

Die molekulare Stammesgeschichte des Menschen

Steckt in uns allen ein kleiner Neandertaler?

von Johannes Krause

Es ist ein zentrales Rätsel der Evolution des Menschen: Neandertaler, Denisova-Mensch, moderner Mensch. In welchem Verwandtschaftsverhältnis stehen sie zueinander? Was vor mehr als 150 Jahren mit der Entdeckung des Neandertalers begann, nahm dank moderner Technologien in den letzten Jahren eine atemberaubende Entwicklung. Und am Ende könnte die Erkenntnis stehen, dass wir alle ein bisschen von allem sind.

▼
Abb. 1
Ein derart kleines Stück des Fingerknochens – an seiner ursprünglichen Stelle in der Hand platziert – genügte den Forschern als DNA-Lieferant.
Foto: Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie



Seit der Entdeckung des Neandertalers vor mehr als 150 Jahren in einem Steinbruch des Neandertals nahe Düsseldorf wurde eine Vielzahl menschlicher Fossilien entdeckt. Es wird zunehmend klar, dass sich der Mensch in den letzten sechs Millionen Jahren seiner Evolution nicht geradlinig vom gemeinsamen Vorfahren mit dem Schimpanse bis hin zum anatomisch modernen Menschen entwickelte. Stattdessen findet man viele verschiedene menschliche

Lebensformen, sogenannte Homininen, die zum Teil parallel existierten. Ihre Zahl reicht bis zu 26 unterschiedlichen Arten (Foley 2005). Unser Stammbaum ähnelt damit eher einem Busch mit zahlreichen Seitenlinien, die sich zum Großteil im Lauf der Evolution verlieren. Erst vor ca. 50 000 Jahren endete dieser komplexe Stammbaum mit der weltweiten Ausbreitung des anatomisch modernen Menschen und der damit einhergehenden Verdrängung der letzten uns bekannten anderen Urmenschen, dem Neandertaler, dem *Homo erectus* und dem im heutigen Indonesien gefundenen *Homo floresiensis*.

Zwei Meinungen stehen sich gegenüber

Lange Zeit war es umstritten, wie genau die Ausbreitung des modernen Menschen vonstatten ging – vieles wird nach wie vor kontrovers diskutiert. Unter den Paläoanthropologen, die ihre Theorien vor allem auf morphologische Untersuchungen menschlicher Fossilien aufbauen, standen sich zwei Lager gegenüber. Die einen waren der Meinung, dass sich moderne Menschen zur selben Zeit parallel in Afrika und Eurasien entwickelten und auf den einzelnen Kontinenten nur ein geringer genetischer Austausch zwischen Populationen stattfand (Wolpoff, Wu et al. 1984). Dies würde bedeuten, dass die Neandertaler die direkten Vorfah-

