

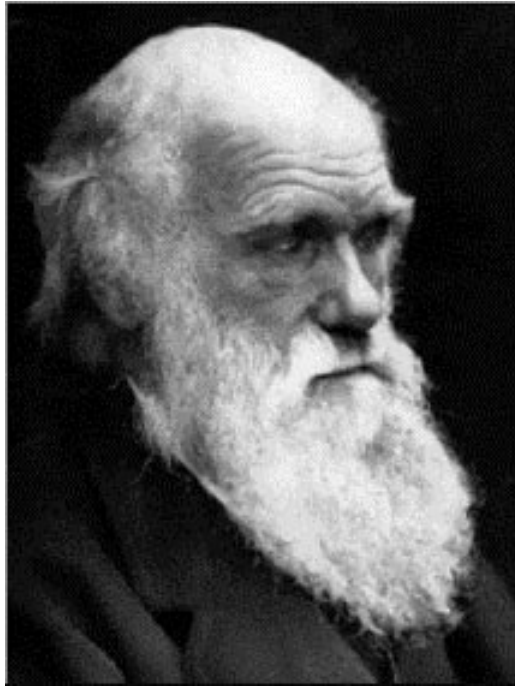
Evolution des Menschen

Populations- und Evolutionsbiologie

Lektion 14, 5.2.2003

Florian Schiestl





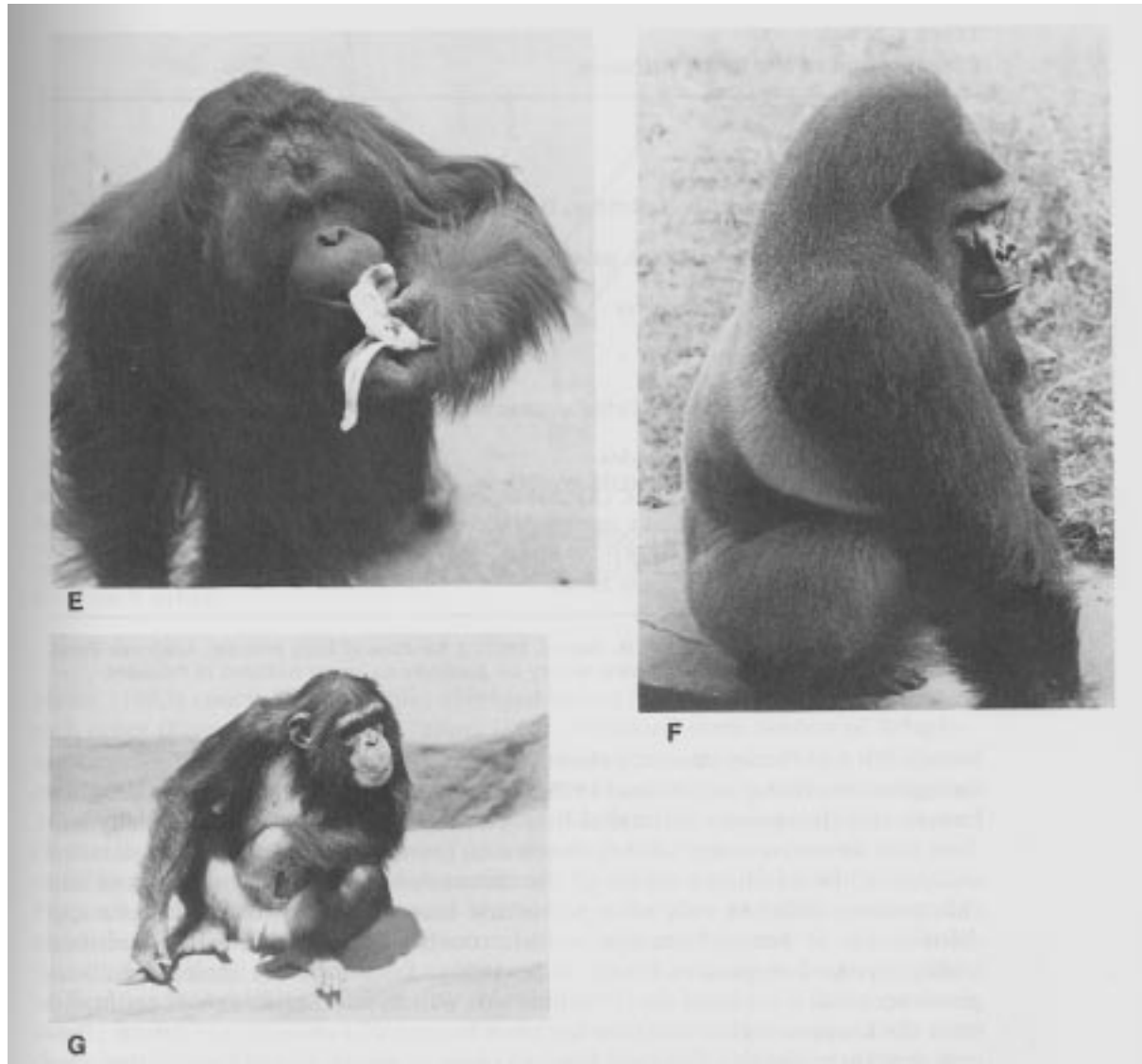
Charles Darwin (1874): *The Descent of Man*.
Crowell, New York

1) Phylogenie, Alter und Herkunft der Hominidae

Mensch steht den nächsterwandten Primaten sehr nahe:

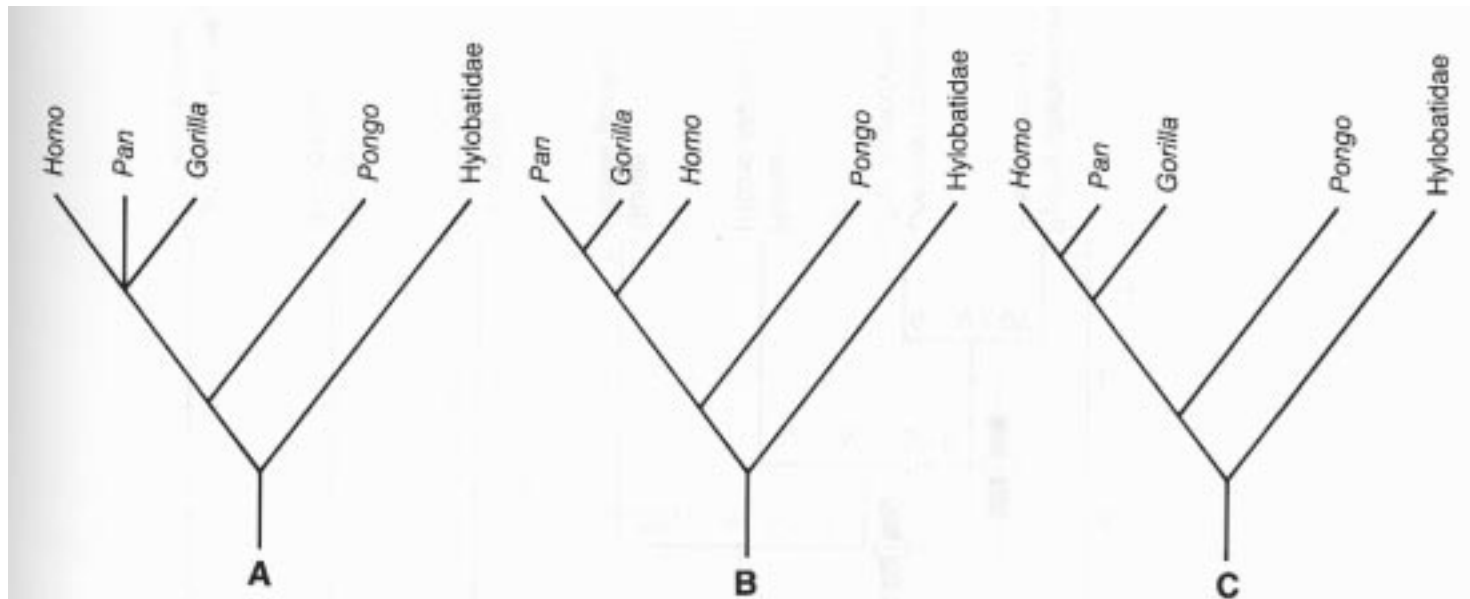
Menschen unterscheiden sich nur in 1,2% der DNA Basenpaare von nächstverwandten Affen (Schimpansen), (entspricht 40 Mill. Basenunterschieden im Genom).

