

Die Preuschoff-Familien aus Ostpreußen **Neue Erkenntnisse durch Analysen Y-chromosomaler DNA**

Von Eckhard Preuschhof

Herkömmliche Familienforschung hat ergeben, dass Menschen mit dem Familiennamen Preuschoff (einschließlich aller Schreibvarianten) ausnahmslos aus Ostpreußen stammen. Alle Stamm-
linien führen ausschließlich in drei Kreise zurück, und zwar in die Kreise Braunsberg, Elbing und
Preußisch Holland. Dieser Raum, begrenzt im Südwesten vom Elbingfluss und dem Drausensee,
im Nordwesten vom Frischen Haff, im Nordosten von einer Linie wenige Kilometer östlich der
Passarge und im Südosten von einer hypothetischen Linie, die nicht mehr als 50 km vom Haff
entfernt ist, umfasst etwa den Raum der preußischen Landschaft Pomesanien, wie sie im 13. Jahr-
hundert benannt wurde.

Die Rückführung der Preuschoff-Familien auf diese begrenzte Region erleichtert ganz wesentlich
die Frage nach der Herkunft dieses Familiennamens. Menschen mit diesem Namen sind nach der
Eroberung Ostpreußens durch den Deutschen Ritterorden nicht in dieses Land eingewandert, son-
dern sie stammen von den Prußen ab, einem kleinen heidnischen Ostseevolk, das – wie die Kuren,
Litauer und Letten – zur baltischen Völkerfamilie gehörte. Die Prußen lebten bis zum 13. Jahr-
hundert ausschließlich im nördlichen Teil Ostpreußens. Der Raum um Elbing soll das eigentliche
Ursprungsgebiet preußischer Stämme gewesen sein. Im Laufe des 13. Jahrhunderts gelang es dem
Deutschen Orden nach langen blutigen Auseinandersetzungen, die Prußen zu unterwerfen und zu
christianisieren. Gut die Hälfte der einheimischen Bevölkerung verlor dabei ihr Leben. Die Be-
völkerungszahl reduzierte sich von schätzungsweise 200000 auf 90000 Prußen. Wer sich der Tau-
fe unterwarf, durfte sein Land behalten oder sich neu verleihen lassen. Danach hat sich die Zahl
der Prußen wieder allmählich erhöht. Die Kolonisten, die der Orden ins Land holte, vermischten
sich allmählich mit den Überresten der ursprünglichen Bevölkerung (siehe Anhang). Schon ein
merkwürdiges Phänomen, dass dann die Eroberer den Namen der Unterworfenen annahmen! Aus
dem Land der Prußen wurde "Preußen".

Der Familienname "Preuschoff" ist zweifelsfrei aus gleichnamigen Prußenhöfen entstanden. Die
eingewanderten deutschen Bauern nannten ihren vorgefundenen Nachbarn einfach den "Pruß" und
seinen Hof eben den "Pruß-hof". Aus "Pruß-hof" wurde allmählich "Preuß-hof" oder "Preusch-
hof" einschließlich leicht veränderter Schreibvarianten. Einige entsprechende Ortsnamen lassen
sich in Archivalien nachweisen (siehe E. Preuschhof, S. 12 ff.):

- ❖ In den Rechnungsbüchern des Domkapitularischen Archivs in Frauenburg erschien der
Ortsname "Preuschoff" 1486 bis 1501. Vermutlich handelte es sich um den gleichen Ort,
der 1778 in der Tarifa totius als "Preüshoff" in Verbindung mit "Dittershoff", 8 Kilometer
südlich von Frauenburg, als zusammenhängende Höfe erwähnt werden. Beide Höfe haben
gemeinsam 21 freie Hufen und 29 Viertelhufen. In alten oder jüngeren Karten ist aber der
Ortsname "Preüshoff" nicht zu finden.
- ❖ Bis in die Gegenwart erhalten geblieben ist der Ortsname "Preuschhof" im evangelischen
Kirchspiel Waltersdorf, gelegen im östlichen Kreis Heiligenbeil, nur gute 10 Kilometer
(Luftlinie) von Braunsberg entfernt. 1785 besaß dieses Anwesen zwei Feuerstellen, und
1907/08 zählte der Ort, der auf topographischen Karten im Maßstab 1:100000 erwähnt
wird, 17 Einwohner. Entsprechende Familiennamen sind mir aus dem Kirchspiel Walters-
dorf allerdings nicht bekannt geworden (Goldbeck, S. 143; Gemeindelexikon, S. 76/77).
Nach Guttzeit (S. 226) ist dieses Preuschhof aber erst 1710 als Schatullgut gegründet wor-
den, Erstsiedler (und Namensgeber) war Johann George Preiß (Preuß) zu Waltersdorf.

- ❖ Wüst geworden ist das adelige Vorwerk "Preuß. Höfen" bei Mä(c)ken (Meecken) im Ksp. Grünhagen, gelegen im Kreis Preußisch Holland, das im 16. Jahrhundert noch erwähnt worden ist, aber 1785 als eingegangen bezeichnet wird (Goldbeck, S. 112).
- ❖ Auch keine Spuren hat das adelige unbebaute Gut "Preuß. Höfchen" im Kirchspiel Schaa-ken hinterlassen, das 1785 dem Cölmischen Freygut in Thiemsdorf gehörte (Goldbeck, S. 143).

