

Die Schlacht an der Tollense 2

Die größte Schlacht ihrer Zeit – zumindest was die offiziell zugegebenen, in Spuren aufgefundenen Schlachten angeht, und um eine Größenordnung größer als der sog. Trojanische Krieg – das war das Ergebnis der Beschreibung in Teil 1. Vertiefen wir uns nun in die DNS-Genealogie, im Versuch, die Archäologie zu bestätigen: klingt da sowas wie eine zielgerichtete Interpretation durch? Wir werden sehen...

© für die Übersetzungen aus dem Russischen by Luckyhans, 28. Oktober 2021,
Hervorhebungen wie im Original und von mir, **Kommentare** von mir

Die Schlacht an der Tollense vor 3200 Jahren - (Fortsetzung)

Wenn **die frühen Slawen, Träger der Haplogruppe R1a**, in der Schlacht am Fluß Tollense kämpften, dann ist klar, daß sie überlebten, die Lausitzer Kultur bildeten und deren Entwicklung fortsetzten. Aber wer waren dann ihre Gegner?

Die Frage ist rhetorisch, denn auf dem Territorium des heutigen Deutschland gab es damals keine anderen [Haplogruppen](#), außer der Haplogruppe R1b, den Nachkommen der Träger der [Kultur der glockenförmigen Becher](#), meist Untergruppe R1b-P312.

Um so mehr keine solche Haplogruppen, deren Träger in der Lage waren, eine große Kriegerschar aufzustellen, was für die damalige Zeit recht ungewöhnlich war. (so?)

Wenn das so ist, dann haben unsere **slawischen** Vorfahren schon damals die Fremden aus dem Westen zurückgeschlagen, und das hat sich danach noch viele Male wiederholt.

Diese **Hypothese** über den Kampf der Slawen und Erbiner vor 3200 Jahren wurde von mir in den Büchern "Die Geschichte der Arier and Erbiner" (M., 'Konzeptual', 2017) und "Die DNS-Genealogie der Slawen. Neue Entdeckungen" (SPb, 'Pieter', 2019) aufgestellt, und wir mußten nur noch auf die Daten zur Entschlüsselung (oder, wie die Genetiker sagen, Typisierung) der DNS aus den Knochenresten der Teilnehmer der Schlacht warten.

Und als sich das Jahr 2020 dem Ende zuneigte, trafen die ersten Daten ein. Eine vorläufige Version eines Artikels mit dem Titel "Die Genom-Daten vom antiken Europäischen Schlachtfeld verweisen auf die fortgesetzte wesentliche Selektion im Genom-Bereich, verbunden mit einer Laktase-Stabilität in den letzten 3000 Jahren" wurde veröffentlicht

(Burger et al, "Genomic Data from an Ancient European Battlefield Indicates On-Going Strong Selection on a Genomic Region Associated with Lactase Persistence Over the Last 3,000 Years", *Current Biology*, eingereicht 2020).

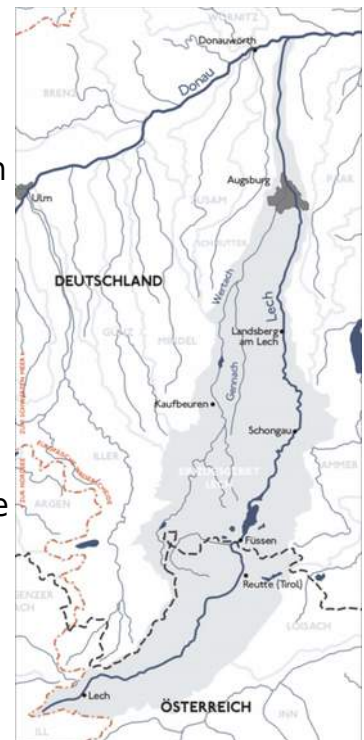
Wie Sie sehen, ging es den Autoren nicht darum, wer gegen wen kämpfte, sondern darum, ob diese Menschen Milch verdauten.

Die weitere Erzählung in dem Artikel ist nicht weniger über-
raschend.

Ich bin kein Anhänger des konspirativen Ansatzes in wissenschaftlichen Artikeln, aber die Art und Weise, wie die Autoren versuchen, die Frage, wer da gegen wen gekämpft hatte, so gut wie möglich zu verschleiern, ist beeindruckend.

Sie beschlossen, eine "Genom-Analyse" der ersten 14 DNA-Proben durchzuführen, unabhängig davon, wer auf welcher Seite stand, um deren Genome zu mitteln, und berichteten, daß diese gemittelten Genome einer Region etwas nördlich des Tals des bayerischen Flusses Lech entsprechen, der durch das heutige Deutschland und Österreich fließt und in die Donau mündet. Darüber hinaus ähneln diese gemittelten Genome laut den Autoren den Genomen der Bewohner des Dorfes Mokrin in Nordserbien.

Unter Anwendung einer anderen Methode der Genomanalyse stellten die Autoren des



Artikels fest, daß die gemittelten Genome der antiken DNS vom Schlachtfeld an der Tollense den bayerischen Genomen des 5. Jahrhunderts sowie den Genomen der Mittel- und Nordeuropäer ähneln, wobei sie wohl hinzufügten, daß sich alle europäischen Populationen in ihren Genomen innerhalb der Fehlermarge der Berechnungen überschneiden. Wer sich wundert, braucht sich nicht zu wundern. Dies sind die üblichen "Genom-Analyse"-Ansätze der Populationsgenetiker, ebenso wie [ihre typischen Ergebnisse](#). So arbeiten sie.