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae



1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

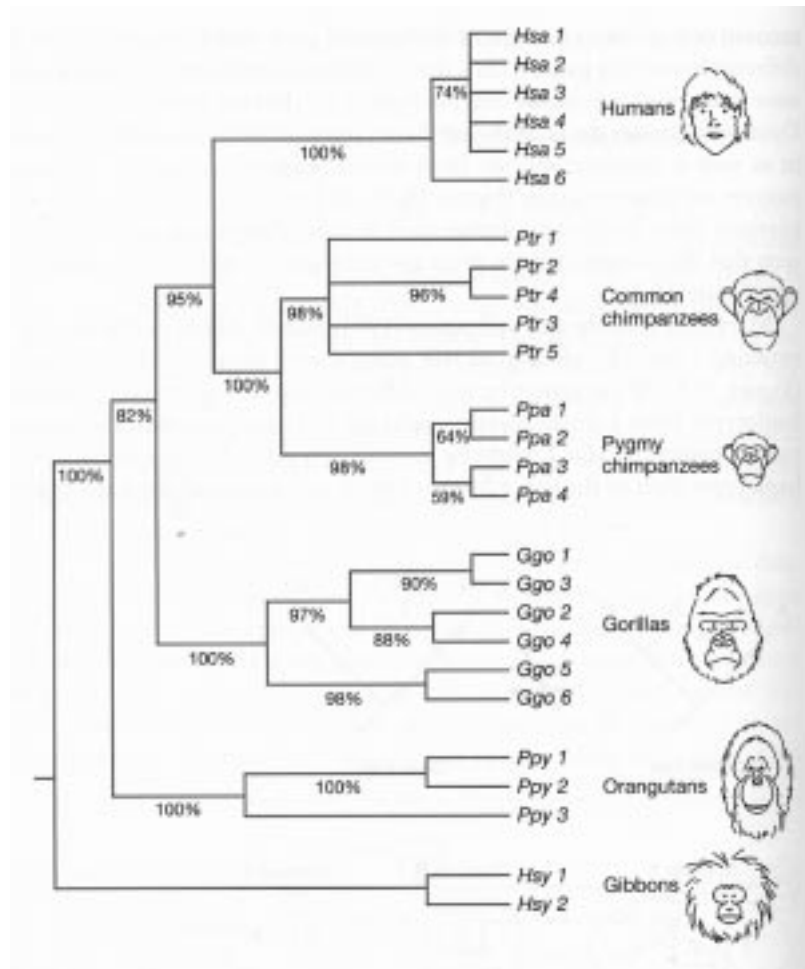
Phylogenie der Hominoidea, verschiedene Analysen



Futuyma (1986) Kap. 17, Fig. 2

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Molekularbiologische Daten: Schimpansen und Menschen sind Schwesterarten; Schwestergruppe dazu sind Gorillas. Hominidea stehen eher innerhalb der Pongidae



Freeman & Herron (2001) Fig. 16.6

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Traditionelle Klassifikation	Neue Klassifikation
<p>Ordnung Primaten Superfamilie: Hominoidea Familien:</p> <ul style="list-style-type: none">• Hylobatidae (<i>Hylobates</i>, Gibbons)• Pongidae (<i>Pan</i>, <i>Pongo</i>, <i>Gorilla</i>)• Hominidae (<i>Homo</i>)	<p>Ordnung Primaten Superfamilie: Hominoidea Familien:</p> <ul style="list-style-type: none">• Hylobatidae• Hominidae <p>Unterfamilien:</p> <p>Ponginae (<i>Pongo</i>) Homininae (<i>Gorilla</i>, <i>Pan</i>, <i>Homo</i>)</p>

Alter der verschiedenen Linien:

Molekulare Befunde: Schimpansen und Menschen haben sich vor ca. 4.6-5 Mill. Jahren abgespalten. Gorilla 0.3-2.8 Mill J. früher.

Paläontologische Befunde

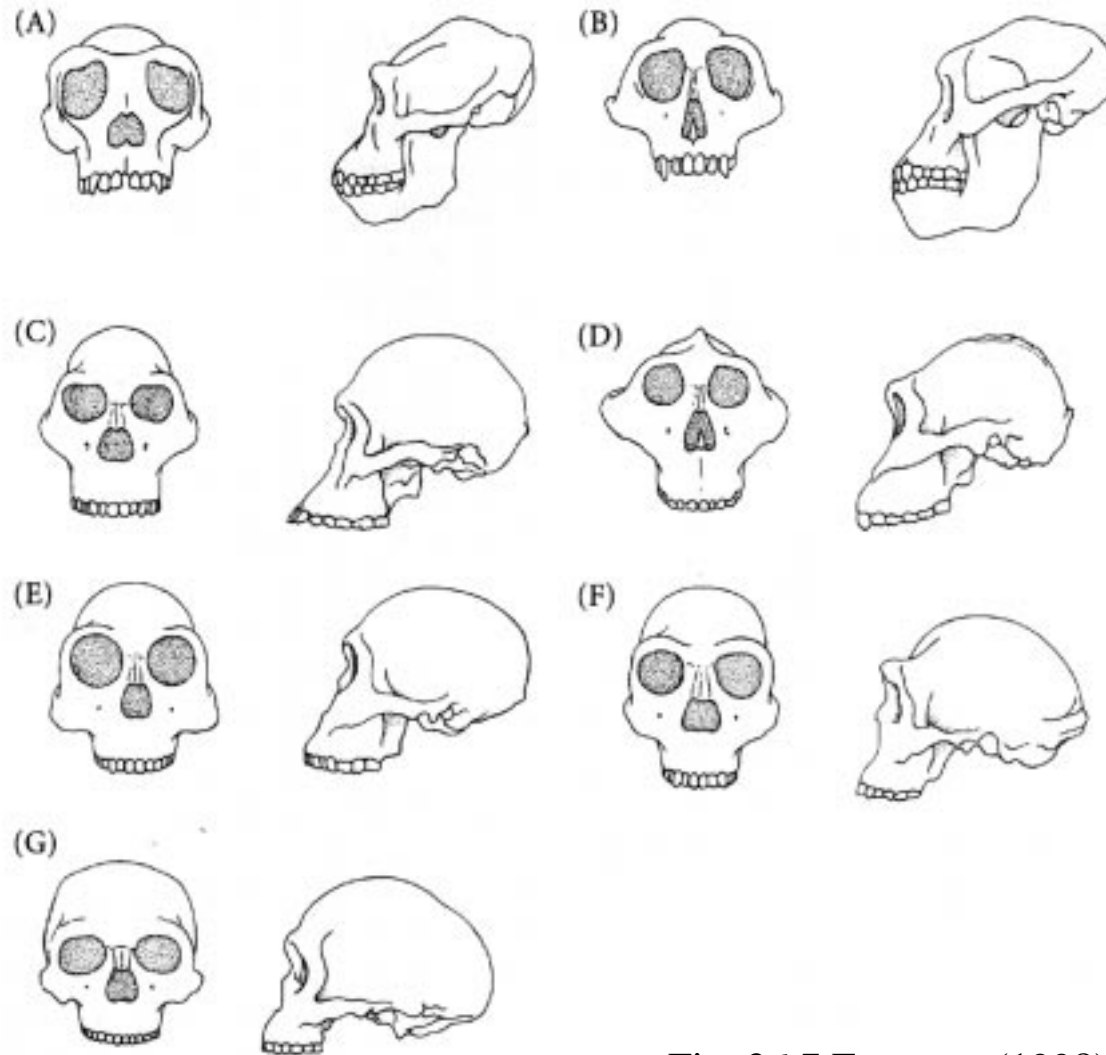
Der Mensch stammt aus Afrika: die ältesten Fossilien wurden/werden dort gefunden.

