



# Die Entstehung des Menschen und seine afrikanische Herkunft nach dem humangenetischen Befund

von Kurt Bangert

Achtzehn Prozent der Deutschen – und ein sehr viel höherer Anteil der Amerikaner – sind nach einer Umfrage der Meinung, die Schöpfung Gottes sei innerhalb einer Zeitspanne von nicht mehr als 10.000 Jahren erfolgt. Viele dieser Zeitgenossen glauben also nicht an einen über viele Millionen und Milliarden von Jahren sich hinziehenden Evolutionsprozess vom primitiven zum höheren Leben, sondern daran, dass Gott, statt sich der biologischen Entwicklung zu bedienen, die Pflanzen und Lebewesen in einem einmaligen Schöpfungsakt mehr oder weniger so geschaffen hat, wie sie heute existieren. Sie mögen sich zwar innerhalb ihrer Arten zu unterschiedlichen Rassen entwickelt haben, aber Gott habe sie, so diese Auffassung, „nach ihrer Art“, wie die Bibel sagt, vollständig erschaffen. Demnach sei der von Gott gemachte Mensch als ein junger Erwachsener erschaffen worden, dem man nicht ansehen konnte, dass er kaum einen Tag alt war. Auch die Tiere und Pflanzen seien so erschaffen worden, als hätten sie schon eine Reihe von Jahren hinter sich. Die Bäume, so meinen die Befürworter dieser Denkrichtung, hätten bereits Jahresringe aufgewiesen, obwohl sie gerade erst entstanden seien. Sogar die Sonne und die Sterne sollen auf diese Weise erschaffen worden sein – in einem Zustand, als hätten sie schon Milliarden von Jahren ihrer Existenz hinter sich. Das Universum, obwohl gerade erst ins Dasein gerufen, hätte den Eindruck erweckt, als existierte es schon seit unvorstellbar langer Zeit.

Die Schwäche dieser so genannten „kreationistischen“ Auffassung liegt zum einen in der theologisch bedenklichen Verbalinspirationslehre mit ihrem Anspruch einer irrtumslosen Bibel, eine Auffassung, die bei einer sorgfältigen Beschäftigung mit den biblischen Texten nicht zu halten ist; zum anderen in einer mechanistisch verstandenen Schöpfungslehre, bei der man Gott quasi vorschreibt, wie er die Welt zu erschaffen beliebte, statt dies Gott selbst zu überlassen, um dann durch die empirische, naturwissenschaftliche Erforschung die wahren Zusammenhänge ans Tageslicht zu fördern.

Wenn die Vorstellung, Gott habe Gestirne, Pflanzen, Tiere und den Menschen so geschaffen, als hätten diese schon viele Jahre existiert, stimmte, könnte man mit der gleichen Argumentation, mit der die Kreationisten einen einmaligen Schöpfungsakt begründen, behaupten, Gott habe uns alle erst gestern erschaffen und uns dabei aber mit Erinnerungen ausgestattet, die uns vorgaukeln, bereits viele Jahre gelebt zu haben. Niemand könnte diese wahnwitzige Behauptung entkräften, denn alles, was dagegen spräche (wie die Jahresringe der Bäume, die modernen Datierungsmethoden oder unsere eigenen Erinnerungen), würde genauso gut dafür sprechen. Man müsste dabei allerdings einen recht hinterlistigen Schöpfergott postulieren, der aus welchen Gründen auch immer ein boshafte Interesse daran hätte, uns – was die Datierung unserer Entstehung und der Entstehung unserer Welt



beträfe – gehörig hinters Licht zu führen. Der kreationistische Gott müsste also ein arglistiger Gott sein.

Die Verfechter der Verbalinspiration und der Irrtumslosigkeit der Bibel nehmen den Schöpfungsbericht wortwörtlich und glauben, dass Adam und Eva als erstes Menschenpaar tatsächlich so erschaffen wurden, wie es uns der biblische Bericht von Gen. 2 erzählt, und das vor nur wenigen tausend Jahren. Viele berufen sich dabei auf alte Zeitrechnungen. Die traditionelle jüdische Zeitrechnung beispielsweise datierte die Schöpfung ins Jahr 3761 v.Chr., während der irische Bischof Usher im 17. Jahrhundert die Schöpfung auf das Jahr 4004 v.Chr. legte, ein Datum, das Generationen von Christen im angelsächsischen Raum seither beeinflusst hat, weil seine Daten von der weit verbreiteten King James Übersetzung übernommen wurden. Von daher gehen auch heute noch viele Bibelgläubige fälschlicherweise davon aus, Adam und Eva seien vor ca. sechs Millennia erschaffen worden.

### *Paläontologische Erkenntnisse*

Dagegen sprechen freilich die Erkenntnisse mehrerer Wissenschaftszweige. Die Paläoanthropologie beispielsweise beschäftigt sich seit Jahrzehnten intensiv mit menschlichen und menschenähnlichen Skelettfunden und deren Datierung, und sie ist aufgrund solcher Funde zu Erkenntnissen gekommen, die etwa wie folgt zusammengefasst werden können:

1. Vor rund sechs Millionen Jahren spaltete sich vermutlich eine bestimmte Affenpopulation in zwei separate Arten, von denen sich die eine über zahlreiche Zwischenstufen zum Menschen und die andere ebenfalls über Zwischenstufen zum heutigen Schimpansen entwickelte.

2. Vor rund vier Millionen Jahren begann die Art, die zum heutigen Menschen führen sollte, aufrecht zu gehen, entwickelte größere Hirne und erwies sich aufgrund dessen als besonders überlebensfähig. Diese Gattung wird *Australopithecus* genannt.

3. Vor rund zwei Millionen Jahren begann eine dieser Spezies, Gegenstände der Natur – etwa scharfkantige Steine – als Werkzeuge zu benutzen, mit der sie einen neuen Stand der Überlebensfähigkeit erreichten. Diese Spezies erhielt von den Experten den Gattungsnamen *Homo*.

