

Ein ägyptischer Junge aus Südamerika

BARBARA TEBMANN, BERLIN – ALEXANDER STOESEL, JENA/LEIPZIG – RAFFAELA A. BIANCO, JENA

Einleitung

In der Rudolf-Virchow-Schädelsammlung (RVS) ist unter der Inventarnummer RV 544 ein Kinderschädel inventarisiert, der aus Ägypten stammen soll. Im Inventarbuch zur RVS ist als Fundort „Ägypten“ eingetragen, jedoch kein Hinweis auf einen Sammler. Es wird in dem Eintrag auch extra auf eine Eindellung am Hinterhaupt hingewiesen (Abb. 1). In dem etwas älteren Strauchkatalog ist dieser Schädel unter der Inventarnummer 504 inventarisiert, als Fundort wird ebenfalls Ägypten angegeben, aber auch an dieser Stelle wird kein Sammler genannt. (Abb. 2). In dem Schädelkatalog zur Virchow-Sammlung ist dieser Schädel zusammen mit anderen Schädeln aus Ägypten unter der Strauch-Nummer 504 aufgelistet. Als zusätzliche Information steht dort, dass es einen Unterkiefer gibt und dass auch noch Haare vorhanden sind (Abb. 3).

Die Berliner Gesellschaft für Anthropologie, Ethnologie und Urgeschichte (BGAEU) und das Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte in Jena (MPI Jena-SHH) untersuchen und erforschen mit vielen anderen Kooperationspartnern gemeinsam in mehreren Kooperationsprojekten Migrationsbewegungen aus verschiedenen Regionen der Welt. Ein weiterer Schwerpunkt der gemeinsamen Untersuchungen ist die Erforschung und Verbreitung von Krankheiten in der Vorgeschichte. Innerhalb des Max Planck Harvard Research Centers for the Archaeoscience of the Ancient Mediterranean (MHAAM) werden prähistorische Schädel aus Ägypten untersucht. Und im Rahmen dieses Projektes wurde der Schädel RV 544 aufgrund seiner Schädelaufschrift ausgewählt.

Material und Methode

Der Schädel ist vollständig und mit Unterkiefer erhalten (Abb. 4, 5). Die Farbe des Knochens ist beigefarben bis hellbraun, die Knochenerhaltung hervorragend. Der Unterkiefer war ursprünglich mit einer Mandi-

bularfeder am Schädel befestigt, hierfür wurden in den beiden Korakoidfortsätzen des Unterkiefers und in den beiden *Facies temporalis* des Stirnbeines kleine Löcher gebohrt, in die Nägel eingesetzt wurden, die nur noch am Stirnbein vorhanden sind.

Auf der Stirn befindet sich die Beschriftung „RV 544“ in schwarzer Tinte, auf dem linken Parietale steht ebenfalls in schwarzer Tinte geschrieben: „RV 544; Ägypten“ und direkt darunter mit Bleistift die alte In-

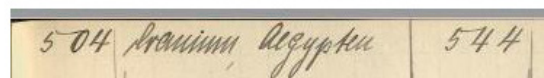
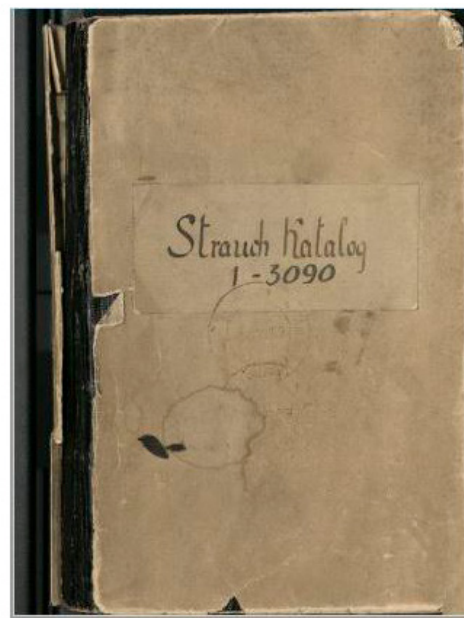


Abb. 2. Auszug aus dem Strauchkatalog mit den Angaben zum Schädel RV 544



Abb. 3. Auszug aus dem Katalog „Afrika-Blätter“ mit den Angaben zum Schädel RV 544

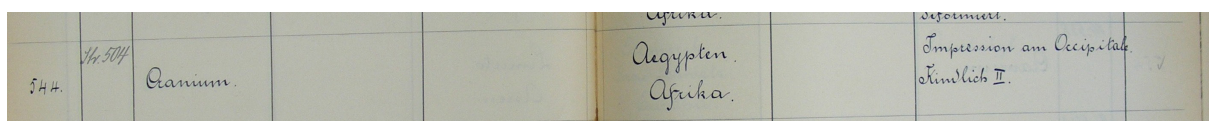


Abb. 1. Auszug aus dem Inventarbuch 1 der Rudolf-Virchow-Schädelsammlung mit den Angaben zum Schädel RV 54



Abb. 4. Der Schädel RV 544, Ansicht von vorn (Foto: D. Göldner)



Abb. 5. Der Schädel RV 544, Ansicht der linken Seite mit der Schädelaufschrift (Foto: D. Göldner)

ventarnummer 504. Auch der Unterkiefer ist beschriftet, hier steht auf der linken Ramusinnenseite 504.

Der Schädel wurde nach den üblichen anthropologischen Untersuchungsmethoden analysiert. Da es sich um den Schädel eines Kindes handelt, wurde das Alter nach dem Zahndurchbruchsschema nach Ubelaker bestimmt (Ubelaker 1999, 64 fig. 71; Al-

Qahtani et al. 2010). Die Geschlechtsbestimmung bei Kindern ist insgesamt sehr schwierig und kann nur annäherungsweise gelingen. Die Geschlechtsbestimmung erfolgt hier nach Holger Schutkowski anhand der morphognostischen Merkmale an der Mandibula (Schutkowski 1990, 36–38; 1993, 200; Molleson et al. 1998, 720–723; Shiloh Reinman 2015, 2–7; 21–22). Der Schädel wurde zudem lupenmakroskopisch begutachtet und pathologische Besonderheiten wurden dokumentiert. Außerdem wurde der Schädel genetisch untersucht. Vor der Beprobung wurde der Schädel mit einem hochauflösenden MicroCT-Scanner gescannt.

Ergebnisse

Die Altersbestimmung erfolgt anhand des Zahndurchbruchsschemas nach Ubelaker (Szilvássy 1988, 422 Abb. 146). Die beiden ersten Dauermolaren brechen gerade auf beiden Seiten im Ober- und Unterkiefer durch. Hieraus ergibt sich ein Alter von 6 Jahren \pm 24 Monate.