Fossilien zeigen Übergänge von affenartigen Vorfahren bis zu modernen Menschen.

Problem: zu wenig Fossilien um abzugrenzen, welche Arten (genetische Linien) ausstarben oder sich weiterentwickelten. Kontroversen über die richtige Artabgrenzung und Benennung der Fossilien.

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Pan (Schimpanse) – *Australopithecus* - *Homo*

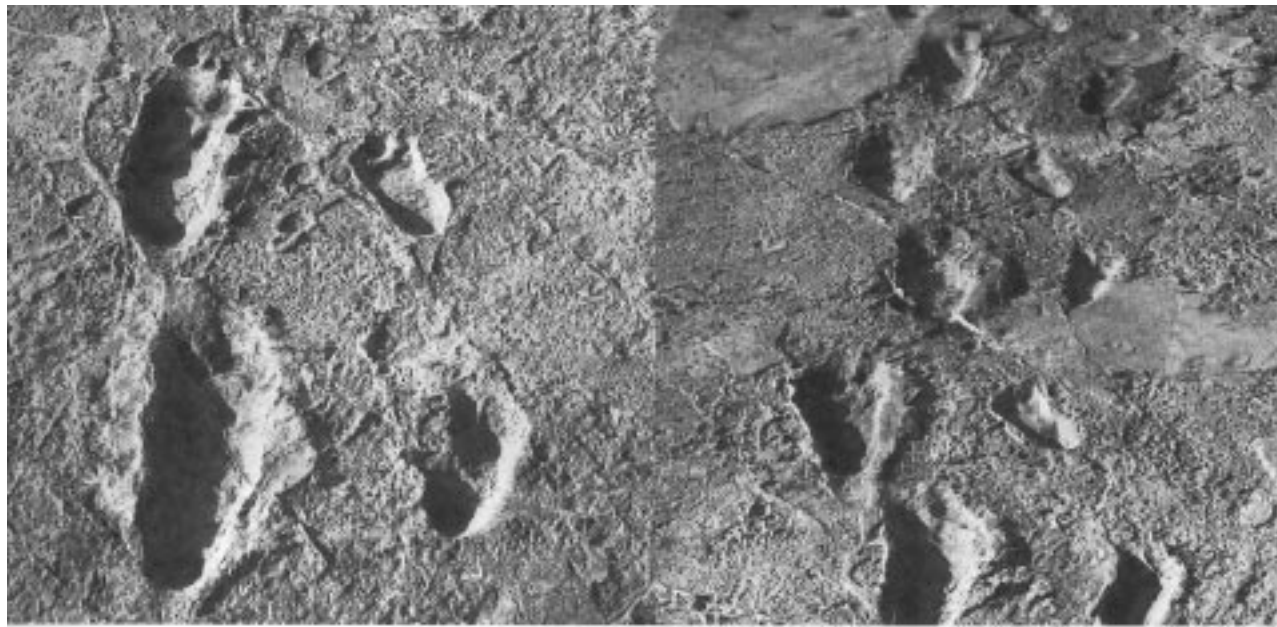


- A) Schimpanse
- B) *A. afarensis*
- C) *A. africanus*
- D) *A. boisei*
- E) *H. habilis*
- F) *H. erectus*
- G) *H. sapiens*

Fig. 26.7 Futuyma (1998) Evolutionary Biology

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Bisherige Annahme: Australopithecinen aus Süd- und Ostafrika sind ältesten Hominiden-Fossilien, bis zu 4 Mill. J. alt; aufrechter Gang (versteinerte Fussspuren von *Australopithecus* sp. gefunden, ca. 3,6 Mill. J. alt)



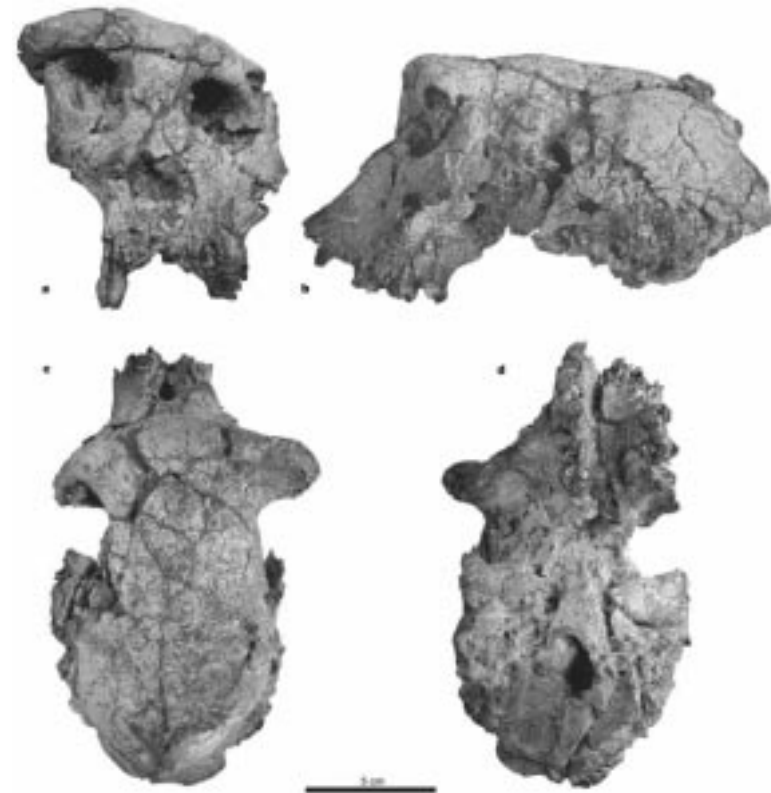
1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Neueste Funde: Hominiden Fossilien aus Zentralafrika (Tschad), die 6-7 Mill. J. alt sind - älteste bekannte menschliche Fossilien!

