

Die Wahrheit über Denisova & den Ursprung des Homo sapiens

Intro

Muss die Evolutionsgeschichte des Menschen neu geschrieben werden? War bisher alles, was wir über unsere Herkunft dachten, falsch? So könnte man meinen – zumindest, wenn man einigen Schlagzeilen zu jüngsten Fossilfunden aus Ostasien glaubt. Vor kurzem sorgte der sogenannte Yunxian-2-Schädel aus China für Aufsehen. Laut Medienberichten soll dieser Fund unser Verständnis der menschlichen Evolution völlig auf den Kopf stellen.¹

Der rund eine Million Jahre alte Schädel wurde bereits in den 1990er Jahren entdeckt und zunächst der Art *Homo erectus* zugeschrieben. Allerdings war das Fossil stark deformiert, sodass eine genaue Untersuchung lange Zeit schwierig blieb.

Eine neue Studie aus dem Jahr 2025 hat den Schädel nun digital rekonstruiert – mit überraschenden Ergebnissen.² Der Yunxian-Schädel zeigt ein Mosaik aus ursprünglichen und modernen Merkmalen: Die Schädelbasis und -größe erinnern an *Homo erectus*, während Gesichtszüge und Zahnmerkmale bereits an den modernen Menschen (*Homo sapiens*) erinnern.

Die Forscher ordnen das Fossil einer relativ neu beschriebenen Art, *Homo longi* zu, zu denen auch die mysteriösen Denisova-Menschen dazu gehören sollen. Laut der neuen Studie sollen sich Denisova-Menschen und *Homo sapiens* bereits vor rund einer Million Jahren getrennt haben – und die Neandertaler sogar noch früher, vor etwa 1,3 Millionen Jahren. Das ist deutlich älter als bisherige Schätzungen, die meist von einer Trennung vor 400.000 bis 800.000 Jahren ausgehen.

Auf Grundlage dieser alten Divergenz und des Fundorts des Yunxian-Schädel wird schließlich eine weitreichende Hypothese formuliert: Der Ursprung des modernen Menschen könnte in Ostasien liegen – nicht in Afrika. Das steht im klaren Gegensatz zur bislang durch Fossil- und Genetikdaten gestützten „Out-of-Africa-II“-Hypothese, die den Ursprung des *Homo sapiens* eindeutig in Afrika verortet.

Also: Muss die Evolutionsgeschichte des Menschen jetzt wirklich komplett umgeschrieben werden? Ist alles, was wir bisher dachten, hinfällig? Ich kann euch beruhigen – oder enttäuschen, je nachdem, wie ihr's seht:

¹ Z. B. <https://web.de/magazine/wissen/geschichte/schaedelfunde-homo-sapiens-aelter-urspruenglich-gedacht-41468330> https://www.br.de/nachrichten/wissen/ist-homo-sapiens-aelter-als-angenommen-schaedel-fund-china_Uz76TJC <https://www.bbc.com/news/articles/cdx01ve5151o>

² Feng et al. (2025). The phylogenetic position of the Yunxian cranium elucidates the origin of *Homo longi* and the Denisovans. *Science* 389(6767):1320-1324
<https://www.science.org/doi/10.1126/science.ado9202>

Die neuen Ergebnisse sind faszinierend und liefern spannende neue Ansätze, aber sie stellen die menschliche Evolution nicht völlig auf den Kopf. Warum das so ist – und was diese Studie tatsächlich bedeutet – erkläre ich euch in diesem Video. Bleibt also dran. Abonniert am besten auch den Kanal und hinterlasst ein Like und ein Kommentar, damit das Video schön gepusht wird und wir die Wahrheit über die Denisova-Menschen weiterverbreiten können.

Tatsächlich musste die Evolutionsgeschichte des Menschen noch nie komplett neu geschrieben werden. Natürlich haben sich im Laufe der Forschung viele Details verändert, verfeinert oder neu erklärt – aber das große Gesamtbild steht nach wie vor stabil.

Um die Geschichte wirklich neu zu schreiben, müsste man sie erst einmal einreißen – also alles, was wir bisher dachten, als grundlegend falsch entlarven. Das wäre zum Beispiel der Fall, wenn wir plötzlich herausfänden, dass der Mensch gar kein Menschenaffe ist, sondern enger mit Lemuren verwandt. Und – Überraschung – so etwas ist bisher nicht passiert.

Evolution des Menschen im Schnelldurchlauf³

Machen wir erstmal einen gewaltigen Schnelldurchlauf in der Evolution des Menschen.

Wir Menschen gehören innerhalb der Säugetiere in die Ordnung der Primaten, zur Unterordnung der Trockennasenprimaten und Teilordnung der Anthropoidea, den Affen. Innerhalb der Anthropoidea zu den Altweltaffen und dort zu der Überfamilie der Menschenartigen (Hominoidea). Die Hominoidea teilen sich in zwei Familien: die Gibbons (Hylobatidae) und die großen Menschenaffen, die Hominidae. Zu den Hominidae gehören die Gattungen Orang-Utans, Gorillas, Schimpansen und Menschen. Die zwei Arten der Gorillas und die zwei Arten des Schimpansen – Bonobos und eigentlicher Schimpanse – sowie die Menschen bilden die Unterfamilie der Homininae oder afrikanische Menschenaffen. Die Schimpansen und Bonobos sind unsere engsten Verwandten und jene (fossilen) Arten, die mit uns enger verwandt sind als mit den Schimpansen, werden als Hominini bezeichnet, der andere zu den Schimpansen führende Evolutionszweig wird als Panini bezeichnet, benannt nach dem Gattungsnamen der Schimpansen, *Pan*.

Der Schädel des modernen Menschen zeichnet sich durch einige einzigartige Merkmale aus: Im Vergleich zu einem Menschenaffen aus dem Miozän oder den anderen modernen Menschenaffen hat *Homo sapiens*, der wissenschaftliche Name für unsere Art, kleinere Zähne, ein Merkmal, das sich am deutlichsten an den Eckzähnen zeigt. Außerdem haben wir größere Gehirne und im Vergleich zu anderen lebenden Menschenaffen haben wir ein flacheres, orthognatisches, also senkrechteres

³ Siehe als guten Überblick: Friedemann Schrenk (2019): Die Frühzeit des Menschen. Der Weg zum *Homo sapiens*. München: C. H. Beck

Gesicht und schwache Überaugenwülste. Wir haben einen vergleichsweise runden Hirnschädel und eine hohe Stirn. Der Mensch ist zweibeinig, was zahlreiche Skelettmerkmale mit sich bringt, die sich deutlich von denen eines baumbewohnenden Menschenaffen aus dem Miozän unterscheiden. Dazu gehören ein vorderes Foramen magnum, eine X-Beinstellung, eine einzigartige Fußmorphologie, lange Hintergliedmaßen, eine doppel-s-förmige Wirbelsäule und ein schüsselförmiges Becken, neben anderen kleineren Merkmalen. Der Mensch benutzt auch eine Vielzahl von Werkzeugen und hat einen knöchernen Vorsprung, den wir Kinn nennen. Diese Merkmale entwickeln sich im Laufe der Zeit langsam über die Hominini bis zu unserer eigenen Art, dem *Homo sapiens*, der sie alle aufweist.

Wie es in der Natur der Evolution liegt, bedeutet dies auch, dass die ersten Hominini schwer zu erkennen sind, aber theoretisch einige für diese Gruppe diagnostischen Merkmale aufweisen sollten.