Das Geschlecht wurde anatomisch am Unterkiefer bestimmt. Hier erscheint die Kinnregion prominent. Der Bereich seitlich der Mittelachse ist rau und auf jeder Seite ist eine kleine Mulde ausgebildet. In der Aufsicht erscheint der Frontzahnbereich eher breit, der Zahnbogen dadurch U-förmig. Die Gonionregion ist nach lateral verbreitert. All dies sind Merkmale, die auf einen Knaben hinweisen (Schutkowski 1990, 36–38; 1993, 200).

Der Schädel zeigt eine ganze Reihe von pathologischen Besonderheiten, die im Folgenden näher beschrieben werden.

Der Schädel weist eine deutliche, künstliche Deformation auf. Stirn und Hinterhaupt sind merklich abgeflacht (Taf. 1, A.C–D). Hierbei handelt es sich um eine fronto-occipitale Deformation, die auch als tabulare Deformationen bezeichnet wird (Teßmann/Jungklaus 2013, 297–298; Tiesler 2014, 73–79). Die tabulare Deformationsform wird in zwei Typen gegliedert: 1. in eine künstliche schräge (*tabula obliqua*) und eine künstliche gerade (*tabula erecta*) Form. Im vorliegenden Fall wurde der Schädel in die künstlich schräge Form deformiert, wobei der Kopf des Kindes mit Hilfe von Brettchen oder Steinen deformiert wurde (Abb. 6). Diese Art der Schädeldeformation ist für das Alte Ägypten völlig untypisch und weist eher nach Meso- und Südamerika. In der Mitte des Occipitale befindet sich eine deutliche Eindellung, die auch eine poröse Oberfläche zeigt (Abb. 7, eingekreist). Vermutlich wurde diese Eindellung während der Schädeldeformation erzeugt und ist nicht das Resultat einer Gewalteinwirkung im eigentlichen Sinne (Mann/Hunt 2005, 38–40 Abb. 27). Vera Tiesler hat



Abb. 6. Darstellung der verschiedenen Hilfsmittel, die am kindlichen Schädel im Rahmen der Schädeldeformationen eingesetzt wurden (aus: Begerock 2011, 236 Abb. 3)

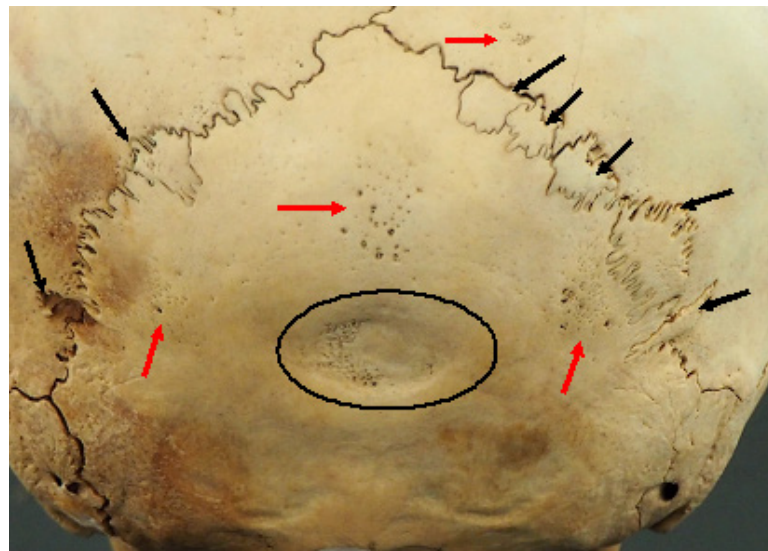


Abb. 7. Os occipitale, Ansicht von hinten: In der Mitte des Hinterhauptbeines befindet sich eine deutliche Impression (eingekreist); mit schwarzen Pfeilen sind Nahtknochen gekennzeichnet und mit hellen Pfeilen inselartige poröse Bereiche (Foto: B. Teßmann)

in ihren Untersuchungen an deformierten Schädeln aus Mesoamerika festgestellt, dass bei neugeborenen Babys mit einem ausgeprägten Occipitalbun dieser direkt nach der Geburt vorsichtig nach innen gedrückt wurde (Tiesler 2014, 43). Diese Impression ist auch deutlich am Occipitale auf der Innenseite zu erkennen (Abb. 8, D). Der Knochen ist in diesem Bereich stark zusammengedrückt und erscheint merklich dünner (Abb. 8, B).

Auf der Lambdanaht liegen mehrere Nahtknochen – auf der rechten Seite insgesamt fünf, auf der linken Seite zwei, von denen einer aber herausgefallen ist (Abb. 7, mit schwarzen Pfeilen markiert). Bemerkenswert ist, dass entlang der Lambdanaht, aber auch direkt auf den Nahtknochen, immer wieder Inseln

mit porösem Knochenauflagerungen vorhanden sind (Abb. 7, mit helleren Pfeilen markiert). Es kann davon ausgegangen werden, dass dieser Befund mit der Schädeldeformation in Zusammenhang steht. Im Bereich der beiden Warzenfortsätze ist die Knochenoberfläche von zahlreichen Gefäßabdrücken gekennzeichnet, auch dies dürfte im Zusammenhang mit der Schädeldeformation stehen (Taf. 2, 1–2).

In beiden Orbitadächern kann eine *Cribra orbitalia* festgestellt werden (Grad I nach Schultz 1988, 490 bzw. Grad 2 nach Steckel et al. 2005, 13; Steckel et al. 2019, 403–404) (Taf. 2, 3–4). Als *Cribra orbitalia* werden Porositäten in den Dächern der Augenhöhlen bezeichnet und mit einem nicht näher definierbaren Mangel, verursacht durch eingeschränkte Ernährung

