

Frühe Menschheit fast ausgestorben?

Die Vorfahren der heutigen Menschen sollen nach einer aktuellen genetischen Studie in ihrer Frühzeit einen drastischen Bevölkerungsrückgang erlitten haben, der über 100.000 radiometrische Jahre (rJ) anhielt. Während dieser Zeit sei die Menschheit wegen ihrer äußerst geringen Zahl immer am Rande des Aussterbens gewesen. Die archäologische Fundsituation widerspricht jedoch dem postulierten Bevölkerungseingpass. Tatsächlich ist es nicht die Genetik, sondern es sind demografische und archäologische Befunde, die darauf hinweisen, dass die nahezu konstant zahlenmäßig *sehr kleine* Menschheit während *fast ihrer gesamten Geschichte* vom Aussterben bedroht war – unter Voraussetzung des konventionellen Langzeitrahmens. Eine drastische Verkürzung der Menschheitsgeschichte löst zwanglos die im Langzeitrahmen auftretenden demografisch-archäologischen Probleme.

Michael Brandt

Postulierter dramatischer Populationsengpass

Hu et al. (2023) analysierten mit *FitCoal* die Genome von 3.154 heute lebenden Menschen verschiedener Herkunft, um frühere Populationsgrößen zu bestimmten Zeitpunkten zu ermitteln. Sie kamen zu dem Ergebnis, dass unsere frühen direkten Vorfahren einen schwerwiegenden Populationsengpass in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. durchlebten. Während dieser Periode waren nach Hu et al. (2023) die Vorfahren des heutigen *Homo sapiens* mit ungefähr 1.280 sich fortpflanzenden Individuen (effektive Populationsgröße) immer am Rand des Aussterbens. Vor dem postulierten Populationsengpass betrug die effektive Populationsgröße um 98.130 Individuen. Mit Beginn des Engpasses reduzierte sich die Zahl unserer Vorfahren somit um fast 98,7 %. Nach dem 117.000 rJ dauernden Engpass stieg die Bevölkerung wieder auf ca. 21.160 sich fortpflanzende Individuen (s. Abb. 1). Die drastische Bevölkerungsreduktion spiegelt sich nach Ansicht von Hu et al. (2023) in der spärlichen archäologischen Fundsituation in der Zeit des Engpasses mit nur wenigen menschlichen Fossilfunden in Afrika und Eurasien zwischen 950.000 und 650.000 rJ v. h. wider.

Hu et al. (2023) vermuten einen dramatischen Populationsengpass unserer Vorfahren während einer 117.000 rJ dauernden Periode am Übergang vom Unteren zum Mittleren Pleistozän.

Als Ursache des dramatischen Bevölkerungseingpasses am Übergang vom Frühen zum Mittleren Pleistozän vermuten Hu et al. (2023) eine klimatische Änderung. Vergletscherungen

hätten sich verstärkt und seien dauerhafter geworden. Dies hätte zu einem Abfall der Meerestemperatur, einer langen Trockenheit und einer dramatischen Änderung der Tierwelt in Afrika und Eurasien geführt.¹

Hu et al. (2023) schlagen weiterhin vor, dass der einschneidende Populationsengpass zur Entstehung einer neuen menschlichen Spezies geführt habe, aus der später der *Homo sapiens*, Neandertaler und Denisova-Mensch entstanden seien. Sie favorisieren den *Homo heidelbergensis* als Vorfahren dieser drei Menschenformen.

Kritik an den Ergebnissen

ASHTON & STRINGER (2023) haben in der Ausgabe von *Science*, in der auch die Arbeit von Hu et al. (2023) publiziert wurde, Stellung zu den Thesen von Hu et al. (2023) genommen. Die beiden Autoren führen aus, dass keineswegs

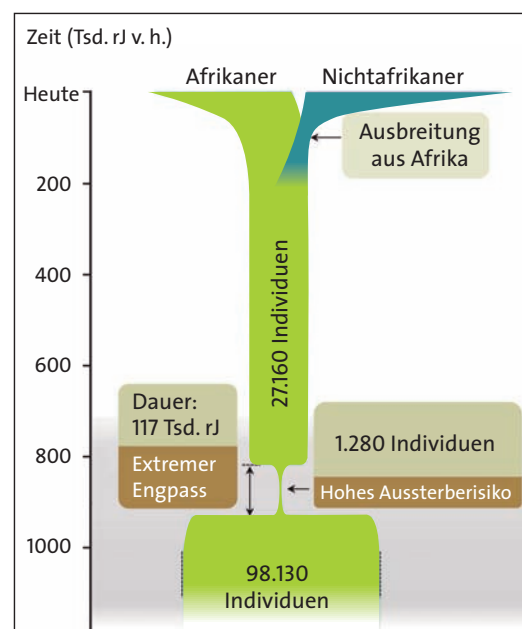


Abb. 1 Schematische Darstellung der Geschichte der menschlichen Populationsgröße nach Hu et al. (2023). Die Individuenzahl gibt die Zahl der sich fortpflanzenden Individuen an (effektive Populationsgröße). Hu et al. (2023) vermuten in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. einen schweren Bevölkerungseingpass mit einem hohen Aussterberisiko der Menschheit. Kritische Diskussion siehe Text. (Johannes Weiss nach Hu et al. 2023, Fig. 5)