Neuer Genus: *Sahelanthropus tchadensis*

Datiert die Abspaltung der menschlichen Line von Schimpansen-Linie nach hinten.

Vorfahren des Menschen sind offenbar nicht nur in Ostafrika entstanden, sondern waren weiter verbreitet.

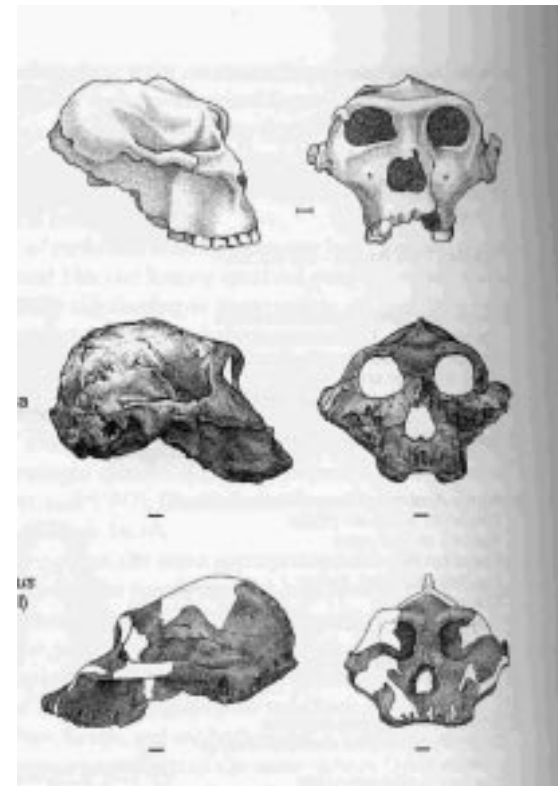


Brunet et al. (2002). Nature 418: 145-151.

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

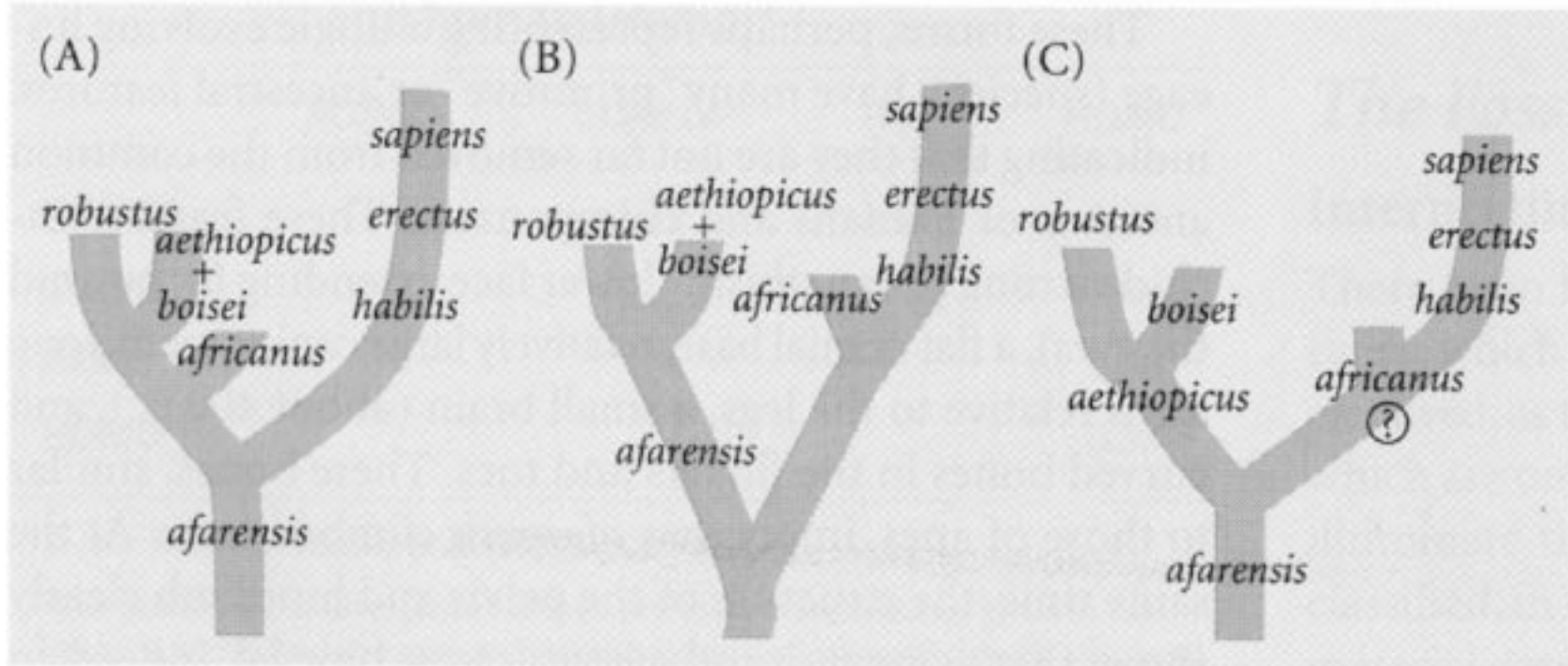
Australopithecus:

- grazile: z.B.: *A. afarensis* („Lucy“), *A. anamensis*, *A. africanus*; 3-4 Mill. J. alt. *A. africanus* ist möglicherweise ein Vorfahre von *Homo*
- robuste: z.B.: *A. aethiopicus*, *A. boisei*, *A. robustus*; 2.5-1.5 Mill. J. alt. Crista sagittalis und grosse Molare und Prämolare – wahrscheinlich Pflanzennahrung. Diese Linie ist wahrscheinlich ausgestorben.



1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Evolutionshypothesen von Australopithecus und Homo



1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Die Gattung *Homo*

H. habilis

H. erectus

H. sapiens, H. neanderthalensis

„Trends“ in *Homo*: Schädelvergrößerung

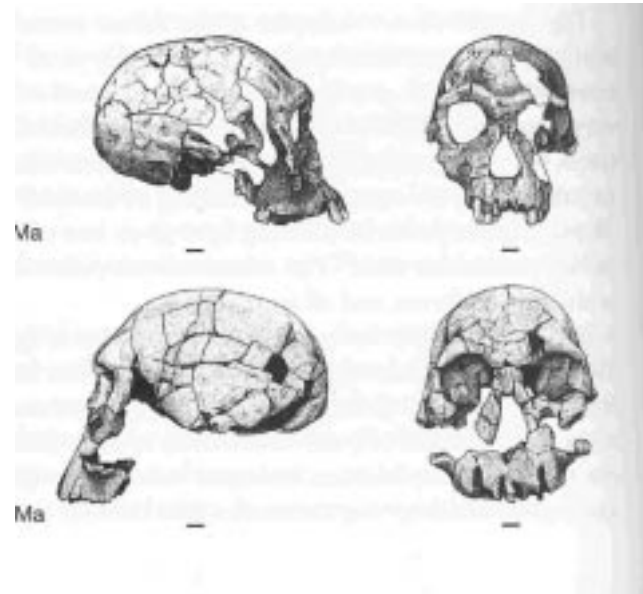
Kiefer kleiner

Gesicht relativ zum Kopf kleiner

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Homo habilis

(ca 2,4-1,6 Mill. J. alte Fossilien)