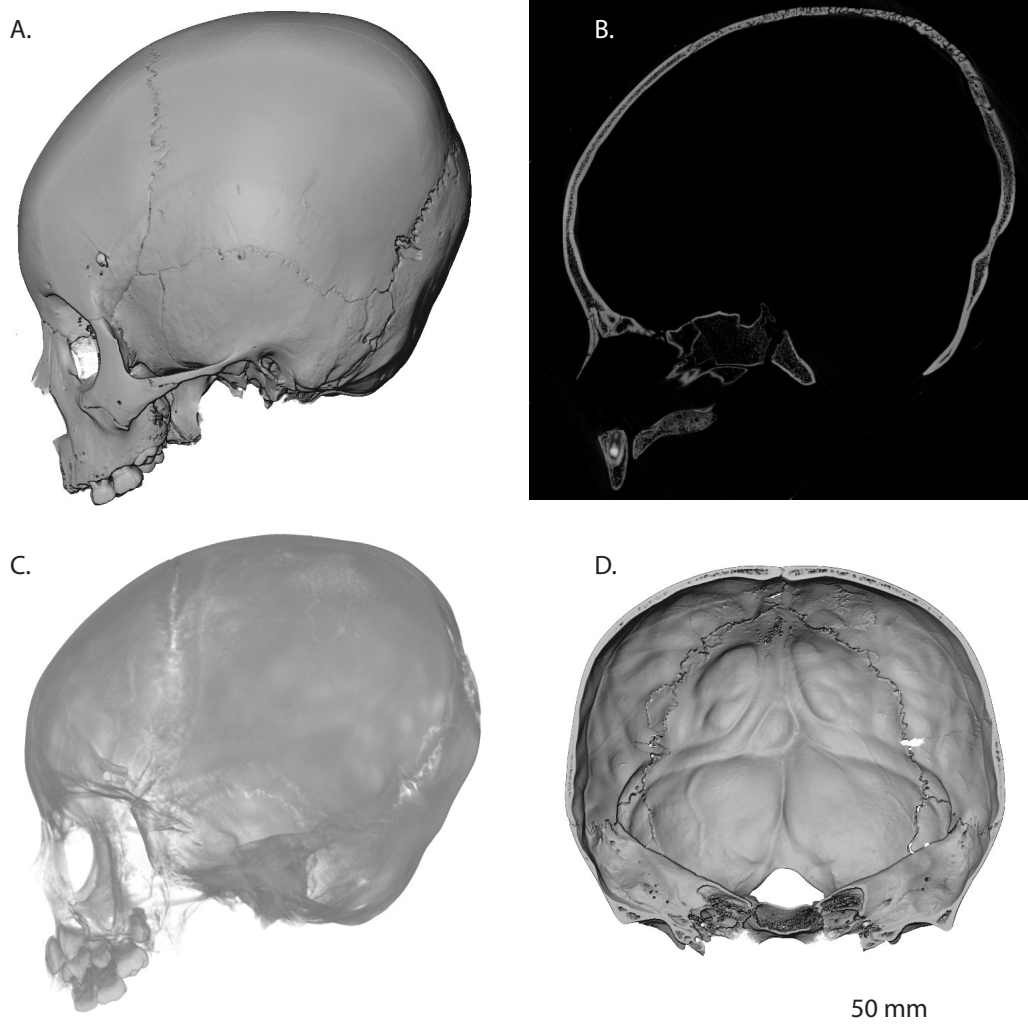


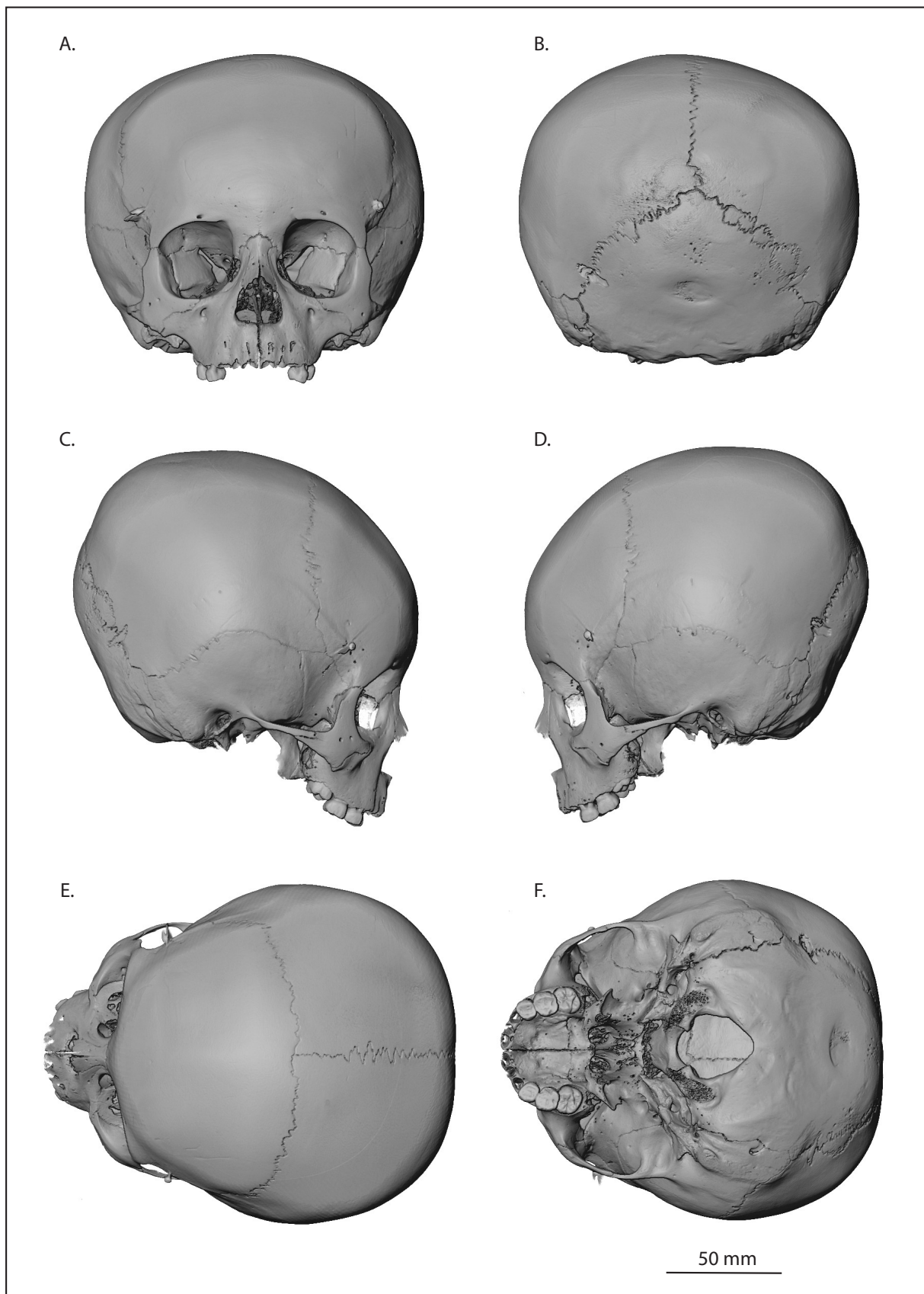
Abb. 8. CT- und Röntgen-Ansichten des Schädels RV 544; A: Norma lateralis links; B: Sagittalschnitt durch den Schädel; C: Röntgenbild der linken Schädelseite; D: Innenansicht der Os occipitale (bearbeitet durch: A. Stoessel)

(v. a. Vitamin B12 und Vitamin C-Mangel) oder Erkrankungen des Magen-Darmtraktes in Verbindung gebracht (z. B. Walker et al 2009; Grupe et al. 2015, 346–347). Beide Befunde können Hinweise auf eine Mangelernährung und somit auf schlechte Lebensumstände sein (Oxenham/Cavill. 2010).