Abschließend verweisen die Autoren auf eine bereits in der Literatur verbreitete Hypothese, wonach einige Kämpfer aus Südmitteleuropa bzw. aus Südostdeutschland und Böhmen zur Tollense kamen. Was im Großen und Ganzen mit ihren "Schlußfolgerungen" übereinstimmt.

Die Autoren des letztgenannten Artikels gingen jedoch "noch weiter" und berichteten, daß ihre genetischen Daten zwar nicht genau belegen, woher die Krieger stammten, die Autoren aber glauben, daß die Tollensekrieger zu einer relativ "homogenen Population" gehören, die auch heute noch in dieser jetzigen Region Deutschlands lebt. *(nach Ansicht der Autoren sollen also Vertreter derselben „homogenen Population“ so mörderisch gegeneinander gekämpft haben? wer soll denn das glauben?)*

Abgesehen vom akademischen Ausdruck "phantastischer Unsinn" gibt es keine andere Möglichkeit, dies zu beschreiben.

Die Sache ist die, daß die Autoren selbst Haplogruppen und Untergruppen (Subkladen) an 16 Knochen identifiziert haben, die offenbar von den Siegern in den Fluß geworfen wurden, nachdem sie völlig ausgegraben worden waren. Wie bereits erwähnt, galt dies höchstwahrscheinlich für die unterlegene Seite.

Von diesen wurden sechs Knochen mit R1b-M269-L51-P312 (drei), R1b-M269-L51 (zwei) und R1b-M269 (einer) typisiert, was bedeutet, daß alle im Wesentlichen zur gleichen DNS-Abstammungslinie gehören, nämlich zu den Erbinern.

Neun Skelette wiesen I2a-M223 auf, eines R1a-Z282-Y29095, das nach Angaben der Autoren zur langobardischen Abstammungslinie gehört (mehr dazu in der Erzählung "[Migrationen der Langobarden mit den Augen der Populationsgenetik](#)") und offenbar aus Skandinavien gekommen war.

Tatsächlich weisen die Einwohner Norwegens und Deutschlands diese Subklade auf, während sie bei den Slawen nicht nachgewiesen werden konnte.

Wie wir sehen, gibt es hier keine "homogene Population", sondern **drei verschiedene DNS-Linien unterschiedlichen Ursprungs**.

Bei den Trägern der Haplogruppe R1b handelt es sich eindeutig um **Nachfahren der Kultur der glockenförmigen Becher** *(siehe Karte)*, die anderthalb Jahrtausende **vor** den hier beschriebenen Ereignissen von der Iberischen Halbinsel gekommen war, bei den Trägern der Haplogruppe I2a-M223 um **typische Westeuropäer und Bewohner der Britischen Inseln** und bei R1a-Y29095, wie bereits berichtet, wahrscheinlich um **Skandinavier**.

Von allen drei Linien gibt es unter den Slawen nur sehr wenige oder fast keine Nachkommen.

Eine gewisse Ausnahme bilden die **Polen**, bei denen 12% der Männer der Haplogruppe R1b angehören, hauptsächlich der Subklade R1b-P312, und die **Tschechen**, bei denen 28% der Männer der Haplogruppe R1b angehören, ebenfalls hauptsächlich R1b-P312. Dies ist westeuropäisches Erbgut.

Gewöhnlich ist die Haplogruppe R1b bei den Slawen zu einzelnen Prozenten vertreten,



und es handelt sich meist nicht um westeuropäische Zweige, sondern um die alten Nachfahren der Gruben-Kultur von den Ufern der Wolga (die bekanntesten Bestattungen stammen aus der Zeit vor 5300 - 4600 Jahren, in der heutigen Samara-Region). Bei den **Slowaken** beträgt der Anteil der Haplogruppe R1b 15%, davon sind aber nur 2% von P312, den Nachkommen der Glockenbecherkultur.

Aber da die Genom-Popgenetiker die Genome für spätere Studien in Tausende und Abertausende von Fragmenten zerschneiden, werden die Fragmente natürlich gemischt und gemittelt, und sie erhalten eine "Homogenität der Populationen".

Und dann geben sie diese "homogenen Populationen" in den Computer ein, der sie miteinander vergleicht und nach "Ähnlichkeiten" sucht, die er natürlich im Überfluß findet.

Diese verglichenen Genome, oder besser gesagt ihre Fragmente, Trümmer und Fetzen, sind aus vielen Gründen "ähnlich" - dazu gehören

(1) Ähnlichkeiten durch Notwendigkeit, weil wir alle viele der gleichen Gene haben,
(2) Ähnlichkeiten durch Zufall, weil alle Fragmente aus nur vier Nukleotiden (Adenin, Thymin, Cytosin und Guanin) bestehen, die auf sehr unterschiedliche Weise angeordnet sind, und unter denen sich Hunderte oder Tausende von zufällig passenden Fragmenten befinden, und

(3) **Ähnlichkeiten durch Vererbung.**

Letzteres ist das Wichtigste bei solchen Vergleichen, aber der Computer weiß nicht, wie er die einen Ähnlichkeiten exakt von den anderen trennen soll, und meldet alle "Ähnlichkeiten", wobei er sie wieder durcheinanderbringt.

So ist es nicht verwunderlich, daß sich die Genome, wie die Autoren schreiben, "innerhalb der Fehlergrenzen der Berechnungen überschneiden".

Und weiter ist es den "Forschern" überlassen, je nach Aufgabenstellung (!), mit Hilfe verschiedener Ansätze zu entscheiden, welche "Ähnlichkeiten" sie einrechnen und welche nicht.