Die frühen Vertreter der Hominini wirken vor allem im Bau ihres Schädelns „affenähnlicher“ – haben also eine relativ kleine Gehirngröße und ein hervorstehendes Gesicht. Was sie aber auszeichnet ist die Fortbewegung auf zwei Beinen, erkennbar durch bestimmte Skelettmerkmale wie der Form des Beckens oder des Foramen magnum an der Schädelbasis. Wichtige Gattungen dieser frühen Hominini waren *Sahelanthropus*, *Ardipithecus* und *Australopithecus*. Der aufrechte Gang, also die dominierende Fortbewegungsweise mit zwei Beinen auf dem Boden, war der erste entscheidende Schritt in der Evolution des Menschen und diese zunehmende Optimierung dieser Fortbewegungsweise sehen wir in den drei erwähnten Gattungen. Dadurch wurden die Hände frei und wandelten ihre Funktion vom Greiforgan in Richtung Präzisionsorgan für den Gebrauch von Werkzeugen. Werkzeuge werden natürlich auch von allen anderen heute lebenden Menschenaffen genutzt, in unserer Evolutionsgeschichte werden sie aber immer wichtiger, ja geradezu obligatorisch. Der Gebrauch von Werkzeugen ermöglicht neue Optionen: die Nutzung von vorher nicht zugänglichen Nahrungsquellen und die Besetzung ökologischer Nischen, die die Anatomie alleine nicht hergeben würde. Diese zusätzlichen Nahrungsquellen begünstigen die Aufrechterhaltung kostenintensiver Organe, hier vor allem große Gehirne.

Das Gehirn ist ein außerordentlich energiehungriges Organ. Obwohl es nur rund zwei Prozent unserer Körpermasse ausmacht, verbraucht es im Ruhezustand etwa zwanzig Prozent der gesamten Energie, die wir über Nahrung aufnehmen. In der Natur, wo Nahrungsressourcen grundsätzlich knapp sind, ist ein solches Organ also ein teurer Luxus – man muss es sich gewissermaßen leisten können. Der Werkzeuggebrauch spielte dabei eine entscheidende Rolle: Er eröffnete Zugang zu neuen Nahrungsquellen und steigerte die Effizienz beim Sammeln und Verarbeiten von Nahrung. Dadurch hatten Individuen mit leicht größeren Gehirnen einen evolutionären Vorteil – sie konnten sich besser anpassen, erfolgreicher überleben und ihre Gene an die nächste Generation weitergeben.

Die Gattung Homo wird im Fossilbericht vor allem durch den nachweisbaren Gebrauch von Steinwerkzeugen definiert. Mit hoher Wahrscheinlichkeit nutzten bereits einige der früheren Hominini einfache Werkzeuge – doch bislang fehlt dafür der eindeutige paläontologische Beleg.

Die ersten Vertreter der Gattung Homo traten vor etwa 2,8 Millionen Jahren in Afrika auf, darunter Arten wie *Homo habilis* und *Homo rudolfensis*. Mit einer Gehirngröße von 500 bis 800 Kubikzentimetern lagen sie zwar noch im oberen Bereich der australopithecinen Vorläufer, doch sie nutzten nachweislich Steinwerkzeuge – ein entscheidendes Merkmal, das den Beginn der technologischen Entwicklung des Menschen markiert.

Im Verlauf der Evolution kam es zu einer deutlichen Zunahme des Gehirnvolumens, vor allem bei jener Art, die als *Homo erectus* bekannt ist. Dieser breitete sich vor etwa zwei Millionen Jahren von Afrika aus in Richtung Eurasien aus und entwickelte sich dort zu weiteren Formen – unter anderem zu den Neandertalern und den Denisova-Menschen. Diese erste große Auswanderungswelle wird als „Out-of-Africa I“ bezeichnet.

In Afrika selbst blieben Populationen von *Homo erectus* zurück, aus denen sich schließlich der moderne Mensch, *Homo sapiens*, entwickelte. Vor rund 70.000 Jahren begann auch *Homo sapiens*, Afrika zu verlassen und sich über den gesamten Globus auszubreiten – die zweite große Migrationswelle, bekannt als „Out-of-Africa II“.

Der mittelpleistozäne Swinger-Club

Aber tatsächlich ist die Evolution des Menschen gerade seit Out-of-Africa-I etwas komplizierter und verwirrender.

Beginnen wir mit *Homo erectus*: Hier streiten sich Paläoanthropologen, ob es sich bei *Homo erectus* um eine Art oder um viele handelt. Denn chronologisch und morphologisch handelt es sich um eine sehr vielfältige Gruppe. Fasst man alle Funde zusammen spricht man von *Homo erectus* sensu lato. Sensu lato ist der Begriff, der sich auf die weiteste Definition einer Art bezieht und unzählige Exemplare einschließt, von denen andere meinen, dass sie zu ihrer eigenen Art gehören sollten. *Homo erectus* sensu lato besteht aus einigen Exemplaren, die sehr alt sind und basal aussehen, und anderen, die viel jünger und abgeleiteter sind, also dem modernen Menschen eher ähneln. Dies und die Tatsache, dass die Exemplare über einen Zeitraum von fast 2 Millionen Jahren gefunden wurden, hat einige Paläoanthropologen zu der Auffassung veranlasst, dass die Art in mindestens drei Gruppen unterteilt werden sollte: *Homo erectus*, *Homo ergaster* und *Homo georgicus*. Dieser Definition nach fasst *Homo erectus* (man würde dann hier von sensu stricto sprechen) nur die (ost)asiatischen Funde zusammen und auch diese zeigen eine morphologische Vielfalt, die wir gleich behandeln werden.

Es wird aber sogar noch komplizierter, wenn wir uns die Funde aus dem Mittelpleistozän anschauen, also der Zeit von etwa 800.000 bis 130.000 Jahren vor heute. In dieser erdgeschichtlichen Phase finden sich viele Hominini-Fossilien mit einer breiten morphologischen Vielfalt und vor allem auch Überlappung der Merkmale, sodass die Verwandtschaftsverhältnisse nur schwer zu überblicken sind. Neben eher eindeutigen Fossilien wie den Neandertalern und dem *Homo sapiens* (der in eine archaische und moderne Form eingeteilt werden kann, basierend auf morphologischen Details wie dem Vorhandensein oder Fehlen von Überaugenwülsten), lebten im Mittelpleistozän *Homo heidelbergensis* und *Homo antecessor* in Europa, *Homo bodoensis* in Afrika, der als afrikanischer *Homo heidelbergensis* gilt, sowie die Denisova Menschen und spätere *Homo erectus*-Formen in Ostasien. Zudem existierten noch einige Zwergformen wie *Homo floresiensis* in Indonesien und *Homo naledi* in Südafrika. Wir haben also eine Vielfalt an *Homo*-Arten, bei denen aufgrund von Merkmalsmosaiken die Lage nicht ganz klar ist, wer mit dem verwandt ist.

Wir verfügen mittlerweile über eine beeindruckende Zahl an Schädel- und Kieferfossilien verschiedenster Hominiden, die in dieser Zeit lebten. Je nach den morphologischen Kriterien, die man zur Einordnung heranzieht, lassen sich diese Funde auf teils sehr unterschiedliche Weise gruppieren. Gerade aus Ostasien stammen zahlreiche Fossilien aus dem Mittelpleistozän, die ursprünglich meist als *Homo erectus* klassifiziert wurden – inzwischen aber eine bemerkenswerte Formenvielfalt zeigen. In den letzten Jahren wurden daher immer wieder neue Arten vorgeschlagen, um dieser Vielfalt gerecht zu werden. Dazu gleich mehr.

Und um die Sache noch etwas komplizierter zu machen: Viele dieser Populationen haben sich offenbar untereinander gekreuzt. Das Mittelpleistozän war also nicht nur eine Zeit großer Artenvielfalt innerhalb der Gattung *Homo*, sondern – wenn man es pointiert ausdrücken möchte – eine Art pleistozäner Swingerclub. Eine evolutionsbiologische Orgie, die wohl jeden Vertreter des Kukluxklans oder sonstiger Fans von genetisch reinen Linien, und auch so manchen zölibatären Fundamentalisten jenseits von Messdienerbetreuern an die Grenzen ihrer Belastbarkeit gebracht hätte.