Bei der Maxilla sind am Alveolarrand auf der vestibulären Seite flächige poröse Auflagerungen sichtbar (Taf. 2,5). Dieser Befund könnte mit dem Zahnwechsel in Zusammenhang stehen, aber auch ein Hinweis auf eine Vitamin C-Erkrankung sein (Skorbut). Auch an der Mandibula lassen sich am Alveolarrand an der vestibulären Seite flächige poröse Auflagerungen erkennen (Taf. 2,6). Weitere Auflagerungen finden sich dann auch noch auf beiden Seiten im Bereich der Incisura (Taf. 2,7–8). Auch dieser Befund lässt an eine Vitamin C-Erkrankung denken.

CT-Scan

Um die intakte Anatomie der Felsenbeine (vor allem des im Felsenbein befindlichen knöchernen Labyrinths) des Kinderschädels RV 544 digital zu erhalten, wurde der gesamte Schädel vor der aDNA-Probenentnahme mit dem Bruker™ SkyScan 2211 Röntgen-Nanotomographen des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte (MPI-SHH) in Jena (Deutschland) gescannt. Der Schädel wurde mit einer räumlichen Bildauflösung (Kantenlänge der isotropen Voxel) von 0.05646 mm unter der Anwendung der folgenden Parameter gescannt: 130 kV, 160 μ A, 0,5 mm Titanfilter, 360° Rotation, 0,20° Rotationsschritte, Frame averaging 4, 180 ms Belichtungszeit). Die Gesamtdauer des Scans betrug ca. 7 Stunden, die der anschließenden Bildrekonstruktion 30 Minuten. Die



Taf. 1. CT-Ansichten des Schädels RV 544; A: Norma frontalis; B: Norma occipitalis; C: Norma lateralis rechts; D: Norma lateralis links; E: Norma verticalis; F: Norma basilaris (bearbeitet durch: A. Stoessel)



1



2



3



4



5



6



7



8

Taf. 2. 1–2: Os temporale rechts und links, im Bereich der Warzenfortsätze sind zahlreiche Gefäßabdrücke sichtbar; 3–4: Rechtes und linkes Orbitadach mit porösen Lochdefekten (= Cribra orbitalia); 5: Maxilla, Ansicht von vorn: Am Alveolarrand sind auf der vestibulären Seite flächige poröse Auflagerungen sichtbar; 7–8: Mandibula Ramusinnenseite rechts und links mit porösen Auflagerungen (= Skorbut?) (alle Fotos: B. Teßmann)

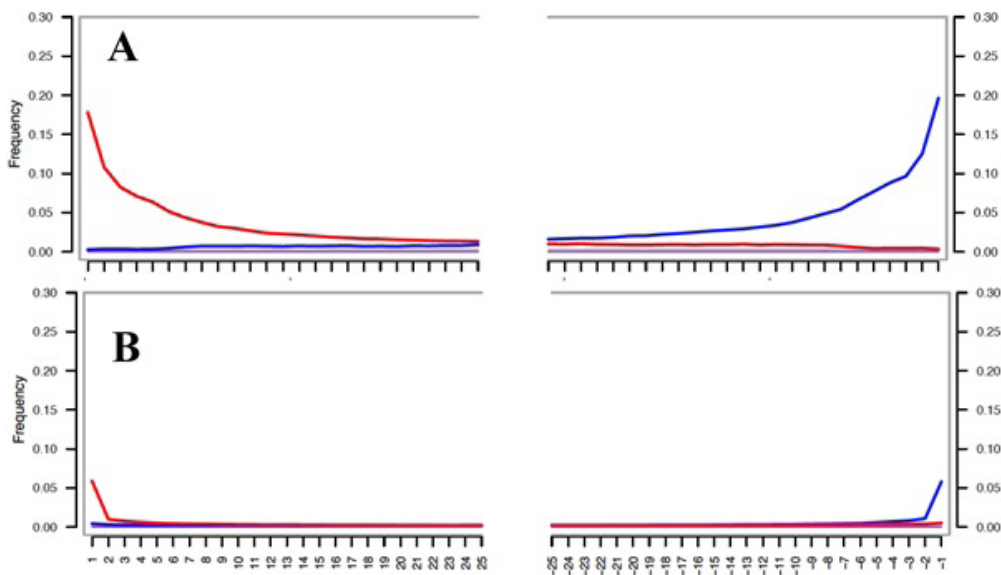


Abb. 9. Vergleich des Schadenprofils zwischen der Verwendung verschiedener Protokolle während der Genbibliothek Generierung; A: HUN001.A0101 ohne UDG Behandlung; B: EGY001.A0101 mit UDG Behandlung

resultierenden Schnittbilder dienen nicht nur der digitalen Aufbewahrung, sondern wurden im Anschluss auch als Grundlage für die virtuelle Rekonstruktion des gesamten Kinderschädels genutzt. Hierzu ist die Software Avizo™ 9.4 (Visualization Science Group) benutzt worden. Mit Hilfe des „Volume rendering“ Moduls von Avizo™ 9.4 wurde ein Volumendatensatz des Schädelscans erzeugt, welcher der dreidimensionalen Darstellung des Kinderschädels dient (Abb. 8 und Taf. 1). Unter Nutzung von Avizo™ 9.4 können im Anschluss nun auch die Dimensionen (Längen, Oberfläche und Volumen) des Schädels vermessen werden.

DNA-Untersuchung

Methoden

Nachdem der komplette Schädel mittels der μ CT dreidimensional erfasst worden ist, wurde das Felsenbein vom Schädel entfernt. Um die Oberfläche des Felsenbeins zu dekontaminieren, wurde dieses im Reinraum 15 min lang von beiden Seiten mit UV Licht bestrahlt. Anschließend wurde das Felsenbein in zwei Teile gesägt und mit einem Zahnarztbohrer von innen beprobt.

Aus den erhaltenen 80 mg Knochenpulver wurde dann DNA nach Dabney et al. (2013) extrahiert. Für die ^{14}C Datierung wurde ein weiteres Knochenfragment von 1 g herausgeschnitten. Die Datierung wurde extern vom Curt-Engelhorn-Center für Archäometrie in Mannheim, Deutschland, durchgeführt.