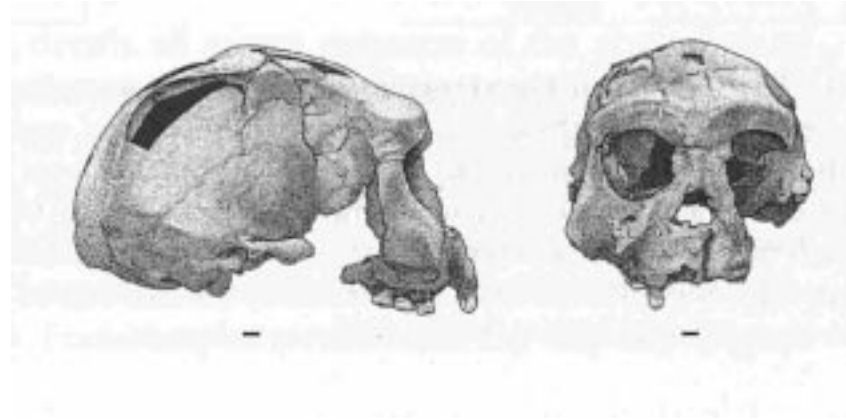


Übergang von *Australopithecus* zu moderneren *Homo*-
Formen; älteste Funde ähneln *A. africanus*, jüngere gehen in
H. erectus über. Werkzeuggebrauch.

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Homo erectus

1,5 – 0,2 Mill. J.



Die erste Art die Afrika verlässt (vor ca. 1 Mill J.): in Afrika, SO Asien (Peking Mensch, Java Mensch), später auch in Südeuropa Fossilien gefunden.

Kiefer verkleinert, Schädelvolumen vergrößert.
Werkzeuggebrauch, Verwendung von Feuer.

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae

Homo sapiens



Tritt ab ca. 200.000 J. BP (before present) auf. Zuerst in Afrika, später in Mittleren Osten, Europa und SO Asien.

Moderne Merkmale: Augenbrauenknochen kleiner, Foramen magnum wandert nach vorne, Kinn wird evident, Schädelvolumen vergrößert sich auf „modernes“ Niveau (ca 1400 cc) d.f. hohe Stirn.

1) Alter und phylogenetische Stellung der Hominidae



H. neanderthalensis

(oder *H. sapiens neanderthalensis*)

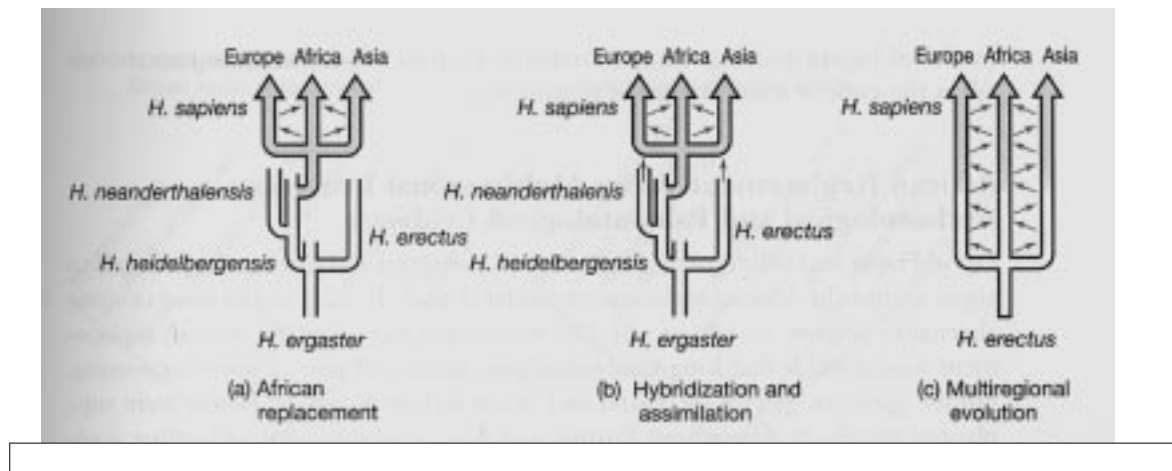
Tritt von 70.000-30.000 J. BP in Europa auf;
untersetzte Statur, stark ausgeprägte Brauen; sonstige Merkmale
modern (incl. Schädelvolumen); hat neben *H.sapiens* gelebt.

Warum verschwindet *H. neanderthalensis* vor 30.000 Jahren?
Vermischt oder verdrängt vom einwandernden *H. sapiens*;
klimatische Veränderungen könnten Rolle gespielt haben (*H.*
neanderthalensis war eine kälteadaptierte Art).

2) Ursprung von *H. sapiens*

1) Out-of-Africa-Hypothese (African replacement): der moderne Mensch ist in Afrika entstanden und hat sich von dort auf die ganze Erde verbreitet.

2) Multiregional Evolution Hypothese: Der moderne Mensch ist an vielen Stellen der Erde gleichzeitig aus *H. erectus* Vorfahren entstanden (Genfluss möglich).



Freeman & Herron, Fig. 16.12

Multiregional Evolution Hypothese:

Unterstützt von paläontologischen und archäologischen Daten.

Wenn *H. sapiens* *H. erectus* verdrängt hat (relativ rasch), dann müsste man von einer sprunghaften Technologie- und Waffenverbesserung ausgehen – Anhaltspunkte dafür fehlen.

Viele alte morphologische Merkmale, die bereits bei *H. erectus* zu finden sind, bestehen bis heute bei manchen *H. sapiens* Populationen. Z.B. Augenbrauenknochen bei Aborigines, Schneidezähne bei best. Asiatischen Völkern.

Out-of-Africa Hypothese:

Unterstützt von phylogenetischen Daten.

Alle modernen Menschen scheinen mit Fossilien aus Afrika näher verwandt zu sein, als lokale Formen mit lokalen Fossilien;

d.f. die Ähnlichkeiten lokaler Populationen mit *H. erectus* Fossilien müssten konvergent evolvierte Merkmale sein (Anpassungen an regionale Bedingungen).

Molekularbiologische Befunde

Beide Hypothesen arbeiten mit ähnlicher Annahme: Der Mensch hat sich von Afrika aus über die Erde verbreitet. Der Unterschied besteht im Zeitpunkt, wann dieser Prozess begann. Out-of-Africa: vor ca 200.000 J. Multiregional: vor 1,8 Mio J.

Molekularbiologische Untersuchungen („Molecular Clock“) sollten daher zeigen, wann sich afrikanische Populationen von nichtafrikanischen getrennt haben.

