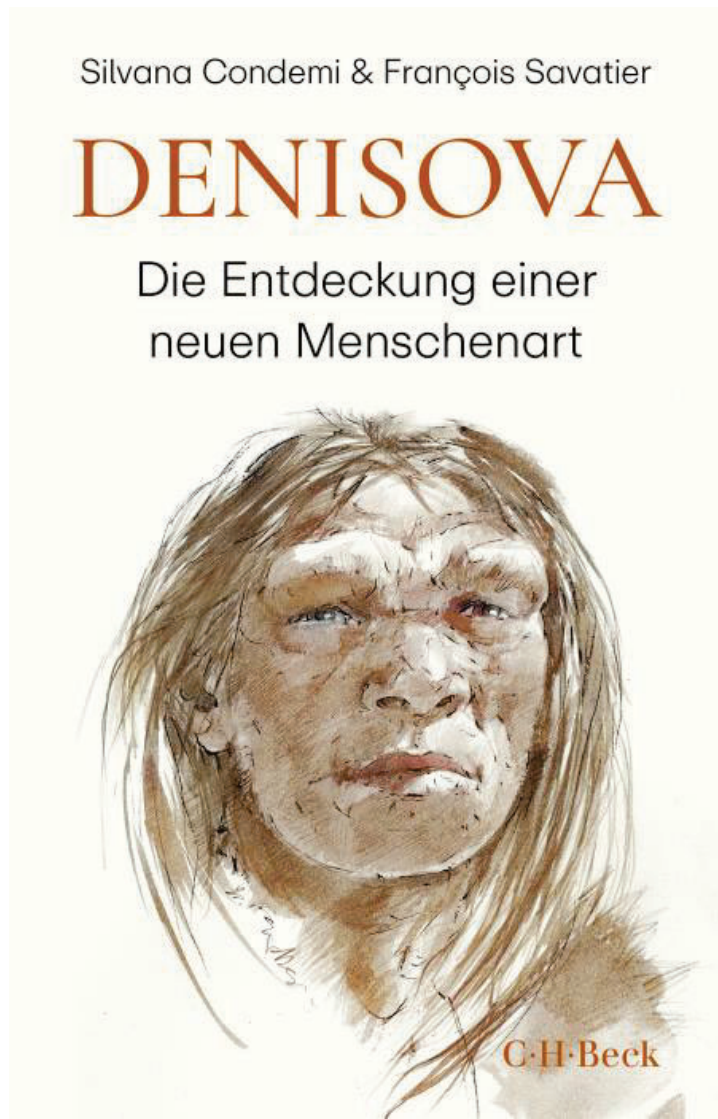


Unverkäufliche Leseprobe



Silvana Condemi & Francois Savatier
Denisova

Die Entdeckung einer neuen Menschenart

2025. 256 S., mit 55 s/w-Abbildungen und Karten sowie 14
Farbabbildungen in einem Tafelteil
ISBN 978-3-406-82697-9

Weitere Informationen finden Sie hier:
<https://www.chbeck.de/37796072>

C·H·Beck

PAPERBACK

Im Dezember 2010 erhielt die Menschheit ein ganz besonderes Weihnachtsgeschenk: Zum ersten Mal gelang es Paläogenetikern am Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig allein mithilfe von DNA-Analysen, den Beleg für die Existenz einer bislang unbekannten Population der Gattung *Homo* vorzulegen. Benannt wurde diese nach dem Fundort des Knöchelchens, das die Forscher auswerteten: der Denisova-Höhle in Sibirien. Diese wiederentdeckten Cousins der Menschen können als asiatische Pendants zu den Neandertalern gelten. Woher aber stammten die Denisovaner? Wie lange bevölkerten sie die weiten Gebiete Eurasiens? Und wie lässt es sich erklären, dass heutige Menschen in Asien teils noch bis zu 5 % Denisova-Gene in sich tragen? Der vorliegende Band erzählt die spannende Geschichte von der Entdeckung der Denisova-Menschen, deren Erforschung gerade erst so richtig begonnen hat.

Die Paläoanthropologin *Silvana Condemi* ist Forschungsdirektorin am Centre national de la recherche scientifique in Marseille. *François Savatier* schreibt als Journalist für das Magazin «Pour la Science», in dem er insbesondere für die Frühgeschichte zuständig ist. Von ihnen ist bei C.H.Beck erschienen: *Der Neandertaler, unser Bruder. 300 000 Jahre Geschichte des Menschen* (2020).