Die extrahierte DNA wurde anschließend für die Erstellung einer doppelsträngigen Genbibliothek mit

zweifachen Barcodes (Illumina sequencing library) nach Einhaltung des UDG-half Protokolls (Uracil-DNA Glycosylase) verwendet (Meyer/Kircher 2010). Diese Methode erlaubt es, das Schadensmuster, welches aus der Desaminierung von methylierten Cytosin und dem daraus folgenden Einbau von Thymin statt Cytosin am 5' Ende sowie Guanin statt Adenin am 3' Ende resultiert, zu entfernen. Mit diesem Protokoll wird die Fehlpaarung jedoch nicht vollständig behoben, so dass diese an den Endbasen immer noch vorhanden ist und zur Authentifizierung der alten DNA (aDNA) verwendet werden kann (Abb. 9).

Nach der erfolgreichen Sequenzierung der DNA mittels Illumina wurde die menschliche DNA in der Genbibliothek mit Hilfe einer in-solution capture geködert. Dabei wurde die Probe gegen 1.237.207 Targetmoleküle (Einzelnukleotid-Polymorphismen oder Single Nucleotide Polymorphism SNPs), die im menschlichen Genom vorhanden sind, gerichtet und anschließend angereichert (Mathison et al. 2017). In einem weiteren Schritt wurde dann auch die gesamte mitochondriale DNA (mtDNA) angereichert (Maricic et al. 2010). Die beiden angereicherten Genbibliotheken wurden daraufhin auf dem laboreigenen Illumina HiSeq 4000 sequenziert (single-end und 75 Basenpaare Design).

Die sequenzierten Reads (DNA Fragmente) wurden demultiplexiert mit einer erlaubten Diskrepanz pro 8 Basenpaar (Bp) langen Barcode Sequenz. Die demultiplexierten Reads wurden dann mittels des bioinformatischen Programms EAGER (Efficient Ancient Genome Reconstruction, Version 1.92.55) weiter

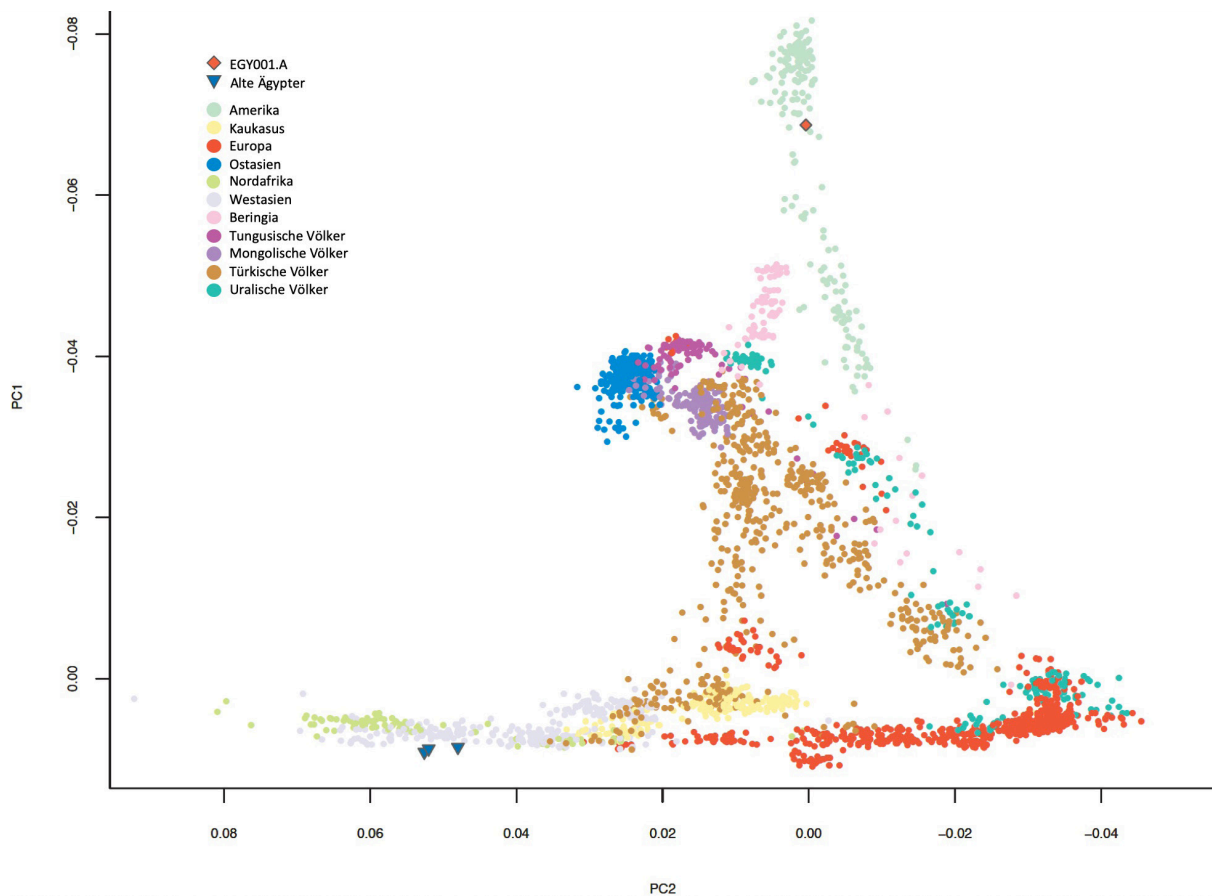


Abb. 10. Das alte Genom EGY001 projiziert auf PC's von heutigen eurasischen und kontinentalamerikanischen Populationen mit zwei alten ägyptischen Proben zum Vergleich

prozessiert (Peltzer et al. 2016). Mit diesem Programm wird jeder Read mit dem menschlichen Referenzgenom (hs37d5) unter Verwendung von BWA abgeglichen (BWAAlign, Version 0.7.12) (Li/Durbin 2009). Des Weiteren wird mit mapDamage (ein Programm integriert in EAGER) die Anzahl und Frequenz der Fehlpaarungen innerhalb eines Reads bestimmt (Ginolhac et al. 2011). Diese Frequenz kann wiederum zur Authentifizierung unserer Probe als alte aDNA verwendet werden (Briggs et al. 2007).

Mittels Genotypisierung der Probe konnten 299.177 enthaltene Target-SNPs identifiziert werden. Zur Erstellung eines pseudodiploiden Genotyps, wurde dann für jedes identifizierte SNP ein zufälliges Allel abgerufen. Anschließend kreuzten wir den erstellten Genotyp mit einem bereits publizierten Datensatz (Mathieson et al. 2018) aus genomweiten Genotypen von 587 alten Individuen sowie 2.706 rezenten Individuen, welche die modernen Populationen repräsentieren (Lazarides et al 2014).