4. Vor rund 100.000 bis 200.000 Jahren trat schließlich eine Art innerhalb der Gattung *Homo* in Erscheinung, die einen feineren Körperbau und vor allem eine bis dahin ungeahnte mentale Effizienz an den Tag legte. Sie zeigte sich auch zunehmend mobil und sollte schließlich die ganze Erde bevölkern. Es ist die Spezies *homo sapiens*.<sup>1</sup>

Aufgrund der sehr spärlichen Fossilfunde menschlicher und vormenschlicher Skelette lässt sich diese Entwicklung nur in Umrissen nachzeichnen, und weitere Fossilfunde werden sicherlich zu einzelnen Korrekturen dieses Modells führen, ohne es im Ganzen in Frage zu stellen. Man darf sich die Entwicklung hin zum Menschen aber nicht als einen gradlinigen Weg vorstellen, sondern muss eher von einem Gewirr von Verzweigungen, Sackgassen, Richtungswechseln und Umwegen ausgehen. Es ist auch davon auszugehen, dass über lange Zeiträume mehrere menschenähnliche Lebewesen die Erde bevölkerten, bevor sich schließlich der heutige *homo sapiens sapiens* durch seine Überlegenheit vollends durchsetzte.

---

<sup>1</sup> Diese Chronologie entnahm ich dem Buch von Steve Olson, *Herkunft und Geschichte des Menschen. Was die Gene über unsere Vergangenheit verraten*. Berlin Verlag, Berlin, 2002, S. 32/33.



Zu den Ergebnissen der menschlichen Paläontologie gehört auch die Erkenntnis, dass sich die wichtigsten Evolutionsschritte in Afrika, vorzugsweise in Ostafrika, ereignet haben. Das Hochland von Kenia und Tansania gilt bis heute als ein biologisches Paradies, in dem das Leben in sonst ungeahnter Weise erblühte. In diesem Gebiet leben bis heute mehr große Säugetiere als sonst irgendwo auf der Welt.<sup>2</sup> Hier hat es nicht nur eine Fülle von Tierarten gegeben, sondern auch eine Vielzahl menschenähnlicher Arten, was an der Konzentration entsprechender Fossilienfunde abzulesen ist. Es ist offenbar so, dass sich aus dichten Populationen, auch *hot spots* genannt, eine Fülle von genetischen Spielarten ergeben haben.

Wie kommen solche Spielarten zustande? Durch zwei Methoden: durch natürliche Auslese und durch Mutationen. Natürliche Auslese bedeutet, dass sich bei der Paarung die Chromosomensätze des Weibchens mit den Chromosomensätzen des Männchens verbinden und in der nachfolgenden Generation zu ganz neuen, individuellen Chromosomenkombinationen zusammenfügen, mit je eigenen Stärken und Schwächen, wie wir das von unseren eigenen Kindern kennen. Die überlebensfähigeren Nachkommen werden von potentiellen Bewerbern eher als Sexualpartner ausgewählt als die überlebensschwachen, so dass sich allein aufgrund dieser sexuellen Selektion eine Höherentwicklung im Sinne einer besseren Anpasstheit und Überlebensfähigkeit ergibt.

Dieser Prozess wird jedoch noch unterstützt durch Veränderungen der genetischen Bausteine, die wir Mutationen nennen. Das ist die zweite Methode, genetische Spielarten hervorzubringen. Wenn sich die Chromosomensätze der Weibchen mit denen der Männchen verbinden, kommt es immer wieder zu minimalen Veränderungen der DNA, also des genetischen Code. Die meisten dieser Mutationen sind bedeutungslos, weil sie sich überhaupt nicht auf den Körper auswirken – wie übrigens nur ein kleiner Teil unserer DNA für unseren Körper eine erkennbare funktionale Bedeutung hat. Veränderungen in dem Teil der DNA, der keinerlei Funktionen ausübt, machen sich also überhaupt nicht bemerkbar, weder im positiven noch im negativen Sinn. Aus diesem Grund haben die meisten Mutationen keine Auswirkungen.

Doch nicht alle Mutationen sind harmlos. Einige genetische Veränderungen schädigen den Organismus und führen entweder zu Fehlgeburten (20 Prozent der Fehlgeburten sind genetisch verursacht) oder, wenn die Schwangerschaft doch ausgetragen wird, zu Behinderungen, die das weitere Überleben erschweren. Die meisten körperlichen Schädigungen, mit denen behinderte Kinder geboren werden, sind auf genetische Mutationen zurückzuführen. Die heutige Gesellschaft mit ihrem modernen ethischen Bewusstsein hat sich zur Aufgabe gemacht, diese Menschen trotz ihrer Behinderungen in die Gesellschaft zu integrieren und ihnen Chancengleichheit einzuräumen. Doch in der Geschichte der Evolution wurden solche Schädigungen durch den Selektionsprozess aussortiert und hatten geringe Überlebenschancen.

Die dritte und seltenste Art der Mutationen sind solche, die für den Organismus von Vorteil sind, die Reproduktionswahrscheinlichkeit erhöhen und die Überlebenschancen verbessern. Solche Veränderungen tragen, in Verbindung mit den als Methode eins beschriebenen selektiven Modifikationen, im Laufe der Generationen zu einer Höherentwicklung bei. Die Verbindung von natürlicher Auslese durch sexuelle Selektion und genetischer Mutation ist offenbar ein wirksames Instrument der Natur, angesichts eines immer härter werdenden Überlebenskampfes die Höherentwicklung der Arten

---

<sup>2</sup> Mit Ausnahme der modernen Industriestaaten, in denen Massentierhaltung praktiziert wird: die meisten dieser Tiere befinden sich aber in Ställen.



voranzutreiben. Die größten Überlebenschancen hat, wer beweglicher, schneller, wahrnehmungsfähiger und intelligenter als andere ist. Die Spezies *homo sapiens* scheint dieses Rennen – zumindest vorläufig – gewonnen zu haben. Unsere Art bevölkert die Erde explosionsartig, während viele andere Lebewesen vom Aussterben bedroht sind. Der Mensch hat sich durch seine eigene Überlebensfähigkeit die Macht angeeignet zu entscheiden, welche Arten geschützt, gezüchtet, gejagt, ausgerottet oder nur in zoologischen Gärten als Anschauungsobjekte gehalten werden sollen.