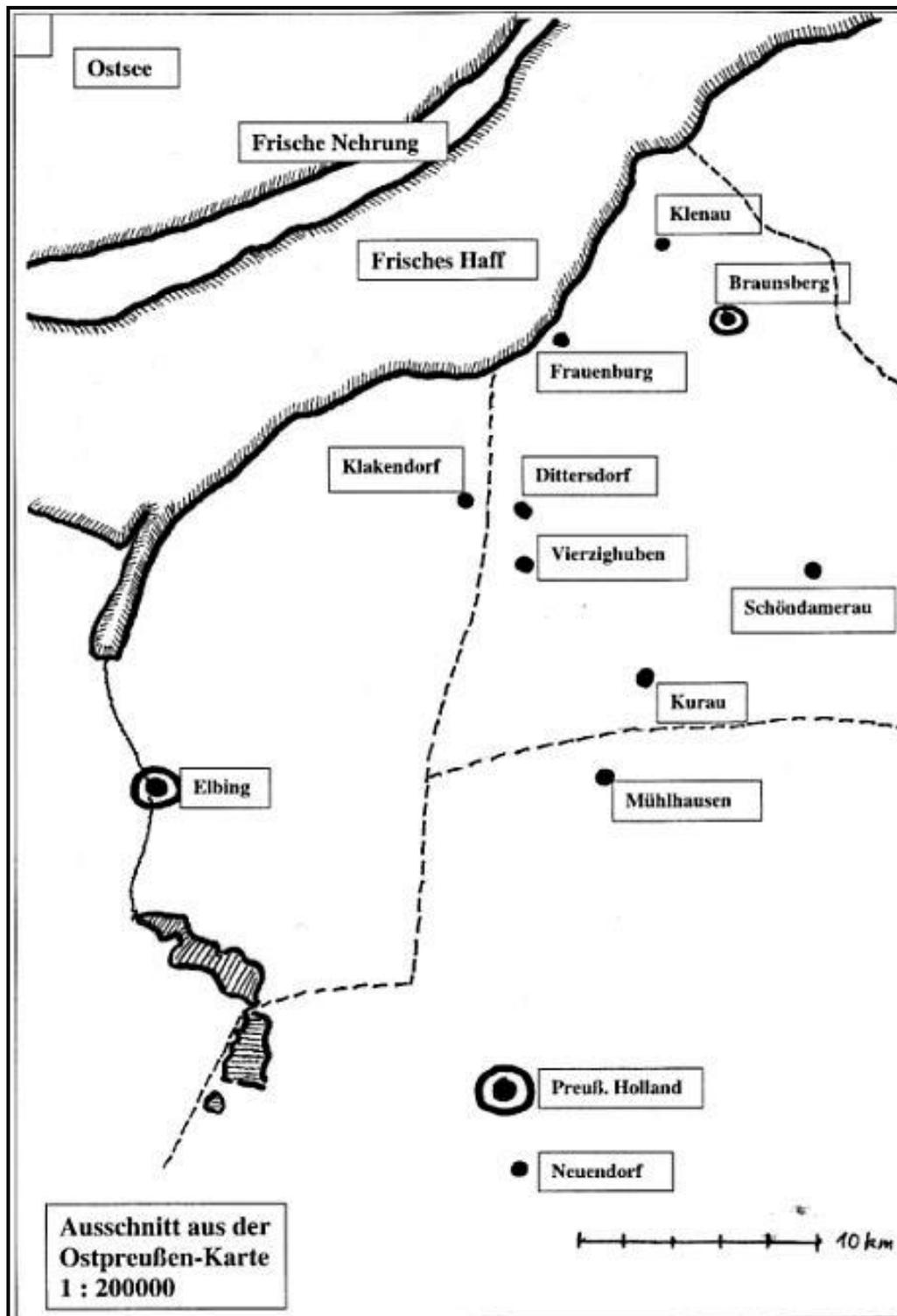


Abb. 1: Herkunftsorte der Preusschoffs in den Kreisen Braunsberg, Elbing, Preußisch-Holland

Vom Hof- oder Ortsnamen "Prußhof", "Preußhof" bzw. "Preüshoff" zum entsprechenden Familiennamen ist kein weiter Weg. Im geschichtlichen Ablauf der Namensgebung ist die Ableitung aus Herkunftsorten eine von mehreren Möglichkeiten. Ende des 15. Jahrhunderts festigten sich die Familiennamen, zuerst in den Städten, mit Verzögerung in den kleineren Orten. Aus den vorhandenen, aber zeitbedingt sehr lückenhaften Quellen ergibt sich, dass die ersten Familiennamen "Preuschoff" in folgenden Orten nachzuweisen sind (siehe Abb. 1): Klenau 1433, Preuschhof bei Dittersdorf 1486, Dittersdorf 1536, Frauenburg 1551, Vierzighuben 1565, Stangendorf und Braunsberg 1567, Bludau, Schalmey und Blieshöfen 1579, Karschau 1612, Neuendorf bei Preußisch Holland 1612. Alle genannten Orte liegen im Kreis Braunsberg, nur Neuendorf gehört zum Kreis Preußisch Holland. Da selbst die Entfernung zwischen den am weitesten entfernt liegenden Orten, nämlich Klenau und Neuendorf, in der Luftlinie nur 40 Kilometer betragen und das ganze Verbreitungsgebiet weniger als 750 Quadratkilometer klein ist, entsteht die Frage, ob und wie weit die Namensträger "Preuschoff" miteinander verwandt sind.

Für die Klärung dieser Frage standen bis vor Kurzem nur die klassischen Methoden der Genealogie zur Verfügung, nämlich historische Dokumente zu suchen und auszuwerten, die in der Regel auf Papier niedergelegt sind. Ich nenne vor allem Gerichtsbücher, Kirchenbücher, Kirchenrechnungen, Steuerlisten (Kataster), Präsationstabellen, Bürgerbücher, historische Adressbücher, Amtsblätter, Universitätsmatrikel, Auswandererlisten, Standesamtsbücher, Telefonbücher, Urkunden, persönliche Aufzeichnungen. Mit dieser Methode konnten von meinem Vater und mir in jahrzehntelanger Forschung etwa 4200 Namensträger "Preuschoff" zusammengetragen und in einem zweiten Schritt ihre verwandtschaftlichen Beziehungen in vielen Fällen rekonstruiert werden (siehe Tab. 1).

Anzahl der Generationen	Anzahl der Stammgruppen	Gesamtzahl der Personen	%Anteil der Personen
1 Generation: Einzelne mit Partner	0	circa 492	12%
2 - 3 G. : Kinder, Eltern, Großeltern	69	circa 340	8%
4 - 7 Generationen	13	350	8%
10 – 11 Generationen	3	817	19%
13 Generationen	2	466	11%
15 Generationen	1	1735	41%
	88	circa 4200	99%

Tab. 1: Einbettung der Preuschoff-Namen in Preuschoff-Stämme

Viele der heute in Deutschland und in Nordamerika lebenden Personen lassen sich auf gemeinsame Vorfahren im 16.–18. Jahrhundert zurückführen. Bei 12 Prozent aller Personen (das sind etwa 492 Namensträger) ist es mir bisher nicht gelungen, sie familiär einzubinden. Die Eltern ließen sich nicht ermitteln, im besten Falle ist der Name des Ehepartners bekannt. Aber für die Mehrheit (87 Prozent) konnte ich mit mehr oder weniger Erfolg verwandtschaftliche Beziehungen zwischen vielen Personen klären und die Ergebnisse – so weit wie möglich – übersichtlich in Stammgruppen darstellen. 69 Stammgruppen mit etwa 340 (8 Prozent) Namensträgern bestehen aus 2 bis 3 Generationen, also aus Kindern und Eltern oder aus Kindern, Eltern und Großeltern. Sie lebten in allen Jahrhunderten, also frühestens im 16. und 17. Jahrhundert und spätestens im 19. und 20. Jahrhundert. 13 Stammgruppen mit 350 Preuschoff-Namen (8 Prozent) bestehen aus 4 bis 7 Generationen. Von den 6 umfangreichsten Stammgruppen, die 10 bis 15 Generationen einschließen und aus 3018 Namensträgern bestehen und damit 71 Prozent aller Personen ausmachen, gehen drei bis ins 17. Jahrhundert und die anderen drei sogar bis ins 16. Jahrhundert zurück. Die größte Stammliste besteht aus 1735 Personen mit dem Namen "Preuschoff" und umfasst 15 Generationen. Ihr Stammvater kommt aus Dittersdorf. Für alle Personen mit dem Namen "Preuschoff", die

jeweils zu e i n e r Stammliste gehören, gilt, dass sie auf Grund der üblichen genealogischen Forschungsmethoden miteinander verwandt sind, allerdings mit der Einschränkung, dass die Eintragungen in den Dokumenten wahr sind und keine Fehler enthalten.

In der folgenden Tabelle 2 habe ich die 12 größten Stammgruppen (Posilge habe ich nicht berücksichtigt) aufgelistet, versehen mit dem Wohnort des Stammvaters, der Anzahl der Nachkommen Preuschoff und der Anzahl der ermittelten Generationen (siehe H. Preuschhof, E. Preuschhof).

Name der Stammreihe	Wohnort des Stammvaters	Zahl der Nachkommen Preuschoff	Zahl der ermittelten Generationen
Dit-A	Dittersdorf Kr. Braunsberg	1735	15
Klak-A	Klakendorf Kr. Braunsberg	387	11
Frau-B	Frauenburg Kr. Braunsberg	331	11
Neu-A	Neuendorf Kr. Pr. Holland	272	13
Klen-A	Klenau Kr. Braunsberg	194	13
Schön-A	Schöndamerau Kr. Braunsbg.	99	10
Ukr-A	Ukraine	89	6
Mühl-A	Mühlhausen Kr. Pr. Holland	46	7
Kur-A	Kurau Kr. Braunsberg	42	6
Danz-A	Danzig	39	5
Bern-A	Bernstadt in Schlesien	24	7
Brau-A	Braunsberg	22	5
Summe		3280	