Konsens darüber besteht, dass *Homo heidelbergensis* der Ahne von *Homo sapiens*, Neandertaler und Denisova-Mensch war. Zum einen ist nicht klar, ob der letzte gemeinsame Vorfahr in Europa, Asien oder Afrika lebte. Zum anderen weisen Fossilien vom Fundort Yunyang in China darauf hin, dass der gemeinsame Vorfahr älter als der postulierte Bevölkerungsengpass ist. Einige genetische Modelle lassen sogar vermuten, dass die Vorstellung von einem einzigen letzten gemeinsamen Ahnen illusorisch sein könnte.

Der Goldstandard² für die Beurteilung vergangener Populationsgrößen ist der archäologische Befund, denn er dokumentiert die direkten Hinterlassenschaften der Menschen aus früherer Zeit und lässt damit Rückschlüsse auf vergangene Bevölkerungsgrößen zu. An diesem Punkt setzt die Hauptkritik an der Studie von Hu et al. (2023) an.

Archäologische Fundstätten in Afrika und Eurasien widerlegen den postulierten Bevölkerungsengpass.

ASHTON & STRINGER (2023) weisen entgegen der Behauptung von Hu et al. (2023) nach, dass zwischen 930.000 und 813.000 rJ v. h. Hinterlassenschaften des Frühmenschen nicht besonders selten sind. Es gibt eine ganze Anzahl Fundstellen in Europa, Asien und Afrika mit Hinweisen auf eine menschliche Besiedlung während der postulierten Engpassperiode. Dazu gehören in Afrika Fundorte in Kenia wie Kilombe (GqJh1 und GqJh2), Kariandusi und Isinya sowie Fundstätten im Bed IV von Olduvai in Tansania. Weiterhin liegen innerhalb des Zeitfensters des postulierten Populationsengpasses Fundorte in Europa, wie Gran Dolina und Boella in Spanien, Monte Poggiolo in Italien und Happisburgh 3 auf den britischen Inseln. Von weiterer Bedeutung ist die zunehmende Zahl an Fundstellen in China, insbesondere im Qinling-Gebirge, die die Zeitspanne des vorgeschlagenen Engpasses abdecken. Dazu gehören auch die menschlichen Fossilien aus Yunyang. Diese Fundstellen beweisen, dass der Frühmensch in der Zeit von 930.000 bis 813.000 rJ v. h. innerhalb und außerhalb Afrikas weit verbreitet war. Sie widerlegen damit den von Hu et al. (2023) postulierten Populationsengpass.

Sind Weltbevölkerungszusammenbruchs-Szenarien plausibel?

Hu et al. (2023) waren nicht die ersten Forscher, die einen Populationszusammenbruch postuliert haben, für den eine klimatische Abkühlung die Ursache gewesen sein soll.

Eine Klimaänderung mit Abkühlung wird auch als Ursache für einen vermuteten drastischen Rückgang der *Homo-sapiens*-Population auf dem afrikanischen Kontinent in der Zeit von 195.000 bis 72.000 rJ v. h. angeführt. Von 10.000 sich fortpflanzenden Individuen habe sich ihre Zahl auf einige Hundert reduziert (MAREAN 2010).

Am bekanntesten ist ein vermuteter Bevölkerungszusammenbruch im Mittelpaläolithikum. Auf Basis einer genetischen Studie wurde vermutet, dass vor etwa 70.000 rJ v. h. nur ca. 6.000 Individuen des modernen *Homo sapiens* auf unserer Erde lebten. Ursache der starken Dezimierung der Weltbevölkerung sei eine Naturkatastrophe vor etwa 74.000 rJ v. h. gewesen: die Supereruption des indonesischen Vulkans Toba. Der Ausbruch des Toba war wahrscheinlich die stärkste Eruption auf unserer Erde in den letzten zwei Millionen rJ (BRANDT 2020).