Als Ergebnis wird eine finale, "gefilterte" (ihre eigene Bezeichnung) Tabelle der "Ähnlichkeiten" vorgelegt, auf deren Grundlage nach eigenem Ermessen "Schlußfolgerungen zur antiken Geschichte der Völker" gezogen werden. *(hier entlarvt der Genealoge sehr klar die hanebüchene „Wissenschaft“ der „modernen Zeit“ auf seinem Gebiet; auf den Gedanken, daß auch andere, wie z.B. die Archäologen; genauso unsinnig vorgehen könnten, kommt er leider nicht...)*

Gewöhnlich bestimmen solche "Forscher" die Haplogruppen und Subkladen nicht oder geben sie in den Artikeln nicht an, ja, sie berücksichtigen sie nicht einmal und wissen

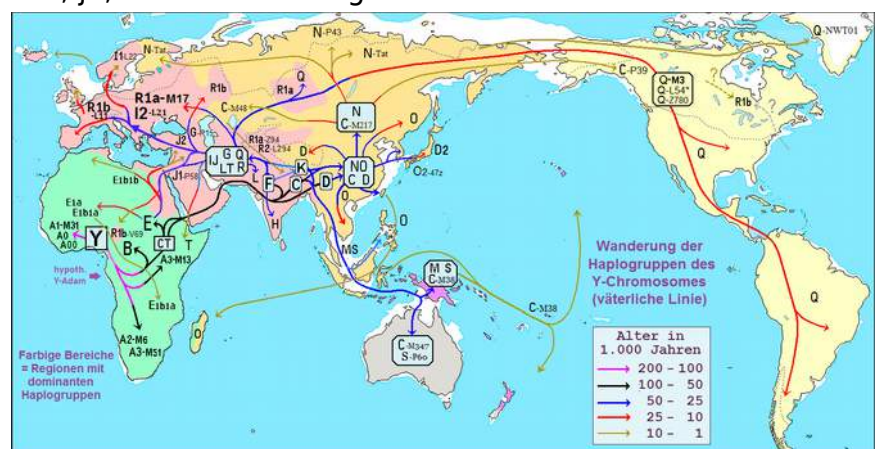
offenbar nicht, wie sie mit ihnen umgehen sollen, sonst würden sie nicht berichten, daß die "Populationen homogen" sind, wenn sie aus verschiedenen Haplogruppen bestehen, wie bei der Untersuchung der DNS der (offenbar unterlegenen) Seite der Schlacht von Tollense.

Sie haben sie in ihrem Artikel faktisch nicht berücksichtigt,

sondern es wird nur davon berichtet.

Es wurden keinerlei historische Schlußfolgerungen daraus gezogen.

Wir werden diese Lücke jetzt schließen.





© Stefan Sauer / Projekt Tollensetal

Also, **stellen wir die Daten über die gefundenen Haplogruppen und Subkladen in einen historischen Kontext.**

Die Haplogruppe R1b bildete sich vor etwa 21 Tausend Jahren in Südsibirien heraus. Der Fund der uralten Haplogruppe R in der Nähe des Baikalsees, ebenfalls in Südsibirien, stimmt gleichfalls mit der archäologischen Datierung von vor 24 Tausend Jahren überein. *(wie soll man diese Aussagen verstehen? Woher kam die Haplogruppe R am Baikal? Was war davor, vor mehr als 24 Tausend Jahren? Fehlen dazu „archäologische Daten“? Wie geht die Genealogie mit den Datierungen der Archäologen um? Und vor allem: nach welchen Methoden finden die genannten höchst präzisen Datierungen statt? C-14 gibt bei ehrlicher Betrachtung jedenfalls eine solche Genauigkeit bei weitem nicht her...)*

Einige Zeit später zogen die Träger dieser Haplogruppe nach Westen, und die Einzelheiten und Gründe für ihre in Entfernung und Zeit gewaltigen Wanderungen sind nach wie vor unbekannt. *(aber nur der blinden „offiziellen“ Wissenschaft...)*

Nach den sekundären Merkmalen zu urteilen (archäologische Kulturen, Lage der Knochen in den Gräbern, nämlich auf dem Rücken, gestreckte oder leicht gebeugte Beine), zogen die R1b-Träger, die Erbiner, von Sibirien über den Südrural und das nördliche Kasachstan und ließen die Kulturen der Tersek, Botai, Makhandjar, Surtanda, Chwalyn, Gruben-Kultur und viele andere zurück, welche einhergingen mit der Bildung immer neuer Snips (irreversible Mutationen in ihrem Y-Chromosom), von denen die wichtigsten R1b-M269, L23 und L51 waren, und von der Gruben-Kultur (in der bereits die Snips R1b-M269-L23-Z2103 beobachtet werden) wanderten sie über den Kaukasus, hinterließen dort zahlreiche Nachkommen, und erreichten über Kleinasien, über die Mittelmeerinseln und entlang der nordafrikanischen Küste vor etwa 5000 Jahren die Iberische (Pyrenäen-) Halbinsel.

Die Haupt-Snips bei den Migranten, welche die Pyrenäen erreichten, waren diese: R1b-M269-L23-L51. Wir können sehen, daß sie kein Snip der Gruben-Kultur, Z2103, hatten, so daß sie an der Gruben-Kultur vorbeigewandert waren, indem sie über eine "Gabelung" auf dem L23-Snip diese passierten.