Denisova-Menschen

Mittlerweile können von einigen dieser Fossilien Proteine und Genome extrahiert und mit dem modernen Menschen verglichen werden und was diese genetischen Daten belegen ist, dass Neandertaler und *Homo sapiens* sich untereinander vermischt haben. Laut genetischen Analysen ist aber nicht der *Homo sapiens* der engste Verwandte des Neandertalers, sondern die mysteriösen Denisova-Menschen. Von diesen Frühmenschen waren erstmal nur die Genome bekannt. Das fossile Material der Denisova-Menschen bestand zunächst aus Knochenfragmenten, ein Teil eines Unterkiefers und eine Handvoll Zähne. Diese Überreste wurden zuerst in der Denisova-Höhle im heutigen Sibirien gefunden. Aufgrund der eisigen Temperaturen dachten die Wissenschaftler daran, die DNA aus den Überresten zu extrahieren, in der

Hoffnung, dass die Kälte einen Teil der DNA konserviert hatte. Das war der Fall, und als die DNA analysiert wurde, stellte sich heraus, dass sie sich sowohl vom Neandertaler als auch vom *Homo sapiens* unterschied und zu einem dritten, bisher unbekannten Homininen gehörte.⁴ Einige der Überreste in der Denisova-Höhle enthüllen ein faszinierendes Geheimnis: Die DNA des langen Knochenfragments gehörte zu einer Kreuzung der ersten Generation zwischen einem weiblichen Neandertaler und einem männlichen Denisova-Menschen.⁵ Die als "Denny" bezeichneten Überreste gehörten zu einem jungen Mädchen im Alter von etwa 13 Jahren und zeigen, dass Hybridisierung zwischen Denisova-Menschen und Neandertalern keine Seltenheit war. Auch der *Homo sapiens* hat sich mit beiden Arten gekreuzt, da der moderne Europäer im Durchschnitt 2 % Neandertaler-DNA und der moderne Südostasiate 4-6 % Denisova-DNA aufweist. Neandertaler-DNA findet sich interessanterweise auch in einigen afrikanischen Populationen, jedoch in geringeren Spuren, weil wohl einige *Homo sapiens* sich nach ihrer alten Heimat sehnen.⁶

Aber damit nicht genug: es dürften mit Sicherheit noch weitere genetische Vermischungen mit anderen Hominiden stattgefunden haben, denn in unseren Genomen finden sich archaische Sequenzen, die weder dem Neandertaler noch den Denisovas zugeordnet werden können. Man bezeichnet diese unbekannten genetischen DNA-Signaturen als Geisterlinien, weil wir von diesen kein fossiles Material haben.⁷ Vielleicht sind es Vertreter des *Homo erectus* oder *Homo heidelbergensis* – von diesen ist aber noch kein genetisches Material bekannt.

⁴ Siehe z. B.:

- Krause, et al. (2010). The complete mitochondrial DNA genome of an unknown hominin from southern Siberia. *Nature* 464(7290): 894–897. <https://www.nature.com/articles/nature08976>
- Reich et al. (2010): Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468(7327): 1053–1060. <https://www.nature.com/articles/nature09710>

⁵ Meyer et al. (2012): A High-Coverage Genome Sequence from an Archaic Denisovan Individual.

Science 338(6104):222–226, <https://www.science.org/doi/10.1126/science.1224344>

⁶ Siehe:

- Hammer, M. F. et al. (2011): Genetic evidence for archaic admixture in Africa. *PNAS*. 108(37): 15123–15128, <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.1109300108>
- Sánchez-Quinto, F. et al. (2012): North African Populations Carry the Signature of Admixture with Neanderthals. *PLoS ONE*. 7(10): e47765, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23082212/>

⁷ Siehe z. B.:

- Durvasula, A., & Sankararaman, S. (2020). Recovering signals of ghost archaic introgression in African populations. *Science Advances*, 6(7), eaax5097. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aax5097>
- Lachance et al. (2012). Evolutionary History and Adaptation from High-Coverage Whole-Genome Sequences of Diverse African Hunter-Gatherers. *Cell*, 150(3), 457–469. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.07.009>
- Lipson et al. (2020). Ancient West African foragers in the context of African population history. *Nature*, 577(7792), Article 7792. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-1929-1>
- Patterson et al. (2012). Ancient Admixture in Human History. *Genetics*, 192(3), 1065–1093. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.145037>
- Prüfer et al. (2014). The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*, 505(7481), 43–49. <https://doi.org/10.1038/nature12886>
- Rogers et al. (2020). Neanderthal-Denisovan ancestors interbred with a distantly related hominin. *Science Advances*, 6(8), eaay5483. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay5483>
- Populärwissenschaftlicher Überblick in: <https://www.johnhawks.net/p/ghost-populations-in-human-origins>

Vielleicht werden wir diese Hominiden niemals finden, da sie niemals zum Fossil geworden sind.

Vielleicht wird sich der ein oder andere Fragen wie es sein kann, dass verschiedene Arten, *Homo sapiens*, *homo neanderthalensis* und weitere sich untereinander kreuzen konnten. Vielleicht erinnert ihr euch noch an den Biologie-Unterricht, wo Arten danach definiert werden, dass sie sich untereinander fruchtbar kreuzen können. Das wäre das biologische Artkonzept. Doch Artdefinitionen sind nicht so einfach und Biologen unterscheiden mehrere davon, es sind etwa 30 verschiedene bekannt. Vergesst nicht: Evolution ist ein kontinuierlicher Prozess von Generationenabfolgen. Neue Arten entstehen durch die Aufspaltung von Populationen, die sich voneinander isolieren und so kein genetisches Material mehr austauschen. In den einzelnen Populationen sammeln sich einzelne Merkmale an und wenn nach genügend Generationen die isolierten Populationen wieder aufeinander treffen ist ein genetischer Austausch nicht mehr möglich. Da Artbildungsprozesse oftmals hunderte oder tausende von Generationen dauern – es gibt hier keine feste Regel, wie lange es dauern muss – kann es in den dazwischenliegenden Generationen zu einer genetischen Durchmischung kommen. Wichtig ist hier anzumerken, dass das Ganze nicht komplett willkürlich passiert. Solche Hybridisierungen kommen zwischen phylogenetisch nah verwandten Arten vor, die sich vor relativ kurzer Zeit abgespalten haben, wie bei den Mittelpleistozänen Vertretern der Gattung *Homo*. Artbildungen spiegeln also den phylogenetischen Stammbaum wider und sind nicht chaotisch im Stammbaum des Lebens verteilt.⁸ Tatsächlich war die genetische Trennung zwischen *Homo sapiens* und Neandertalern schon relativ weit fortgeschritten: im Y-Chromosom finden sich keine Spuren von Neandertaler-DNA. Offensichtlich waren männliche Neandertaler-Sapiens-Hybriden unfruchtbar und die fruchtbaren weiblichen Hybriden konnten sich nur entweder mit reinen *Homo sapiens* oder reinen Neandertalern fruchtbar kreuzen.⁹ Dasselbe trifft auch auf die Denisova-Menschen zu und das erklärt, warum der genetische Anteil von beiden Menschenarten in unserem Genom im einstelligen Prozentbereich liegt. Ein weiblicher Neandertaler-Sapiens-Hybride ist zu 50% Sapiens und zu 50% Neandertaler. Kreuzt man sich als Hybride mit einem Sapiens, wird der Neandertaler-Anteil im Genom etwa 25% und mit jeder weiteren Kreuzung mit einem Sapiens verringert sich der genetische Anteil des Neandertalers.