### **Das Genom-Projekt**

Seit die Naturwissenschaften damit begonnen haben, den genetischen Code zu entschlüsseln, haben Genetiker auch überlegt, ob sie nicht anhand der genetischen Veränderungen und Gemeinsamkeiten Verwandtschaftsgrade zwischen den Menschen beziehungsweise zwischen Mensch und Tier bestimmen können. Neben dem genetischen Code eines Individuums, der sich von Mensch zu Mensch oder von Hund zu Hund unterscheidet, gibt es ja auch den für eine Spezies typischen Code, den man mit dem genetischen Bausatz einer anderen Spezies vergleichen kann. Und in der Tat können Genetiker heute die Verwandtschaftsgrade zwischen den Arten ziemlich genau bestimmen.

*Einschub: Hätte Gott alle Tierarten und den Menschen unabhängig voneinander in einem einmaligen Schöpfungsakt erschaffen, so sollte man annehmen, dass er in seiner geistreichen Erfindungskunst für jede Art einen eigenen genetischen Bausatz erstellt hätte. Die Tatsache jedoch, dass wir einen hohen genetischen Verwandtschaftsgrad zwischen den Arten feststellen, deutet eher darauf hin, dass sich Gott bei seiner Schöpfung des biologischen Entwicklungsprozesses bedient hat, auch wenn eingefleischte Biblizisten selbst dieses Argument nicht akzeptieren werden.*

Hier ein Beispiel für hohe genetische Übereinstimmung: Nach heutigen Erkenntnissen beträgt der genetische Verwandtschaftsgrad zwischen Mensch und Schimpanse ca. als 98,5 Prozent. Dieser hohe Prozentsatz bestätigt die vielen Gemeinsamkeiten, die es zwischen uns und den Menschenaffen gibt – man denke etwa an die feingliedrigen Finger unserer biologischen Nachbarn oder viele der Körperfunktionen, die wir gemeinsam haben. Allerdings zeigen die abweichenden anderthalb Prozent auch, welche Bedeutung und Tragweite für die Entwicklung auch die kleinsten genetischen Abweichungen haben können.

Genetiker sind nun auf die Idee gekommen, anhand der genetischen Verwandtschaftsgrade und Unterschiede beziehungsweise anhand der entsprechenden Mutationsveränderungen die Entwicklung des Menschen zu verstehen und nachzuzeichnen. Könnte man, so fragten sie sich, durch den genetischen Befund etwas über die Ursprünge des Menschengeschlechts erfahren? Könnte man etwas über die Verwandtschaft der Rassen herausfinden? Könnte man die Wanderungsbewegungen des Menschen nachzeichnen? Könnte man anhand der Gene etwas über das Alter des Menschen in Erfahrung bringen? Könnte man eventuell die Theorien der Kreationisten oder diejenigen der Paläoanthropologen bestätigen oder falsifizieren? Die Entschlüsselung des menschlichen Genoms schien jedenfalls eine gute Gelegenheit, das genetische Material des Menschen daraufhin zu untersuchen, Antworten auf obige Fragen zu geben. Wenn es gelänge, die im Laufe der Menschheitsgeschichte aufgetretenen und weitervererbten Mutationen zu analysieren, sie zeitlich einzuordnen und ihre Wanderungsbewegungen nachzuvollziehen, so könnte man vielleicht die Vergangenheit des Menschen entschlüsseln.



Aber leider stellte sich diese Aufgabe als äußerst schwierig heraus. Das lag vor allem an folgendem Sachverhalt: Der Mensch hat, wie wir in der Schule gelernt haben, in seinen Zellkernen, eingebettet in Nährstoffen und Enzymen, 46 so genannte Chromosomen, den Trägern des Genoms. Diese 46 Chromosomen sind in 23 Paaren angeordnet. Der Grund, weshalb unsere Chromosomen paarweise vorkommen, hat mit dem Phänomen der Sexualität des Menschen zu tun. Wenn eine männliche Samenzelle eine weibliche Eizelle befruchtet, verbindet sich ein Teil des väterlichen Genoms mit einem Teil des mütterlichen Genoms, so dass im Neugeborenen eine völlig neue Zusammensetzung des genetischen Materials im Verhältnis 50:50 erfolgt. Man nennt diese Neuordnung auch „Rekombination“. Wie ich oben schon angedeutet habe, stellt diese Reorganisation der Gene durch den Geschlechtsvorgang eine wirksame Art dar, genetisches Material mit jeder Generation immer wieder neu aufzumischen, um auf diese Weise die sexuelle Anziehungskraft und Überlebensfähigkeit zu verbessern. Rekombinationen sehen so aus, als hätte es von einer Generation zur anderen zahlreiche Mutationen gegeben, obwohl es gar keine gab.

Es gibt – das sei hier am Rande vermerkt – auch Tier- und Pflanzenarten, die sich nicht auf sexuelle Weise fortpflanzen, sondern ohne einen andersgeschlechtlichen Sexualpartner auskommen. Solche Arten kennen keine Rekombination, sondern geben ihr genetisches Material nahezu unverändert an die nächste Generation weiter. Es lässt sich aber leicht ausrechnen, dass Arten, die sich sexuell durch Rekombination vermehren, eine viel größere Vielfalt und Variabilität entfalten, um auf diese Weise den biologischen Entwicklungsprozess schneller voranzutreiben. Warum gibt es heute mehr Arten, die sich sexuell vermehren, als solche, die sich ohne Geschlechterbefruchtung ausbreiten? Weil die sexuelle Methode wesentlich effizienter und damit überlebensfähiger ist. Die Sexualität ist der Hauptmotor der Evolution.

Der Nachteil der sexuellen Methode für die heutigen Genforscher ist allerdings, dass sich die bei diesem Prozess der Rekombination auftretenden Mutationen nur ganz schlecht nachvollziehen lassen. Mutationen aus den vielen Rekombinationen herauszufiltern, ist eine praktisch unlösbare Aufgabe. Um das Problem effizient zu lösen, müsste es genetisches Material geben, das sich nicht mit jeder neuen Generation neu arrangiert, sondern unverändert weitergegeben wird. Gibt es derartiges genetisches Material, das unverändert und unbehelligt von jeglicher Rekombination an die nächste Generation weitergegeben wird? Ja, solches Material gibt es tatsächlich. Es ist das Y-Chromosom.