Silvana Condemi und François Savatier

DENISOVA

Die Entdeckung einer neuen Menschenart

*Aus dem Französischen von
Anna Leube und Wolf Heinrich Leube*

Illustrationen von Benoit Clarys

C.H.BECK

Mit 55 Schwarzweißabbildungen und Karten
sowie 14 Farabbildungen in einem Tafelteil

Titel der französischen Originalausgabe:

«L'énigme Denisova. Après Néandertal et Sapiens, la découverte
d'une nouvelle humanité», © Editions Albin Michel – Paris 2024,
© Illustrations de Benoit Clarys

Originalausgabe

Für die deutsche Ausgabe:

© C.H.Beck GmbH & Co. KG, München 2025

Wilhelmstraße 9, 80801 München, info@beck.de

Alle urheberrechtlichen Nutzungsrechte bleiben vorbehalten.

Der Verlag behält sich auch das Recht vor, Vervielfältigungen
dieses Werks zum Zwecke des Text and Data Mining vorzunehmen.

www.chbeck.de

Umschlaggestaltung: geviert.com, Michaela Kneißl

Umschlagabbildung: Harbin-Mann, © Benoit Clarys

Satz: C.H.Beck.Media.Solutions, Nördlingen

Druck und Bindung: Pustet, Regensburg

Printed in Germany

ISBN 978 3 406 82697 9



verantwortungsbewusst produziert

www.chbeck.de/nachhaltig

produktsicherheit.beck.de

Inhalt

Prolog 11

TEIL I

DER DRITTE MENSCH 15

- 1 | Das Rätsel 17
- 2 | In der Denisova-Höhle 31
- 3 | Denisova – eine menschliche Spezies? 49
- 4 | Der Denisovaner aus genetischer Sicht 67
- 5 | Ein riesiges Reich im Osten 79

TEIL II

DIE URSPRÜNGE 89

- 6 | Vor Denisova: der seltsame *Homo erectus* 91
- 7 | Das System Erde bringt den Denisovaner
hervor 113
- 8 | Der Denisovaner, Kind der Vermischung 125
- 9 | Der Vorfahr des Denisovaners und
des Neandertalers 143
- 10 | Unterwegs nach Osten 159
- 11 | Im Reich des Bambus 173

TEIL III

IN DER HAUT DES DENISOVANERS 185

12 | Phantombild des Denisova-Menschen 187

13 | Auf der Suche nach verloren gegangenen
Denisova-Fossilien 201

14 | Der Denisova-Mensch, sein Körper
und sein Gesicht 219

15 | Denisova lebt 231

Bibliografie 241

Bildnachweise 255

Danksagung 256

Vorbemerkung

Als Hominine werden alle modernen und ausgestorbenen Menschen sowie deren unmittelbare Vorfahren bezeichnet. Diese Tribus Hominini bildet zusammen mit den Menschenaffen (Gorillas, Schimpansen, Orang-Utans) und all deren unmittelbaren Vorfahren die Familie der Hominiden.

Aus Gründen der besseren Lesbarkeit wird in diesem Buch das generische Maskulinum für Personen jedweden Geschlechts verwendet.

«NICHTS IN DER BIOLOGIE ERGIBT SINN
AUßER IM LICHT DER EVOLUTION.»

Theodosius Dobzhansky



PROLOG

In der Paläoanthropologie habe ich schon so manches kennengelernt: den Neandertaler in all seinen Facetten. Ich habe an der umfangreichen Untersuchung teilgenommen, die bewiesen hat, dass unser Urzeit-Bruder ein Europäer war. Ich habe miterlebt, wie die Paläogenetik die Urgeschichte des Menschen umzukrempeln begann. Ich habe gesehen, wie ein winziges Stückchen mitochondrialer DNA 1997 nahelegte, dass sich unsere Vorfahren niemals mit den Neandertalern vermischt hatten. Ich habe erlebt, wie ein ganzer Wissenschaftszweig zehn Jahre lang auf die Bestätigung dieser wichtigen anthropologischen Information wartete. Im Jahr 2010 habe ich dann erfahren, dass das Gegenteil der Fall war. Was für eine verblüffende Entdeckung: Wir hatten plötzlich Neandertaler in der Familie! Im selben Jahr wurde diese Überraschung durch einen erstaunlichen eiszeitlichen Fund aus Sibirien noch übertrumpft: In einer dunklen Höhle im Altai-Gebirge – Denisova – war ein unbekanntes menschliches Genom entdeckt worden, weder Neandertaler noch Sapiens noch Marsbewohner ...

