

Patrick J. GEARY, Herausforderungen und Gefahren der Integration von Genomdaten in die Erforschung der frühmittelalterlichen Geschichte (Das mittelalterliche Jahrtausend 7) Göttingen 2021, Wallstein, 60 S., 5 Abb., ISBN 978-3-8353-3871-5, EUR 16. – Nachdem aDNA-Analysen in jüngster Zeit technisch erheblich weiterentwickelt worden sind, lassen sie sich in zuvor ungeahntem Umfang einsetzen. Wozu sie für historische Interpretationen taugen, wird durchaus kontrovers diskutiert. Dies nimmt G., der zu denjenigen Historikern gehört, die früh die Möglichkeiten der Archäogenetik erproben wollten, zum Ausgangspunkt seiner Überlegungen. Die erste Hälfte des Texts gilt den 'Gefahren'. Der Vf. verweist auf das „gefährliche Erbe der Rassenkunde“, wobei er lediglich Archäologen, aber keine Historiker oder Anthropologen der Zwischenkriegszeit nennt. Darauf folgt die Erläuterung, wie sich mittlerweile in Archäologie und Geschichte eine 'revisionistische' Auffassung etabliert habe, die recht komplexe und verschiedene Entwicklungen für das erste Jahrtausend annimmt. Dem schließt sich die Warnung vor einem „genomischen 'Neo-Kossinismus'“ an, weshalb sich die Forschung vor der Rückkehr zu simplen und essentialistischen Vorstellungen von Volk, Bevölkerung usw. sowie einem unmittelbaren Vergleich mit heutigen Genverteilungen hüten müsse, da diese wenig mit den Verhältnissen vor 1000 Jahren zu tun hätten. Im zweiten Teil geht es um die Herausforderungen. Proben lassen sich heute relativ leicht gewinnen und sollten daher untersucht werden (auch wenn die Analyse nicht ganz billig ist), interdisziplinäre Teams müssen bereits bei der Entwicklung der Forschungsfragen auf dem aktuellen Wissensstand eng kooperieren, und statt verstreuter Einzeldaten müssen lokale Gesellschaften analysiert werden, um statt weiträumiger Homogenität bereits lokale Vielfalt zu erfassen. Am längsten verweilt G. bei der Frage, „was Historiker von Genetikern lernen müssen“. Dafür schildert er das Analyseverfahren (von 3,2 Mrd. Basenpaaren der DNA werden lediglich 1,2 Mio. oder 0,4 ‰ berücksichtigt) und die statistischen Auswertungen. Sie führen zu Gruppierungen, die aber weder mit heutigen Stichproben verglichen noch als fixe Größen angesehen werden dürfen, ergeben sie sich doch erst durch die Untersuchung. Am Schluss führt der Vf. „jüngste Anwendungen“ vor, wobei schon das erste Beispiel Island im 10. Jh. mit geringen Zahlen und dem Vergleich zu heutigen Menschen arbeitet – beides zuvor vom Vf. als problematisch kritisiert. Was bedeutet wohl eine „mittlere skandinavische Abstammung der Isländer aus der Zeit 1000 n. Chr.“ von 56,6 ‰? Verschiedene Studien zu den Britischen Inseln bieten zwar interessante Hypothesen, beruhen aber ebenfalls auf nur wenigen Individuen und Aktualvergleichen. Dies gilt gleichermaßen für Analysen deformierter Schädel des 5./6. Jh. in Bayern. Für seine eigenen Untersuchungen zum langobardischen Italien und Pannonien verweist der Vf. auf die „Vorläufigkeit“ der Daten, hält aber an der Existenz jeweils zweier Gruppen fest. Als methodische Probleme werden genannt: die Unvollständigkeit der Datenbanken, die Auswahl der berücksichtigten Marker, die vereinfachende statistische Modellierung – alles Herausforderungen, denen die präsentierten Interpretationen sämtlich nicht genügen. Die „Genomik“ ermögliche aber, so G., *neue* historische Erkenntnisse, die *neue* Fragen zu beantworten helfen können. Ihre Bedeutung