Die Auswirkungen des Toba-Vulkanausbruchs hat BRANDT (2020) anhand der relevanten Fachliteratur diskutiert. Die Eruption hatte archäologisch nachweislich keinen größeren Einfluss auf die Siedlungsgeschichte und das Leben der Menschen. Dieser Befund widerlegt den postulierten Weltbevölkerungszusammenbruch. Der Toba-Ausbruch hatte auch keine großräumige längerfristige Auswirkung auf Klima, Vegetation und Tierwelt.

BRANDT (2020) geht auch auf die Frage ein, wie realistisch Zusammenbrüche der Weltbevölkerung, die in der Regel mit einer Klima-abkühlung begründet werden, überhaupt sind.

Archäologisch gibt es keine Hinweise auf Zusammenbrüche der Weltbevölkerung in der Menschheitsgeschichte.

Weltweite Siedlungslücken, die auf einen globalen drastischen Bevölkerungsrückgang und eine anschließende Wiederbesiedlung der Erde hinweisen, sind archäologisch bisher nicht bekannt. Dies widerspricht jedem postulierten drastischen Einbruch der Weltbevölkerung. Gegen Zusammenbrüche der Weltbevölkerung sprechen generell aber auch die Lebensumstände der Frühmenschen. Sie hatten im Vergleich mit den später lebenden Menschen, bei denen bisher noch nie ein Zusammenbruch der Weltbevölkerung postuliert wurde, deutlich bessere Lebensbedingungen (BRANDT 2020). Die Ernährung der Frühmenschen basierte zu einem nicht unerheblichen Teil auf Großwild, und die Besiedlungsdichte war sehr gering. Unter diesen Umständen dürften Klimaabkühlungen für den sehr anpassungsfähigen Frühmensch (BRANDT 2020, 2023) kein existenzbedrohendes Problem gewesen sein.

Klimaabkühlungen waren keine bedrohliche Herausforderung für den in relativ guten Umständen lebenden Frühmenschen.

Effektive Populationsgröße und tatsächliche Bevölkerungszahl

Hu et al. (2023, 983) sehen in der sehr geringen Zahl sich fortpflanzender Individuen (effektive Populationsgröße) über viele Jahrzehntausende während des Engpasses ein Problem: „Viele Fragen bleiben unbeantwortet, wie zum Beispiel, ... wie die frühere Bevölkerung so lange so klein bleiben konnte“ (übersetzt). Die Autoren schließen, dass die Menschheit während des Engpasses vom Aussterben bedroht war.

Bei Verwendung der effektiven Populationsgröße im Rahmen demografischer Überlegungen, wie Hu et al. (2023) und andere Genetiker es tun, stellt sich die Frage nach dem Verhältnis von *effektiver* Populationsgröße zur *tatsächlichen* Bevölkerungszahl. BRANDT (2020) ist anhand der Fachliteratur darauf näher eingegangen.

Es ist wichtig festzustellen, dass die effektive Populationsgröße ein genetischer Vergleichswert und nicht die tatsächliche Individuenzahl einer Bevölkerung ist. Sie ist ein Maß für die genetische Vielfalt einer Population. Da die effektive Populationsgröße aber wie die tatsächliche Populationsgröße in Personenanzahl angegeben wird, werden beide manchmal verwechselt. In der Fachliteratur werden auch Schlüsse von der effektiven Populationsgröße auf die Gesamtpopulationsgröße gezogen. Die dabei verwendeten Faktoren sind jedoch sehr unsicher, weil es *keinen* einfachen Zusammenhang zwischen der Gesamtpopulationsgröße und der effektiven Populationsgröße gibt. Ursache dafür ist die Tatsache, dass die effektive Populationsgröße nicht nur von der Gesamtpopulationsgröße, sondern auch von einer Vielzahl weiterer Faktoren (z. B. Aufspaltung der Gesamtpopulation in einzelne Gruppen, lokale Aussterbeereignisse) bestimmt wird, die weitgehend nicht quantifizierbar sind.

Die effektive Populationsgröße ist immer deutlich kleiner als die tatsächliche Populationsgröße. Ein besonders beeindruckendes Beispiel ist die heutige Menschheit, deren effektive Populationsgröße nach CHARLESWORTH (2009) mit nur 10.400 Individuen angegeben wird.