Unbekannt? Also bitte! Gab es irgendwelche dazugehörigen Fossilien? Kein einziges, nur ein kleines Fingerglied ... In meiner ganzen Laufbahn hatte ich die genauen Merkmale von Knochen untersucht, die groß genug waren, um aussagekräftig zu sein. Ich hatte die Anatomie fossiler Knochen verschiedener Spezies mithilfe von Messschiebern und anderen Geräten zur Schädelmessung verglichen, dann kamen die Scanner, die Hochdurchsatz-Sequenzierung und die Massenspektrometrie ...

Verglichen mit der jahrtausendealten Physik und Astronomie ist die Paläoanthropologie – mein Fachgebiet – mit 170 Jahren eine junge Wissenschaft, die jedoch gerade abgeht wie eine Rakete. Die neue, außerordentlich gut ausgestattete Disziplin der Paläoanthropologie ist heute in der Lage, die Geheimnisse unserer Fossilien zu entschlüsseln und sogar die Blutgruppen der entsprechenden Individuen, ihr Mikrobiom, ihre Verwandtschaftsbeziehungen, ihre Ernährung, ihre Wanderbewegungen, ihre Vermischungen, ihr Alter etc. mit einer erstaunlichen Präzision zu bestimmen. Und in dieser Hinsicht ist die Untersuchung des Neandertalers geradezu exemplarisch.

Kurz gesagt, ich war sprachlos: Die winzige Spitze des letzten Glieds des kleinen Fingers dieses (nach seiner Anatomie zu schließen) heranwachsenden Mädchens sagte uns absolut nichts über ihre Spezies. Ich hatte zwar gelernt, einen Neandertaler anhand eines Stücks seines Innenohrs, seines Nackens oder irgendeines Teils seines Skeletts zu identifizieren. Aber hier! Man musste den Paläogenetikern aufs Wort glauben, diesen Neulingen, die mit ihren so unglaublich komplizierten Techniken anscheinend genauso gut zu dem Schluss kommen könnten, dass Dschingis Khan laut seiner DNA in Wirklichkeit ein Neandertaler war.

Ich teilte mein Unbehagen mit meinen Kolleginnen und Kollegen. Wir wurden ausgebildet, um der Wissenschaft der Urgeschichte zu dienen, und waren an ihren langsamen und sicheren Fortschritt gewöhnt. Auf die wiederholte Entdeckung neuer Formen menschlicher Fossilien folgte eine akribische Arbeit, die nichts dem Zufall überließ und sich nach den Ausgrabungen über Jahre und Jahrzehnte hinzog. Und dann kamen diese Genetiker, die mit Science-Fiction-Methoden gleich zwei bedeutende Durchbrüche pro Jahr erzielten.

War damit mein Fach obsolet geworden, wenn künftig ohne DNA nichts mehr sicher, aber mit DNA alles sicher war? Und überhaupt: eine unbekannte hominine Art in Asien, was bedeutete das? Was für ein Rätsel barg dieser «Denisova-Mensch»?

Die Journalisten waren schneller bei der Hand und lieferten in wenigen Tagen eine Art Lösung für dieses Rätsel. Sehr bald begannen sie, diese Population, die nur durch ein kleines Fingerglied und ein Genom bekannt war, als «denisovanisch» zu bezeichnen. Damit machten sie einen gewagten Schritt nach vorne bzw. brachten sie uns dazu, diesen anzuerkennen. Waren wir Paläoanthropologen bereit, diesen Schritt mit ihnen zu gehen? Ohne uns dessen bewusst zu sein, übernahmen wir stillschweigend die These, dass eine denisovanische «paläontologische Spezies» existiere oder vielmehr existieren müsse. Sicherlich war sie irgendwie sichtbar, aber konkret wie? Wir wussten es nicht. In der DNA? Noch nie war eine menschliche Spezies allein durch ihr Genom definiert worden, aber waren wir jetzt nicht im Begriff, dies erstmals zu akzeptieren? Welche Bedeutung konnte das haben? War dieser Denisova-Mensch eine Art sibirischer Yeti, ein «Schneemensch», der im Verborgenen überlebt hatte wie der kleinwüchsige Hominine von Flores auf seiner Insel? Oder handelte es sich um eine weitverbreitete, unbemerkt gebliebene Spezies, die in der Geschichte der Gattung *Homo* in Asien eine bedeutende Rolle gespielt hat? Einer meiner ersten Gedanken dabei war, dass man vielleicht auf wundersame Weise die DNA des *Homo erectus* entdeckt hatte. Damals war diese Bezeichnung quasi gleichbedeutend mit dem «asiatischen Frühmenschen».