Zusätzlich zu der Methode des chemisch entstandenen Schadensmusters (Fehlpaarung mit dem Aus-

tausch von Cytosin mit Thymin), haben wir die aDNA aus unseren produzierten Daten auf drei weitere Arten authentifiziert. Zunächst wurde, mit Hilfe der Schmutzi-Software, die Kontamination der mtDNA abgeschätzt (Renauld et al. 2015). Außerdem wurde die Kontamination der Kern-DNA mit ANGSD (Version 0.910) ermittelt (Korneliussen et al. 2014). Zuletzt haben wir das genetische Geschlecht bestimmt. Hierfür wurde jeweils der Umfang der geschlechtsspezifischen Chromosomen X und Y miteinander verglichen, welche auf die durchschnittliche Anzahl der autosomalen Chromosomen normalisiert wurde.

Die genetische Verwandtschaft des Individuums wurde aus weltweit alten und rezenten Populationen mit Hilfe einer Hauptkomponentenanalyse (auch als HKA oder PCA: principal component analysis bezeichnet), sowie mit der Fremdgruppen- f_3 Statistik (outgroup- f_3) ermittelt. Hierbei wurden die Hauptkomponenten (PCs) von 210 gegenwärtigen Populationen, ausgenommen subsaharisch-afrikanische, mittels im EIGENSOFT Paket integrierter smartpca Software kalkuliert (Patterson et al. 2006). Auf die daraus ent-

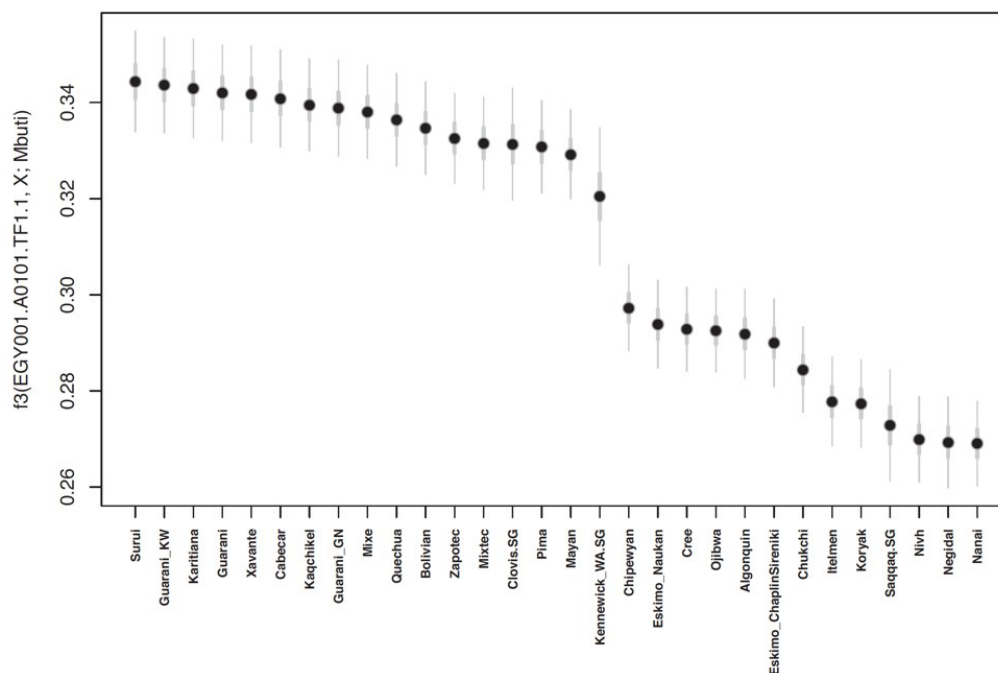


Abb. 11. Genetische Affinität, gemessen mit f_3 -Statistik (EGY001.A0101.TF1.1, X; Mbuti)

standenen PCs projizierten wir alte, bereits publizierte Individuen, einschließlich des von uns untersuchten Individuums RV 544¹, mit der Option „*lsqproject: YES*“, um den systematischen Fehler aufgrund der hohen Rate fehlender Genotypen zu minimieren. Für die outgroup- f_3 statistischen Berechnungen wurde das qp3pop Programm aus dem ADMIXTOOLS Programm-paket verwendet (Petr et al. 2019). Mit dem Programm Schmutzi wurde die mitochondriale Konsensussequenz ermittelt. Mit dieser konnte dann die Haplogruppe mittels HaploFind (Vianello et al. 2013) sowie Haplogrep (Kloss-Brandstätter et al. 2011) bestimmt werden.

Ergebnisse

Wir erhielten sowohl für die mitochondriale DNA (1 % aus der Durchschnittskontamination der 84x abgedeckten Konsensussequenz), als auch für die Kernsequenz (0,07 %) eine sehr geringe Kontaminationsrate. Mittels In-solution Anreicherung der DNA wurde eine deutliche Verbesserung der Sequenzierungseffizienz erreicht. Diese lag vor der Anreicherung bei 2,6 % für die Gesamt-DNA und 1,9 % für die humane on-Target DNA, wohingegen sie auf 46,4 % und 14,2 % nach der Anreicherung anstieg. Wir erhielten die mtDNA Haplogruppe D1, ein basaler Zweig der D4 Haplogruppe, welche in diversen indigenen Populationen in ganz

Kontinentalamerika zu finden ist (Arriaza et al. 1995; Arriaza et al. 1998). Als wir den Schädel RV 544 auf die ersten zwei Hauptkomponenten projizierten, welche für alle nicht subsaharischen afrikanischen Populationen berechnet wurden, stellten wir fest, dass RV 544 zusammen mit heute lebenden indigenen Völkern Amerikas und alten, bereits publizierten Individuen aus ganz Kontinentalamerika fällt (Abb. 10).

Im Gegensatz dazu fallen publizierte alte Individuen aus Ägypten mit heute lebenden westasiatischen Populationen zusammen (Schünemann et al. 2017). Nach erfolgter PCA-Analyse berechneten wir die outgroup- f_3 Statistik mit 282 weltweiten vorzeitlichen und modernen Populationen (Patterson et al. 2012). Hierbei nutzten wir die zentralafrikanische Population Mbuti als Fremdkörper (outgroup). Outgroup- f_3 misst den Umfang an gemeinsamen Gendrifts zwischen zwei Populationen seit ihrem gemeinsamen Abspalten von der Outgroup-Population. Unser Ergebnis zeigt, dass RV 544 den größten gemeinsamen Gendrift mit südamerikanischen Populationen teilt. Darunter sind unter anderem die Surui, Guarani und Karitiana (Abb. 11).