Molekularbiologische Befunde

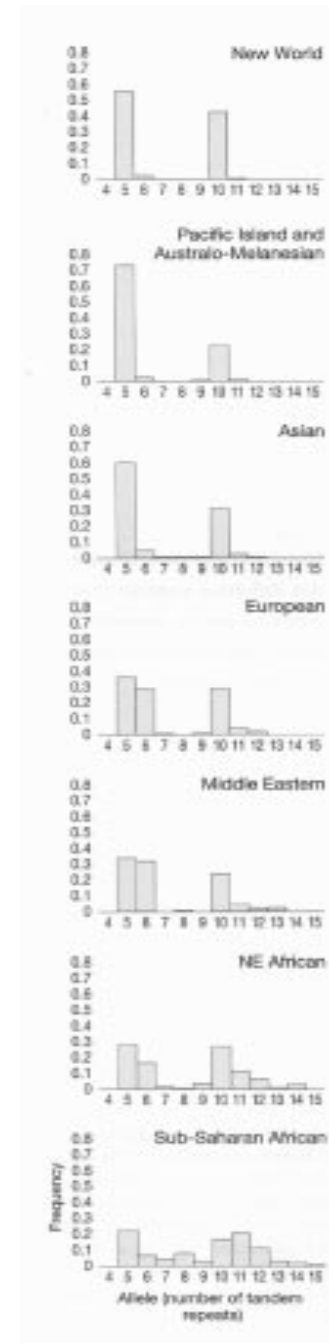
Genetische Untersuchungen (mitochondrialer DNA und Mikrosatelliten): Alter der Abspaltung von 300.000 – 70.000 Jahre, unterstützen daher die Out of Africa Hypothese.

Diese Daten wären mit Multiregional Hyp. kompatibel wenn starker Genfluss zw. Populationen angenommen würde (morphologischen Unterschiede?).

2) Ursprung von *Homo sapiens*

Afrikanische Populationen:
höhere Allelische variation
als andere Regionen:
stützt ebenso die
Out of Africa These
(founder-effekt)

Freeman & Herron, Fig. 16.17



2) Ursprung von *Homo sapiens*

Genetische Untersuchungen stützen die Out-of-Africa Hypothese. Alle *H. sapiens* Populationen stammen von Afrikanische *H. sapiens* Vorfahren die in letzten hunderttausend Jahren ausgewandert sind. Alle heutigen Unterschiede zw. den Rassen sind seither entstanden.

Aber: nach wie vor kontroversiell!

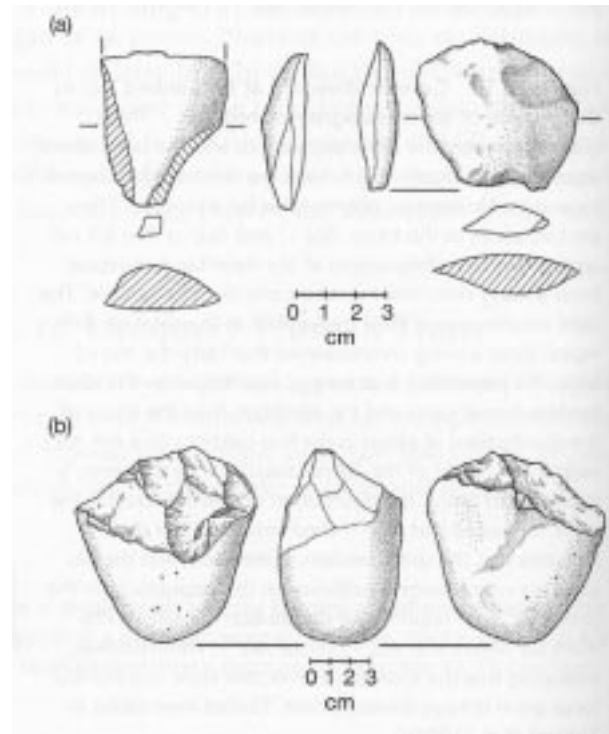
Evolution von spezifisch menschlichen Eigenschaften

- Herstellung und Gebrauch von komplexen Werkzeugen (Soziale Fähigkeiten des Menschen: effektive Weitergabe von Wissen durch Lernen von Anderen)
- Sprache

2) Ursprung von *Homo sapiens*

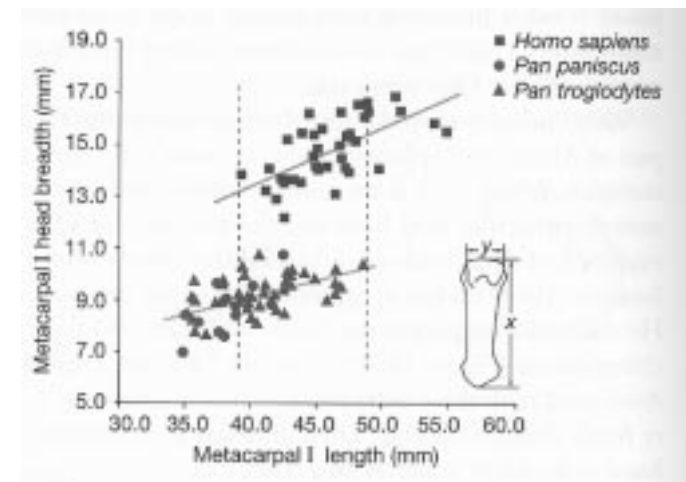
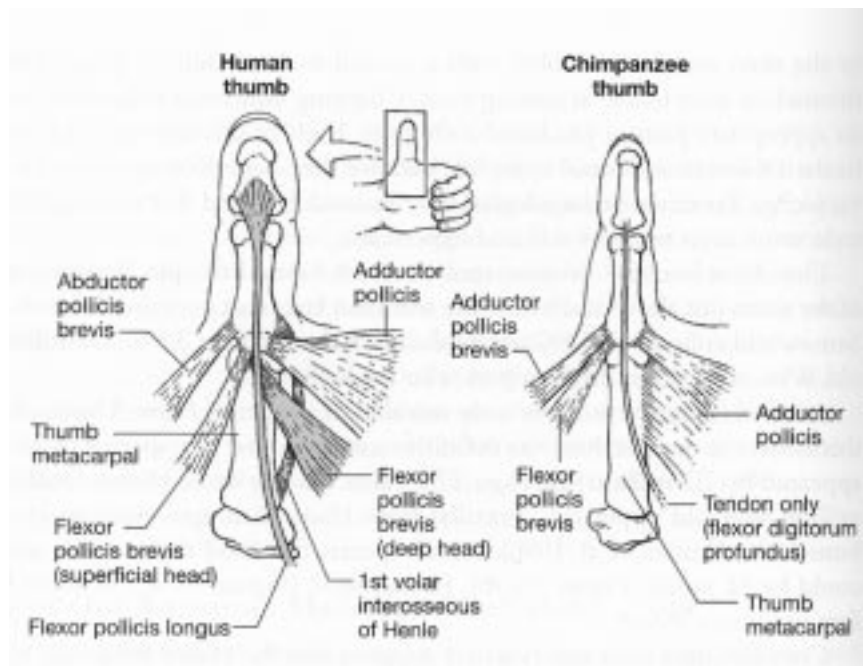
Werkzeuggebrauch

Früheste Werkzeuge: scharfe Steinsplinter, Handbeile;
in 2,5 Mill. J. alten Schichten gefunden. Gemacht von
Australopithecus oder *Homo*?



2) Ursprung von *Homo sapiens*

Besondere Anatomische Kennzeichen der menschlichen Hand: 3 zusätzliche Muskeln am Daumen, spezielle Form der Knochen; robuste Australopithecinen hatten bereits dieses Merkmal.