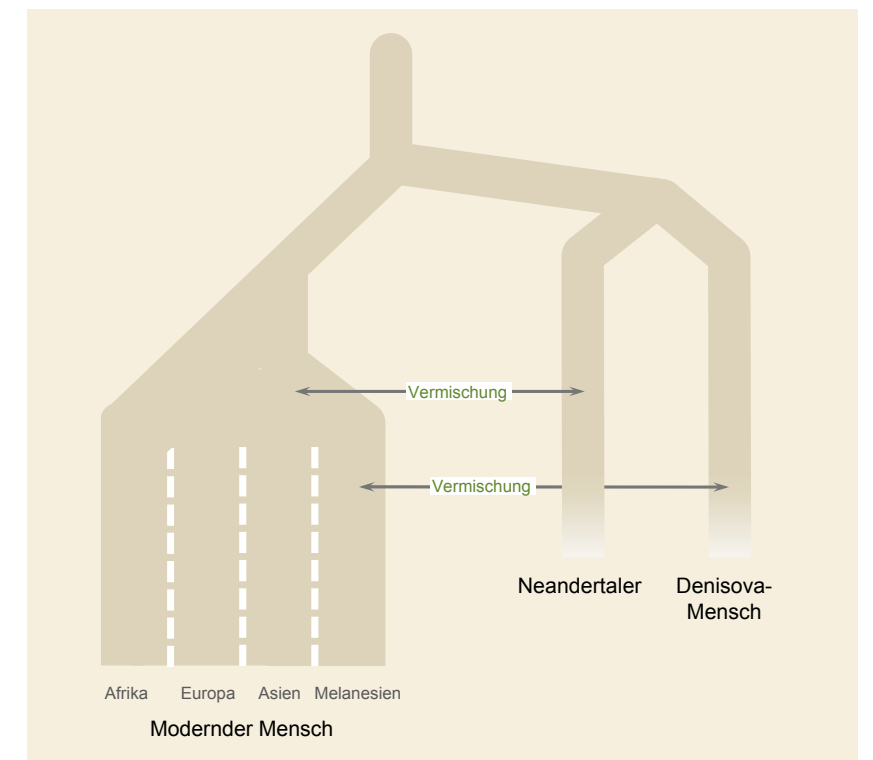
ren der heutigen Europäer wären. Die andere Fraktion von Paläoanthropologen war der Meinung, dass der anatomisch moderne Mensch in Afrika entstanden sei und sich beginnend vor etwa 50 000 über den ganzen Globus ausbreitete (Bräuer 1984). Währenddessen sei es kaum oder gar nicht zur genetischen Vermischung mit anderen Urmenschen wie dem Neandertaler gekommen. Die letztgenannte Theorie wird auch als „Out of Africa“- oder „Recent African Origin“-Hypothese bezeichnet (Stringer 1992). Die über Jahrzehnte zum Teil erbittert geführte Diskussion hat uns gezeigt, dass allein auf der Grundlage morphologischer Merkmale keine eindeutige Aussage zu treffen ist: Beide Fraktionen fanden eindeutige Hinweise für ihre Standpunkte, und nur wenige Forscher versuchten eine Synthese aus beiden Sichtweisen zu entwickeln.

DNA-Analysen sorgen erneut für kontroverse Diskussionen

Die Diskussion wurde Ende der 1980er Jahre durch die aufkommenden genetischen Daten heutiger Menschen wiederbelebt. Man untersuchte zunächst die DNA der Mitochondrien, die sogenannte mtDNA, also nur einen kleinen Teil des Erbguts, der mütterlicherseits vererbt wird und zahlreicher vorhanden ist als die DNA des Zellkerns. Die Analysen von mtDNA aus menschlichen Populationen innerhalb und außerhalb Afrikas zeigten, dass die größte genetische Diversität in Afrika besteht und dass alle Nicht-Afrikaner auf nur einem Zweig im afrikanischen Stammbaum der mtDNA zusammenlaufen (Cann et al. 1987). Mit anderen Worten: aus Sicht der mtDNA sind alle heutigen Menschen „Afrikaner“. Die Kritiker der genetischen Daten führten jedoch an, dass sich das Genom der modernen Menschen in den letzten 50 000 Jahren stärker geändert haben könnte und somit nicht mehr repräsentativ für die frühe Evolution des modernen Menschen sei. Weiter könne man mithilfe der mtDNA nur die maternale Verwandtschaft aufzeigen, somit bliebe die Möglichkeit, dass man im Kerngenom ein anderes Signal finden würde.

Erbgut des Neandertalers entschlüsselt

Mitte der 1990er Jahre gelang es Paläogenetikern, die Erbinformation des Neandertalers, unseres nächsten ausgestorbenen Verwandten, aus dem mehr als 40 000 Jahre alten Typusexemplar zu entschlüsseln (Krings et al. 1997).



Dabei konnte allerdings nur eine kurze Sequenz der mtDNA dieses Urmenschen ausgelesen werden. Dieser kleine Teil der Erbinformation genügte jedoch, um zu zeigen, dass die Neandertaler sich an vielen Stellen ihrer DNA von heutigen modernen Menschen unterscheiden und als separate ausgestorbene Menschenlinie zu sehen sind (Abb. 2). Dieses Ergebnis wurde bei mehr als einem Dutzend untersuchten Neandertaler-Fossilien mehrfach bestätigt.

