



Swiss Institute of  
Bioinformatics



---

<sup>b</sup>  
**UNIVERSITÄT  
BERN**

Media Relations

Medienmitteilung, 14. April 2021

## Die bewegte Besiedlungsgeschichte der Südpazifik-Inseln

**Ein internationales Forschungsteam rekonstruierte anhand von Genomsequenzierungen die menschliche Besiedlungsgeschichte im Südpazifik. Beteiligt an der Studie war auch Laurent Excoffier, Professor am Institut für Ökologie und Evolution der Universität Bern und Gruppenleiter am SIB Schweizerisches Institut für Bioinformatik. Die Resultate stellen bisherige Erkenntnisse zur erstmaligen Besiedlung von Inselgruppen wie Vanuatu oder Polynesien in Frage.**

Kenntnisse über die genetische Vielfalt menschlicher Populationen sind wesentlich für ein besseres Verständnis der globalen Besiedlungsgeschichte und natürlicher Selektionsprozesse. Die grosse Mehrheit genetischer Studien konzentriert sich jedoch auf Populationen europäischer Abstammung, die nur 16% der Weltbevölkerung ausmachen. Die genomische Geschichte des Südpazifiks hingegen wurde bisher kaum untersucht. In einer neuen Studie im Fachmagazin *Nature* hat ein internationales Forschungskonsortium unter der Leitung der französischen Forschungseinrichtungen Institut Pasteur, Centre national de la recherche scientifique (CNRS) und Collège de France nun anhand von Genomsequenzierungen die Besiedlungsgeschichte der Bewohnerinnen und Bewohner der pazifischen Inseln untersucht. Die Studie, an der auch Laurent Excoffier, Professor am Institut für Ökologie und Evolution der Universität Bern und Gruppenleiter am SIB Schweizerisches Institut für Bioinformatik, beteiligt war, bestätigt archäologische Funde, welche die Besiedlung verschiedener Inseln Ozeaniens auf vor rund 40'000 Jahren datieren. Zudem konnten die Forschenden nachweisen, dass auf diese erste Besiedlung eine Periode der genetischen Isolation zwischen den Inseln folgte.

### **Schnelle Besiedlung der entfernten Pazifikinseln vor 5'000 Jahren?**

Bisherige Forschungsergebnisse zeigen, dass der *Homo sapiens*, nachdem er Afrika verlassen hatten, vor rund 45'000 Jahren Ozeanien besiedelte, genauer Papua-Neuguinea, das Bismarck-Archipel und die Salomon-Inseln (sogenanntes *Near Oceania*). Die restlichen Pazifikinseln (*Remote Oceania*: Vanuatu, Wallis- und Futuna-Inseln, Polynesien etc.) blieben noch unbewohnt. Diese Inseln wurden erst rund 40'000 Jahre später bevölkert. Es wird angenommen, dass eine Gruppe von Menschen vor 5'000 Jahren Taiwan verliess und über die Philippinen, Indonesien und die bereits bewohnten Inseln in *Near Oceania* zog, um schliesslich auch rasch die Inseln in *Remote Oceania* zum ersten Mal zu besiedeln.

Für die aktuelle Studie konnte das Forschungsteam auf Genomsequenzierungen von 320 Personen aus Taiwan, den Philippinen, dem Bismarck-Archipel, den Salomon-Inseln, den Santa-Cruz-Inseln und Vanuatu zurückgreifen, um die genetische Vielfalt der Populationen der unzähligen Inseln im Südpazifik, die zu sehr unterschiedlichen Zeitpunkten besiedelt wurden, zu charakterisieren und die bisherigen Erkenntnisse zur Besiedlungsgeschichte zu überprüfen.