Ich hatte den Eindruck, dass die Journalisten mit ihrer Erfindung einer denisovanischen Pseudo-Spezies «gesündigt» hatten. Ich erzählte meinem Co-Autor François, der selbst Journalist ist, von meinem Unbehagen als Paläontologin. Wir kamen ins Gespräch. Seitdem wir uns kennen – wir haben bereits zwei Bücher miteinander geschrieben, eines über den Neandertaler und das andere über den *Homo sapiens* –, diskutieren wir ständig über die Urgeschichte. Wir tauschen uns über jede Veröffentlichung aus, die die frühe Besiedelung unseres Planeten durch die Menschen in einem neuen Licht erscheinen lässt. Wir tasten uns voran, prüfen wissenschaftliche Paradigmen und überlegen, wie wir die neuen Ergebnisse, die Prähistoriker, Paläoanthropologen und Genetiker

mit großem Aufwand erzielen, interpretieren können. Dieser Austausch ist für mich immer wieder eine ganz besondere Erfahrung. Wie alle Kollegen in meinem Forschungsumfeld bin ich äußerst zurückhaltend, aber zugleich verleiht mir die Haltung des Wissenschaftsjournalisten, der ebenfalls vorsichtig urteilt, mehr Freiheit. Ich wage deshalb ohne Scheu, kühne Hypothesen in Betracht zu ziehen, auf die François ohne die üblichen Reflexe meiner Kollegen reagiert, und auch er macht Vorschläge. Die Bilanz: Wir kommen gut voran.

Das vorliegende Buch ist das Ergebnis von vier Jahren Forschungsarbeit, und es ist an der Zeit, die Schlussfolgerungen unserer großen wissenschaftlichen Untersuchung zum rätselhaften «Denisova-Menschen» zu präsentieren. Am Ende Ihrer Lektüre werden Sie herausgefunden haben, dass im östlichen Eurasien die Evolution den Denisova-Menschen hervorgebracht hat. Diesen Prozess nennen wir «Denisovanisierung», in Anlehnung an den parallel dazu im westlichen Eurasien verlaufenden Prozess der «Neandertalisierung», die zum Neandertaler geführt hat. So wie es im Fernen Westen ein «Neandertal» gab, so gab es im Fernen Osten ein «Denisova». Sie werden außerdem feststellen – was in unserem ersten gemeinsamen Buch, *Der Neandertaler, unser Bruder*, bestätigt wird –, dass die prähistorischen Eurasier sehr lange Zeit «Kulturwesen» waren, die sich an die Umwelt anpassten, in die sie vordrangen. Sie migrierten, vermischten sich mit den Einheimischen, die sie dort antrafen, tauschten Ideen aus und Gene. All diese Merkmale erschweren die Interpretation der asiatischen Fossilien. Doch es besteht kein Zweifel: Es wird auch künftig spektakuläre Entdeckungen geben. Sie werden Aufschluss geben über die Geschichte der Besiedelung Asiens und die Grundzüge der Denisovanisierung bestätigen, die wir im Folgenden darstellen werden. Bis dahin finden Sie hier die denkbar knappste Lösung des Denisova-Geheimnisses.

TEIL I

DER DRITTE MENSCH



Der Denisova-Jäger des Nordens ähnelte im Erscheinungsbild dem Neandertaler.