⁸ Zu Fragen der Artentstehung und Artbildung siehe meine Artikel:

- Teil 1: <https://internet-evoluzzer.de/was-ist-eine-art-spezies-teil-1-3-die-realitaet-der-arten/>
 - Teil 2: <https://internet-evoluzzer.de/was-ist-eine-art-spezies-teil-2-3-art-konzepte/>
 - Teil 3: <https://internet-evoluzzer.de/was-ist-eine-art-teil-3-3-die-entstehung-von-arten/>
- In Bezug zu den Hominiden-Fossilien siehe:
Menegazin, & Stringer (2024). *Homo sapiens*, Neanderthals and speciation complexity in palaeoanthropology, *Evolutionary Journal of the Linnean Society* 3(1):kzae033
<https://doi.org/10.1093/evolinnean/kzae033>

⁹ Mendez, F. L.; et al. (2016): The Divergence of Neandertal and Modern Human Y Chromosomes. *The American Journal of Human Genetics*. 98 (4): 728–34.
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0002929716300337>

Homo longi

Nun konnten die Denisova-Menschen genetisch nachgewiesen werden, was ihnen fehlte war jedoch ein Gesicht. Als eine Art wurden sie nicht bestimmt, da hierfür das Fossilmaterial nicht ausreichend und diagnostisch genug war. Für eine Bestimmung einer Art, ob nun ausgestorben oder heute noch existent braucht es einen Holotypen. Das ist ein einzelnes, konserviertes und in einer Sammlung hinterlegtes Individuum, das bei der Erstbeschreibung einer Art bestimmt wird und in Zweifelsfällen den Namen dieser Art festlegt.

Aber das alles gab es alles bei den Denisova-Menschen nicht, da die gefundenen Fragmente aus denen man das Genom entnommen hatte nicht diagnostisch genug waren um eine neue Art zu definieren. Das änderte sich ab 2021.

2021 wurde ein Schädel aus China als Holotyp einer neuen Art klassifiziert: *Homo longi*.¹⁰ Dieser Schädel ist auch als Harbin-Schädel bekannt. Der Ursprung des Fundes ist nicht wissenschaftlich gesichert, sondern beruht ausschließlich auf der Überlieferung des Finders und seiner Nachkommen. Demnach entdeckte der Mann den Schädel im Jahr 1933 während seiner Arbeit am Bau der Dongjiang-Brücke über den Songhua-Fluss in der nordostchinesischen Stadt Harbin.¹¹

Zu jener Zeit war er als Vertragsarbeiter für die japanische Besatzungsmacht tätig, die den Marionettenstaat Mandschukuo errichtet und dessen Rohstoffausbeutung vorangetrieben hatte. Nach der Gründung der Volksrepublik China verhinderte er es, seine frühere Beschäftigung öffentlich zu machen – eine Enthüllung, die in jener politischen Situation Konsequenzen gehabt hätte.

Der Schädel wurde also 1933 gefunden, in einer Zeit, als die Entdeckung des „Peking-Menschen“ aus den 1920er Jahren in China bereits weite Bekanntheit erlangt hatte. Aus Angst und zugleich überzeugt vom Wert seines Fundes – sei es aus wissenschaftlichem oder materiellem Interesse – versteckte der Finder den Schädel in einem alten Brunnen. Dort blieb das Fossil bis zu seinem Tod im Jahr 2018 verborgen. Erst seine Enkel bargen den Fund und übergaben ihn dem Geowissenschaftlichen Museum der Hebei GEO University zur Untersuchung.

Die Angaben zu den Fundumständen konnten in einer ergänzenden Studie weitgehend bestätigt werden. Die Strontium-Isotopenverteilung des Harbin-Schädelns entspricht denen anderer Säugetier-Fossilien von diesem Standort. Ebenso konnten

¹⁰ Siehe:

- Ni et al. (2021): Massive cranium from Harbin in northeastern China establishes a new Middle Pleistocene human lineage. *The Innovation*, Volume 2, Issue 3, 100130 <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34557770/>
- Ji et al. (2021). Late Middle Pleistocene Harbin cranium represents a new *Homo* species. *Innovation (Camb)*. 2(3):100132. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34557772/>

¹¹ Zur Fundgeschichte siehe: <https://netzwerk-kryptozoologie.de/homo-longi-der-harbin-schaedel/>

sie das Alter mittels der Uran-Thorium-Methode direkt auf 148.000 ± 2000 Jahre bestimmt werden.¹²

Der Harbinschädel hat ein Hirnvolumen von etwa 1430 Kubikzentimetern und seine Morphologie ist ein Mosaik aus archaischen *Homo*-Arten und der des modernen Menschen. Archaische Merkmale waren der langgestreckte Schädel, die Augenbrauenwülste und die flache Schädeldecke, auch der einzige erhaltene Backenzahn war recht groß und erinnert an archaische Formen wie *Homo erectus* oder Neandertaler. Moderne Menschen haben hingegen einen eher runden Hirnschädel, eine hohe Stirn, ein flaches Gesicht, fehlende Augenbrauenwülste und kleinere Backenzähne. Interessanterweise waren aber einige Schädelmerkmale des Harbin-Schädelns relativ modern, vor allem das kurze und flache Gesicht, sowie die kleinen Wangenknochen. Sein archaischer Schädel weist aber nicht alle typischen Merkmale anderer archaischer *Homo*-Arten wie *Homo heidelbergensis* oder *Homo erectus* auf. Diese Unterscheidungen rechtfertigen laut den Autoren eine neue Art, die dann *Homo longi* genannt wurde.

Basierend auf diesen anatomischen Merkmalen wurde die phylogenetische Position von *Homo longi* bestimmt. Die Beschreibung des Schädelns ergänzen eine ganze Reihe von metrischen Messwerten, auch im Vergleich zu anderen menschlichen Funden. Insgesamt wurden 55 menschliche Fossilien verglichen, bei denen *Homo habilis* die Außengruppe darstellt. Es wurden mehrere Schädel des *Homo sapiens*, *Homo heidelbergensis*, *Homo antecessor* und *Homo erectus* sensu lato mit dem Harbin-Schädel verglichen.

Die phylogenetische Analyse zeigte, dass sowohl die Neandertaler als auch der moderne Mensch (*Homo sapiens*) jeweils eine monophyletische Gruppe bilden. Das bedeutet: Alle Neandertaler gehen auf einen gemeinsamen direkten Vorfahren zurück – und ebenso teilen alle modernen Menschen denselben Ursprung innerhalb ihrer eigenen Linie.

Anders verhält es sich bei *Homo heidelbergensis* und *Homo erectus*. Diese Gruppen erwiesen sich als paraphyletisch, das heißt, sie umfassen nicht alle Nachkommen eines gemeinsamen Vorfahren und repräsentieren daher mehrere evolutionäre Linien, statt eine klar abgegrenzte Abstammungsgemeinschaft zu bilden.

Dass *Homo heidelbergensis* und *Homo erectus* paraphyletisch sind, verwundert mich nicht, haben wir doch schon vorhin bei *Homo erectus* festgestellt, dass es sich um eine morphologisch sehr vielfältige Gruppe handelt, weswegen sie von Forschern in verschiedene Arten unterteilt wird. Auch bei *Homo heidelbergensis* haben wir dasselbe Bild.