Sie werden sich vielleicht an Ihren Biologie-Unterricht erinnern: Die Frau hat als 23. Chromosomenpaar zwei X-Chromosomen, während der Mann als 23. Chromosomenpaar ein X-Chromosom und ein Y-Chromosom vorweist. Das Y-Chromosom bestimmt das Geschlecht des Mannes, es kann nicht rekombiniert werden. Es wird vom Vater immer nur an den Sohn weitergegeben – unverändert. Oder anders gesagt: Wenn es vom Vater an das Kind weitergegeben wird, ist das Kind ein Sohn.

Das Y-Chromosom, das rund 50 Millionen Nukleotiden, also genetische Bausteine, enthält, erschien ein idealer Fundus zur Auffindung von Mutationen zu sein, an denen man die menschliche Entwicklung nachverfolgen konnte. Die meisten Gene des Y-Chromosoms sind zwar inaktiv, d.h. sie haben keine funktionale Bedeutung, aber sie eignen sich nichtsdestotrotz zum Aufsuchen und Nachverfolgen von Mutationen – oder, wie man sie auch nennt, Polymorphismen (Mehrfachformen).

Das Dumme war nun, dass die ersten Forscher, die nach diesen Veränderungen auf dem Y-Chromosom Ausschau hielten, gar keine fanden. Rob Dorit und Hiroshi Akashi veröffentlichten 1994 eine Untersuchung in der Wissenschaftszeitschrift *Science*, in der sie die



Abwesenheit von Polymorphismen auf einem von ihnen untersuchten Teil des Y-Chromosoms dokumentierten. Es schien also nicht möglich, anhand von Veränderungsverläufen den Ursprung der männlichen Gene zu bestimmen. Es schien, als würde dieser Weg nicht die erhofften Erkenntnisse zutage fördern.

### ***Eva: Wir stammen alle von einer Frau ab***

Zwischenzeitlich konzentrierten sich andere Genforscher auf ein winziges Gebilde namens *Mitochondrium*, das zu Hunderten in den meisten Zellen vorhanden ist und zu deren Energieversorgung beiträgt. Biogenetiker glauben, dass es sich bei den Mitochondrien um Nachfahren von Bakterien handelt, die sich vor langer Zeit in einzelligen Organismen eingenistet haben. Aufgrund ihrer eigenständigen Abstammung besitzen Mitochondrien eine eigene DNA – einen Ring aus rund 16.500 Nukleotiden. Jeder Mensch hat in seinem Körper Billionen von Mitochondrien, deren DNA-Sequenz identisch ist, sich allerdings von den Mitochondrien eines anderen Menschen unterscheidet. Die Mitochondrien haben noch eine andere wichtige Besonderheit: Sie werden allesamt nur von der Mutter weitergegeben. Nur Eizellen geben Mitochondrien an die nächste Generation weiter. Und hier beginnt die Sache richtig interessant zu werden.<sup>3</sup>

Es leben heute rund drei Milliarden Frauen auf der Welt, die alle ihre Mitochondrien von ihren Müttern geerbt haben. Zwar haben auch die heute lebenden drei Milliarden Männer ihre Mitochondrien von ihren Müttern geerbt, aber wir da die Männer ihre Mitochondrien nicht weitergeben können, wollen wir uns hier auf die Frauen konzentrieren. Gehen wir nun eine Generation zurück, denken also an die Mütter der heute lebenden Frauen. Nicht alle dieser Mütter hatten Kinder. Und von denen, die Kinder hatten, gab es manche, die nur Söhne, aber keine Töchter hatten. Diejenigen, die keine Töchter hatten, konnten ihre Mitochondrien also nicht an die heutige Generation weitergeben. Das heißt, dass die Mitochondrien der heute lebenden Frauen aus einer Untergruppe der Mitochondrienlinien hervorgegangen sind, die in der vorhergegangenen Generation vorhanden waren. Ähnliches gilt für die Generation der Großmütter, von denen ein Teil keine Töchter hatte. Zur Mitochondrien-DNA der heutigen Frauen haben also weniger Großmütter als Mütter beigesteuert, so dass die Zahl der Mitochondrienlinien der vorvorigen Generation, die bei den heute lebenden Menschen vorhanden sind, niedriger sein muss als in der Generation der Mütter. Das bedeutet, dass sich die Zahl der Mitochondrienlinien je mehr reduziert, je weiter wir von einer Generation zur vorigen zurückgehen. Sie reduziert sich von Milliarden zu Millionen zu Tausenden und Hunderten, bis hin zu Zehnern und Einern. Am Ende schrumpft die Zahl der Mitochondrienlinien, die heute noch in lebenden Frauen vorhanden sind, auf eine einzige. Diese Erkenntnis, obwohl zwingend in ihrer Logik, hat auch die damit beschäftigten Wissenschaftler zunächst verblüfft. Denn sie bedeutet, dass alle heute lebenden sechs Milliarden Menschen von einer einzigen Frau abstammen müssen. Diese eine Frau, die für die heute lebenden Menschen die Mitochondrien-DNA geliefert hat, wird gerne als Mitochondrien-Eva oder schlicht ‚Eva‘ (mit einfachen Anführungszeichen) bezeichnet.

Man muss sich nun allerdings vor einer voreiligen und irrigen Schlussfolgerung hüten: dass nämlich diese ‚Eva‘ die einzige Frau ihrer Zeit gewesen sei. Vielmehr lebten zeitgleich mit ihr andere Frauen, die andere Mitochondrienlinien aufwiesen, die aber nicht

---

<sup>3</sup> Die faszinierende Geschichte der Erforschung der Mitochondrien verdanke ich vor allem Steve Olson, S. 41ff.



weitergegeben wurden, sondern deren Mitochondrien im Laufe der Zeit ausstarben (weil sie nicht an nachfolgende Generationen vererbt werden konnten). Nur die Mitochondrien unserer Mitochondrien-Eva haben also überlebt.

Kann man sagen, wann und wo ‚Eva‘ gelebt hat? Die Genetiker, die sich zuerst mit den Mitochondrien beschäftigten – es waren dies Allan Wilson, Rebecca Cann und Mark Stoneking von der Universität Berkeley – kamen 1987 aufgrund von Analysen (der Zahl der Generationen und der vererbten Mitochondrienlinien) zu dem Ergebnis, dass ihre Mitochondrien-Eva vor rund 200.000 Jahren gelebt haben müsse. Inzwischen ist dieses Ergebnis durch genauere Berechnungen auf etwa 150.000 Jahre vor unserer Zeit korrigiert worden.