1 | Das Rätsel

Sommer 2010. Der erste Anpfiff der Fußball-Weltmeisterschaft ertönt in Südafrika. «*This time for Africa!*», singt Shakira. *Diesmal findet es in Afrika statt.* Das trifft für die Fußballfans zu, aber nicht für die Prähistoriker. Merkwürdiges Paradoxon: Während die ganze Welt auf die Wiege der Menschheit schaut, richten sie den Blick nach Asien, auf einen entlegenen Winkel Sibiriens, auf eine Höhle an einem Talhang – die Denisova-Höhle. Dort soll eine bis dahin unbekannte Menschenform aus der Altsteinzeit ihre Nasenspitze, eigentlich ein Fingerglied, gezeigt haben. Jedenfalls behaupten das Forscher des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie in Leipzig.

Wenn ein Fingerglied ein Frösteln verursacht

In der Urgeschichte ist der Nachweis einer neuen menschlichen Spezies ein seltenes Ereignis. Normalerweise löst eine solche Entdeckung in der Fachwelt Begeisterung aus, wirft jedoch zahlreiche Fragen auf: Wie sind diese Menschen einer fernen Vergangenheit mit den heutigen verwandt? Sind sie unsere Vorfahren? Oder sind sie das Ergebnis eines anderen Zweiges der menschlichen Evolution? Das hatte das Zeug, die Weltgemeinschaft in helle Aufregung zu versetzen.

Doch diesmal war das nicht der Fall. Die Ankündigung der Leipziger Forscher stieß auf einen gewissen Unmut und tiefe Skepsis. Das war ja eine verkehrte Welt! Was war es bloß, das den Paläoanthropologen die

Haare zu Berge stehen ließ? Ein Detail haben wir unerwähnt gelassen: Die Entdecker sind Genetiker. Und ihre Schlussfolgerung stützte sich nicht auf eine anatomische Untersuchung des Fingerfragments, sondern auf die DNA, die sie daraus extrahieren konnten. Praktisch gleichzeitig schockierte das Team auch mit der Veröffentlichung der Neandertaler-DNA und dem Nachweis, dass die Eurasier Neandertaler-Gene geerbt hatten. Also eine neue eurasische Spezies ... wirklich? Und dann auch noch allein anhand ihrer DNA? Ohne andere Fossilien als ein Fingerglied? Aber wohin verstiegen sich die Genetiker? Allgemeines Erstaunen unter den Prähistorikern.

Welle auf Welle

So seltsam es auch klingen mag, die Paläoanthropologen hatten dennoch allen Grund, an diese neue Spezies zu glauben. Und zwar einfach deshalb, weil sie eine offensichtliche Lücke im Puzzle der langen Menschheitsgeschichte füllte. Um zu verstehen, welche Lücke das ist, muss man sich vor Augen halten, dass seit mehr als zwei Millionen Jahren von Afrika aus immer wieder Wellen von Menschen nach Eurasien kamen. Diese Populationen trafen auf die Nachkommen der vorherigen Wellen. Vor etwa 70 000 Jahren, als die größte Welle der Gattung *Homo sapiens* Afrika verließ, lebte in Europa seit Hunderttausenden von Jahren eine Spezies: der *Homo neanderthalensis*.

Die Neandertaler waren zäh und kältengewohnt, in Europa hatten sie vier Eiszeiten überstanden. In den Warmzeiten breiteten sie sich in den Nahen Osten und später nach Zentralasien aus. Allerdings waren sie dort nicht schon immer gewesen. Sie stammen von archaischen Menschen ab, die ihrerseits aus Afrika gekommen waren. Diese Vorfahren, die den vorangegangenen großen Migrationsschub repräsentierten, breiteten sich über den gesamten eurasischen Kontinent aus und veränderten sich im Lauf der Zeit körperlich. In Europa entwickelte sich der Neandertaler. Daher traf der *Homo sapiens*, als er von Afrika nach

Norden vordrang, diesen robusten und widerstandsfähigen Menschentypus.

So weit das Szenario im Westen des großen eurasischen Kontinents, aber was geschah auf der anderen Seite, im Fernen Osten? Auf welche Spezies traf der *Homo sapiens* in Asien? Wenn die vorangegangene Welle den Neandertaler in Europa hervorbrachte, hat sie dann nicht zu einer eigenen Menschenform in Asien geführt? Merkwürdigerweise stellte sich im Jahr 2010 die Welt der Paläoanthropologen diese Frage nicht, obwohl in Asien menschliche Fossilien entdeckt worden waren.