Interessant an der Studie ist, dass sich der Harbin-Schädel zusammen mit anderen chinesischen Funden, namentlich dem Jinniushan-Schädel, dem Dali-Schädel, dem

¹² Shao et al. (2021). Geochemical provenancing and direct dating of the Harbin archaic human cranium. The Innovation, Volume 2, Issue 3, 100131

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S266675821000564>

Hualongdong-Schädel (ja so heißt der wirklich) und dem Xiahe-Unterkiefer als monophyletische Gruppe herauskristallisiert. Diese Harbin-Gruppe steht mit dem recht alleine stehenden Steinheim-Fund sowie einer kleinen „Antecessor-Gruppe“ ziemlich mittig zwischen der Neandertaler- und der *Homo sapiens*-Gruppe. Anders ausgedrückt: Diese als Harbin-Gruppe bezeichnete Gruppe ist zudem die Schwestergruppe des *Homo sapiens*. *Homo longi* wäre demnach der nächste Verwandte des *Homo sapiens*. Die Neandertaler sind dann die Schwestergruppe zu *Homo longi* und *Homo sapiens*.

Die Funde aus Hualongdong und Dali unterscheiden sich vom Harbin-Schädel durch einen markanteren Schädelkamm und robustere Gesichtsknochen. Insgesamt weist der Harbin-Schädel einen leichteren und moderneren Knochenbau auf. Zudem zeigt der Schädel aus Hualongdong ein flacheres, längeres Gesicht und eine flachere Nasenregion als die Fossilien von Dali und Harbin. Der Jinniushan-Schädel besitzt eine vergleichbare Schädelkapazität, ist jedoch deutlich graziler gebaut. Der beim Harbin-Fossil erhaltene Zahn ist dagegen größer als jener von Jinniushan.

Denisova-Menschen: *Homo juluensis* oder *Homo longi*?

Interessant ist der 160.000 Jahre alte Xiahe-Unterkiefer, der 1980 im tibetischen Hochland entdeckt wurde und in einer Publikation von 2019 den Denisova-Menschen zugeschrieben wurde. Aus dem Xiahe-Unterkiefer konnten Proteine extrahiert werden, die mit jenen der Denisova-Menschen am ähnlichsten ist. Wenn dies zutrifft und der Xiahe-Unterkiefer zu den Denisova-Menschen gehört und gleichzeitig zu der Harbin-Gruppe, dann könnten die Denisova-Menschen auch *Homo longi* sein.¹³ Zudem wurde 2025 von einem Unterkiefer aus Taiwan, Penghu1, Proteine extrahiert, die ebenfalls mit jenen der Denisova-Menschen kompatibel sind.¹⁴ Interessant ist aber hier: die Proteine der beiden Unterkiefer zeigen, dass Denisova-Menschen, wie Daten aus der Kern-DNS zeigen, mit den Neandertalern enger verwandt sind. Aber wenn der Xiahe-Unterkiefer auch zu *Homo longi* gehört (und Denisova-Menschen damit auch *Homo longi* sind), steht das im Widerspruch zur Harbin-Analyse. Da von Xiahe nur ein unvollständiger Unterkiefer, von Harbin jedoch ein Schädel ohne Unterkiefer bekannt sind, stieß die Position des Xiahe-Unterkiefers als *Homo longi* auf Widerspruch.

Eine Arbeit aus dem Jahr 2024 erkennt den Harbin-Schädel, Dali-Schädel und den Jinniushan-Schädel als *Homo longi* an. Der Hualongdong-Schädel wird aber aus der

¹³ Chen et al. (2019): A late Middle Pleistocene Denisovan mandible from the Tibetan Plateau. *Nature* 569(7756):409–412 <https://www.nature.com/articles/s41586-019-1139-x>

¹⁴ Siehe:

- Chang et al. (2015). The first archaic Homo from Taiwan. *Nat Commun*.6:6037 <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4316746/>
- Tsutaya et al. (2025): A male Denisovan mandible from Pleistocene Taiwan. *Science* 366(6743):176–180 <https://www.science.org/doi/10.1126/science.ads3888#elettersSection>

Harbin-Gruppe ausgeschlossen. Der Xiahe-Unterkiefer wird zusammen mit dem Penghu1-Unterkiefer, den Funden der Denisova-Höhle, sowie weiteren Funden als *Homo juluensis* klassifiziert. Demnach wären die Denisova-Menschen nicht *Homo longi*, sondern *Homo juluensis*.¹⁵ Demnach wäre der phylogenetische Konflikt gelöst: während *Homo longi* (und damit der Harbin-Schädel) der nächste Verwandte von *Homo sapiens* ist, wäre *Homo juluensis* (und damit der Denisova-Mensch) der nächste Verwandte des Neandertalers. Problem gelöst? Nein. Denn *Homo juluensis* ist wohl kein gültiger Name mehr.

Mittlerweile konnten vom Harbin-Schädel Proteine und mitochondriale DNA extrahiert werden.¹⁶ Beide Datensätze bestätigen, dass es sich beim Harbin-Schädel um Denisova-Menschen handelt. Damit sind die Denisova-Menschen die Art *Homo longi*. *Homo juluensis* ist demnach kein gültiger Artname, da *Homo longi* zuvor beschrieben wurde. Nach den Regeln der taxonomischen Nomenklatur hat stets der erstbeschriebene Name Priorität und gilt als gültig. Bemerkenswert ist in diesem Zusammenhang jedoch auch die phylogenetische Position des Harbin-Schädel innerhalb der entsprechenden Datensätze.

Die Proteindaten bestätigen im Wesentlichen die Ergebnisse früherer Analysen der Kern-DNA sowie der Proteinuntersuchungen der Unterkieferfunde aus Xiahe und Penghu: Die Denisova-Menschen – beziehungsweise *Homo longi* – und die Neandertaler bilden demnach eine Schwesterngruppe, während der moderne Mensch (*Homo sapiens*) die Außengruppe darstellt.

Die mitochondriale DNA (mtDNA) zeichnet jedoch ein anderes Bild: Hier erscheinen Neandertaler und *Homo sapiens* als Schwesterngruppen, während die Denisova-Menschen die Außengruppe bilden.¹⁷

Die morphologischen Datensätze des Harbin-Schädel wiederum liefern eine dritte Variante: In ihnen bilden *Homo sapiens* und die Denisova-Menschen eine Schwesterngruppe, und die Neandertaler stehen als Außengruppe daneben.

Drei Arten – drei verschiedene Stammbäume. Besser lässt sich das evolutionäre Durcheinander des Mittelpleistozäns kaum illustrieren. Künftige Daten werden hier mit Sicherheit mehr Klarheit schaffen – oder, ganz im Sinne der paläoanthropologischen Tradition, noch mehr Verwirrung stiften.

¹⁵ Siehe als Übersicht: Bae, C.J., Wu, X. Making sense of eastern Asian Late Quaternary hominin variability. *Nat Commun* 15, 9479 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41467-024-53918-7>

¹⁶ Protein-Daten:

- Fu et al. (2025). The proteome of the late Middle Pleistocene Harbin individual. *Science*. 389(6761):704-707. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40531192/>

mtDNA:

- Fu et al. (2025). Denisovan mitochondrial DNA from dental calculus of the >146,000-year-old Harbin cranium. *Cell*. 188(15):3919-3926.e9. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40920634/>

¹⁷ Frühere mtDNA Daten aus den Denisova-Höhlen stimmen hingegen mit den Daten der Kern-DNA überein. Siehe z. B.: Sawyer et al. (2015). Nuclear and mitochondrial DNA sequences from two Denisovan individuals. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 112(51):15696-700. doi: 10.1073/pnas.1519905112.