Obwohl alle heute lebenden Menschen ihre Mitochondrien von einer einzigen Frau empfangen haben, weichen unsere Mitochondrien-DNA doch allesamt von der ursprünglichen ab. Der Grund: Mutationen. Im Laufe der Zeit haben sich die Mitochondrien immer wieder zufällig verändert, und diese Veränderungen sind entsprechend an die nächste Generation weitergegeben worden. Insofern gibt es mit ‚Eva‘ Übereinstimmungen, aber auch Abweichungen. Durch sorgfältige Vergleiche lassen sich die Veränderungen nachzeichnen, so dass erkennbar wird, welche Bausteine ursprünglich sind und welche erst später auftraten.

Die Südafrikanerin Himla Soodyall, Humangenetikerin an der University of Witwatersrand, hat sich intensiv mit der Mutationsgeschichte der mitochondrischen DNA beschäftigt. Sie ist eine von vielen Humangenetikern, die sich von dem großen italienischen Professor Luca Cavalli-Sforza hat inspirieren lassen, der seit Jahrzehnten in den Vereinigten Staaten lebt und an der Stanford-Universität wie kein zweiter dieses Forschungsfeld der Populationsgenetik geprägt hat. Sie hat Proben von Menschen auf der ganzen Welt untersucht und sich mit ihren genetischen Variationen befasst.

Soodyall fand heraus, dass es unter Afrikanern einen größeren Variantenreichtum der Mitochondrien gibt als unter der übrigen Menschheit. Sie entdeckte auch, dass es bei den Buschmännern im Süden Afrikas einige der ältesten Mitochondrien-Formen gibt, die kurz nach der mitochondrischen Eva entstanden sein müssen. Die Schlussfolgerung, die sie Anfang der Neunziger Jahre daraus zog, ist, dass die modernen Menschen zuerst in Afrika entstanden sind, da dort die ältesten Mutationen existieren. Als später eine kleine Gruppe Afrikaner nach Eurasien wanderte, repräsentierten sie nur einen Teil der in Afrika vorhandenen mitochondrischen Varianten. Steve Olson erklärt das anschaulich so: „Wären Menschen ein Kartenspiel wie die Untertanen der Herzkönigin in *Alice im Wunderland*, dann hätten nur die Siebenen, Achten, und Neunen Afrika verlassen. Folglich ist bis heute die mitochondriale DNA von Afrikanern immer noch etwas variantenreicher als die von Nichtafrikanern.“

Die Schlussfolgerungen all dieser Untersuchungen waren jedenfalls sensationell: Jeder Mensch, der heute lebt, so er nicht selbst Afrikaner ist, stammt von Afrikanern ab. Afrika ist, wenn wir die mitochondrischen Erkenntnisse zugrunde legen, die Wiege der Menschheit. Diese Erkenntnis ist nicht nur in evolutionsbiologischer Hinsicht eine handfeste Überraschung, sondern auch von erheblicher Tragweite für den Abbau rassistischer Vorurteile. Sagt Soodyall: „Diese Daten bergen das Potential, Rassismus abzuschaffen. Rasse ist ausschließlich durch die Umstände bedingt. Sie etabliert eine soziale Hierarchie, die



Menschen ausnutzen können, um andere auszubeuten. Aber diese Hierarchie hat keine biologische Grundlage.“<sup>4</sup>

### *Adam*

Während sich einige Genetiker mit den Mitochondrien beschäftigten, hatten andere Genetiker inzwischen die Methoden zur Abbildung der DNA weiter verbessert und verfeinert, so dass es möglich wurde, Variationen (Mutationen) auch auf dem Y-Chromosom tatsächlich zu identifizieren und auf diese Weise die Verwandtschaftslinien näher zu bestimmen. Peter Underhill, Peter Öfner, Spencer Wells und andere untersuchten Ende der neunziger Jahre Proben von Dutzenden von Männern aller Kontinente, um so die Polymorphismen (also durch Mutationen verursachte Variationen der Nukleotiden) auf dem genetischen Material des Y-Chromosoms zu entdecken und ihre Entwicklung nachzuzeichnen. Sie verglichen die verschiedenen Variationen, um herauszufinden, welche Bevölkerungsgruppen die ältesten Variationen in sich trugen und welche von diesen abstammten. Das Prinzip war das gleiche wie bei den Frauen: Alle heute vorkommenden Variationen lassen sich, wenn man weit genug zurückgeht, auf einen einzigen Mann zurückführen. Man nennt diese Rückführung auf einen einzigen gemeinsamen Nenner *Koaleszenz*.

Die Wissenschaftler veröffentlichten ihre Ergebnisse im November 2000 in der wissenschaftlichen Zeitschrift *Nature Genetics*. Sie wandten ähnliche Methoden an wie bei der Untersuchung der mitochondrialen DNA und kamen zu einem Ergebnis, das nun allerdings keine Überraschung mehr darstellte: Die ältesten Variationen des Abstammungsbaums des männlichen Gens auf dem Y-Chromosom stammen ebenfalls aus Afrika. Auch ‚Adam‘ war ein Afrikaner!

Als die Forscher die Daten analysierten und anhand der für die vorliegenden Variationen notwendigen Generationen errechneten, kamen sie auf ein Datum für ‚Adam‘, das sie überraschte. ‚Adam‘, so ihre Schätzung, musste vor etwa 60.000 Jahren gelebt haben. Wie? Was? Hat Eva fast 100.000 Jahre auf Adam warten müssen? Das wäre eine verflucht lange Zeit, um auf den ersehnten Auserwählten zu warten.

Zur Erläuterung ist zunächst der Hinweis nötig, dass diese Altersschätzungen nur sehr grob sind, dass der Y-Adam genauso gut vor 40.000 oder vor 140.000 Jahren gelebt haben könnte. Die 60.000 Jahre sind nur ein geschätzter Mittelwert.