Neandertaler-DNA wurde selbst in Fossilien aus dem Altai in Sibirien nachgewiesen. Das Verbreitungsgebiet der Neandertaler reichte also mehr als 2000 Kilometer weiter nach Osten als bis dahin vermutet (Krause et al. 2007). Der Befund zu den genetischen Unterschieden zwischen Neandertalern und modernen Menschen sollte die unter Anthropologen seit fast 150 Jahren geführte Debatte zur Herkunft der heutigen modernen Menschen eigentlich beendet haben.

Allerdings stellt die mtDNA nur einen kleinen Teil unserer Erbinformation dar. Wissenschaftler errechneten, dass bis

▼
Abb. 2
Schematischer Stammbaum und genetische Vermischungsereignisse des Neandertalers, Denisova-Menschen und anatomisch modernen Menschen.
Grafik: Alissa Mittnik



zu einem Viertel unseres heutigen Genoms vom Neandertaler stammen könnte (Serre et al. 2004).

Kern-DNA bringt den Durchbruch

Im Jahr 2010 gelang dann aber doch der Nachweis, dass die Ausbreitung des modernen Menschen und die Verdrängung der Neandertaler nur mit einer geringen genetischen Vermischung einhergingen. Mithilfe neuer DNA-Sequenzier-techniken gelang die Entschlüsselung des ersten gesamten Genoms eines Neandertalers (Green et al. 2010). Vergleiche mit Genomen heutiger Menschen innerhalb und außerhalb Afrikas ergaben, dass alle heutigen Nicht-Afrikaner etwa 2,5 Prozent Neandertaler-DNA in sich tragen und genetisch zu 97,5 Prozent aus Afrika stammen. Wissenschaftler gehen davon aus, dass die 2,5 Prozent Neandertaler-DNA auf eine genetische Vermischung mit modernen Menschen vor ca. 50.000 Jahren im mittleren Osten zurückgehen (Sankararaman et al. 2012). Jeder Mensch außerhalb Afrikas weist in etwa dieselbe Menge an Neandertaler-DNA in seinem Erbgut auf (Abb. 1). Weitere Analysen zeigten, dass insbesondere Gene, die mit Immunität, Fettstoffwechsel und Eigenschaften der Haut in Verbindung stehen, vom Neandertaler auf die Nicht-Afrikaner übertragen wurden (Abi-Rached et al. 2011, Khrameeva et al. 2014, Prufer et al. 2014).

▲
Abb. 3
Wie haben unsere nächsten Verwandten gelebt? Die Anthropologen wissen jetzt: Als Neandertaler und *Homo sapiens* vor mehr als 50.000 Jahren gemeinsam bestimmte Regionen im Mittleren Osten bewohnten, haben sie sich auch gepaart. – Die Aufnahme zeigt eine Neandertalerfamilie im kroatischen Krapina-Museum.
Foto: Johannes Krause

„Schwesterlinie“ des Neandertalers im Altai

Durch genetische Analysen fossiler Knochen gelang es außerdem, eine bislang unbekannte Menschenform zu entdecken, den sogenannten Denisova-Menschen (Krause et al. 2010). Seine DNA wurde aus einem kleinen Fingerknochen und einigen Backenzähnen isoliert. Sie wurden in der namensgebenden Höhle im Altaigebirge in Sibirien gefunden. Die Skelettreste sind ca. 60.000 Jahre alt und so klein und verwittert, dass eine morphologische Untersuchung allein keinen Aufschluss über ihre Herkunft ergab. Jedoch war im Fingerknochen genügend Erbinformation enthalten, um das Genom der Denisova-Menschen zu entschlüsseln (Reich et al. 2010). Es handelt sich bei dieser Gruppe Urmenschen um eine Schwesterlinie der Neandertaler (Abb. 1). Beide Gruppen haben sich vor mehr als 200.000 Jahren voneinander aufgespalten. Während die Neandertaler in Europa siedelten, verbreiteten sich die Denisova-Menschen in Asien. Der Vergleich mit heutigen Menschen ergab, dass auch Denisova-Menschen sich genetisch mit heutigen Menschen aus Asien vermischt haben. Besonders in Südostasien, in Melanesien und Australien findet sich Denisova-Erbgut in heutigen Ureinwohnern dieser Regionen (Abb. 1). Die Analyse des Denisova-Genoms brachte noch eine weitere Überraschung hervor. Auch diese Frühmenschen hatten sich während ihrer Einwanderung nach Asien vor mehr als 200.000 Jahren mit dortigen Urmenschen vermischt, wahrscheinlich mit dem *Homo erectus*, der Afrika schon vor mehr als 1,8 Millionen Jahren zum ersten Mal verlassen hatte (Prufer et al. 2014).