Der Widerspruch zwischen Kern-DNS und mtDNA kann damit erklärt werden, dass die Mitochondrien (und somit ihre DNA) ohne Rekombination ausschließlich über die Mutter vererbt werden. Sie sind daher in besonderem Maße zum Beispiel Gendrift und Genfluss ausgesetzt, das heißt, es können in kurzer Zeit relativ viele Mutationen ansammeln; im Unterschied hierzu weist die Zellkern-DNA zehntausende Genloci auf, die „evolutionsneutral“ sind und sich daher weniger rasch (und weniger diskontinuierlich) verändern. mtDNA wird daher mit mehr Vorsicht für verwandtschaftliche Verhältnisse in Erwägung gezogen.¹⁸

Aber was ist nun mit den morphologischen Daten? Hier kommt nun der Yunxian-2-Schädel ins Spiel:

Der Yunxian-2-Schädel

Das paper, welches den Yunxian-2-Schädel beschreibt trägt den Titel: „The phylogenetic position of the Yunxian cranium elucidates the origin of *Homo longi* and the Denisovans“.¹⁹

Die aktuellste Analyse dieser neuen Veröffentlichung bezieht erstmals einen Schädel mit ein, der in früheren vergleichenden morphologischen Studien nicht berücksichtigt wurde – vor allem, weil er durch die Fossilisation stark deformiert ist.

Dieser Schädel, der sogenannte Yunxian-2-Schädel, wurde nun digital rekonstruiert und kann dadurch in morphologischen Vergleichen tatsächlich wissenschaftlich ausgewertet werden.

Und eines muss man hier wirklich positiv hervorheben: Solche digitalen Rekonstruktionen sind höchst anspruchsvolle Arbeiten, die ein enormes Maß an Geduld, Präzision und technischem Know-how erfordern. Die Forscher haben hier Großartiges geleistet. Ich betone das deshalb so, weil diese Arbeit alles andere als einfach ist. Sie verlangt akribische Genauigkeit und ein tiefes Verständnis für 3D-Modellierung und Rekonstruktionssoftware. Man braucht dafür nicht nur Zeit und Fachwissen, sondern auch eine ordentliche Portion Leidenschaft für das Detail – und genau das spiegelt sich in dieser Studie wider.

Die morphologischen Analysen des Yunxian-2-Schädelns zeigen ein bemerkenswertes Muster: Er weist eine Kombination aus urtümlichen, also plesiomorphen Merkmalen auf – etwa einen langen Hirnschädel, eine niedrige, fliehende Stirn und ausgeprägte Augenbrauenwülste –, wie sie bei frühen Vertretern der Gattung *Homo* typisch sind.

¹⁸ David Reich et al.: Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. Nature 468(7327): 1053–1060 doi:10.1038/nature09710

¹⁹ Feng et al. (2025). The phylogenetic position of the Yunxian cranium elucidates the origin of *Homo longi* and the Denisovans. Science 389(6767):1320-1324

<https://www.science.org/doi/10.1126/science.ado9202>

Gleichzeitig finden sich auch modernere Merkmale, die man von *Homo longi* und *Homo sapiens* kennt. Auffällig ist jedoch, dass der Schädel keine diagnostischen Merkmale zeigt, die für Neandertaler charakteristisch sind.

Vergleicht man die metrischen Daten des Yunxian-2-Schädel mit anderen Vertretern der Gattung *Homo*, so lässt er sich am besten mit *Homo longi* in Einklang bringen.

Auf Grundlage dieser Befunde führten die Forscher eine phylogenetische Analyse durch, deren Ergebnisse im Wesentlichen mit jenen der früheren Studie zum Harbin-Schädel übereinstimmen: *Homo longi* – und damit die Denisova-Menschen – bilden die Schwestergruppe von *Homo sapiens*. Soweit, so nachvollziehbar.

Interessant wird es jedoch, wenn man das Alter des Yunxian-2-Schädel berücksichtigt: Er ist rund eine Million Jahre alt – und damit deutlich älter als die übrigen Vertreter der sogenannten Harbin-Gruppe. Das hat erhebliche Implikationen für die phylogenetische Einordnung:

Der Schädel zeigt eine Mischung aus Merkmalen, die sowohl bei *Homo sapiens* als auch bei Denisova-Menschen vorkommen, nicht jedoch jene Merkmale, die Neandertaler und Denisova-Menschen gemeinsam haben.

Folgt man dieser Logik, dann müssten sich *Homo sapiens* und *Homo longi* bereits vor mindestens einer Million Jahren voneinander getrennt haben – und der Neandertaler hätte sich demnach noch früher, also vor etwa 1,3 Millionen Jahren, von der gemeinsamen Linie abgespalten.

Das unterscheidet sich erheblich vom aktuellen Konsens, der besagt, dass sich *Homo sapiens* vor etwa 600.000 Jahren vom letzten gemeinsamen Vorfahren der Neandertaler und Denisova-Menschen abgespalten hat, wobei das Mindestalter bei etwa 400.000 Jahren und das Höchstalter bei etwa 800.000 Jahren liegt, und dass sich Denisova-Menschen und Neandertaler nach diesem Zeitpunkt abgespalten haben.

Für sich genommen ist diese viel frühere Divergenz und die Schwestergruppenbeziehung zwischen Denisova-Menschen und *Homo sapiens* überraschend, aber erstmal nicht außergewöhnlich. Es gäbe aber eine etwas größere Konsequenz, die daraus zu ziehen wäre, sollte sich dieses Ergebnis bewahrheiten: Die Geographie, die in dem entsprechenden Paper nicht erwähnt wird, aber die logische Konsequenz daraus wäre. *Homo longi* bzw. die Denisova-Menschen lebten in Asien. Wenn sie einen direkten gemeinsamen Vorfahren mit dem modernen Menschen, also *Homo sapiens*, teilen, dann hatte sich auch *Homo sapiens* in Asien entwickelt und nicht in Afrika, wie bisher angenommen. Das würde tatsächlich erstmal im Fossilbericht widersprechen: denn die ältesten Funde des *Homo sapiens*, sowohl in seiner modernen als auch archaischen Form, sind afrikanischen Ursprungs. Aus Asien fehlen solche Funde. Da aber der Fossilbericht grundsätzlich lückenhaft ist und wir sicherlich noch einige neue Funde zu erwarten haben, kann es natürlich sein, dass wir noch mit einigen Überraschungen rechnen können. Aber sowohl die Yunxian- als

auch die Harbin-Studie haben in ihren Phylogenien einen entscheidenden Mangel: Das Fehlen genetischer Daten.

Sowohl die Divergenz zwischen der Tirade aus *Homo sapiens*, Neandertaler und Denisova-Menschen, als auch der afrikanische Ursprung des *Homo sapiens* wird vornehmlich durch genetische Daten gestützt, die in den Phylogenien dieser Paper nicht beachtet werden. Dabei geht es nicht nur um fossile DNS, sondern auch um die Genomvergleiche moderner Menschen. Die Genomanalysen moderner Menschen haben ein gutes Profil unserer genetischen Vielfalt erstellt und diese zeigen, dass die gesamte Menschheit auf eine afrikanische Population zurückgeht, was dann durch Fossilfunde erneut bestätigt wird. Dies spiegelt sich auch darin wider, dass die genetische Vielfalt in Subsahara-Afrika größer ist als der Rest der Welt zusammen.²⁰ Der Ursprungsort einer Spezies zeigt eine größere genetische Vielfalt. Und wir reden hier nicht bloß von einer Studie, sondern von hunderten, die diesen afrikanischen Ursprung belegen. Es ist daher sehr unwahrscheinlich, dass die Fülle dieser genetischen Datensätze, durchgeführt von verschiedenen Wissenschaftlern und Arbeitsgruppen auf der ganzen Welt, völlig falsch liegen. Eine widersprüchliche Phylogenie einer Arbeitsgruppe (man sollte bedenken, dass einige führende Autoren der Harbin-Studie auch bei der Yunxian-Studie beteiligt waren) widerlegt nicht einfach so die hunderte von anderen, bis nicht weitere Daten von anderen Arbeitsgruppen diese neue Phylogenie bestätigen. Außergewöhnliche Hypothesen brauchen außergewöhnliche Belege.