Dann muss man verstehen, dass die Konvergenz auf eine mitochondrische ‚Eva‘ oder auf einen Y-‚Adam‘ keineswegs bedeutet, dass es sich bei ihnen um die Urmutter oder den Urvater der menschlichen Spezies handelte, sondern im Falle der ‚Eva‘ lediglich um die Frau, die als Ursprung unserer (bis heute erhaltenen) Mitochondrienlinie gilt, und im Falle des ‚Adam‘ nur um jenen Mann, der als der Ursprung unserer (bis heute erhaltenen) Y-Gene gilt. Für anderes genetisches Material auf anderen Chromosomen würden sich, könnten wir deren Koaleszenz rekonstruieren, ebenfalls entsprechende Ursprungseltern ermitteln lassen. Und manche „Urväter“ wären vielleicht gar keine Menschen, sondern Vorläufer derselben.

Eine der Ergebnisse der Y-Analysen war, dass – wie bei der mitochondrialen DNA – die Vorfahren der Buschmänner im Südwesten Afrikas als die heißesten Kandidaten für den Ursprung des untersuchten Gen-Materials gelten. Spencer Wells hat übrigens darauf

---

<sup>4</sup> zitiert nach Olson, S. 63.





hingewiesen<sup>5</sup>, dass nicht nur der genetische Befund, sondern auch die sprachlichen Eigenarten der (offiziell als *San* bezeichneten) Buschmänner – sie sprechen eine Sprache mit 141 Lauten, die einzigartig auf der Welt ist – es nahe legen, ihre Vorfahren als jene Menschengruppen auszumachen, von denen alle heute lebenden Menschen abstammen. Deren Sprache, die freilich viele Wörter moderner Technologie nicht kennt, ist in Struktur, Grammatik und Syntax alles andere als primitiv, sondern hoch entwickelt.

### ***Die Wanderungsbewegungen des Menschen***

Die Analysen des genetischen Materials, zuletzt auch der Variationen des männlichen Y-Chromosoms, haben nicht nur Aufschluss über die Herkunft des Menschen geliefert, sondern – aufregend genug – auch über die Verbreitung des Menschen auf der Erde. In seinem fesselnden Buch *The Journey of Man* hat Spencer Wells die Wanderungsbewegungen nachgezeichnet. Sein Buch liest sich spannend wie ein Taschenroman. Es ist ein Augenöffner sondergleichen.

Ausgangspunkt für unser Verständnis dieser Reise ist die Tatsache, dass wir in Afrika eine größere Vielfalt des Y-Chromosoms bei Afrikanern finden als im Rest der Welt. Wir können uns diesen Sachverhalt wie einen großen Eichbaum vorstellen: Wurzeln und Stamm sowie die ersten großen Äste stellen die afrikanischen Stämme dar. Wenn wir höher steigen, sind einige Verästelungen den Nicht-Afrikanern zuzurechnen. Das bedeutet, dass die menschliche Evolution vor allem in Afrika stattfand, bevor eine kleine Gruppe Afrikaner den Kontinent verließ und sich in Eurasien ausbreitete. Deren Markierungen auf dem Y-Chromosom stellen allesamt spätere Mutationen dar. Eine Analyse dieser Mutationen, insbesondere in Bezug auf die Reihenfolge, in der sie vorkamen, erlaubte den Wissenschaftlern, die Reisen zu verfolgen, welche diese Menschengruppen unternahmen. Dabei haben sie auch versucht, die Zeiten abzuschätzen, wann die Mutationen passierten und wohin die Völkerwanderungen erfolgten.

Die erste wichtige Mutation, die man am Y-Chromosom der Eurasier entdeckt hat, erfolgte vor ca. 30.000 bis 80.000 Jahren in einem afrikanischen Mann, der als M168 bezeichnet wird. Er ist sozusagen der eurasische Adam, der Vorläufer aller nicht-afrikanischen Menschen. Er dürfte in der Gegend des Sudan oder in Äthiopien gelebt haben. Auf unserem Eichbaum repräsentiert er eine Abzweigung weiter oben in der Baumkrone. Ein Teil der Nachkommen von M168 blieb in Afrika, die Mehrheit seiner Nachkommen ist jedoch in Eurasien zu finden.

Man kann an dieser Stelle kurz erwähnen, dass die Erkenntnisse, die wir von dem Y-Chromosom gewonnen haben, auch durch Untersuchungen der mitochondrialen DNA bestätigt werden (wie sie sicherlich auch von Untersuchungen auf anderen Chromosomen bestätigt würden, könnten wir diese ebenfalls nachzeichnen). Aber der Einfachheit halber möchte ich mich hier auf die Schlussfolgerungen der Untersuchungen des Y-Chromosoms und seiner Variationen – auch Haplotypen genannt – beschränken.

Bald nach dem Aufkommen der Variante M168 gibt es auf der M168-Linie eine weitere Mutation auf dem Y-Chromosom, das als M130 bezeichnet wird. M130 findet man nur außerhalb von Afrika, so dass man annehmen kann, dass diese Mutation in einem Mann erfolgte, der bereits den Sprung nach Asien geschafft hatte. Menschen mit der M130-

---

<sup>5</sup> Spencer Wells, *The Journey of Man. A Genetic Odyssey*, Random House Trade Paperback Edition, 2003, S. 56.



Markierung finden wir spärlich auf dem indischen Subkontinent, in Malaysia und in Neuguinea. Deutlicher tritt die Markierung in Australasien hervor. Die Mehrheit der australischen Ureinwohner weisen M130 auf. In Westasien und Europa kommt diese Markierung gar nicht vor, wohl aber noch in Nordostasien (Mongolei und Sibirien) sowie auf dem nordamerikanischen Kontinent.

Man datiert sowohl die M168 als auch die M130-Markierung um 50.000 Jahre vor unserer Zeit und erklärt sich ihr Vorkommen damit, dass es um jene Zeit eine erste Wanderungsbewegung *out of Africa* gegeben hat, bei der die Menschen – vielleicht auf der Suche nach Nahrung oder als Folge von Stammeskonflikten – zunächst nach Arabien kamen, von dort Südindien besiedelten, um schließlich auch die Inselwelt von Indonesien und den Philippinen zu erreichen. Eine Gruppe von M130-Stämmen erreichte später Australien und Ozeanien, während eine andere Gruppe sich nach Norden orientierte, wo sie in Nordostasien ansiedelten bzw. sogar den Sprung über die Beringstraße nach Nordamerika wagten.