Menschen migrieren schon, seit es sie gibt

Auch wenn viele Knochen der Urmenschen keine intakte DNA mehr aufweisen, so ist es mittlerweile sogar möglich, DNA aus mehr als 400.000 Jahre alten Skeletten zu isolieren und Stammbäume zu erstellen (Meyer et al. 2014). Das Bild, das sich anhand der genetischen Daten ergibt, bestätigt, dass es sich beim menschlichen Stammbaum eher um einen verzweigten Busch mit ausgestorbenen Seitenlinien, zahlreichen Vermischungen und genetischem Austausch zwischen den Kontinenten handelt. Auch wenn der Großteil unseres Erbguts aus Afrika stammt, tragen viele heutige Menschen Gene von Neandertaler, Denisova-Mensch und *Homo erectus* in sich. Es scheint, dass wir alle einen bunten Migrationshintergrund und Spuren unterschiedlicher Urmenschenformen in unseren Genen mit uns tragen.

Der Autor

Prof. Dr. Johannes Krause studierte von 2000 bis 2005 Biochemie an der Universität Leipzig und dem University College Cork, Irland. Im Anschluss promovierte er am Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig unter Svante Pääbo. Von 2010 bis 2013 arbeitete er als Juniorprofessor an der Universität Tübingen, 2013 wurde er in Tübingen zum ordentlichen Professor für Archäo- und Paläogenetik berufen. Seit Juni 2014 ist er Gründungsdirektor des Max-Planck-Instituts für Geschichte und Naturwissenschaften in Jena.



Kontakt: Prof. Dr. Johannes Krause, Eberhard Karls Universität Tübingen, Urgeschichte und Naturwissenschaftliche Archäologie, Abt. Paläogenetik, Rümelinstraße 23, D-72070 Tübingen; johannes.krause@uni-tuebingen.de