Freeman & Herron, Fig. 16.20,21

Herstellung von Kunstgegenständen:

Neueste Fundgegenstände (Schnitzereien aus Mammut-Elfenbein) aus dem Schwäbischen Jura sind wahrscheinlich über 30.000 Jahre alt und gehören zu den ältesten Zeugnissen menschlicher figurativer Kunst.



Conard (2003): Nature 426: 830-832

Sprache

Einzigartig beim Menschen; Sprachfähigkeit ist in bestimmter Hirnregion konzentriert. Homologe Region bei Schimpansen: Erkennen von Rufen und akk. Signalen, jedoch nicht f. Erzeugung von Lauten. Die Spezialisierung dieser Gehirnregionen auf Sprachkommunikation ist bei *Homo* einzigartig.

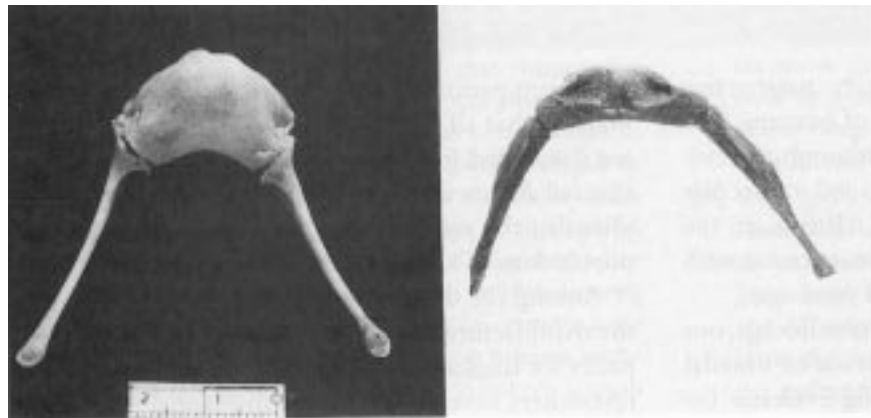
Wichtige Anatomische Merkmale beim Menschen: Lage des Kehlkopf („abgesenkt“) und Form des Hyoidknochen (Zungenbein), Ansatzpunkt f. Muskulatur, die beim Sprechen wichtig ist.

2) Ursprung von *Homo sapiens*

Wie alt ist die Sprache?

Kulturelle Befunde

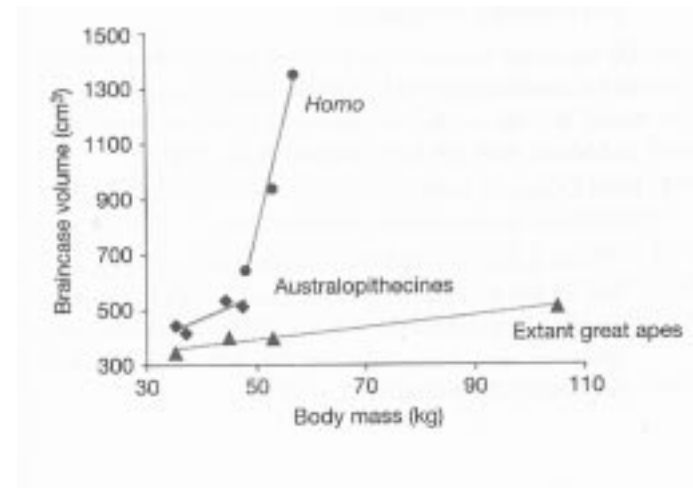
Anatomische Befunde: Zungenbein eines Neandertalers



Freeman & Herron, Fig. 16.22

2) Ursprung von *Homo sapiens*

Wie alt ist die Sprache?



Befunde vom Gehirn:

(Freeman & Herron, Fig. 16.12)

Gattung *Homo* hatte viel grösseres Gehirn relativ zum Körpervolumen; ist mit Kosten verbunden (trade-off)
Werkzeuggebrauch und Sprache würden Selektionsvorteile eines vergrößerten Gehirns darstellen.

Schädel von *H. habilis* zeigen bereits Vergrößerungen von Regionen die mit Sprache assoziiert. Möglicherweise ist Sprache schon 2 Mill. Jahre alt?

Spezifische genetische Unterschiede zw. Mensch und Menschenaffen

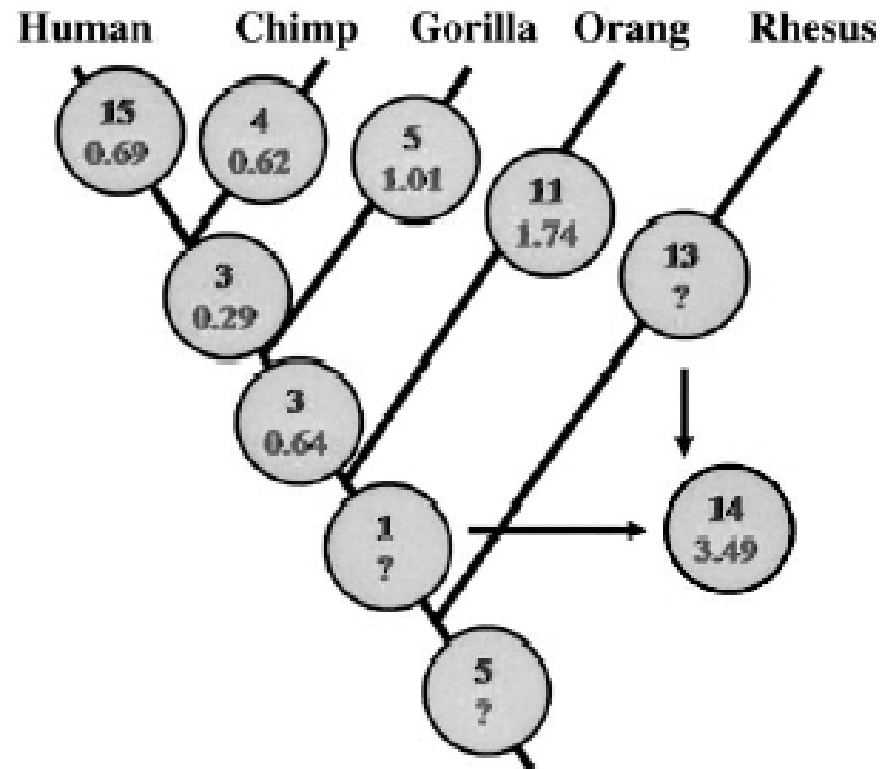
Verlust von Genen, die für olfaktorische Rezeptorproteine (ORG) verantwortlich sind. Grosse Genfamilie (ca. 1000 Gene), sie können zu Pseudogenen mutieren, d.h. durch den Einbau eines Stop-Codons nicht-funktionell werden.

Mensch: ca 50% der ORG sind pseudogene

Menschenaffen: ca. 30 %

Maus: ca. 15%

Menschliche Populationen zeigen eine viel höhere Anzahl an Pseudogenen für Olfaktorische Rezeptoren (rote Zahlen) in Relation zu ihrer genetischen Divergenz (blaue Zahlen): d.h. die Rate der Pseudogen-akkumulation ist beim Mensch stark erhöht.



3) Genetische Variation und Populationsstruktur

Der Mensch ist **eine** biologische Art.
Es gibt jedoch kulturell und soziologisch bedingte
Paarungsschranken („assortative mating“)

Gibt es Rassen beim Menschen?