### **Genomsequenzierung bringt Licht ins Dunkel**

Dank der Sequenzierung konnten die Forschenden die Besiedlung der verschiedenen Inseln in *Near Oceania* auf vor rund 40'000 Jahren zurückdatieren und damit archäologische Funde bestätigen. Zudem konnten sie nachweisen, dass auf diese erste Besiedlung eine Periode der genetischen Isolation zwischen den Inseln folgte. «Unsere Ergebnisse bestätigen, dass die Menschen zwar schon früh in der Lage waren, die Meere zu überqueren, um neue Länder zu erreichen. Sie deuten aber auch darauf hin, dass diese Reisen zu diesem Zeitpunkt relativ selten waren», erklärt Etienne Patin, CNRS-Wissenschaftler in der Human Evolutionary Genetics Unit am Institut Pasteur. Darüber hinaus stellt die Studie die sogenannte «Out-of-Taiwan»-Theorie in Frage, wonach eine Population vor rund 5'000 Jahren von Taiwan aus relativ schnell das bereits bewohnte *Near-* und auch *Remote Oceania* besiedelte. Die Genom-Analysen deuten darauf hin, dass die Menschen Taiwan vor mehr als 5'000 Jahren verliessen, und dass die Vermischung zwischen der Gruppe aus Taiwan und den Populationen von *Near Oceania* erst 2'000 Jahre später begann. Entgegen der gängigen Theorie folgte auf die Expansion aus Taiwan also nicht eine sofortige, einmalige Vermischung mit den Menschen in *Near Oceania*, sondern es gab wiederkehrende Episoden von genetischen Interaktionen.

### **Berner Expertise für genetische Laboranalyse**

«Diese Studie liefert eine neue Sicht auf die Besiedlungsgeschichte des Pazifischen Ozeans und zeigt, dass sie das Ergebnis eines komplexen Prozesses ist. Dieser beinhaltet mehrere Interaktionen zwischen verschiedenen Migrationswellen nach Ozeanien und in den Pazifischen Ozean, und nicht eine einfache Migration, gefolgt von einem einzigen Vermischungsereignis, wie bisher angenommen», sagt Studien-Koautor Laurent Excoffier von der Universität Bern und vom SIB Schweizerisches Institut für Bioinformatik. «Unser Labor war involviert in die demografischen und historischen Inferenzen aus den genomischen Daten, die hauptsächlich mit einer in unserem Labor entwickelten Computersoftware analysiert wurden», sagt Excoffier.

### **Angaben zur Publikation:**

Jérémy Chouin et. al.: Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania, *Nature*, 14 April 2021, doi: <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03236-5>

### **Kontaktperson:**

Prof. Dr. Laurent Excoffier

Universität Bern, Institut für Ökologie und Evolution, Abteilung Populationsgenetik, und SIB Schweizerisches Institut für Bioinformatik

Tel. +41 76 389 52 70 / [laurent.excoffier@iee.unibe.ch](mailto:laurent.excoffier@iee.unibe.ch)

### **Institut für Ökologie und Evolution, Abteilung Populationsgenetik**

Das Labor für Computational and Molecular Population Genetics (CMPG) der Abteilung Populationsgenetik des Instituts für Ökologie und Evolution (IEE) ist an das SIB Schweizerische Institut für Bioinformatik angegliedert. Die Mitarbeitenden des Labors nutzen molekulare Techniken, theoretische Entwicklungen und Computersimulationen, um die demografische Geschichte von Populationen und Arten aus genetischen Daten zu rekonstruieren und zwischen alternativen evolutionären Szenarien zu testen. Die Forschungsgruppe entwickelt und pflegt auch Computerprogramme, um die genetische Diversität von Populationen zu untersuchen und zu simulieren, demographische Parameter unter komplexen Szenarien abzuleiten und Loci unter Selektion aus dem Genomscan zu erkennen.

Mehr Informationen: [https://www.cmpg.iee.unibe.ch/index\\_eng.html](https://www.cmpg.iee.unibe.ch/index_eng.html)

### **Über das SIB Schweizerisches Institut für Bioinformatik**

Das SIB Swiss Institute of Bioinformatics ist eine international anerkannte Non-Profit-Organisation, die sich der biologischen und biomedizinischen Datenwissenschaft widmet. Die Datenwissenschaftler des SIBs arbeiten mit Leidenschaft an der Schaffung von Wissen und der Lösung komplexer Fragen in vielen wissenschaftlichen Bereichen, von der Biodiversität und Evolution bis hin zur Medizin. Sie stellen essentielle Datenbanken und Software-Plattformen sowie bioinformatische Expertise und Dienstleistungen für akademische, klinische und industrielle Gruppen zur Verfügung. Das SIB vereint die Schweizer Bioinformatik-Community von rund 800 Wissenschaftlern und fördert die Zusammenarbeit und den Wissensaustausch. Das Institut trägt dazu bei, die Schweiz an der Spitze der Innovation zu halten, indem es den Fortschritt in der biologischen Forschung fördert und die Gesundheit verbessert.

Data scientists for life

[www.sib.swiss](http://www.sib.swiss)