Tab. 2: Die zwölf größten Stammgruppen mit der Zahl der Nachkommen

Diese traditionelle Methode, Familienforschung zu betreiben, ist nun ziemlich an ihre Grenze gestoßen. Für die früheste Zeit gibt es kaum Dokumente, und die üblichen genealogischen Quellen sind durch Schlamperei, Feuersbrünste und kriegsbedingte Zerstörungen sehr lückenhaft. Diese Defizite lassen wenig Hoffnung, weitere genealogische Verknüpfungen herzustellen. Meine Neugier ist aber noch nicht erloschen, ich möchte die Stammlisten vergrößern und so viele Namens-träger wie möglich in die bestehenden Genealogien einbinden. Und eine weitere Frage treibt mich um: Haben wirklich im 13. bis 15. Jahrhundert etliche Prußenhöfe ohne genetische Beziehungen bestanden, wie das die Stammväter der zahlreichen Stammreihen uns vorgaukeln? Die Molekulargenetik hat sich in den letzten 50 Jahren rasant entwickelt. Auch die Familienforschung kann unter gewissen Bedingungen von ihr profitieren, und zwar vorwiegend bei der Klärung verwandtschaftlicher Verhältnisse. Einen faszinierenden Überblick über die Genforschung bringt das Buch von Bryan Sykes (siehe Sykes). Die Studie "Familienforschung und Molekulargenetik – Analyse Y-chromosomaler DNA zur Rekonstruktion eines Familienstammbaums" von Holger Zierdt und Torsten Trumme (siehe Zierdt/Trumme) hat mir die Augen für die ergänzenden Möglichkeiten der DNA für die Familienforschung geöffnet. Sie hat bei meinem Projekt, das mit bescheideneren Mitteln arbeiten musste, sozusagen Pate gestanden.

Welche Voraussetzungen müssen erfüllt sein, damit eine **DNA-Analyse** verwandtschaftliche Beziehungen klären kann?

1. Der gleiche Familienname bei Probanden (familiäre oder soziale Verwandtschaft) kann ein Indiz für biologische Verwandtschaft sein. Aus Sicht der Soziobiologie wurden Familiennamen überhaupt nur eingeführt, um die prinzipiell mit Unsicherheit behaftete väterliche Abstammung – insbesondere des Y-Chromosoms – durch die Generationen kenntlich zu machen. "Familiennamen sind bedeutungsvolle genealogische Verbindungsglieder zwischen Generationen, da sie von den Kindern üblicherweise mit ihrer Geburt übernommen und (mit regionalen Ausnahmen) patri-

linear beibehalten werden. Männliche Abstammungslinien (Patrilineen) können daher in der Regel leichter rekonstruiert werden als weibliche Abstammungslinien (Matrilineen)" (Zierdt/Trumme, S. 97). Sinn macht eine solche Methode nur bei wenig verbreiteten Familiennamen, die auf Grund ihrer Herkunft und anderer Indizien eine gewisse Wahrscheinlichkeit aufbringen, miteinander verwandt zu sein. Die Chance, mit Hilfe einer DNA-Analyse feststellen zu lassen, ob Fritzchen Müller und Heini Müller miteinander verwandt sind, ist dagegen minimal, wenn man berücksichtigt, dass der Name Müller in Deutschland etwa 600000-mal vorkommt. Die Kosten ließen sich überhaupt nicht rechtfertigen.

2. Um die Frage nach der Verwandtschaft auf genetischem Wege zu überprüfen, müssen die fraglichen Nachfahren in männlicher Abstammungslinie auf einen Vorfahren zurückzuführen sein, der ebenfalls in gleichgeschlechtlicher Linie heute noch lebende gesicherte Nachfahren besitzt. Dabei ist die Zahl der dazwischen liegenden Generationen unerheblich (siehe Schmidt, 2003). Also nur männliche Erbträger kommen in Frage. Nur Männer besitzen unter ihren 23 Chromosomen das geschlechtsspezifische Y-Chromosom, das mit dem weiblichen Erbgut nicht vermischt wird. Nur Y-Chromosomen (und weibliche Mitochondrien, von denen hier nicht gesprochen wird) werden geschlechtsspezifisch vererbt. Dieses Erbgut wird also entlang der männlichen Abstammungslinien weitergegeben. Schon 1990/91 machte Arndt Richter darauf aufmerksam, dass "die Übertragungswege des Y-Chromosoms mit der genealogischen Stammlinie exakt zusammenfallen und sich dadurch auch eine genetische Rechtfertigung für eine reine Stammtafelforschung" (Richter, S. 555) ergibt. Da es bei uns viele Jahrhunderte – mit regionalen Ausnahmen – üblich war, bei einer Eheschließung den Nachnamen patronymisch zu bilden, also den väterlichen Familiennamen für die Familie für verbindlich und erblich zu erklären, erleichtert diese Regelung die Rekonstruktion männlicher Abstammungslinien.

3. Verlässliche Ergebnisse können nur erwartet werden, wenn die Kette der Vaterschaften genetisch keinen Zweifel zulassen. Im Volksmund heißt es aber, dass bei einer Geburt eines Kindes an seiner Mutter kaum zu zweifeln, der Vater aber immer ungewiss ist. "Die aus schriftlichen Quellen rekonstruierten Genealogien haben streng genommen letztlich immer Fiktionscharakter, da die Überlieferung nie zweifelsfrei ist", behaupten Holger Zierdt und Torsten Tromme mit Recht. "Für historische Zeiten bzw. Bevölkerungen muss davon ausgegangen werden, dass es eine Rate von 5-15 Prozent (eher am unteren Ende der Spanne) nichtehelicher Vaterschaften gab bzw. die Angabe des sozialen Vaters (z. B. in einem Kirchenbucheintrag) vom biologischen Vater des Kindes mit dem genannten Prozentsatz abweicht (sog. Vaterschaftsdiskrepanzen)" (Zierdt/Trumme, S. 98). Aus diesem Grunde musste ich bei der DNA-Probe zur Klärung von verwandtschaftlichen Beziehungen auf Nachkommen der Stammlinie Posilge leider verzichten, weil in der namenbildenden Preuschoff-Kette eine ledige Mutter vorkommt, also eine illegitime Vaterschaft.

Für die Studie konnte ich 17 heute lebende männliche Nachkommen mit dem Namen Preuschoff gewinnen. Bei der Auswahl wurden alle zwölf größeren Stammlinien (mit der Ausnahme von Posilge) berücksichtigt (siehe Tabelle 3). Sofern aus einer Stammlinie zwei oder drei Nachkommen am Versuch teilnahmen, stammten sie aus Seitenzweigen, die sich vom Hauptstamm schon zu einem sehr frühen Zeitpunkt getrennt haben. "Da die Erbinformation in allen Körperzellen eines Menschen enthalten ist, eignet sich ein Mundschleimhautabstrich [mit einem Wattestäbchen] in besonders einfacher Weise zur Bestimmung des genetischen Fingerabdrucks und der Abstammungslinien" (T. Schmidt, Gen by Gen – Flyer). Die Abstrichbestecke mit einer genauen Anleitung stellte das Gen-Labor GEN by GEN von Dr. Tobias Schmidt in Göttingen-Rosdorf zur Verfügung.

Einige Erläuterungen sind nötig, um deutlich zu machen, warum eine DNA-Analyse verwandtschaftliche Beziehungen aufdecken kann. DNS ist die deutsche Abkürzung von Dexoxyribonukleinsäure, DNA die englische und heute gebräuchliche. Die Nukleinsäure ist die Grundsubstanz für

das Erbmateriale, das von Generation zu Generation weitergegeben wird. Diese Substanz befindet sich überwiegend im Zellkern aller Zellen. Die eigentlichen Träger der Erbanlagen sind die Chromosomen, von denen der Mensch 23 Paare besitzt. Im Mikroskop sehen sie wie lange Fäden aus, auf denen hintereinander liegend die funktionellen Einheiten der Vererbung, die Gene, unterschieden werden können.