Viele phänotypische Merkmale unterscheiden sich zw. Populationen: Haarfarbe, Haarstruktur, Hautfarbe, Statur, Form der Schneidezähne; Grundlage für Einteilung in Rassen: **Kaukasoid** (Europa, Westasien), **Negroid** (Afrika südl. d. Sahara), **Mongolid** (Ostasien und Amerika); Sonderfall: Australien und Polynesien.

Der Begriff Rasse wurde in der Vergangenheit häufig mit qualitativen Eigenschaften (wie z.B. Intelligenz) oder kulturellen Errungenschaften verknüpft – dies ist wissenschaftlich nicht haltbar!

Rassen werden z.T. heute noch tendenziös dargestellt.

Probleme beim Rasseneinteilung

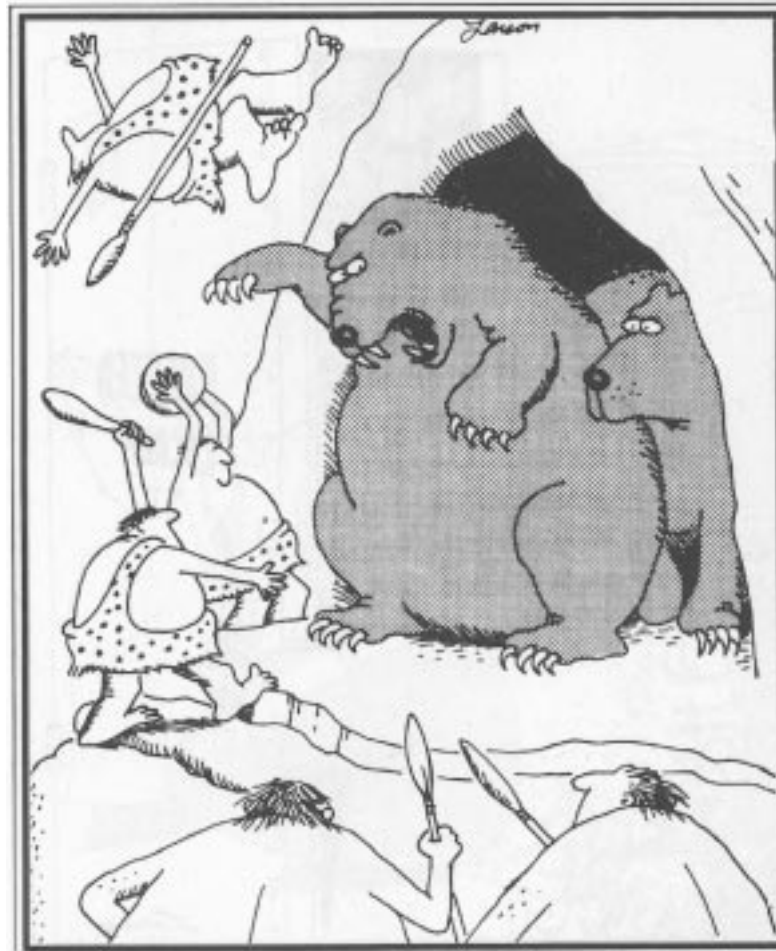
- Innerhalb der Rassen gibt es grössere Unterschiede als zwischen ihnen: z.B. innerhalb Afrika: Kongo Pygmäen gehören zu den kleinsten, Masai zu den grössten Menschen;
- Manche Merkmale z.B. Blutgruppen stimmen mit dieser Klassifizierung nicht überein
- Der genetische Unterschied ist innerhalb von Rassen gross, jedoch zwischen Rassen klein: 85% der genet. Variation ist zw. Individuen einer Rasse, und nur 8% zw. Lokalen Untereinheiten innerh. der Rassen und 7-9% zw. den Rassen zu finden.
- Genetische Distanz: (62 Protein loci) 0.011 (Kaukasoid-Mongolid) 0.029 (Mongolid – Negroid) : kleiner als typ. Wert bei Unterarten von Tieren (0.05)

Populationsstruktur

Vor ca. 10.000 Jahren: Weltbevölkerung ca. 10 Mill. Menschen; kleine, teilweise isolierte Gruppen, die als Jäger und Sammler lebten. Lokale Adaptationen und Drift war wichtig zur Ausbildungen von Unterschieden.

Vor ca. 8000 Jahren breitete sich Landwirtschaft aus. Höhere Populationszahlen, sesshafte Lebensweise. Es kommt aber auch zu grossen Wanderungen: ab 8000 v.Chr. breitet sich die landwirtschaftliche Kultur vom nahen Osten nach Europa aus (archäologische Funde).

3) Genetische Variation und Populationsstruktur



„Zum Kuckuck - Jedes Jahr tauchen mehr von diesen Dingen auf!“

3) Genetische Variation und Populationsstruktur

Ist die Ausbreitung der Landwirtschaft ein **kulturelles** (Übernahme der neuen Kultur durch fremde Völker) oder **demisches** (Wanderungen von Völkern die ihre Kultur mitbringen) Phänomen?

Hinweis auf demisch:

- geringe Geschwindigkeit der Ausbreitung (1km/Jahr)
- Sprachverteilung: Indoeuropäische Sprache: stammt wahrscheinlich aus Nahem Osten (Kleinasien) heute fast überall in Europa (ausser baskisch: Eurasiatisch, Finnisch, Ungarisch: Uralische Sprachfamilie)
- Verteilung der Genfrequenzen in Europa: Korrelation zw. genetischer und archäologischer Karten.

3) Genetische Variation und Populationsstruktur

Ausbreitung des
Ackerbaus in Europa;

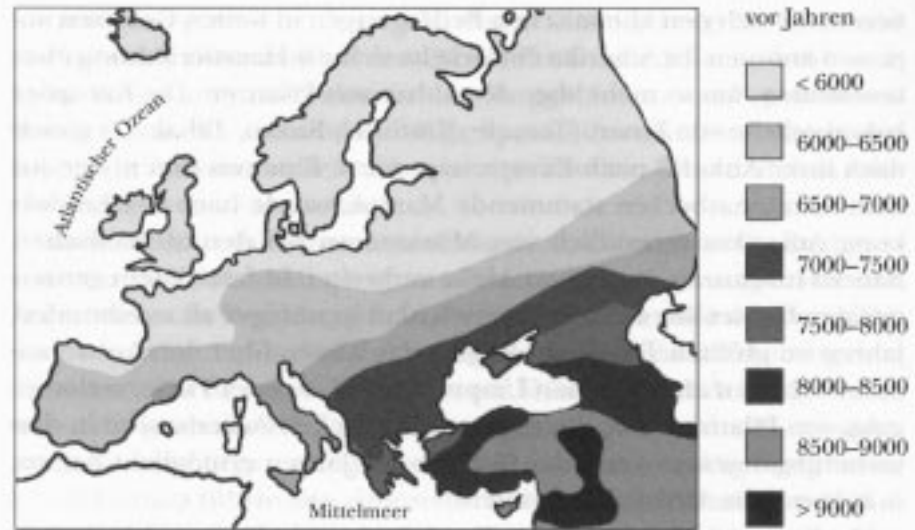


Abb. 6 Ausbreitung des Ackerbaus in Europa

Verteilung von
Genfrequenzen

(Cavalli-Sforza (1996)
Gene Völker Sprachen)