Schriften

Abi-Rached, L., Jobin, M. J., Kulkarni, S., McWhinnie, A., Dalva, K., Gragert, L., Babrzadeh, F., Gharizadeh, B., Luo, M., Plummer, F. A., Kimani, J., Carrington, M., Middleton, D., Rajalingam, R., Beksac, M., Marsh, S. G., Maiers, M., Guethlein, L. A., Tavoularis, S., Little, A. M., Green, R. E., Norman, P. J. & Parham, P. (2011): The shaping of modern human immune systems by multiregional admixture with archaic humans. – *Science* 334 (6052): 89–94. [📄](#) Bräuer, G. (1984): A craniological approach to the origin of anatomically modern *Homo sapiens* in Africa and implications for the appearance of modern Europeans. The origins of modern humans: a world survey of the fossil evidence. F. Smith and F. Spencer. New York: 327–410. [📄](#) Cann, R. L., Stoneking, M. & Wilson, A. C. (1987): Mitochondrial DNA and human evolution. – *Nature* 325(6099): 31–36. [📄](#) Foley, R. A. (2005): Species diversity in human evolution: challenges and opportunities. – *Transactions of the Royal Society of South Africa* 60: 67–72. [📄](#) Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M. H., Hansen, N. F., Durand, E. Y., Malaspina, A. S., Jensen, J. D., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prufer, K., Meyer, M., Burbano, H. A., Good, J. M., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Hober, B., Hoffner, B., Siegemund, M., Weihmann, A., Nusbaum, C., Lander, E. S., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gusic, I., Doronichev, V. B., Golovanova, L. V., Lalueza-Fox, C., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Schmitz, R. W., Johnson, P. L., Eichler, E. E., Falush, D., Birney, E., Mullikin, J. C., Slatkin, M., Nielsen, R., Kelso, J., Lachmann, M., Reich, D. & Paabo, S. (2010): A draft sequence of the Neandertal genome. – *Science* 328(5979): 710–722. [📄](#) Khrameeva, E. E., Bozek, K., He, L., Yan, Z., Jiang, X., Wei, Y., Tang, K., Gelfand, M. S., Prufer, K., Kelso, J., Paabo, S., Giavalisco, P., Lachmann, M. & Khaitovich, P. (2014): Neanderthal ancestry drives evolution of lipid catabolism in contemporary Europeans. – *Nat Commun* 5: 3584. [📄](#) Krause, J., Fu, Q., Good, J. M., Viola, B., Shunkov, M. V., Derevi-anko, A. P. & Paabo, S. (2010): The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. – *Nature* 464 (7290): 894–897. [📄](#) Krause, J., Orlando, L., Serre, D., Viola, B., Prufer, K., Richards, M. P., Hublin, J. J., Hanni, C., Derevi-anko, A. P. & Paabo, S. (2007): Neanderthals in central Asia and Siberia. – *Nature* 449 (7164): 902–904. [📄](#) Krings, M., Stone, A., Schmitz, R. W., Krainitzki, H., Stoneking, M. & Pääbo, S. (1997): Neandertal DNA sequences and the origin of modern humans. – *Cell* 90(1): 19–30. [📄](#) Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A., Glocke, I., Nickel, B., Arsuaga, J. L., Martinez, I., Gracia, A., de Castro, J. M., Carbonell, E. & Paabo, S. (2014): A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. – *Nature* 505(7483): 403–406. [📄](#) Prufer, K., Racimo, F., Patterson, N., Jay, F., Sankararaman, S., Sawyer, S., Heinze, A., Renaud, G., Sudmant, P. H., de Filippo, C., Li, H., Mallick, S., Dannemann, M., Fu, Q., Kircher, M., Kuhlwillm, M., Lachmann, M., Meyer, M., Onglyerth, M., Siebauer, M., Theunert, C., Tandon, A., Moorjani, P., Pickrell, J., Mullikin, J. C., Vohr, S. H., Green, R. E., Hellmann, I., Johnson, P. L., Blanche, H., Cann, H., Kitzman, J. O., Shendure, J., Eichler, E. E., Lein, E. S., Bakken, T. E., Golovanova, L. V., Doronichev, V. B., Shunkov, M. V., Derevi-anko, A. P., Viola, B., Slatkin, M., Reich, D., Kelso, J. & Paabo, S. (2014): The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 505(7481): 43–49. [📄](#) Reich, D., Green, R. E., Kircher, M., Krause, J., Patterson, N., Durand, E. Y., Viola, B., Briggs, A. W., Stenzel, U., Johnson, P. L. F., Maricic, T., Good, J. M., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Fu, Q. M., Mallick, S., Li, H., Meyer, M., Eichler, E. E., Stoneking, M., Richards, M., Talamo, S., Shunkov, M. V., Derevi-anko, A. P., Hublin, J. J., Kelso, J., Slatkin, M. & Paabo, S. (2010): Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. – *Nature* 468(7327): 1053–1060. [📄](#) Sankararaman, S., Patterson, N., Li, H., Paabo, S. & Reich, D. (2012): The date of interbreeding between Neandertals and modern humans. – *PLoS Genet* 8(10): e1002947. [📄](#) Serre, D., Langaney, A., Chech, M., Teschler-Nicola, M., Paunovic, M., Mennecier, P., Hofreiter, M., Possnert, G. & Paabo, S. (2004): No evidence of Neandertal mtDNA contribution to early modern humans. *PLoS Biol* 2 (3): E57. [📄](#) Stringer, C. (1992): Replacement, continuity and the origin of *Homo sapiens*. Continuity or replacement: controversies in *Homo sapiens* evolution. BräuerG and SmithFH. Rotterdam, A. A. Balkema: 9–24. [📄](#) Wolpoff, M., Wu, X. & Thorne, A. (1984): Modern *Homo sapiens* origins: a general theory of hominid evolution involving the fossil evidence from East Asia. *The Origins of Modern Humans: A World Survey of the Fossil Evidence*. F. H. S. & Spencer, F., New York, Alan R. Liss: S. 411–483.