Sollte sich die Phylogenie zum Yunxian-2-Schädel bewahrheiten ist natürlich das Szenario denkbar, dass sich *Homo sapiens* in Asien entwickelte, nach Afrika auswanderte und alle Populationen bis auf die eine afrikanische, die der Vorfahre aller heute lebenden Menschen ist, ausstarben. Es ist auch denkbar, dass sich *Homo sapiens* viel früher in Afrika entwickelte und viel früher nach Asien ausbreitete und sich dort dann auch die Denisova-Menschen entwickelten. Das könnten zwei Ereignisse sein, die bisherige genetische Daten mit der Yunxian-2-Phylogenie in Einklang bringen könnten. Nur dafür fehlen jegliche paläontologischen und genetischen Belege und nach derzeitigem Stand haben wir einen Konflikt zwischen molekularen und rein morphologischen Phylogenien.

Im Zweifel die molekularen Daten

Hier ist anzumerken, dass sowohl beim Harbin-Schädel als auch beim Yunxian-Schädel phylogenetische Stammbäume erstellt wurden, die relativ robust waren, also basierend auf den Datensätzen plausible Stammbäume erstellt wurden. Das betrifft aber auch die molekularen Phylogenien. Und in diesem Fall müssten wir uns der Frage stellen, welche der beiden die Realität am nächsten widerspiegeln. Und im

²⁰ Z. B. Fu et al. (2013). A revised timescale for human evolution based on ancient mitochondrial genomes. Curr Biol. 2013 Apr 8;23(7):553-559. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23523248/>

Zweifel sind es tatsächlich die molekularen Phylogenien, die sich eher bewahrheitet haben. Lasst mich erklären warum:

In den allermeisten Fällen stimmen morphologische und molekulare Phylogenien miteinander überein, liefern also im Wesentlichen dieselben Ergebnisse. Aber es gibt tatsächlich einige Fälle, wo solche Inkongruenzen entstanden sind. Nur mal einige Beispiele:

Frühe morphologische Studien sahen die Mesonychia, eine urtümliche, räuberisch lebende Gruppe urzeitlicher Huftiere, als die Schwestergruppe der Wale angesehen. Molekularbiologische Phylogenien ergaben jedoch, dass die Wale zu den Paarhufern gehören und mit Flusspferden am engsten verwandt sind.²¹

Innerhalb der Großphylogenie des Tierreiches wurden die Arthropoden, dazu zählen Insekten, Spinnen und Krebstiere, als Schwestergruppe der Anneliden, dazu zählen Regenwürmer und Blutegel, angesehen. Beide wurden als Articulata zusammengefasst und als morphologisches Kriterium war vor allem die Körpersegmentierung als vereinendes Merkmal angesehen. Molekularen Studien zur Folge sind aber Arthropoden eher mit den unsegmentierten Nematoden verwandt, die Anneliden eher mit den Mollusken. Neben genetischen Daten beruhte diese neue Phylogenie aber auch auf einige morphologische Merkmale: beide, Nematoden und Arthropoden sind zur Häutung fähig und verwenden dafür das Hormon Ecdyson.²²

Falken wurden traditionell mit den Habichtartigen (dazu zählen Habichte, Adler, Bussarde und Geier) als Greifvögel zusammengefasst, genetische Daten zeigen aber, dass Falken eher mit Papageien und Singvögeln verwandt sind als mit Adlern und Bussarden.²³

Und in allen diesen drei Fällen hatte die molekulare Phylogenie recht behalten und die traditionelle, rein morphologische unrecht. Es kommt sogar noch besser: im Nachhinein haben sich dann auch eine Reihe morphologischer und entwicklungsbiologischer Merkmale gezeigt, die die molekulare Phylogenie bestätigen. Landlebende Urzeitwale mit Beinen statt Flossen haben z. B., dass für Paarhufer typisch geformte Sprunggelenk.

Aber warum ist das so? Nun, molekulare Merkmale sind weniger Anfällig für Konvergenzen, also unabhängige Entwicklung von Merkmalen und weniger variabel. Bedenkt: morphologische Merkmale sind die Ausprägung des Genotyps, gleichzeitig können sie auch von der Umwelt stärker beeinflusst werden und unterliegen auch so einer stärkeren Selektion. Ähnliche Umweltbedingungen können zudem zu ähnlichen Anpassungen führen. Morphologische Merkmale werden zudem meist von mehreren

²¹ Siehe mein Kladistik-Tutorial Teil 5: <https://internet-evoluzzer.de/die-phylogenie-der-wale/> als Video: <https://www.youtube.com/watch?v=AcRLDjJxZu0>

²² Siehe dazu den fünften Teil meiner LUCA bis Eva-Reihe zu den Ursprüngen der Bilateria: <https://internet-evoluzzer.de/die-erfindung-von-links-rechts-die-geburt-der-bilateria-von-luca-bis-eva-teil-5/> Video: <https://www.youtube.com/watch?v=1d1Dvpk9bCc>

²³ Siehe: <https://internet-evoluzzer.de/vielfalt-und-evolution-der-voegel-teil-11-accipitrimorphae-telluraves-1-afraves-1/>

Genen codiert und verschiedene Mutationen können daher zum selben Ergebnis kommen. Zugleich codiert ein Großteil des Genoms nicht für irgendwelche Merkmale, sie sind sozusagen Teil der Junk-DNA, die den Großteil des Genoms ausmacht, selten einer starken natürlichen oder sexuellen Selektion unterliegt und gleichmäßiger evolviert.

Konvergenz tritt umso häufiger auf, je mehr Arten sich genetisch ähneln. Dieses Phänomen ist auf Entwicklungswände und Tiefenhomologien zurückzuführen. Zum Beispiel können homologe regulatorische Gene in verschiedenen Linien unabhängig voneinander viele Male ein- und wieder ausgeschaltet werden. So werden aufgrund wiederholter Kanalisierung der Evolution entlang gleicher Entwicklungsbahnen Konvergenzen erzeugt. Morphologische Merkmale sind zudem vielfältiger, sodass es manchmal schwierig sein kann, die phylogenetisch relevanteren herauszufiltern. Da bei fossilem Material ein Großteil der Merkmale gar nicht erhalten bleibt, sind manche Aussagen noch unsicherer, vor allem wenn die Phylogenie auf nur einem einzigen Schädel basiert.

Um es mit einem lebhaften Beispiel zu verbildlichen: Stellt euch vor, ihr seid der potentielle Vater eines Kindes, seid euch aber über die Vaterschaft nicht sicher. Der sicherste Weg die Vaterschaft festzustellen wäre ein Vaterschaftstest, also ein Vergleich der DNA-Abschnitte des potentiellen Vaters mit dem Kind. Man könnte aber vielleicht auch nach morphologischen Merkmalen gucken, ob das Kind dem Vater optisch ähnelt, vielleicht hat es ja die gleiche Augenfarbe oder Nasenform. Aber wenn der Postbote oder Nachbar auch dieselbe Augenfarbe wie der potentielle Vater hat, wird das Ganze unsicher.

Dass die Morphologie einen über die echten Verwandtschaftsverhältnisse täuschen kann, zeigt auch unsere eigene Familie, die Hominidae. Früher auf rein morphologisch basierenden Phylogenien wurden Schimpansen, Gorillas und Orang-Utans als eine Familie zusammengefasst, die Pongidae. Wir Menschen wurden in eine eigene Familie gestellt, die Hominidae. Wir waren die Außenseiter, die Sonderlinge unter den Affen. Genetische Studien zeigen aber – und dazu gibt es auch von mir ein Video – dass Menschen und Schimpansen enger miteinander verwandt sind, als z. B. Schimpansen und Gorillas.²⁴ Wir Menschen stehen also mitten im Stammbaum der Menschenaffen. Wir sind mehr Schimpanse als der Schimpanse Gorilla ist.

