	
Bef. 116/II	16036	16408	C16256T C16270T A16399G		U5a1+@ 16192 U5a1i
	71	388		A73G A263G -315.1C	
Bef. 117	16036	16408	C16069T T16126C		J1c
	54	388		A73G G228A A263G C295T -315.1C	

Probe	analysierter Sequenzabschnitt		SNPs HVR I		SNPs HVR II		maternale Linie (EMPOP)
	Start	Ende					
Bef. 118	16036	16408	T16093C	C16192T	T16224C	T16311C	K1a26
	71	388				A73G T152C T195C A263G -315.1C	
Bef. 120	16036	16408					R0
	71	388				A263G -315.1C	
Bef. 122/I	16036	16408	T16124C	T16224C	T16311C		K2
	54	388				A73G T146C A263G -315.1C	
Bef. 122/II	16036	16408	A16051G	A16162G			H1a3
	54	388				A73G A263G -315.1C	
Bef. 123	16036	16408	C16261T				H13b1+200
	71	388				A200G A263G -315.1C	
Bef. 130	16036	16408	C16256T	C16270T			U52a
	54	388				A73G A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 131	16021	16408	T16092C	C16270T	T16304C		U5b3b1
	54	388				A73G C150T A189G G228A A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 134	16036	16408	T16304C				H5
	71	388				A263G -315.1C	
Bef. 135	16036	16408	T16093C	T16224C	C16291T	T16311C	K1a K1b1+ (16093)
	71	388				A73G A263G -309.1C -315.1C	
Bef. 139	16036	16408	C16069T	T16126C			J1c
	54	388				A73G G228A A263G C295T -315.1C	
Bef. 140	16036	16408	T16362C				H6
	54	388				T239C A263G -315.1C	
Bef. 150	16036	16408	G16129A				H2a2a2
	71	388				T152C A263G -309.1C -309.2C -315.1C	
Bef. 152/II	16036	16408	T16311C				H2+152+16311 HV9+152
	54	388				T152C A263G -315.1C	

Tab. 3 Typisierungsergebnisse der mitochondrialen DNA (HVRI und HVR II) und wahrscheinliche Haplogruppe. Farbige Markierungen – ein Vergleich der Profile zeigt in den ausgeprägten SNPs eine komplette Übereinstimmung für die jeweils farblich markierten Individuen, es handelt sich also um Personen je einer Familienlinie

	Befunde mit gemeinsamer mütterlichen Familienlinie	Väterliche Familienlinie	Informationen aus den STRs der genetischen Fingerabdrücke	Wahrscheinlichste Verwandtschaftsbeziehung	Anmerkungen
1		–	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Geschwister/Tante-Neffe/Großmutter-Enkel/...	
2		–	keine Aussage möglich	Verwandtschaft 2. Grades: möglicherweise Geschwister, da zwei Kinder	Ergebnis unter Vorbehalt, da DNA-Erhalt bei Bef. 7 keine Amplifikation der STRs zugelassen hat
3	a)  b) 	–	teilen sich die Hälfte	Verwandtschaft 1. Grades: Mutter/Tochter, Tochter/Mutter	STRs lückenhaft bei beiden Befunden, aber in den vergleichbaren STR-Systemen immer geteilte Allele
	c) paarweiser Vergleich der Befunde 76, 77, 95, 96, 98 + 120	unterschiedlich	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Halbbrüder, Onkel/Neffe	
		–	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Geschwister/Tante-Neffe/Großmutter-Enkel/...	trotz lückenhafter genetischer Fingerabdrücke konnte eine Verwandtschaft 1. Grades ausgeschlossen werden
4		–	teilen sich die Hälfte	Verwandtschaft 1. Grades: Mutter/Sohn	
5		–	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Geschwister/Tante-Neffe/Großmutter-Enkel/...	
6	a) 	gleich	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Brüder	STRs lückenhaft bei den Befunden
	b) 	gleich mit 	teilen sich die Hälfte	Verwandtschaft 1. Grades: Vater/Sohn	STRs lückenhaft bei den Befunden 91, Ind. I, und 122, Ind. I, aber in den vergleichbaren STR-Systemen immer geteilte Allele
	c) 	gleich mit 	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandtschaft 2. Grades: Halbbrüder, Onkel/Neffe	STRs lückenhaft bei den Befunden 91, Ind. II, und 122, Ind. I, aber trotz lückenhafter genetischer Fingerabdrücke konnte eine Verwandtschaft 1. Grades ausgeschlossen werden

	Befunde mit gemeinsamer mütterlichen Familienlinie	Väterliche Familienlinie	Informationen aus den STRs der genetischen Fingerabdrücke	Wahrscheinlichste Verwandtschaftsbeziehung	Anmerkungen
7		–	teilen sich die Hälfte	Verwandschaft 1. Grades: Mutter/Tochter	
8		–	teilen sich nicht die Hälfte	Verwandschaft 2. Grades: Geschwister / Tante-Neffe	

Tab. 4 Verwandtschaftliche Beziehungen der Individuen aus Boilstädt. Kreise – weibliche Individuen; Quadrate – männliche Individuen; Rauten – Kinder (rot – weiblich; blau – männlich; weiß – nicht geschlechtsbestimmt); väterliche Familienlinie konnte nur beim Vergleich männlicher Individuen auf Gemeinsamkeit geprüft werden