Mensch → Zelle → Zellkern → Chromosomen → Gene → DNA → vier Basen → Haplotyp

Ein Chromosom besteht aus Phosphat- und Zuckermolekülen, an denen als Grundbausteine der DNA vier sog. Nukleinsäurebasen (quasi als „Schriftmoleküle“) hängen. Diese vier Basen haben den Namen Adenin, Cytosin, Guanin und Thymine, abgekürzt A – C – G – T. "Jede einzelne Base hat auf einem gegenläufigen Parallelstrang eine andere Base als Partner, wobei sich jeweils G mit C und A mit T paaren. So entsteht ein komplementärer Doppelstrang, der wie eine Leiter aufgebaut ist. Die Sprossen der Leiter stellen die einzelnen Basenpaare dar. Zusätzlich ist der Doppelstrang wie eine Spirale verdreht, was ihm eine hohe Stabilität verleiht. Man bezeichnet diese Struktur daher als Doppelhelix. Die genetische Information liegt in der Reihenfolge der 4 verschiedenen Basen (DNA-Sequenz)" (Schmidt, Erläuterungen, S. 3). Die Buchstabenfolge der DNA, also ihre Sequenz, muss bei einer Analyse der ausgesuchten Abschnitte präzise ermittelt werden. Übrigens sind seit 2002 die Strukturen bzw. Sequenzen der DNA-Moleküle der menschlichen Chromosomen fast vollständig aufgeklärt.

"Je ein Exemplar eines jeden unserer 23 Chromosomen stammt von der Mutter und das andere vom Vater. Bei 22 dieser Chromosomenpaare [...] sind die beiden Chromosomen sehr ähnlich, so dass es gelegentlich zu einem Materialaustausch zwischen ihnen kommt" (Savin/Schmidt, S. 21). Das 23. Chromosomenpaar, das sogenannte Geschlechtschromosom, unterscheidet sich dagegen bei Frau und Mann. Frauen haben zwei X-Chromosome, die ähnlich sind und Sequenzaustausch erlauben, Männer dagegen ein X-Chromosom (von der Mutter erworben) und ein Y-Chromosom (vom Vater erworben), "die sich in ihrer Gestalt so unterscheiden, dass abgesehen von einer kleinen Region an den Chromosomenenden keinerlei Sequenzaustausch möglich ist. Damit entspricht der Hauptteil des Y-Chromosoms eines jeden lebenden Mannes direkt dem seines Vaters, Großvaters, Urgroßvaters usw." (Savin/Schmidt, S. 21).

Von den 46 (2x23) Chromosomen, ihren etwa 30000 Genen und 3 Milliarden Basenpaaren ist für die Feststellung verwandtschaftlicher Beziehungen zum Glück nur das männliche Y-Chromosom relevant. Aber dieses eine Chromosom enthält immer noch 30 Millionen Basenpaare. Eine Untersuchung von ihnen wäre nicht durchführbar und viel zu aufwendig. Es geht aber auch einfacher. "Im Durchschnitt unterscheiden sich die DNA-Sequenzen in einem von 300 Basenpaaren, so dass eine Sequenz von 15000 Basenpaaren ausreicht, um mit 99,9 Prozent Wahrscheinlichkeit zu garantieren, keine zwei nicht verwandten Personen als genetisch übereinstimmend zu ermitteln. Praktisch leichter durchführbar und damit effizienter ist der Vergleich von Regionen des Erbgutes, in denen sich Individuen überdurchschnittlich stark unterscheiden" (Savin/Schmidt, S. 10).

Das Labor begnügte sich mit der Untersuchung von 9 Genorten bzw. Markern, nicht nur aus Kostengründen, sondern auch, weil diese geringe Anzahl ausreicht, um Verwandtschaft mit großer Wahrscheinlichkeit zu bejahen oder zu verneinen. Diese Genorte und nicht andere wurden untersucht und analysiert, weil sie zwischen verschiedenen Menschen deutliche Unterschiede aufweisen und damit Vergleiche erlauben. "Das Labor stellt ausreichende Mengen (Kopien) der zu untersuchenden Abschnitte der DNA mithilfe einer enzymatischen Reaktion her. Nur dann kann deren Aufeinanderfolge (A–C–G–T–Sequenz) ermittelt werden. Dazu genügt es, deren exakte Länge zu bestimmen. Ausdrücklich betone ich, dass außer den zur Verwandtschaftsfeststellung benötigten Abschnitten keinerlei weitere genetische Merkmale untersucht worden sind. Da die untersuch-

ten Abschnitte nicht für Gene codieren, können auch keinerlei weitere (z. B. medizinische) Informationen ermittelt werden.

Das folgende Beispiel (siehe Abb. 2), in dem beide Doppelstränge untereinander dargestellt sind, zeigt für den Genort DYS 19, dass sich im Bereich der fortlaufenden Bezifferungsreihe 1 bis 12 die Basenpaare "TAGA" zwölfmal wiederholen. Diese 12 Wiederholungen von gleichen Sequenzen nennt man "Allel 12". Diese wiederholte Sequenz besteht hier aus 4 Basenpaaren (T, A, G, A), sie können alternativ aber auch 2-6 Basenpaare enthalten. "Entsprechend werden die auf dem Y-Chromosom lokalisierten Wiederholungsabschnitte auch "Y-STR" genannt (für engl. Y-Chromosomen Short Tandem Repeats)" (Schmidt, 2008, S. 3).

1	CTACTGAGTT	TCTGTTATAG	TGTTTTTTAA	TATATATATA
	GATGACTCAA	AGACAATATC	ACAAAAAATT	ATATATATAT
41	GTATTATATA	TATAGTGTTA	TATATATATA	GTGTTTTAGA
	CATAATATAT	ATATCACAAT	ATATATATAT	CACAAAATCT
81	TAGATAGATA	GG ¹ <u>TAGATAGATA</u> ²	³ <u>TAGATAGATA</u> ⁴ ⁵	⁶ <u>GATAGATAGATA</u> ⁷
	ATCTATCTAT	CCATCTATCT	ATCTATCTAT	CTATCTATCT
121	⁸ <u>TAGATAGATA</u> ⁹ ¹⁰	¹¹ <u>GATAGATAGATA</u> ¹²	TATAGTGACA	CTCTCCTTAA
	ATCTATCTAT	CTATCTATCT	ATATCACTGT	GAGAGGAATT
161	CCCAGATGGA	CTCCTTGTC	TCACTACATG	CCAT
	GGGTCTACCT	GAGGAACAGG	AGTGATGTAC	GGTA

Abb. 2: Genort Dys 19

Solche Messungen werden "für [nun] alle 9 einbezogenen Genorte (Marker) durchgeführt ... Die Zusammenstellung aller [9] Allele, auch Haplotyp genannt, lässt sich übersichtlich in tabellarischer Form darstellen und so einfach mit anderen Signaturen vergleichen" (Schmidt, 2008, S. 9). Ich wiederhole noch einmal, dass mit diesen Y-Haplotypen die Familiennamen in allen Gesellschaften korrelieren, "in denen Familiennamen patrilinear vererbt werden" (Zierdt/Trumme, S. 101).

Jeder Teilnehmer bekommt eine Urkunde mit seiner persönlichen Y-STR-Signatur. Meine eigene Urkunde, die etwas vereinfacht dargestellt wird (siehe Abb. 3), lässt noch einmal die Struktur einer DNA-Analyse erkennen. Die erste Spalte listet die untersuchten Genorte bzw. Y-STR-Marker auf. DYS bedeutet abgekürzt DNA Y-Chromosomen Segment. Für jeden Genort sind [in der zweiten Spalte] die möglichen (bekannten) Allele angezeigt, eingerahmt von deren Nummerierung. Jedes Kästchen repräsentiert ein bekanntes Allel. Mein zutreffendes Allel ist schwarz markiert. In der dritten Spalte ist das zutreffende Allel noch einmal als Ziffer angegeben. Der Genort DYS 19 enthält das Allel 14, der Genort DYS 385a das Allel 11. Alle Allele ergeben zusammen meinen persönlichen Haplotyp, der nun mit anderen Haplotypen verglichen werden kann.