Man mag sich fragen, wie diese wanderungsfreudigen Menschen die Sprünge übers Meer nach Arabien, nach Indien, von dort nach Indonesien und schließlich nach Australien und Ozeanien geschafft haben sollen. Wir wissen es nicht. Tatsache ist nur, dass sie es geschafft haben, sonst wären sie nicht dort. Man kann allerdings ein wenig spekulieren. Wir wissen, dass die Küstenlinien immer wieder variiert haben, weil sich die Temperaturverhältnisse änderten. So könnten einige Vulkanausbrüche zu einem Absinken der Temperatur geführt haben, was an den Polen zur Verdickung der Eisschichten geführt hat und zum Absinken des Meeresspiegels. Eine niedriger gelegene Küstenlinie hätte die Abstände zwischen den Kontinenten drastisch verringert, so dass die Menschen entweder trockenen Fußes dorthin gelangten, wo heute nur Inseln sind, oder per Boot die Distanzen überbrückten, die geringer als heute waren.

Dies war aber nur eine erste Wanderungswelle. Offenbar fand noch eine weitere, spätere Wanderung von Afrika nach Eurasien statt. Diese ist durch eine spätere Markierung auf dem Y-Chromosom repräsentiert, die als M89 bekannt ist. M89 findet man sowohl in Nordost-Afrika als auch im Nahen Osten, so dass davon auszugehen ist, dass diese Mutation in einem afrikanischen Mann erfolgte, dessen Nachkommen zum Teil in Afrika blieben, zum Teil nach Eurasien wanderten. Diese Veränderung auf dem Y-Chromosom dürfte nach Schätzungen der Forscher vor ca. 45.000 Jahren erfolgt sein. M89 gilt als der wichtigste Vorläufer aller asiatischen, europäischen und indo-amerikanischen Menschen (außer denen, die die M130-Markierung tragen).

Nachdem die M89-Nachkommen erst einmal im Nahen Osten angekommen waren, hat die Gen-Variante dieser Menschen weitere Mutationen erfahren. Vor etwa 40.000 fand in der M89-Linie die Mutation eines Mannes statt, der als M9 bekannt ist. Er dürfte in Persien, Afghanistan oder Pakistan gelebt haben und wurde zum Urvater der eurasischen Völker. Die Wissenschaftler sprechen von seinen Nachkommen als dem „Eurasischen Clan“. Diese M9-Gruppe breitete sich in Westasien aus und suchte ihren Weg weiter nördlich des Hindukusch in die zentralasiatische Hochebene hinein bzw. südlich davon auf den indischen Subkontinent. Einige von diesen Menschen stießen auch über die Berge in das Tarimbecken durch, um sich in China auszubreiten.

Unter denen, die nach Süden auf den südindischen Subkontinent abwanderten (und im Osten vom Himalaja-Gebirge an einer weiteren Ausbreitung gehindert wurden) gab es vor rund 30.000 Jahren eine Mutation, die als M20 bekannt ist. Diese Variante ist in Indien weit verbreitet, außerhalb Indiens dagegen nahezu unbekannt. Etwa die Hälfte der in



Südindien lebenden Menschen trägt diese Markierung. Wir sprechen vom „Indischen Clan“. Diese Nachkommen der M9-Linie trafen ganz im Süden auf die bereits vorher in der Küstenregion ansässig gewordenen Siedler, die die Variation M130 mit den australischen Ureinwohnern gemeinsam haben.

### *Der Europäer ist geboren*

Unter denen, die nicht nach Indien, sondern nach Norden wanderten, ergab sich vor etwa 35.000 Jahren eine Mutation namens M45, die fast ausschließlich in Zentralasien vorkommt bzw. bei Menschen, die ihren Ursprung dort genommen haben. Es ist der „Zentralasiatische Clan“, der zunächst recht isoliert blieb, weil nicht nur der Hindukusch, sondern auch das stark vergletscherte Massiv des Tianschan-Gebirges eine zügige Ausbreitung nach Osten und Südosten verhinderten. Allerdings zogen einige Nachkommen von M45 weiter nach Norden und Nordosten, während andere sich nach Nordwesten und nach Europa orientierten.

Unter den letzteren tauchte vor ca. 30.000 Jahren eine Variante mit der Bezeichnung M173 auf, dessen ursprünglicher Träger vielleicht sogar als der europäische Urvater gelten darf. Seine Nachkommen besiedelten vor allem Westeuropa. Es ist wohl kein Zufall, dass der Neandertaler – nach heutigen Erkenntnissen kein Vorläufer des *homo sapiens* – nur bis vor etwa 25-30.000 Jahren in Europa lebte.<sup>6</sup> Ob er von dem dorthin drängenden europäischen Clan nur verdrängt wurde oder von diesen M173-Nachkommen ausgerottet wurde, darüber ließe sich vortrefflich spekulieren. Offenbar gibt es keine Befunde, die ein Abschlagen der Neandertaler durch hereinströmende Europäer nahe legen würde; manches deutet eher darauf hin, dass der Neandertaler einem beschwerlichen Überlebenskampf zum Opfer fiel. Aber niemand weiß es genau.

Neben der Markierung M173, die wir in großen Teilen Europas finden, haben Europäer aber noch andere Haplotypen, auf die wir später noch zu sprechen kommen.

Unter denen, die von Zentralasien in Richtung Sibirien wanderten, erschien vor rund 20.000 Jahren eine Mutation mit der Markierung M242, die sich offenbar weit verbreitet hat. M242, wie M173 eine Variante von M45 (Zentralasien), tritt in vielen Teilen Asiens einschließlich China auf, vor allem aber in Sibirien. Man könnte diesen Haplotyp deshalb den „sibirischen Clan“ nennen. Diese Variante ist aber auch auf dem amerikanischen Kontinent zu finden. M242 ist auch ein Vorläufer der Markierung M3, die in Nord- und Südamerika weit verbreitet ist. Über 90 Prozent der „Indianer“ des amerikanischen Kontinents weisen diese Mutation auf. Spencer Wells, der zusammen mit Mark Seielstad die M242-Markierung entdeckte, deutet die Faktenlage so, dass asiatische Migranten vor rund 20.000 Jahren über die Beringstraße nach Nordamerika wanderten, und zwar zu einem Zeitpunkt der letzten großen Eiszeit, als man vermutlich noch trockenen Fußes von Asien nach Amerika gelangen konnte. Ein Großteil des nordamerikanischen Festlandes war damals von Eis bedeckt, so dass es für die Ur-Einwanderer Amerikas nicht leicht war, sich nach