Dort, in den Pyrenäen, bildeten sich vor etwa 4800 Jahren zwei große Mutationen in der Haplogruppe L51 auf, die zum Auftreten von zwei neuen Subkladen, P312 und U106, führten. Die Träger dieser Subkladen spalteten sich bei der anschließenden Besiedlung

Europas auf, und der P312-Zweig bildete die Glockenbecher-Kultur, deren Träger auf den Britischen Inseln landeten und weiter nach Mitteleuropa zogen, wo sie die einheimische Bevölkerung Europas vernichteten. Faktisch war das Völkermord. *(ein interessanter Fakt, der hier von der Genealogie beige-steuert wird: die „Britten“ zogen nach Mitteleuropa und rotteten dort per Völkermord die Urbevölkerung aus... das wollen wir uns mal für später merken, denn: was waren das für „Britten“? Wer hat sie dort auf den Britischen Inseln auf welche Weise „umgedreht“, daß sie „plötzlich“ Völkermörder wurden?)*

Einige hundert Jahre nach Verlassen der Pyrenäen hatten die P312-Träger bereits das Gebiet des heutigen Böhmens und Deutschlands erreicht, und vor 4.000 Jahren hatten sie Europa im Allgemeinen bis zum Apennin und bis zum Balkan im Süden und Südosten und bis zum Baltikum im Norden besiedelt.

Die wenigen überlebenden einheimischen Träger der europäischen Haplogruppen flohen aus Mitteleuropa an die Peripherie, nach Skandinavien, auf die britischen Inseln (???), auf den Balkan, nach Kleinasien und in die russische Ebene. Zur Zeit der Schlacht an der Tollense vor 3200 Jahren waren West- und Mitteleuropa bereits seit über tausend Jahren von den Erbinern bewohnt.

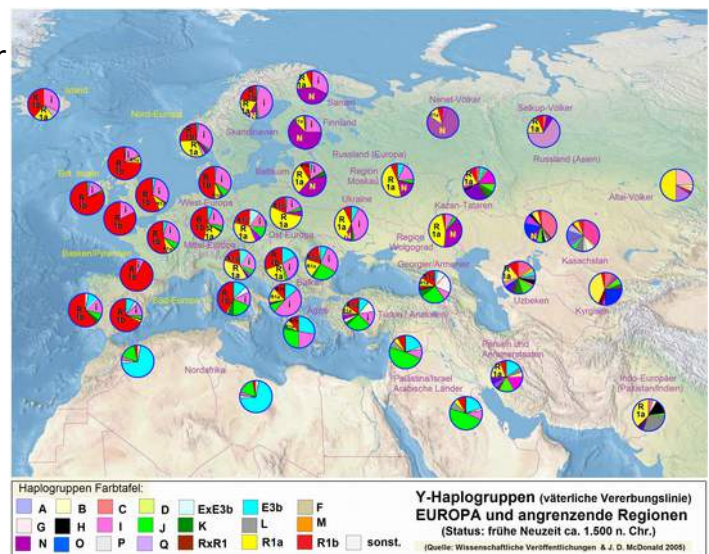
Daher ist es nicht verwunderlich, unter den Teilnehmern der Schlacht auch Träger der Haplogruppe R1b-P312 zu finden, die bereits zur "Titularhaplogruppe" Europas geworden war und es bis heute geblieben ist.

Unter den Männern des heutigen Mittel- und Westeuropas sind 60% Träger der Haplogruppe R1b, meist der Subklade P312 und ihrer absteigenden Zweige, und dies sind bereits mehr als tausend.

Unter den Kämpfern, die offenbar Träger der "titularen" Haplogruppe sind, finden wir Träger der Haplogruppe I2a-M223, die heute unter den Slawen sehr selten ist, fast gar nicht vorhanden.

Auch im Westen sind sie relativ selten, im Durchschnitt 4 - 6% auf dem gesamten Kontinent. In Westdeutschland und in den Niederlanden sind es jeweils 6,5%, in England 4,5%, in Schweden 3,5%.

In Rußland, der Ukraine und Weißrußland gibt es praktisch keine solchen Snips.



Zur Zeit der Schlacht an der Tollense, **mehr als tausend Jahre nach dem „britischen“ Völkermord in Europa**, verblieb unter den Träger der Haplogruppe I2a nur noch die **Subklade** M223, und zwar im westlichen Teil Europas, wenn man nach der Präsenz ihrer fossilen DNS urteilt.

Der andere Zweig dieser Haplogruppe, I2a-Y3120, ein südslawischer Zweig, kam erst zum Ende der vergangenen Ära auf, ihr gemeinsamer Vorfahre lebte vor 2300 Jahren. Daher konnten sie nicht an der Schlacht an der Tollense teilnehmen.

Somit können wir vermuten, daß an der Tollense zu Pferd hauptsächlich R1b-P312 kämpften und die unterlegenen Soldaten, das Fußvolk, Träger von I2a-M223 waren. Es stellte sich übrigens heraus, daß es sich dabei um die meisten derjenigen handelte, deren Knochen aus dem Flußschlamm geborgen und auf Haplogruppen untersucht wurden.

Die Haplogruppe selbst bildete sich ebenfalls im südlichen Sibirien, wie ihr ewiger Rivale, die Haplogruppe R1b, nur ein wenig früher, vor etwa 24.000 Jahren. Aus irgendeinem uns bisher unbekannten Grund begaben sich die Träger der Haplogruppe R1a ebenfalls auf eine lange und ferne Wanderung, auch nach Westen. *(sonderbar, nicht wahr: alle zogen damals von Sibirien nach Süden und Westen... warum wohl? Und woher kam wer von ihnen?)*

Phylogenetischer Baum der Haplogruppe R1a

Phylogenetic tree of Haplogroup R1a
(as of February 2017)

© Eupedia.com

Paleolithic Northeast Europe & Siberia

M420

R1a

SRY1532.2

R1a1

YP4141

R1a2

```

graph TD
    M420 --> R1a
    R1a --> SRY1532_2[SRY1532.2]
    R1a --> YP4141[YP4141]
    SRY1532_2 --> R1a1
    YP4141 --> R1a2
  
```

Viel später, Ende des II. bis Anfang des I. Jahrtausends v.u.Z., wechselten die Träger der Haplogruppe R1b in Europa zu den indoeuropäischen Sprachen, offenbar unter dem Einfluss der frühen Kelten, den Trägern der Haplogruppe R1a.