In der Tabelle 3 werden die Ergebnisse aller 17 Teilnehmer dargestellt. Dass Nachkommen einer gleichen Stammgruppe miteinander verwandt sind, habe ich erwartet. Dass die biologische Verwandtschaft aber einen so großen Personenkreis umfasst, hat mich doch sehr überrascht. Elf Nachkommen von den sieben Stammgruppen Klenau, Klakendorf, Neuendorf, Danzig, Ditters-

dorf/Vierzighuben, Braunsberg und Frauenburg besitzen übereinstimmende bzw. fast übereinstimmende Y-Haplotypen. Sie stammen mit hoher Wahrscheinlichkeit von einem gemeinsamen Vorfahren ab. Acht ihrer Genorte bzw. Marker enthalten die gleichen Allel-Ziffern, zum Beispiel der Genort DYS 393 ist Allel 13, was bedeutet, dass sich die spezifischen Basenpaare 13-mal wiederholen. Nur beim Genort DYS 19 weichen zwei Teilnehmer der Stammlinie Dittersdorf um einen Schritt ab, ihr Allel hat sich von 14 zu 15 verschoben. Bei solchen Abweichungen um einen Schritt an nur einem Genort (locus) handelt es sich um eine Mutation, um eine sogenannte Ein-Schritt-Mutation (Savin/Schmidt, S. 26), anders ausgedrückt um ein Mutationsereignis. "Eine Mutation um zwei Schritte ist ebenfalls möglich, wenn auch seltener" (Savin/Schmidt, S. 27). "Üblicherweise gelten bis zu zwei Schritte Abweichungen von 9 Genorten als Übereinstimmung" (Schmidt, Erläuterungen, S. 4), d. h. alle diese elf Nachkommen sind wegen der Seltenheit dieses Haplotyps mit hoher Wahrscheinlichkeit genetisch miteinander verwandt. "Bei mehr als 2 Abweichungen wird gemeinhin ... eine gemeinsame genealogische Abstammung eindeutig ausgeschlossen" (Schmidt, Erläuterungen, S. 10), die Zahl der nicht übereinstimmenden Allele ist in aller Regel deutlich höher.

Bei **Mutationen** handelt es sich um erbliche Veränderungen der genetischen Information. Sie können spontan auftreten oder werden durch Strahlen, chemische Einflüsse, Umweltschäden oder Viren ausgelöst. Kayser und Sajantila gehen in ihrer Studie (Kayser und Sajantila, siehe Savin/Schmidt, S. 40) von einer Mutation (= Abweichung) in etwa 350 Generationen aus. "Bei Einbeziehung von 9 Genorten ergibt sich für eine unverzweigte Linie eine Mutationsrate von insgesamt einer Allelverschiebung in 38 Generationen (=350:9) – entsprechend [950] Jahren bei [25] Jahren pro Generation. Da üblicherweise zwei heute lebende Nachfahren miteinander verglichen werden, halbiert sich aus der Perspektive die Spanne bis zum letzten gemeinsamen Urahn auf 19 Generationen – entsprechend [475] Jahren, innerhalb der eine Mutation statistisch zu erwarten ist" (Schmidt, 2003, S. 9).

Y-STR-Signatur		
Eckhard Preuschhof, Stamm Klenau		
Genort	mögliche Allele	Ihr Genotyp
Dys 19	10 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ 19	14
Dys 385a	7 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ 23	11
Dys 385b	7 □ □ □ □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ □ □ □ □ □ 23	14
Dys 189 I	9 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ 17	13
Dys 189 II	25 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ □ 34	29
Dys 390	17 □ □ □ □ □ □ ■ □ □ □ □ □ □ 28	23
Dys 391	7 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ 14	11
Dys 392	6 □ □ □ □ □ □ □ ■ □ □ □ 16	14
Dys 393	9 □ □ □ □ ■ □ □ □ □ 16	13

Abb. 3: Y-STR-Signatur von Eckhard Preuschhof

Herkunft des Stammes	Signum des Prob.	Dys 19	Dys 385a	Dys 385b	Dys 389 I	Dys 389 II	Dys 390	Dys 391	Dys 392	Dys 393	Abweichende Marker zur Gruppe	Mutations-schritte zur Gruppe
Stammgruppe I												
Klenau	E1	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Klakendorf	A	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Klakendorf	B	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Neuendorf	C	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Neuendorf	M1	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Danzig	T	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Dittersdorf	K	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Dittersdorf	L	15	11	14	13	29	23	11	14	13	1 zu I	1 zu I
Dittersdorf	M2	15	11	14	13	29	23	11	14	13	1 zu I	1 zu I
Braunsberg	J1	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Frauenburg	K-J	14	11	14	13	29	23	11	14	13	0 zu I	0 zu I
Stammgruppe II												
Kurau	J2	14	11	11	13	30	25	10	14	13	0 zu II	0 zu II
											4 zu I	7 zu I
Schöndamerau	R	14	11	11	13	30	25	10	14	13	0 zu II	0 zu II
											4 zu I	7 zu I
Stammgruppe III												
Ukraine	E2	15	11	14	14	30	23	11	16	13	4 zu I	5 zu I
											6 zu II	10 zu II
Ukraine	W	15	11	14	14	30	23	11	16	13	4 zu I	5 zu I
											6 zu II	10 zu II
Keine Verwandtschaft												
Mühlhausen	G	16	11	14	13	30	25	11	12	13	4 zu I	7 zu I
											4 zu II	8 zu II
Bernstadt	P	14	11	14	11	27	26	11	14	13	3 zu I	10 zu I
											5 zu II	10 zu II

Tab. 3: Y-Str-Signaturvergleich Preusch(h)of(f)/Preuschft

Über die aufgetretenen Mutationsereignisse in der Vorfahrenkette von zwei Nachkommen der Stammgruppe Dittersdorf (L und M2) kann ich nicht einfach hinwegsehen, weil bei einem dritten Nachkommen der gleichen Stammgruppe (K) diese Mutation nicht eingetreten ist. Eigentlich müsste man das erwarten, weil sich seine Ahnenkette eine Generation später abzweigt hat. Das gilt in gleicher Weise für den Nachkommen aus Braunsberg (J1) und vielleicht auch aus Danzig (T). Wenn das Mutationsereignis vor dem Jahre 1600 oder 1605 eingetreten ist, müsste es eigentlich bei allen Nachkommen sichtbar werden. Daraus lassen sich zwei Schlüsse ziehen. Entweder sind die Familienlinien falsch rekonstruiert worden, oder die Mutationsereignisse sind unabhängig voneinander zu einer späteren Zeit (nach den Abzweigungen der Stammlinien) erfolgt und haben dann auch noch zum gleichen Haplotyp geführt. Dr. Tobias Schmidt vom Labor GEN by GEN äußert sich zu dieser Frage wie folgt: "Natürlich sind unabhängige Mutationsereignisse möglich, die zu dem gleichen Haplotyp führen ... Allerdings widerspricht diese Annahme dem Prinzip der sparsamsten Erklärung und ist damit im Vergleich zur einmaligen Mutation unwahrscheinlicher. Da in [diesem] Fall immerhin 11 Personen einen gleichen oder weitestgehend übereinstimmenden Haplotyp haben, haben sich offenbar so wenig Mutationen ereignet, dass die Annahme zweier unabhängiger Mutationen doch wieder nicht so unwahrscheinlich ist, als dass man sie ausschließen könnte. Denn die statistischen Mutationsraten (=Erwartungswert) sind im konkreten Fall Preusch(h)of(f) eher noch unterschritten."

Betrachten wir die weiteren Ergebnisse der Tabelle. Die Nachkommen aus den Stammlinien Kurau und Schöndamerau zeichnen sich in allen Genorten durch identische Allelmuster bzw. Haplotypen aus. Aber sie sind nicht mit den 11 oben erwähnten Stammlinien verwandt, sie weichen an 4

Genorten um insgesamt 7 Schritte von ihnen ab. Die beiden Nachkommen aus der Stammlinie Ukraine haben, was nicht überraschend ist, die gleiche Y-DNA-Struktur, sind also miteinander verwandt, aber sie haben genetisch mit den anderen Teilnehmern nichts zu tun.