Welcher Spezies wurden sie zugeschrieben? Einem der großen Eroberer der Familie der Homininen, dem *Homo erectus*. Diese Menschenform mit kräftigem Körperbau, zum Gehen und Rennen geschaffen, aber noch mit geringer Schädelkapazität, tauchte in Afrika auf und verließ es vor etwa zwei Millionen Jahren. Der *H. erectus* ist unser sehr ferner Vorfahr, da ja Sapiens aus den fernen Nachkommen der in Afrika verbliebenen Populationen hervorgegangen ist.

Man nahm an, *H. erectus* stehe am Beginn der Besiedelung Asiens, finden sich seine fossilen Spuren aus über einer Million Jahren doch in ganz Asien. Mit anderen Worten, im Jahr 2010 stellten sich die Prähistoriker die Dinge folgendermaßen vor: In Asien war der «archaische *H. erectus*» im Lauf einer langsamen und kontinuierlichen Evolution ohne Speziessprünge vom «entwickelten *H. erectus*» abgelöst worden.

Offensichtlich brachte diese Sichtweise eine Asymmetrie zwischen dem östlichen und westlichen Eurasien ins Spiel. In Europa hatte sich der «archaische *H. erectus*» nicht zu einem «entwickelten *H. erectus*» gewandelt, sondern war vielmehr einer deutlich anderen Spezies gewichen: dem Neandertaler! Warum also wurde in Bezug auf Asien das erstaunliche und wenig plausible Szenario einer kontinuierlichen Entwicklung über einen sehr langen Zeitraum hinweg (ein Drittel der gesamten Menschheitsgeschichte!) gegenüber dem Szenario der Entstehung einer neuen Spezies bevorzugt?

Trotz des Eindrucks, dass hier mit «zweierlei Maß» gemessen wurde,

ließen sich die Paläoanthropologen nicht beirren: Vor dem Sapiens und bis auf vereinzelt Eindrigen des Neandertalers war der *H. erectus* der einzige Bewohner des riesigen asiatischen Kontinents gewesen. Deshalb runzelten die Paläoanthropologen – gelinde gesagt – die Stirn, als sie von der Entdeckung einer bislang unbekannten Spezies in der Denisova-Höhle erfuhren.

Der zweite Grund für ihre Skepsis war, wie bereits erwähnt, der Umstand, dass dieses Ergebnis aus einem Genetiklabor stammte. Betreut wurden die beiden Forschungsprojekte von dem schwedischen Biologen Svante Pääbo: das eine zu dem in der Denisova-Höhle ausgegrabenen Fragment eines Fingerglieds, das andere zur für die Prähistoriker so verstörenden DNA des Neandertalers. Svante Pääbo, dieser Visionär, ist der Begründer der Paläogenetik, wofür er 2022 den Nobelpreis für Physiologie oder Medizin erhielt in Anerkennung der großen wissenschaftlichen Fortschritte, die er angestoßen hatte.

Svante, du bist krass

Svante Pääbo war der Erste, der glaubte, alte DNA in Fossilien finden zu können; er nahm die Herausforderung an, entdeckte und überwand das größte Hindernis auf diesem Weg: die Kontaminierung. Bei der Veröffentlichung bedeutender paläogenetischer Entdeckungen steht sein Name oft am Ende der Autorenliste. Wer mit der Forschung vertraut ist, weiß, dass bei einer wissenschaftlichen Publikation der erste und der letzte Name auf der Liste der Autoren am relevantesten sind: Ganz oben wird derjenige genannt, der die Arbeit durchgeführt hat, am Ende steht der Name der Person, die die Forschung initiiert, konzipiert und betreut hat. Die Journalisten haben sich daran gewöhnt: Der Name Svante Pääbo ist Ausweis für einen Meilenstein in der Forschung. Heute feiert die Welt seine unschätzbare Leistung, doch wie in vielen Legenden der Wissenschaft hat Svante Pääbo als junger Mann allein begonnen und enorme technische Schwierigkeiten überwunden.

Während seines Studiums in den 1980er Jahren war Svante Pääbo praktisch der Einzige, der daran glaubte, eines Tages alte DNA extrahieren und analysieren zu können. Allein die Hoffnung darauf galt damals als Spinnerei: Nach herrschender Meinung war jedes genetische Material, das älter als ein paar Jahre war, für immer verloren. Und das nicht ohne Grund. Tatsächlich zerfällt die DNA sehr schnell. Insbesondere unter dem Einfluss der natürlichen Strahlung, die die Erdoberfläche umgibt, erfährt sie pro Zelle und Tag Zigtausende Schäden, die zu Lebzeiten ständig repariert werden, nicht aber nach dem Tod. Zur weiteren Zerstörung trägt die nach dem Tod einsetzende Aktivität nekrophager Organismen bei.