Es ist zu sagen, daß die agglutinativen Erbiner-Sprachen wie gewünscht benannt werden können, und die Zahl der Namensvarianten ist unendlich. Ich habe mich für "Sprache der Erbiner " entschieden, was durchaus logisch ist.

Die künftigen **Arier** der Haplogruppe R1a, hatten eine flektive Sprache, zumindest vor etwa 10.000 Jahren.

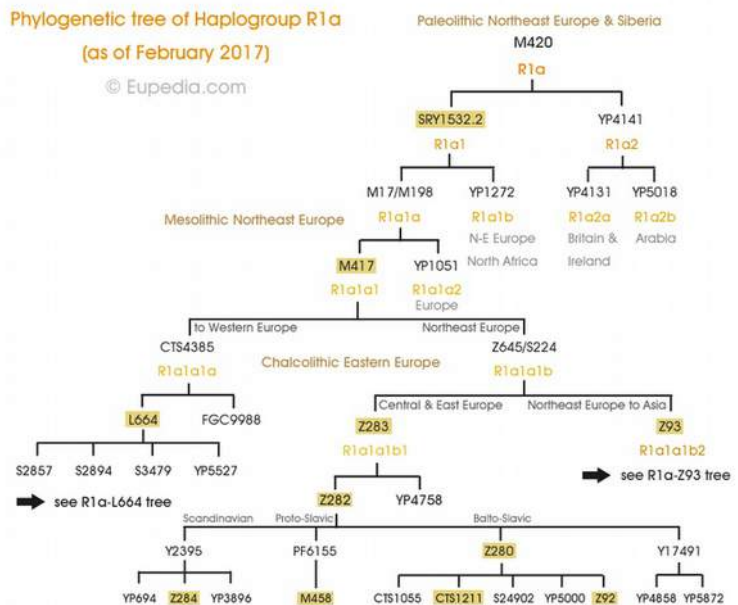
Die Träger der Haplogruppe R1a kamen vermutlich im Mesolithikum vor 10 - 11 Tausend Jahren nach Europa, ihre älteste DNS wurde in der Region Archangelsk (Veretje-Kultur, vor 10.728 ± 59 Jahren), in Karelien (vor ca. 7.250 Jahren), am Dnjepr (Wassiljewka, vor 10.640 Jahren, andere Daten zeigen 9.420 ± 50 Jahre) und im späteren Ostdeutschland (*gemeint ist die ehemalige DDR, also Mitteldeutschland*) gefunden.

Die Subklade R1a-Z645, die in unserer Zeit als "arisch" bezeichnet wurde, bildete sich offenbar vor etwa 5.900 Jahren in Europa und begann, sich in linguistische und folglich in Snip-Mutationszweige aufzuspalten.

Der südarische Zweig, R1a-Z645-Z93, gelangte in die Fatjan-Kultur (i>L. Saag et al, "Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the Eastern European plain", bioRxiv, 2020), und zogen dann nach Osten, Südosten und Süden, als die zukünftigen Indo-Arier, Avestischen Arier und Mitannischen Arier, sowie die Arier des Wolgagebiets (ein Teil der zukünftige Tataren), Mittelasiens (Tadzhiken), des Altai (die zukünftigen skythischen Kreiskulturen) und die Skythen.

Die Zweige der künftigen Ost- und Westslawen blieben in der russischen Ebene, und ein Teil von ihnen wanderte später nach Westen und wurde zu den baltischen Slawen, den Balkanslawen und allgemein zu den Slawen Osteuropas.

Phylogenetic tree of Haplogroup R1a
(as of February 2017)



Ein Teil der Träger der Haplogruppe R1a-Z280, möglicherweise aus der Fatjan-Kultur, zog in das Gebiet des späteren Ostdeutschlands und gründete vor 3200 Jahren die frühslawische Lausitzer Kultur.

Offenbar trafen sich genau dort die Erbiner, Träger der Haplogruppe R1b und vor allem der Subklade P312, Nachfahren der Becherkultur, und ihre Gefährten, Träger der I2a-M223, zur Entscheidungsschlacht gegen die Frühslawen, Träger der Haplogruppe R1a, was allerdings noch durch das Studium der Haplogruppen und Subkladen der anderen Schlachtteilnehmer bestätigt werden muß.



Aber außer den R1a-Trägern gibt es dort keine weiteren Varianten mehr, außerdem ist dies

das Gebiet der beginnenden Lausitzer Kultur, dann der pommerschen (pommeranischen) Kultur, dann der Sarubinez-Kultur und der nachfolgenden slawischen archäologischen Kulturen.

Das Jahrtausend vor der Schlacht an der Tollense war eine Zeit tragischer Ereignisse, die in der historischen Literatur als "Tod des alten Europa" bezeichnet wird.

Wir haben bereits beschrieben, daß West- und Mitteleuropa von den Trägern der Haplogruppe R1b bevölkert wurden, dies geschah hauptsächlich zwischen der Mitte des III. und der Mitte des späten II Jahrtausends v.u.Z.