Die letzten beiden Teilnehmer, die zur Stammgruppe Mühlhausen und Bernstadt/Schlesien gehören, passen biologisch weder zueinander noch zu den anderen Haplotypen. Diese geringe Übereinstimmung bedeutet, dass sowohl genetische Verwandtschaft als auch Mutationen auszuschließen sind.

Zum Schluss möchte ich die **Ergebnisse** mit aller Vorsicht **interpretieren**. Bisher musste ich davon ausgehen, dass die Stammgruppen auf genetisch separate Stammväter zurückführen sind, die auf sog. "Prußhöfen" gelebt haben. Ich war im Siedlungsgebiet der Prußen immer von mehreren Prußenhöfen bzw. Preußenhöfen ausgegangen, und zwar in der Regel ohne verwandtschaftliche Beziehungen. Ich wäre nicht überrascht gewesen, wenn sich zwischen den verschiedenen Stammgruppen keine oder vielleicht nur vereinzelte Verwandtschaften hätten nachweisen lassen. Auch wenn etliche Stammgruppen in der namengebenden männlichen Linie ausgestorben sind, hielt ich es nicht für übertrieben, etwa 10 bis 20 unabhängig voneinander bestehende Prußenhöfe anzunehmen. Die Ergebnisse der DNA-Analysen haben mich daher außerordentlich überrascht. Wir dürfen nun davon ausgehen, dass es nur etwa drei (oder fünf) Stammväter mit diesem Namen gegeben hat, von denen alle gleichen Namensträger abstammen. Sicherlich hat es früher etliche Prußhofs bzw. Preußhofs mehr gegeben, aber sie sind in den Namen gebenden männlichen Linien ausgestorben. Nach Schmidt sollen 80 Prozent der männlichen Abstammungslinien im Laufe der Zeit aussterben (Schmidt, S. 30). Nur etwa drei (oder vier) Gruppen haben überlebt, wenn ich mal die Stammgruppe Mühlhausen außer Acht lasse.

Wie die Abb. 4 zeigt, ließen sich mit den 17 Probanden (aus Platzgründen werden nur 13 dargestellt) 12 unterschiedliche Stammgruppen abdecken. Erstaunlicherweise lassen sich die zwölf Gruppen nicht zu zwölf unterschiedlichen Stammvätern zurückführen, sondern nur zu fünf, wobei die Gruppe I wegen ihres Umfangs unsere besondere Aufmerksamkeit findet. Die DNA-Probe bringt den Beweis, dass alle Namensträger der sieben Stammgruppen Klenau, Klakendorf, Neudorf, Danzig, Dittersdorf/Vierzighuben, Braunsberg und Frauenburg miteinander verwandt sind. Fast 70 Prozent aller Namensträger mit dem Familiennamen Preuschoff, d. h. etwa 3026 Personen (von 4200), lassen sich auf einen gemeinsamen Stammvater I zurückführen. Wir müssen davon ausgehen, dass dieser Stammvater auf Grund der historischen Situation zwischen 1250 und 1550 gelebt hat. Hierher gehören Stämme, deren ermittelte Stammväter maximal 40 km entfernt voneinander gewohnt haben. Es dominiert die Stammgruppe Dittersdorf, sowohl von der Personenanzahl (1735 Namensvertreter) als auch vom Alter her (15 Generationen).

Leider ist es bisher nicht möglich, zwischen den Stammgruppen, die bis ins 16. und 17. Jahrhundert zurückreichen (Klenau, Dittersdorf, Klakendorf, Frauenburg), genealogische Verknüpfungen herzustellen. Einen gemeinsamen Stammvater haben sie selbstverständlich, wie die DNA-Analyse ergeben hat. Allerdings für die Gruppe Braunsberg gab es bisher schon einige Indizien, die eine genealogische Verknüpfung mit der Gruppe Dittersdorf vermuten ließen. Der zusätzliche Nachweis einer genetischen Verwandtschaft zwischen beiden Gruppen erlaubt nunmehr, schon im 19. Jahrhundert eine Verbindung herzustellen. Für den Stammvater der Stammgruppe Danzig mit dem Vornamen Franz Ambrosius war es wesentlich schwieriger, in der Stammgruppe Dittersdorf eine Person zu finden, mit der er identisch sein könnte. Franz Ambrosius verließ auf Grund seines Berufes als Bahnbeamter seinen Heimatort, hielt sich vorübergehend in Königsberg und Berlin auf, bekam mindestens ein Kind in Danzig, aber wo kam er her? Es ist durchaus wahrscheinlich, dass weitere Namensvertreter, für die sich bisher keine familiären Bindungen herstellen ließen oder für die sich nur kleinere Stämme bilden ließen, mit der Stammgruppe I verwandt sind.

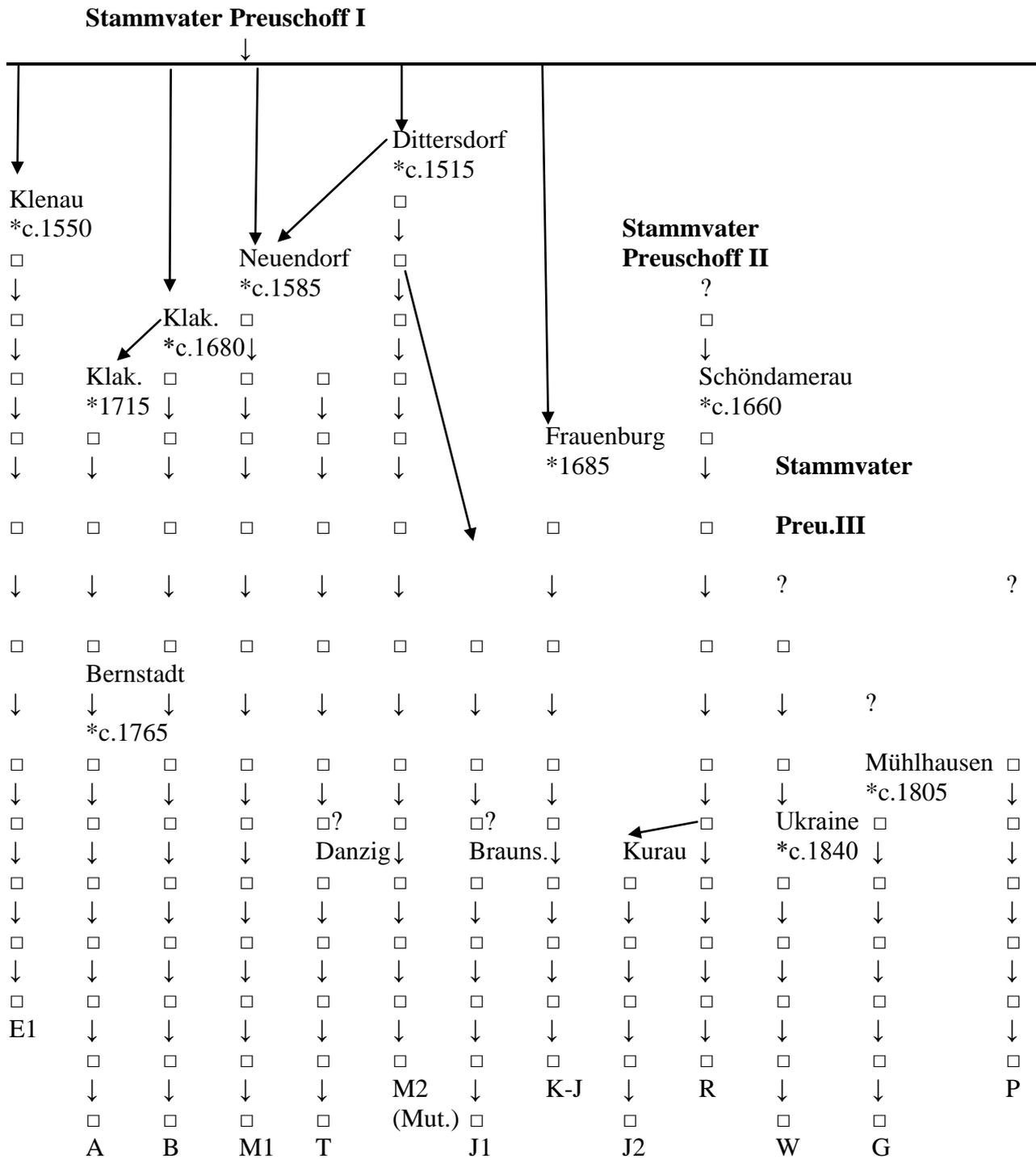


Abb. 4: Stammtafel der Preuschoff-Stämme, reduziert auf 13 männliche Abstammungslinien