In seiner Freizeit führte Svante Pääbo heimlich Versuche an der DNA durch, die er Mumien der ägyptologischen Sammlung des Museums in Uppsala, Schweden, entnommen hatte. Er fügte alle DNA-Teile, die er jeder Mumie entnommen hatte, in der Art eines Puzzles zusammen. Damals war die Polymerase-Kettenreaktion – die berühmte PCR des Covid-Tests (englisch *Polymerase Chain Reaction*) – die einzig mögliche Technik, eine DNA zu rekonstruieren. Doch die Effizienz dieser Methode war begrenzt wegen der Kontamination der Probe durch alle Personen, die damit in Berührung gekommen waren, wie die Einbalsamierer der Leichname im Alten Ägypten, die Archäologen, Museumsangestellten etc.

1984 gelang es Svante Pääbo zum ersten Mal, genetisches Material von Zellen zu isolieren, die er Mumien entnommen hatte. Nach diesem ersten Erfolg widmete er sich unermüdlich dem Kampf gegen die Kontamination der alten DNA durch neue DNA. Ohne uns dessen bewusst zu sein, geben wir Menschen unsere DNA ständig an unsere Umgebung ab. Svante Pääbo entwickelte Methoden, um DNA-Fragmente eines bestimmten Organismus zu erkennen und chemisch zu isolieren, um sie dann mithilfe der Bioinformatik zusammenzubauen.

Im Jahr 1990 hatte die Ludwig-Maximilians-Universität in München den richtigen Riecher, als sie den hervorragenden, damals erst 35-jähri-