Die Männer der einheimischen Bevölkerung Europas verschwinden praktisch, während die weibliche Bevölkerung erhalten bleibt und sogar bald deutlich zunimmt. *(erneut eine Tatsache, die aufmerken läßt, denn genau dasselbe war davor auf den britischen Inseln geschehen: warum hat man die Männer umgebracht und die Weiber als Gebärmaschinen für die „eigenen“ Gene benutzt? Was waren das für „Leute“? Wer hat das getan, und warum? Wem war daran gelegen, die Urbevölkerung Mitteleuropas auszurotten? Ähnlich wie es heute erneut bevorsteht, denn die „bunten“ Migranten sind genau zu diesem Zweck hergeholt worden, und – ich habe rumgefragt – die meisten von ihnen lassen sich nicht gegen CV impfen...)*

Heute beträgt der Anteil der Träger der Haplogruppe R1b an der männlichen Bevölkerung Europas auf der Iberischen Halbinsel bis 85 - 90%, **genausoviel** auf den Britischen Inseln, insgesamt in West- und Mitteleuropa liegt die Zahl der Träger der Haplogruppe R1b im Durchschnitt bei 60%, ebenso wie in Frankreich, Belgien, den Niederlanden, West- und Süddeutschland (bis zu 50%) und so weiter.

Erst wenn wir uns weiter nach Osteuropa bewegen, nimmt die Zahl der R1b-Träger stark ab, in der Tschechischen Republik auf 28%, in der Slowakei auf 15%, in Polen auf 12%, in der Ukraine auf 8%, in Weißrußland und Rußland auf 5 - 6%, und je weiter nach Osten sind dies nicht die westeuropäischen Zweige, sondern die alten Zweige der Gruben-Kultur in der rußischen Ebene.

Die westeuropäischen Zweige der Haplogruppe R1b kamen fast nicht in das Gebiet der Ostslawen, was möglicherweise auf die Schlacht an der Tollense zurückzuführen ist.

Im Allgemeinen wird seit etwa 4500 Jahren eine ziemlich klare Grenze zwischen den Gebieten deutlich, die von den R1a- und R1b-Trägern besetzt sind. Diese Grenze verläuft von der nördlichen Adriaküste bis zur Ostsee, läßt die Länder des ehemaligen Jugoslawiens im Osten zurück, verläuft durch Österreich, wo der R1a-Anteil 19% und der R1b-Anteil 32% beträgt, und teilt Deutschland in West- und Ostdeutschland, zwischen denen ein deutlicher Unterschied zwischen den R1a- (Ostdeutschland) und R1b-Anteilen (Westdeutschland) besteht, wie die weiter unten folgende Karte zeigt. Diese Grenze scheint sich nach der Schlacht an der Tollense gefestigt zu haben.

In der Tat bestätigte die weitere Entwicklung der Geschichte die "Passionarität" der Nachkommen der Arier und der Erbiner. Die frühere Grenze zwischen ihnen blieb erhalten, wobei erstere ihre Grenzen nach Osten bis zum Pazifik ausdehnten, während letztere, die nicht in der Lage waren, die Grenze zu durchbrechen, weiter nach Westen, über den Ozean hinweg, vordrangen und - oft in blutigen Auseinandersetzungen mit der indigenen Bevölkerung - Nord- und Südamerika sowie Australien und Ozeanien unterwarfen. Es sei daran erinnert, daß die aktivsten historischen Akteure auf diesem Schauplatz - die Spanier, Portugiesen, Franzosen, Engländer, (West-)Deutschen und Niederländer - fast ausschließlich die Haplogruppe R1b aufwiesen.

Vergessen wir bitte auch nicht, daß der Ansturm der Deutschen mit ihrer dominanten Haplogruppe R1b auf die Ländereien und die Bevölkerung der baltischen Slawen von Südjütland bis einschließlich Preußen bereits im Mittelalter zur vollständigen Germanisierung der baltischen Slawen führte.

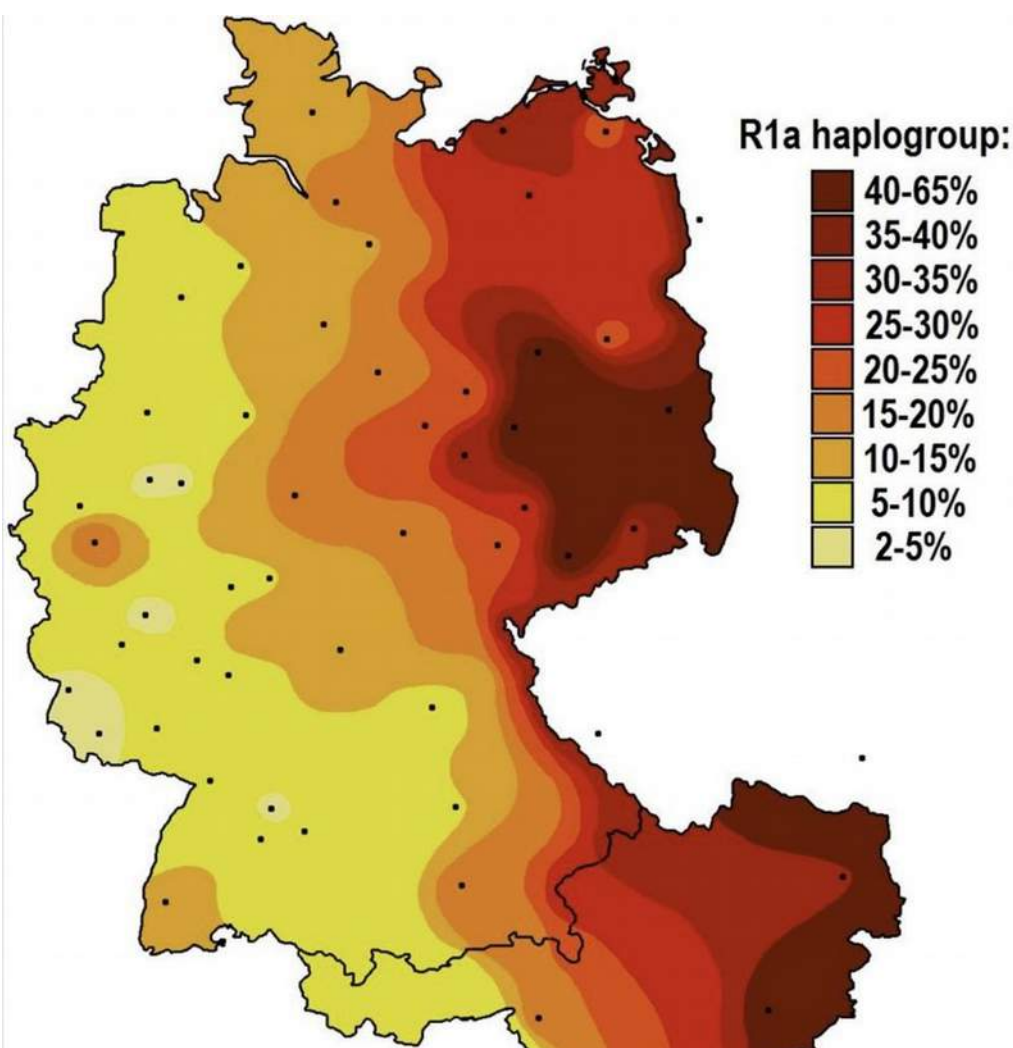
Der derzeitige Anteil der R1a-Träger von durchschnittlich 16% in der germanischen Bevölkerung ist das Ergebnis der Einbeziehung der baltischen Slawen in die deutsche Bevölkerung.