Zur Gruppe II (siehe Abb. 4) gehören nur zwei Stammgruppen (Kurau, Schöndamerau) mit 141 Personen, die drei Prozent der Gesamtpersonenzahl ausmachen und die ebenfalls miteinander verwandt sind, aber zu keinen anderen Stammgruppen genetische Beziehungen haben. Beide Zweige lassen sich zweifelsfrei auf einen gemeinsamen Stammvater zurückführen. Die bisher selbstständig existierenden Stammgruppen konnte ich aufgrund schon bestehender Indizien und dem nun zusätzlichen Indiz der genetischen Zusammengehörigkeit zu einer Gruppe zusammenfügen, die sich erst in der Mitte des 19. Jahrhunderts verzweigt hat.

Bei der Stammgruppe III (siehe Abb. 4) handelt es sich um die Nachkommen eines Auswanderers (vermutlich Ende des 18. Jahrhunderts.) in die Ukraine, deren Nachkommen allerdings zum größten Teil auf der Flucht vor dem Bolschewismus in den 20er-Jahren des 20. Jahrhunderts. wieder nach Ostpreußen zurückgekehrt sind. Diese Gruppe umfasst mit 89 Personen zwei Prozent der Namensträger. Dass beide Nachfahren der Stammgruppe Ukraine miteinander verwandt sind, entspricht unseren Erwartungen, ist aber auch eine Bestätigung für die Richtigkeit der ermittelten Informationen. Nach jetzigem Erkenntnisstand muss ich von einer genetisch unabhängigen Gruppe mit einem eigenständigen Stammvater ausgehen. Ein nicht dokumentierter historischer Seitensprung, der in der Zeit vor Mitte des 19. Jahrhunderts. stattgefunden haben könnte, kann nicht ausgeschlossen werden. Meine Hoffnungen, aus der DNA Hinweise über die familiäre Herkunft und den möglichen Ort zu erhalten, von wo die Ausgewanderten aufgebrochen sind, haben sich leider nicht erfüllt.

Für die letzten beiden Teilnehmer, die zur Stammgruppe Bernstadt/Schlesien und Mühlhausen gehören (siehe Abb. 4), konnten weder untereinander noch zu den anderen Gruppen verwandtschaftliche Beziehungen festgestellt werden. Die bisherige Vermutung, dass der bisher ermittelte Stammvater in Bernstadt auf Grund seiner evangelischen Konfession aus dem Kreis Preußisch Holland kommen könnte, muss relativiert werden. Jedenfalls bestehen keine genetischen Beziehungen zur Stammgruppe Neuendorf. Es ist nach der DNA-Analyse nicht ganz auszuschließen, dass der Stamm Preuschafft in Schlesien überhaupt nicht aus Ostpreußen stammt. Dann müsste der Familienname ganz anders interpretiert werden. Dass die Stammgruppe Mühlhausen genetisch ebenfalls eine Sonderrolle spielt, erlaubt uns, einen ganz anderen Aspekt zu diskutieren. Diese Linie umfasst auf Grund der dürftigen Quellenlage nur fünf Generationen und reicht nur bis zum Anfang des 19. Jahrhunderts zurück. Die räumliche Nähe zu den Gruppen I und II hätte aber eigentlich verwandtschaftliche Beziehungen erwarten lassen. Zwei Folgerungen lassen sich daraus ziehen. Entweder führt diese Stammlinie zu einem genetisch eigenständigen Stammvater auf einem "Prußhof", was nicht ausgeschlossen werden kann, wenn wir von mehreren, genetisch unabhängig voneinander bestehenden Prußhöfen ausgehen. Aber es kann auch irgendwann ein sogenannter "historischer Seitensprung" stattgefunden haben. Im letzteren Falle wäre ein Preuschhoff-Kind in historischer Zeit nicht von dem vermeintlichen und eingetragenen Preuschhoff-Vater, sondern von einem unbekanntem Mann gezeugt worden. Dann gehörten die Nachkommen genetisch nicht zur Preuschhoff-Sippe, sondern nur in sozialer Hinsicht. Die durchschnittliche Rate solcher illegitimen Vaterschaften wird auf 5-15 Prozent (eher am unteren Ende der Spanne) geschätzt, wobei einige dieser Fälle Stiefväter sein können. Für die Möglichkeit eines solchen Seitensprungs genealogische Beweise zu liefern, wird vermutlich nicht möglich sein. Daher erübrigt sich jede Spekulation. Selbstverständlich können historische Seitensprünge auch für die Stammgruppen II, III und Schlesien nicht ausgeschlossen werden, zumal wir sie mit den klassischen Methoden der Familienforschung nicht sehr weit zurückverfolgen können.

Das Labor GEN-by-GEN in Göttingen hat ein weiteres Ergebnis mitgeteilt, das das Interesse von Familienforschern finden wird. In der Charité in Berlin wird die größte wissenschaftliche Datenbank für Y-Haplotypen in Europa unter dem Namen YHRD-Datenbank (Abkürzung für Y Chromosome Haplotype Reference Database) geführt. Wenn ich unter der Adresse <http://www.yhrd.org> meinen Haplotyp eingabe, erfahre ich, ob und in welcher Häufigkeit mein Haplotyp in der Datenbank vorkommt. Von den bisher 53075 (weltweit) bzw. 34304 (Eurasien) erfolgten Eintragungen in diese Datenbank kommt der Haplotyp unserer Gruppe I (ohne Mutation) weltweit bisher 42-mal und innerhalb von Eurasien 23-mal vor (siehe Tab. 4). Das entspricht einer Häufigkeit weltweit von 0,08 Prozent, in Eurasien von 0,07 Prozent. Für die beiden Nachkommen, die eine Mutation aufweisen, ist die Häufigkeit noch geringer. Schmidt stuft die gefundenen Haplotypen als "selten" ein. "Daher ist von einer zufälligen Übereinstimmung (ohne zugrunde liegende Verwandtschaft) der Preusch(h)of(f) untereinander nicht auszugehen" (Schmidt, Ergebnisbericht).

Stammgruppe	Häufigkeit weltweit abs.	Häufigkeit weltweit in %	Häufigkeit in Eurasien abs.	Häufigkeit in Eurasien in %
I ohne Mutation	42	0,08 %	23	0,07 %
I mit Mutation	16	0,03 %	8	0,05 %
Stammgruppe II	0	0,00 %	0	0,00 %
Stammgruppe III	0	0,00 %	0	0,00 %
Mühlhausen	1	0,002 %	1	0,003 %
Bernstadt/Schlesien	0	0,00%	0	0,00 %

Tab. 4: Häufigkeit der Haplotypen in der YHRD-Datenbank

Der gleiche Haplotyp der Stammgruppe Mühlhausen kommt in dieser Datenbank nur einmal vor, und gleiche Haplotypen der Stammgruppe II, III und Bernstadt/Schlesien finden sich unter bisher 53075 Probanden überhaupt nicht.