Schauen wir uns aber nur die Skelette von Menschen, Schimpansen und Gorillas an, würden wir rein oberflächlich und intuitiv Gorillas und Schimpansen als näher verwandt betrachten. Beide haben größere Eckzähne als wir. Beide laufen auf den Knöcheln, wir nicht. Beide haben zudem ein dichteres Fell als wir. Man könnte diese Liste endlos fortsetzen. Auf den ersten Blick scheinen sie einander ähnlicher zu sein als uns. Betrachtet man sie jedoch aus genetischer Sicht, kommt man zu dem Ergebnis, dass Schimpansen und Menschen einander ähnlicher sind als beide einem Gorilla. Und es stellt sich heraus, dass die Morphologie tatsächlich mit der Genetik übereinstimmt, vor

²⁴ <https://www.youtube.com/watch?v=tLHLnv6sFp0> und https://www.youtube.com/watch?v=_d1K_BefaAc

allem wenn man die subtilen Details heranzieht. Nehmen wir als Beispiel den Knöchelgang. Schimpansen und Gorillas laufen anders als wir, auf allen Vieren, bei der die Arme mit der Rückseite der mittleren Fingerglieder aufgesetzt werden. Diese Fortbewegung würde doch vermuten lassen, dass Schimpansen und Gorillas sie von einem direkten gemeinsamen Vorfahren geerbt haben. Das Problem ist, dass wir mittlerweile wissen, dass Schimpansen und Gorillas auf unterschiedliche Weise knöchelgehen, was darauf hindeutet, dass sie das Knöchelgehen unabhängig voneinander entwickelt haben.²⁵

Es ist daher nicht auszuschließen, dass die *Homo sapiens* ähnlichen Merkmale beim Yunxian-2-Schädel oder auch beim Harbin-Schädel eine Folge konvergenter Evolution sind, sich also unabhängig von unserer Evolutionslinie entwickelt haben.

Viele der Merkmale, die den Yunxian-Schädel mit den anderen Mitgliedern des *Homo longi* zu verbinden scheinen, haben mit der Größe und Kontur oder Form dieses Hirnschädels zu tun. Ich frage mich, wie plastisch diese Eigenschaft ist. Könnte sich die Größe und Form der Hirnschale konvergent entwickelt haben? Ist sie notwendigerweise ein Hinweis auf eine gemeinsame Abstammung? Reicht sie aus, um den Yunxian-Schädel mit den anderen Mitgliedern von *Homo longi* zu gruppieren? Ich kenne die Antwort auf diese Frage nicht, aber es scheint etwas zu sein, das die Interpretation dieses Artikels oder zumindest seiner vorgeschlagenen Ergebnisse möglicherweise verwirren oder zumindest beeinflussen könnte.

***Homo antecessor* als Beispiel**

Der Yunxian-Schädel ist dabei nicht das erste und einzige Fossil, das solche Fragen zur menschlichen Evolution aufwirft. Etwa zur gleichen Zeit lebte im südlichen Europa eine weitere Art: *Homo antecessor*.²⁶ Dieser zeigte in seinem Gesichtsschädel Merkmale, die bemerkenswert stark an den modernen Menschen erinnern. Das machte ihn früh zu einem aussichtsreichen Kandidaten für den letzten gemeinsamen Vorfahren von *Homo sapiens* und Neandertaler – und verdrängte vorübergehend *Homo heidelbergensis* von dieser Position.

²⁵ T.L. Kivell, & D. Schmit (2009): Independent evolution of knuckle-walking in African apes shows that humans did not evolve from a knuckle-walking ancestor, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 106 (34) 14241-14246, <https://doi.org/10.1073/pnas.0901280106>.

²⁶ Literatur zu *Homo antecessor* (außer bei Schrenk 2019):

- Bermúdez de Castro et al. (1997). A Hominid from the Lower Pleistocene of Atapuerca, Spain: Possible Ancestor to Neandertals and Modern Humans. *Science* 276, 1392-1395. <https://www.science.org/doi/10.1126/science.276.5317.1392>
- Bermúdez de Castro et al. (2017). Twentieth anniversary of *Homo antecessor* (1997-2017): a review. *Evol Anthropol* 26(4):157-171. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28815959/>
- Bermúdez de Castro et al. (2015). *Homo antecessor*: The state of the art eighteen years later. *Quaternary International*. 433. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1040618215002463?via%3Dihub>

Doch diese Hypothese blieb nicht lange unumstritten. Unter Fachleuten entbrannte rasch eine intensive Debatte über die tatsächliche Stellung von *Homo antecessor*. Ein wesentlicher Grund: Die Fossilbasis ist äußerst dünn. Die bekannten Überreste sind fragmentarisch und stammen zum Teil von einem jugendlichen Individuum, was eine eindeutige taxonomische Einordnung erschwert.

Einige Forscher sahen in *Homo antecessor* einen Vorläufer von *Homo heidelbergensis*, andere ordneten ihn als Seitenzweig von *Homo ergaster* oder *Homo erectus* ein, wieder andere zweifelten sogar seine eigenständige Artstellung an.

Im Jahr 2020 konnten niederländische Wissenschaftler durch die Analyse fossiler Proteine, die aus einem Zahn des Fossils gewonnen wurden, neue Erkenntnisse liefern²⁷: Demnach ist *Homo antecessor* kein direkter Vorfahre des modernen Menschen, sondern gehört zu einer eng verwandten Schwesternart des letzten gemeinsamen Vorfahren von *Homo sapiens*, den Neandertalern und den Denisova-Menschen.

Schon im Jahr 2013 haben Forschungsgruppen übrigens vorgeschlagen, dass das moderne menschenähnliche Gesicht innerhalb der Gattung *Homo* mehrmals unabhängig voneinander entwickelt habe.²⁸

Auch wenn die Einzelheiten der Verbindung zwischen den einzelnen potenziellen Arten unklar sind, besteht kein Zweifel daran, dass die uns vorliegenden Exemplare den morphologischen Unterschied zwischen früheren Homininen und den drei großen Anwärtern aus dem späten Pleistozän, *Homo sapiens*, Neandertaler und *Homo longi* überbrücken.

Wir sollten hier gerade auch nicht vergessen, dass im Mittelpleistozän sich die verschiedenen Arten der Gattung *Homo* untereinander gekreuzt haben und sich so bestimmte Merkmale in anderen Arten ausgeprägt haben. Und wir haben sogenannte Geisterlinien, also DNA-Signaturen unbekannter Hominiden, die zu diesen Merkmalsmosaiken beigetragen haben.

Es ist möglich, dass diese archaischen Geisterlinien, die zu uns, den Neandertalern und zu *Homo longi* beigetragen haben, die DNA der spät überlebenden *Homo erectus* sind, von denen wir zwar tonnenweise Fossilien haben, aber keine DNA, oder vielleicht von Vertretern stammen, die niemals zum Fossil wurden.

Was denkt ihr? Glaubt ihr, dass diese Veröffentlichung die Geschichte der menschlichen Evolution neu geschrieben hat? Glaubt ihr, dass wir alles, was wir bisher zu wissen glaubten, revidieren müssen? Ich bin überzeugt, dass die Antwort „Nein“ ist und habe sie in diesem Video begründet dargelegt. Aber vielleicht habe ich etwas übersehen? Vielleicht ist mir etwas entfallen? Lasst es mich gerne wissen.

²⁷ Welker et al. (2020). The dental proteome of *Homo antecessor*. *Nature* 580, 235–238.

<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2153-8>

²⁸ Freidline et al. (2013). Evaluating developmental shape changes in *Homo antecessor* subadult facial morphology. *J Hum Evol.* 65(4):404-23

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0047248413001838?via%3Dihub>