---

<sup>6</sup> Nach ersten Analysen des genetischen Erbguts des Neandertalers und aufgrund des Vergleichs zwischen der DNA des Neandertalers und der DNA des *Homo Sapiens* schätzen Genforscher, dass die gemeinsamen Vorfahren beider Hominiden vor rund 500.000 bis 700.000 Jahren gelebt haben müssen. Damit stimmt der genetische Befund weitgehend mit dem archäologischen Befund überein. Übrigens stimmt die Erbsubstanz von Neandertaler und Mensch zu 99,5% überein; das halbe Prozent genügt, um separate Abstammungslinien hervorzurufen. Eine Vermischung oder Kreuzung zwischen beiden Hominiden kam gemäß dem genetischen Befund nicht vor. (Quelle: u.a. Leipziger Max-Planck-Institut und Neanderthal-Museum, Mettman)



Süden vorzuwagen. Vielleicht gelang ihnen das erst nach der Eisschmelze. Die M3-Markierung, die allen amerikanischen Ureinwohnern gemein ist, dürfte erst vor etwa 10.000 Jahren entstanden sein; jedenfalls tritt sie nicht in Asien auf und ist offenbar erst aufgetreten, als der Sprung hinüber in die Neue Welt bereits gelungen war.

Die M3-Indianer scheinen übrigens mehr oder weniger deckungsgleich zu sein mit jenen Ureinwohnern Amerikas, die zur linguistischen Sprachgruppe „Amerind“ gerechnet werden. Zu dieser Sprachgruppe gehören alle südamerikanischen und die meisten nordamerikanischen Sprachen (wir lassen hier freilich die späten europäischen Einwanderer außer Acht). Neben Amerind gibt es noch zwei andere Sprachgruppen: Eskimo-Aleut und Na-Dene. Interessant sind für uns vor allem diejenigen Indianer, die Na-Dene sprechen und die in Westkanada und im Südwesten der USA, aber nicht in Südamerika zu finden sind. Interessanterweise finden wir bei den Indianern dieser Sprachgruppe die Markierung M130, die wir als eine der ältesten Abzweigungen unserer afrikanischen Vorfahren und auch bei den australischen *Aborigines* vorgefunden hatten. Die Nachkommen von M130, so hatten wir festgestellt, waren vor rund 50.000 Jahren von Afrika über Arabien, Südindien und Indonesien nach Australien vorgestoßen, hatte aber auch einen Schlenker nach Nordostasien gemacht, von wo einige ihren Weg nach Nordamerika fanden. Diese Wanderungsbewegung fand offenbar später als diejenige der M3-Gruppe statt und dürfte eher per Boot denn zu Fuß erfolgt sein, da diese Gruppe sich entlang der Westküste niederließ. Vielleicht sind diese tüchtigen Seefahrer Stück für Stück entlang der chinesisch-sibirischen Küste gesegelt, bevor sie die Beringstraße meisterten, um dann die kanadische und US-amerikanische Küste zu besiedeln.

Mit der weiten Reise von Ostafrika über Asien nach Amerika sind die großen Wanderungsbewegungen des frühen Menschengeschlechts in ihren groben Umrissen bereits beschrieben. Weitere Untersuchungen des menschlichen Genoms sowie Vergleiche seiner vielen spontanen Mutationen werden in Zukunft noch eine Verfeinerung dieser Geschichte liefern können. Obwohl wir über diese lang zurückliegenden Entwicklungen des Menschen fast nichts wissen, ist es schon sensationell, dass uns unsere Gene doch Auskunft geben können über die Herkunft des Menschen und seine Besiedlung des Erdballs. Wichtig ist auch die Erkenntnis, dass wir heute lebenden Menschen, ob schwarz oder weiß, braun oder gelb, allesamt eng miteinander verwandt sind. Da ist wenig Platz für rassistische Vorurteile und Überheblichkeit.

Ich möchte zum Schluss aber noch auf zwei Haplotypen, also Genvariationen, hinweisen, die wir bisher außer Acht gelassen haben und die auch für die weiteren Kapitel von Bedeutung sind. Es sind dies die Markierungen M17 und M172.

M17 ist eine Variante der vor allem in Westeuropa weit verbreiteten Markierung M173, die ja von Zentralasien nach Europa vordrang. M17 muss vor ca. 10.000 Jahren ebenfalls in Zentralasien entstanden sein. Es hat weite Verbreitung nicht nur in Zentralasien, sondern auch in Europa und in Indien gefunden. Seine größte Häufigkeit konzentriert sich aber auf eine Region nördlich des Schwarzen Meeres. M17 wird auch als „indoeuropäischer Gentyp“ bezeichnet, weil seine Träger vermutlich das so genannte „Proto-Indoeuropäisch“ (PIE) sprachen, aus dem sich die heutigen indoeuropäischen (wir sagen auch: indogermanischen) Sprachen entwickelt haben, zu denen die meisten europäischen, aber auch indische Sprachen gehören.

Der letzte Haplotyp, der für uns Europäer von Bedeutung ist und hier erwähnt werden muss, ist M172, eine Variante, die vermutlich im Nahen Osten entstand und sich nach Europa und dann ebenfalls nach Indien hin ausgedehnt hat und die ihre höchste



Konzentration südlich des Schwarzen Meeres findet. Genetiker sprechen vom „mediterranen Gentyp“. Sprachwissenschaftler haben sich in der Vergangenheit darüber gestritten, ob unsere indoeuropäische Sprachgruppe ihren Ursprung aus der Region *nördlich* des Schwarzen Meeres oder, alternativ, *südlich* des Schwarzen Meeres genommen hat. Die größten Konzentrationen der Haplotypen M17 und M172 sind rund um das Schwarze Meer zu finden. Dies ist deswegen von großem Interesse, weil es die von mir vertretene Theorie stützt, nach der es am Schwarzen Meer eine Hochkultur gegeben hat, die durch die so genannte Schwarzmeerflut ausgelöscht wurde, welche vermutlich Ursprung der Sintflutgeschichte wurde. (Siehe dazu meinen Aufsatz „Die Schwarzmeerflut und die Sintflut“)

(2007)