Die Datenbank verrät auch noch die Herkunft aller männlichen Probanden mit der gleichen DNA-Struktur, wobei ich nur mitteleuropäische Orte nenne. Der Haplotyp der Gruppe I (ohne Mutation) findet sich je einmal in Berlin, Freiburg, Leipzig, Magdeburg, Münster, Salzburg, Stuttgart; Szczecin/Polen (Stettin), Warszawa/Polen (Warschau). Der Haplotyp der Gruppe I (mit Mutation) kommt u. a. vor in Leipzig, Bialystok/Polen, Bratislava/Slowakei, Central Bohemia/Tschechien, Riga/Lettland. Für den Nachfahren der Gruppe Mühlhausen findet man in der Datenbank der Charité bisher nur eine einzige Person, die den gleichen Haplotyp aufweist, und diese Person kommt aus Kiew/Ukraine. Diese Ortsangaben habe ich der Kuriosität wegen angegeben. Sie dürfen nicht missverstanden werden. Diese Ortsangaben können in Ausnahmefällen darauf hinweisen, dass an diesem Ort ein legitimer Verwandter mit dem Namen Preuschoff oder ein illegitimer Nachkomme mit einem neuen Namen lebt. Viel größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Identität der Haplotypen durch Mutationsereignisse entstanden ist. Personenbezogene Informationen kann die zu wissenschaftlichen Zwecken geführte Datenbank leider nicht herausgeben, weil sie anonym geführt werden. Die Angabe über die Trefferzahl der gleichen Haplotypen in der Datenbank gibt uns aber einen wichtigen Hinweis über die Verlässlichkeit der Angaben. Schon die geringe Häufigkeit von 0,08 Prozent spricht für eine hohe Verlässlichkeit.

Die Studie hat ergeben, dass sich klassische und molekulargenetische Methoden bei der Familienforschung hilfreich ergänzen können. DNA-Tests werden die Suche in Kirchenbüchern niemals überflüssig machen, aber sie sind sinnvoll, wenn konkrete oder vermutete Verwandtschaftsbeziehungen geklärt werden sollen.

Anmerkung: Was durch die Namensforschung schon an den Tag gekommen ist, dass nämlich Menschen mit dem Familiennamen Preuschoff ausnahmslos von den Prußen abstammen, wird durch die DNA-Analysen indirekt bestätigt. Die namentlich herausgefundenen Stammväter der Stämme Klenau, Neuendorf und Dittersdorf sind noch im 16. Jahrhundert geboren worden, so dass ihr gemeinsamer Vorfahre vor dieser Zeit gelebt haben muss, also in einer Zeit, deren Bevölkerung noch eine prußische Mehrheit hatte. Es lohnt sich daher, noch einmal einen Blick auf die Bevölkerungsentwicklung in Ostpreußen zu werfen. Ich orientiere mich an den bemerkenswerten Berechnungen von Klaus-Peter Jurkat (siehe Jurkat). Bevor der Deutsche Ritterorden um 1230 mit der Eroberung Ostpreußens begann, wird von einer prußischen Bevölkerungszahl von 150000 bis 170000 (bei Krockow) oder 220000 (bei Boockmann) ausgegangen. 1260 war die Eroberung Ostpreußens so gut wie abgeschlossen. Die Zahl der Prußen soll sich in den jahrzehntelangen Kämpfen um mehr als die Hälfte reduziert haben. Um 1400 dürften die Verluste aus der Eroberungszeit wieder ausgeglichen gewesen sein.

Der Orden konnte das eroberte Land nur befriedigen und kolonisieren, indem er Einwanderer ins menschenleere Land holte. "Die große Welle der Einwanderung deutscher Kolonisten verebte schon um 1320", schreibt Jurkat (siehe Jurkat). Für 1400 schätzt man die Zahl der eingewanderten Deutschen auf 103000 und der eingewanderten Polen auf 27000. Die prußische Bevölkerungsgruppe hatte also zu der Zeit noch die Mehrheit. Der Orden war bei der Kolonisierung des Landes also auch auf die Arbeitskraft der Prußen angewiesen. "Ein schlagenderer Beweis ist jedoch die urkundlich feststehende Tatsache, dass der Orden vom 13. bis zum 15. Jahrhundert immer wieder Verschreibungen an Prußen ausgestellt hat". Die Preuschoffs sind mit Sicherheit dabei gewesen.

Ab dem 15. Jahrhundert kam es zu einer allmählichen Annäherung und Verschmelzung zwischen den prußischen und deutschen Bauern, wobei die prußische Sprache allmählich verloren ging und die deutsche Sprache sich durchsetzte.

Jurkat hat den Versuch unternommen, die Entwicklung der verschiedenen Bevölkerungsgruppen für eine spätere Zeit hochzurechnen. Für das Jahr 1708, also vor dem Ausbruch der Pest und der dadurch rapide absinkenden Bevölkerungszahlen, legt er Zahlen über die Bevölkerungsstruktur vor (Tab. 5):

Bevölkerungsgruppe	absolute Anzahl	prozentual
Prußen	228743	33,8%
Deutsche	166312	24,6%
Holländer, Schotten, Hugenotten, Franzosen	10599	1,6%
Litauer (Restwert)	142972	21,2%
Masuren	127210	18,8%
Bevölkerungszahl aller Gruppen	675836	100,0%

Tab. 5: Bevölkerungsstruktur in Ostpreußen im Jahre 1708 (nach Jurkat)

Literaturverzeichnis

- Gemeindelexikon für das Königsreich Preußen. Heft I: Gemeindelexikon für die Provinz Ostpreußen, Heft II: Gemeindelexikon für die Provinz Westpreußen. Berlin 1907 und 1908. (Sonderschriften des Vereins für Familienforschung in Ost- und Westpreußen. 102.) Nachdruck Hamburg 2003
- Goldbeck, Joh. Friedr.: Vollständige Topographie des Königsreiches Preußen. 1. Teil: Topographie von Ostpreußen. Königsberg und Leipzig (1785). (Sonderschrift des Vereins für Familienforschung in Ost- und Westpreußen. 7.) Nachdruck Hamburg 1990
- Guttzeit, Emil Johannes: Der Kreis Heiligenbeil. Ein ostpreußisches Heimatbuch. 2. Auflage mit Nachträgen im Anhang. Leer 1975
- Kayser, M. & Sajantila, A.: Mutations at Y-STR loci: implications for paternity testing and forensic analysis, in: Forensic Sci. Int. 118 (2-3), S. 116-121
- Preuschhof, Eckhard: Die Preuschoff-Familien aus Ostpreußen – Herkunft und Ausbreitung, Selbstverlag Homberg/Efze, 1. Aufl. 2005, 2. Aufl. 2007
- Preuschhof, Hugo: Die Preuschoff – altpreußische Familien im Ermland, in: Altpreußische Geschlechterkunde. Familienarchiv 3. (1969/70), S. 49-98
- Richter, Arndt: Eine "Prachtgestalt" in Bismarcks Ahnentafel – Aus der Ideengeschichte einer Wissenschaft, in: Archiv für Sippenforschung 56. (1990/91), H. 120, S. 537-567
- Savin, Alan: DNA für Familienforscher. Deutsche erweiterte Ausgabe von Tobias Schmidt. Nachdruck Göttingen 2002

Schmidt, Tobias: Genealogie per DANN, in: Computergenealogie, H. 2, 2003, S. 8-11
Schmidt, Tobias: Y-Genotypisierung. Erläuterung der verwendeten wissenschaftlichen Verfahren.
Manusk. 2008
Sykes, Bryan: Keine Zukunft für Adam. Die revolutionären Folgen der Gen-Forschung. London
2003, deutsche Übersetzung als Bastei-Lübbe-Taschenbuch 60559, Bergisch Gladbach 2006
Zierdt, Holger & Trumme, Torsten: Familienforschung und Molekulargenetik – Analyse Y-
chromosomaler DNA zur Rekonstruktion eines Familienstammbaums, in: Genealogie. Deut-
sche Zeitschrift für Familienkunde 28. (2006), H. 2, S. 97-113

veröffentlicht in:

Altpreußische Geschlechterkunde, Band 39, 57. Jahrgang, 2009, S. 355 - 368