Zusammenfassung

Durch die interdisziplinäre Zusammenarbeit konnte eindrucksvoll gezeigt werden, wie sich die Forschungs-

¹ Für die genetische Untersuchung wurde der Probenname EGY001 verwendet.

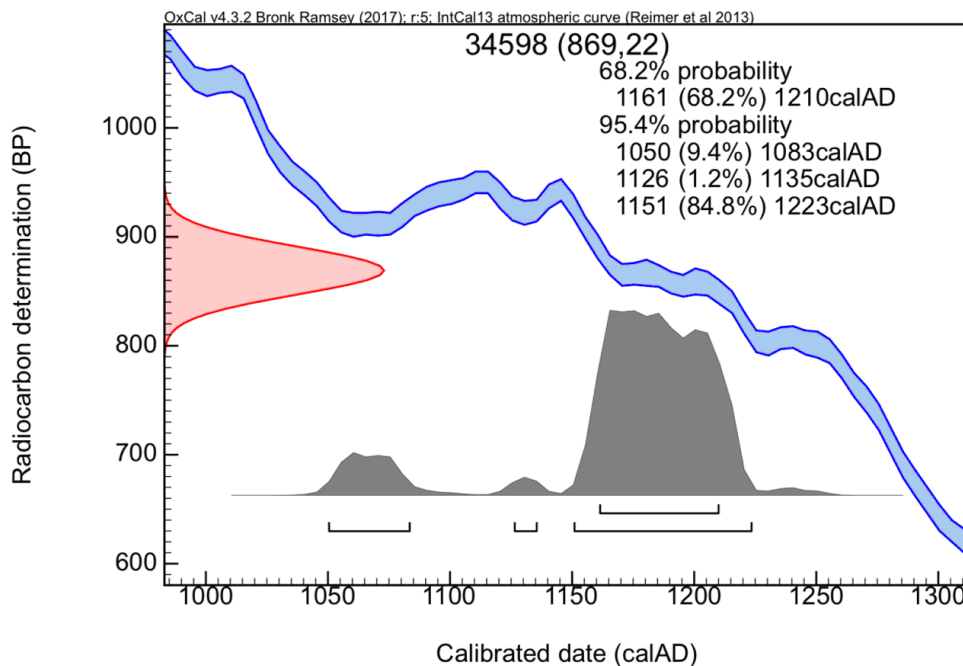


Abb. 12. Graphische Darstellung der C-14 Datierung aus Mannheim

ergebnisse von unterschiedlichen Fachrichtungen ergänzen und bestätigen. So haben die genetischen Untersuchungsergebnisse die anthropologischen Vermutungen bestätigt. Schädeldeformationen, wie sie bei diesem kleinen Jungen vorgenommen wurden, sind für den süd- und mesoamerikanischen Raum geradezu typisch. Vor allem das „Eindrücken“ der Occipitalvorwölbung direkt nach der Geburt kommt nur dort vor. Mit Hilfe der CT-Bilder konnte dieser Befund sehr gut dargestellt werden. Für das Alte Ägypten sind solche Schädeldeformationen hingegen nicht belegt. Auch das anthropologisch ermittelte Geschlecht konnte genetisch nachgewiesen werden.

Der Schädel RV 544 wurde mittels Radiokohlenstoffmethode (^{14}C -Datierung) auf 869 ± 22 vor heute (before present, BP) datiert (Abb. 12). Die kalibrierte Datierung liegt demnach zwischen 1162 und 1208 n.Chr. (2-sigma Bereich). Somit könnte eine Zuweisung des Schädels zur Postklassik im Mayareich oder zur späten Zwischenzeit im Andenraum erfolgen.

Warum der Schädel jedoch falsch inventarisiert und beschriftet worden ist, wird sich nicht mehr klären lassen.

Literaturverzeichnis

AlQuahtani et al. (2010): S. J. AlQuahtani / M. P. Hector / H. M. Liversidge, Brief communication: the London atlas of human tooth development and eruption. *Am. Journal Phys. Anthr.* 142, 2010, 481–490.

Arriaza (1995): B. T. Arriaza, Chinchorro Bioarchaeology: Chronology and Mummy Seriation. *Latin American Antiquity* 6(1), 1995, 35–55.

Arriaza et al. (1998): B. T. Arriaza / F. Cárdenas-Arroyo / E. Kleiss / J. W. Verano, South American mummies: culture and disease. In: A. Cockburn / E. Cockburn / T. A. Reyman (Hrsg.), *Disease and Ancient Cultures* (1998) 190–233.

Briggs et al. (2007): A. W. Briggs / U. Stenzel / P. L. F. Johnson / R. E. Green / J. Kelso, Patterns of damage in genomic DNA sequences from a Neandertal. *PNAS* 104(37), 2007, 14616–14621.

Dabney / Meyer (2012): J. Dabney / M. Meyer, Length and GC-biases during sequencing library amplification: A comparison of various polymerase-buffer systems with ancient and modern DNA sequencing. *BioTechniques* 52, 2012, 87–94.

Ginolhac et al. (2011): A. Ginolhac / M. Rasmussen / M. T. Gilbert / E. Willerslev / L. Orlando, *mapDamage: testing for damage patterns in ancient DNA sequences* *Bioinformatics* 27, 15(1), 2011, 2153–2155.

Grube / Harbeck / McGlynn (2015): G. Grube / M. Harbeck / G. C. McGlynn, *Prähistorische Anthropologie* (Berlin / Heidelberg 2015).

Kloss-Brandstätter et al. (2011): A. Kloss-Brandstätter / D. Pachter / S. Schönherr / H. Weissensteiner / R. Binna / G. Specht / F. Kronenberg, HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. *Human Mutation* 32(1), 2011, 25–32.

Korneliusen et al. (2014): T. S. Korneliusen / A. Albrechtsen / R. Nielsen, ANGSD: analysis of next generation sequencing data. *BMC Bioinformatics* 15, 2014, 356–369.

Lazaridis et al. (2014): I. Lazaridis / N. Patterson / A. Mittnik / G. Renaud / S. Mallick, Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. *Nature* 513, 2014, 409–413.