Der Anteil der Haplogruppe R1b liegt in Deutschland (der BRvD) heute bei durchschnittlich 45%, in Europa dagegen bei etwa 60%.

Unter den heutigen Deutschen (insgesamt) gehören etwa 16% zur Haplogruppe R1a, und je weiter man von West- nach Ostdeutschland (und weiter nach Osten) kommt, desto höher ist dieser Anteil.

Das liegt daran, daß Ostdeutschland seit langem von Slawen besiedelt war, was durch die DNS-Genealogie (diese Karte) vollständig bestätigt wird:

[Der heutige Anteil der Haplogruppe R1a in Ost- und Westdeutschland.](#)



Es ist also klar, daß **die Besiedelung Europas durch die Erbiner mit dem Tod des alten Europas zusammenfiel.**

Es scheint, daß diese Kultur (der glockenförmigen Becher) **eine besondere Rolle beim eigentlichen Völkermord an der einheimischen europäischen Urbevölkerung spielte.**

Den genomischen Daten zufolge **verringerte sich die männliche Population in diesem Zeitraum um das 17-fache (!)**, während **die weibliche Population nur geringfügig abnahm und sofort wieder zunahm**.

Die 'moderne' Geschichtswissenschaft hat dies nicht bemerkt, mehr noch: über die Kultur der Glockenbecher werden herablassende Geschichten erzählt, wie zum Beispiel:

"Die arischen Völker, die in Mittel- und Westeuropa lebten, wurden zu dieser Zeit (in der zweiten Hälfte des 3. Jahrtausends v. Chr.) mit der echten Zinnbronze bekannt gemacht. Sie wurden damit von wandernden Händlerstämmen versorgt, die von Archäologen als 'Glockenbecherkultur' bezeichnet wurden (M. Sgurskaja, A. Korssun, N. Lawrinenko. "Das Land der alten Arier und der großen Mogule". 2011, 'Folio', Charkow).

Können ihr euch das vorstellen? "Stämme von wandernden Händlern"!

Von größtem Interesse ist jedoch das Vorhandensein der Grenze zwischen den Gebieten, in denen R1a und R1b am häufigsten vorkommen. Denn diese Grenze hat seit fast 5000 Jahren Bestand!

Wenn wir darüber nachdenken, kommen wir zu dem Schluß, daß die Geschichte Eurasiens und der Welt in den letzten 5000 Jahren zu einem Schauplatz der **globalen Konfrontation der R1b- und R1a-Träger wurde, die bis in die heutige Zeit andauert**.

Natürlich wurde die Geschichte von allen Geschlechtern der Menschheit gemacht, aber es gab solche, die sowohl zahlenmäßig als auch durch "Passionarität" dominierten, um den Begriff "passionare Theorie der Ethnogenese" zu verwenden, den L.N. Gumiljow in seiner Beschreibung der Gesetzmäßigkeiten der historischen Prozesse eingeführt hat.



Zur Zeit des Todes des Römischen Reiches (*falls es ein solches wirklich gegeben haben sollte*) erwies sich Europa durch eine tatsächliche Grenze, die vom Mittelmeer und der Adria bis zur Ostsee verlief, als zweigeteilt, wobei, wie bereits erwähnt, westlich vom ehemaligen Jugoslawien - Österreich - Tschechische Republik - Polen eine Zone mit zahlenmäßiger Dominanz von R1b und östlich eine Zone mit zahlenmäßiger Dominanz von R1a lag.

Im Westen befinden sich die Völker der überwiegend romanischen Sprachgruppe, im Osten die Völker der slawischen Sprachgruppe.

Es ist klar, daß sich solche Grenzen nicht einfach von selbst bilden, sie sind die Grenzen einer heftigen Konfrontation von Gewalt als Antwort auf Gewalt.