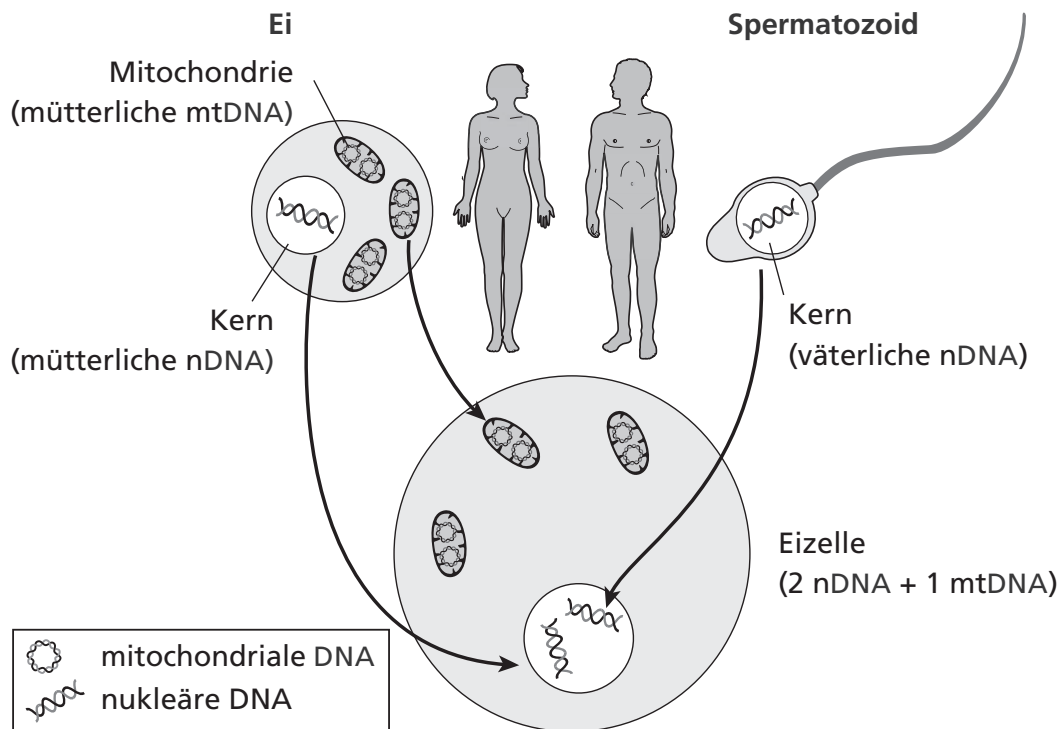


Abb. 1.1: Wie die Pflanzen und Tiere besitzen auch die Menschen zwei Arten von DNA: nukleäre DNA (nDNA), die von beiden Elternteilen vererbt wird, und mitochondriale DNA (mtDNA), die nur in weiblicher Linie vererbt wird – das Spermatozoid enthält auch Mitochondrien, die jedoch nicht auf die Eizelle übertragen werden, aus der sich das Kind entwickelt. Das männliche Y-Chromosom der Säugetiere wird nur in der männlichen Linie weitergegeben.

gen Forscher berief. Mithilfe der von ihm entwickelten Techniken gelang es Svante Pääbo, nicht kontaminierte DNA aus dem Arm eines Neandertalers zu extrahieren und daraus eine Abfolge von 379 Basen zu rekonstruieren.

Wie Pflanzen und Tiere besitzt auch der Mensch zwei Arten von DNA: die Kern-DNA, die von beiden Elternteilen weitergegeben wird, und die Mitochondrien-DNA (mtDNA), die nur in weiblicher Linie vererbt wird. Die Samenzelle enthält zwar Mitochondrien, die aber nicht an die Eizelle weitergegeben werden, aus der sich der Embryo entwickelt. Das männ-

liche Y-Chromosom der Säugetiere wird nur innerhalb der männlichen Linie vererbt.

Diese Basen, die in den Zellkernen – den Molekülen, aus denen die DNA besteht – enthalten sind, waren Teil eines Rings aus 16 569 Basen, der mitochondrialen DNA des Neandertalers aus dem Neandertal. Die Fortschritte des Teams von Svante Pääbo waren so vielversprechend, dass die Deutsche Forschungsgemeinschaft das Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig gründete, mit umfangreichen technischen, personellen und finanziellen Mitteln ausstattete und Pääbo zum Direktor der Abteilung für Genetik ernannte. Wir werden dieses Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie (MPI-EVA) im Folgenden oft erwähnen, da es eine wichtige Rolle in der Paläoanthropologie spielt.

Um das Jahr 2000 machten sich Svante Pääbo und sein Team mit den von ihnen entwickelten Methoden auf den Weg, der sie eines Tages zu einer wissenschaftlichen Sensation führen sollte. Sie machten sich an die vollständige Sequenzierung des mitochondrialen Genoms einer anderen Spezies: des Neandertalers. Im Jahr 2006 organisierte Silvana zusammen mit anderen in Bonn einen großen Kongress unweit des Neandertals, wo im Jahr 1856 das erste Neandertaler-Fossil gefunden worden war. Die Prähistoriker, die anlässlich des 150. Jahrestags dieser Entdeckung zusammengekommen waren, erwarteten die Präsentation von Ergebnissen zur Genetik des Neandertalers, vielleicht sogar die vollständige Sequenzierung seiner mitochondrialen DNA, wobei diejenige seiner Zellkern-DNA noch in den Sternen zu liegen schien.

Warum? Der Mensch besitzt zwei Genome: das eine, die bereits erwähnte mitochondriale DNA, ist in den Hunderten bis Tausenden Mitochondrien unserer Zellen enthalten, den kleinen Zellorganellen, die den größten Teil der Zellenergie produzieren; das andere, die Zellkern-DNA, ist nur einmal im Zellkern enthalten. Während das 3,2 Milliarden Basenpaare umfassende System des letztgenannten Genoms in jeder Generation durch die Verbindung der beiden Hälften der Zell-

kern-DNA jedes Elternteils gebildet wird, ist der Ring der 16 569 Basen der mitochondrialen DNA in den Mitochondrien der Eizelle enthalten, sodass er von der Mutter unverändert an das Kind weitergegeben wird. Die Untersuchung der mtDNA ermöglicht also die Rückverfolgung der weiblichen Linie und nur diese, während die Untersuchung des geschlechtsbestimmenden Teils des Zellkern-Genoms – des Y-Chromosoms – die Ermittlung der männlichen Linie erlaubt.

Mehr Informationen zu diesem und vielen weiteren Büchern aus dem Verlag C.H.Beck finden Sie unter: www.chbeck.de