- Li/Durbin (2009): H. Li/R. Durbin, Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics* 25(14), 2009, 1754–1760.
- Mann/Hunt (2005): R. W. Mann/D. R. Hunt, *Photographic Regional Atlas of Bone Disease* (Springfield 2005).
- Maricic, et al. (2010): T. Maricic/M. Whitten/S. Pääbo, Multiplexed DNA Sequence Capture of Mitochondrial Genomes Using PCR Products. *PLoS ONE* 5(11), 2010, e14004.
- Mathieson et al. (2018): I. Mathieson/S. Alpaslan-Roodenberg/C. Posth/A. Szécsényi-Nagy/N. Rohland/S. Mallick, The Genomic History of Southeastern Europe. *Nature* 555, 2018, 197–203.
- Meyer/Kircher (2010): M. Meyer/M. Kircher, Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. Cold Spring Harbor Perspectives. *Biology* 10(6), 2010, 5448.
- Molleson et al. (1998): Th. Molleson/K. Cruse/S. Mays, Some Sexually Dimorphic Features of the Human Juvenile Skull and their Value in Sex Determination in Immature Skeletal Remains. *Journal Arch. Scienc.* 25, 1998, 719–728.
- Oxenham/Cavill (2010): M. F. Oxenham/I. Cavill, Porotic hyperostosis and cribra orbitalia: the erythropoietic response to iron-deficiency anaemia. *Anthr. Scienc.* 118, 2010, 199–200.
- Patterson et al. (2006): N. Patterson/A. L. Price/D. Reich, Population structure and eigenanalysis. *PLoS genetics* 2, 2006, e190.
- Patterson et al. (2012): N. Patterson/P. Moorjani/Y. Luo/S. Mallick/N. Rohland, Ancient Admixture in Human History. *Genetics* 192(3), 2012, 1065–1093.
- Peltzer et al. (2016): A. Peltzer/G. Jäger/A. Herbig/C. Kniep, EAGER: efficient ancient genome reconstruction. *Genome Biology* 17(60), 2016, 1–14.
- Petr et al. (2019): M. Petr/B. Vernot/J. Kelso, admixr-R package for reproducible analyses using ADMIXTOOLS. *Bioinformatics* 35/17, 2019, 3194–3195.
- Renaud et al. (2015): G. Renaud/V. Slon/A. T. Duggan/J. Kelso, Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology* 16 (224), 2015, 1–18.
- Schünemann et al. (2017): V. Schünemann/A. Peltzer/B. Welte/W. P. van Pelt/M. Molak/C. C. Wang/A. Furtwängler/C. Urban/E. Reiter/K. Nieselt/B. Tefßmann/M. Francken/K. Harvati/W. Haak/S. Schiffels/J. Krause, Ancient Egyptian mummy genomes suggest an increase of Sub-Saharan African ancestry in post-Roman periods. *Nat Commun* 8, 15694 (2017).
- Schultz (1988): M. Schultz, Paläopathologische Diagnostik. In: R. Knußmann (Hrsg.): *Anthropologie. Handbuch der vergleichenden Biologie des Menschen* (Stuttgart/ New York 1988) 480–496.
- Schutkowski (1990): H. Schutkowski, *Zur Geschlechtsdiagnose von Kinderskeletten. Diagnostische, metrische und diskriminanzanalytische Untersuchungen*. Diss. Göttingen (1990)
- Schutkowski (1993): H. Schutkowski, Sex Determination of infant and juvenile skeletons. 1. Morphognostic features. *Am. Journal Phys. Anthr.* 90, 1993, 199–205.
- Shiloh Reinman (2015): A. Shiloh Reinman, *Sex Estimation in Subadult Skeletons: A Test of Eight Nonmetric Traits of the Mandible and Ilium*. Masterthesis (Florida Atlantic University, Boca Raton, FL 2015).
- Steckel et al. (2005): R. H. Steckel/C. S. Larsen/P. W. Sciulli/Ph. L. Walker, *Data collection Codebook* (2005).
- Steckel et al. (2019): R. H. Steckel/C. S. Larsen/P. W. Sciulli/Ph. L. Walker, Kapitel 14: Data collection Codebook. In: R. H. Steckel/C. S. Larsen/Ch. A. Roberts/J. Baten (Hrsg.), *The Backbone of Europe: Health, Diet, Work and Violence over Two Millennia. Cambridge Studies in Biological and Evolutionary Anthropology*, Bd. 80 (Cambridge 2019) 397–427.
- Szilvássy (1988): J. Szilvássy, Altersdiagnose am Skelett. In: R. Knußmann (Hrsg.), *Anthropologie. Handbuch der vergleichenden Biologie des Menschen* (Stuttgart/New York 1988) 421–443.
- Tefßmann/Jungklaus (2013): B. Tefßmann/B. Jungklaus, Der Wert anthropologischer Sammlungen für die naturwissenschaftliche Forschung. In: H. Stoecker/Th. Schnalke/A. Winkelmann (Hrsg.), *Sammeln, Erforschen, Zurückgeben? Menschliche Gebeine aus der Kolonialzeit in akademischen und musealen Sammlungen* (Berlin 2013) 290–311.
- Tiesler (2014): V. Tiesler, *The Bioarchaeology of Artificial Cranial Modifications New Approaches to Head Shaping and its Meanings in Pre-Columbian Mesoamerica and Beyond*. (Springer-Verlag 2014).
- Ubelaker (1999): D. H. Ubelaker, *Human Skeletal Remains. Excavation, Analysis, Interpretation*, 3. Aufl., (Washington 1999).
- Vianello et al. (2013): D. Vianello/F. Sevini/G. Castellani/L. Lo martire/M. Capri/C. Franceschi, HAPLOFIND: a New method for high-throughput mtDNA Haplogroup assignment. *Human Mutation* 34, 2013, 1189–1194.
- Walker (2012): D. Walker, *Disease in London, 1st–19th centuries. An illustrated guide to diagnosis* (London 2012).

Barbara Tefßmann, M. A.
Museum für Vor- und Frühgeschichte, Staatliche
Museen zu Berlin – Stiftung Preußischer Kulturbesitz
Archäologisches Zentrum
Geschwister-Scholl-Str. 6
10117 B e r l i n

Berliner Gesellschaft für Anthropologie, Ethnologie
und Urgeschichte (BGAEU)
Archäologisches Zentrum der Staatlichen Museen –
MVF
Geschwister-Scholl-Str. 6
10117 B e r l i n

Dr. Alexander Stoessel
Institute of Zoology and Evolutionary Research
Friedrich Schiller University Jena
Erbertstraße 1
07743 J e n a

Department of Archaeogenetics
Max Planck Institute for the Science of Human History
Kahlaische Straße 10
07745 J e n a

Department of Human Evolution
Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology
Deutscher Platz 6
04103 L e i p z i g

Raffaella A. Bianco, M.Sc.
Department of Archaeogenetics
Max Planck Institute for the Science of Human History
Kahlaische Straße 10
07745 J e n a