Es war eine Zone der Konfrontation zwischen den Nachkommen der Arier und den Nachkommen der Erbiner, obwohl auch andere Haplogruppen, in viel geringerer Zahl, daran beteiligt waren: von der Ostseite waren es die Südslawen der Haplogruppen I2a-Y3120 (obwohl sie erst seit Beginn unserer Zeitrechnung zahlenmäßig sichtbar wurden), auf der Westseite ist es sogar schwierig zu bestimmen, welche Haplogruppen, wieviel R1b, in Stärke und Anzahl dominierten.

Die Grenze wurde während der militärischen Konfrontation zwischen den 'Römern' und den 'Barbaren' festgelegt (und gehalten), die 'Römer' konnten östlich davon nicht vordringen.

Südlich dieser Grenze konnten die Römer nicht weiter nach Osten vordringen als bis zur Donau und den Karpaten, obwohl sich das Römische Reich *angeblich* weiter südlich vom Atlantik bis zum Iran erstreckte.

Es ist aber nicht so, daß die Römer nicht nach Osten gehen **wollten**, das sieht ihnen nicht ähnlich.

Sie konnten es einfach nicht. **Kraft traf auf Kraft.**

Es scheint, daß die unterschiedliche Geschichte der Arier und der Erbiner auch die **Besonderheiten ihrer Mentalität** erklären kann.

Die Nachkommen der Erbiner zeichnen sich heute durch Rationalität und den Wunsch aus, den von ihnen erarbeiteten klaren juristischen Bestimmungen zu folgen.

Die Nachkommen der Arier streben nach Gerechtigkeit, oft auf irrationale Weise, nach "Begriffen".

Es ist kein Zufall, daß die Nachkommen der Arier in Indien und den angrenzenden Gebieten (Tibet) ein ganzes System der Überlegungen, der Selbstbesinnung und des Vertiefens in sich selbst entwickelt haben, das für die Nachkommen der Erbiner nicht typisch ist.

Dieses "Eurasientum" in Vorstellungen und Handlungen ist für die meisten ethnischen Russen charakteristisch, daher die beiden Köpfe des nationalen Symbols (*das russischen Reichsadlers*), die nach Westen und Osten gerichtet sind.



Die relativ nahe Geschichte Europas im 19. und 20. Jahrhundert war keine Ausnahme, was das Vordringen der Nachkommen der Erbiner in die slawischen Gebiete betrifft.

Der Feldzug Napoleons gen Rußland und die beiden Weltkriege des 20. Jahrhunderts sind tragische Beispiele dafür. (*wobei es zu allen diesen Kriegen sehr viele offene Fragen gibt*) Aber jedes Mal wurde die erwähnte Grenze zwischen den Nachkommen der Arier und der Erbiner eingehalten.

Und nun geht die Konfrontation weiter und erreicht zeitweise eine gefährliche Linie.

Allerdings muß mit Bedauern festgestellt werden, daß die Grenze in letzter Zeit begonnen hat, sich gefährlich durchzubiegen, und zwar nicht durch frontale militärische Gewalt (obwohl diese in Jugoslawien angewandt wurde), sondern durch die moralische und wirtschaftliche Zerstörung von innen heraus: durch das, was man einen hybriden Krieg nennt.

Fast alle ostslawischen Länder - Tschechien, die Slowakei, Polen, Bulgarien, Bosnien, Kroatien, Montenegro, Slowenien und die Ukraine - fielen dem Ansturm der "Erbiner" zum Opfer.

Dies ist die heute erreichte "gefährliche Linie".

Die letzte Hochburg ist Rußland.

Anatolij A. Kljossow, Dr. chem., Professor

Quelle: <http://pereformat.ru/2020/11/tollense-battle/> - - - - -

Nachbemerkung des Übersetzers:

Ja, wenn man sich die obige Karte in Ruhe ansieht, erscheint es einem so, daß Stalin mit der Grenzziehung quer durch das Deutsche Reich über ziemlich exakte Kenntnisse der damals noch völlig unbekannten (?) Wissenschaft Genealogie verfügt haben muß – oder über andere Kriterien, welche „zufällig“ damit weitgehend übereinstimmen...

Und auch die extrem hohe Affinität der Österreicher zu Geschäften mit den Osteuropäern, wie auch ihre „K.u.K. Monarchie“ scheinen auf genetischem Niveau ihre Grundlagen zu haben...

Ist aber auch gar nicht verwunderlich, wenn man weiß, daß Genveränderungen („Mutationen“) nicht unbedingt nur von „harter“ Strahlung und anderen Faktoren (wie Chemikalien bzw. Pharmazeutika) herrühren, sondern daß auch erworbene Fähigkeiten und Fertigkeiten, Wissen und Erlebnisse – sofern tiefgründig genug einwirkend – ihren Abdruck in unseren Genen hinterlassen.

Die Umwelt formt den Menschen, bis in seine Genetik.

Freilich hat die „moderne“ Gentechnik diesen veränderlichen Bereich – etwa 80% der Gene

- als „Müll-Gene“ ('junk-DNA') bezeichnet, was aber nichts weiter beweist, als daß diese „moderne Wissenschaft“ eine total unfähige ist.

Denn Mutter Natur tut nichts umsonst.

Es gibt in der Natur keinen Müll, alles ist in höchst sinnvolle Kreisläufe eingeordnet, die miteinander in Verbindung stehen und voneinander abhängen.

Wer schlauer sein will als Mutter Natur, der möge doch bitte erstmal ein Wirtschaftssystem auf die Beine stellen, das – bei ähnlich gigantischer Vielseitigkeit – gleichzeitig eine naheliegende Geschlossenheit, Verzahnung, Flexibilität, Konsistenz und Langlebigkeit aufweist wie die Natur dieses Plan-eten...