Es sind zwar nicht genetische Studien heute lebender Menschen, die Hinweise auf eine Bedrohung der frühen Menschheit durch Aussterben geben, jedoch vermitteln demografische und archäologische Befunde solche Hinweise, und zwar nicht nur in bestimmten Pha-

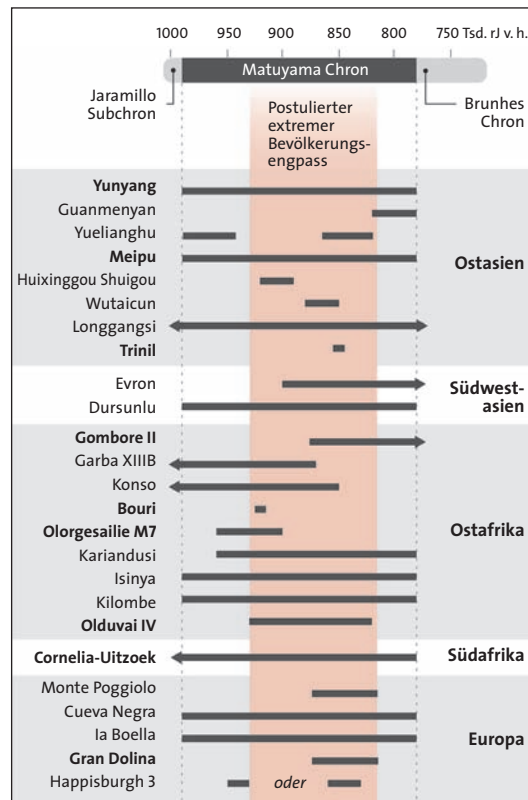


Abb. 2 Archäologische Funde in der Zeit des postulierten extremen Bevölkerungsentpasses vor 930.000 bis 813.000 v. h. in Afrika, Europa und Asien. Die Hinterlassenschaften des Menschen sprechen gegen einen Bevölkerungsentpass. Die Balken stellen die Zeitdauer der menschlichen Besiedlung dar, die Pfeile an den Balken weisen auf eine Besiedlung über den Zeitraum des vermuteten Engpasses hinaus hin. Fundplätze mit fossilen menschlichen Knochen sind fett gedruckt. (Johannes Weiss nach ASHTON & STRINGER 2023)

sen, sondern nahezu während ihrer gesamten 2 Millionen v. h. dauernden Geschichte – unter Voraussetzung des Langzeitrahmens. Das Überleben der Menschheit und Daten der menschlichen Frühgeschichte stellen diesen zeitlichen Rahmen in Frage. Darauf wird im Folgenden eingegangen.

Drastische Reduktion des konventionellen Langzeitrahmens erforderlich

BRANDT (2020) diskutiert ausführlich das im konventionellen Langzeitrahmen gravierende Problem einer sehr kleinen Weltbevölkerung ohne nennenswertes Wachstum während nahezu der gesamten 2 Millionen v. h. dauernden Menschheitsgeschichte. Dabei geht BRANDT (2020) auch auf das damit einhergehende Problem der nahezu gleichbleibenden sehr geringen Siedlungsdichte während dieser extrem langen Zeit ein. Eine konstant geringe Bevölkerung, die in weit verstreuten Kleingruppen lebte, könnte kaum über *viele* Jahrhunderttausende auf unserer Erde existiert haben, weil sie aufgrund zufälliger populationsdynamischer *Fluktuationen* mit sehr großer Wahrscheinlichkeit ausgestorben wäre.

Im konventionellen Langzeitrahmen treten schwerwiegende demografische und archäologische Probleme auf.

Eine Hauptursache für solche Schwankungen ist das zweitweise auftretende starke Ungleichgewicht der Geschlechter. Einem Aussterben hätte der Mensch nur durch eine extreme Vernetzung über sehr große Entfernungen begegnen können, was aber aufgrund der verfügbaren empirischen Datenlage sehr unrealistisch ist.

BRANDT (2020) diskutiert weiterhin die im konventionellen Langzeitrahmen *viel zu geringen* Mengen an steinernen Hinterlassenschaften der Menschen.

Nur eine drastische Verkürzung der Menschheitsgeschichte löst nach BRANDT (2020) die im konventionellen Langzeitrahmen auftretenden zahlreichen demografischen und archäologischen Probleme. Statt der konventionell zwei Millionen Jahre ist die Menschheit wahrscheinlich nur einige Tausend Jahre alt.

Anmerkungen

¹ HU et al. (2023) nehmen den ostasiatischen *Homo erectus* von dem drastischen Bevölkerungseingpass aus, weil er ihrer Meinung nach zu der Linie, die zum

modernen Menschen führt, genetisch nichts beigetragen hat. Diese Einschätzung verwundert angesichts der Tatsache, dass die Autoren eine Klimaabkühlung weltweit als Ursache des Bevölkerungseingpasses annehmen. Von dieser Klimaänderung wäre nämlich auch der *Homo erectus* in Ostasien betroffen gewesen.
² Bezeichnung für die Methode, Prozedur oder das Messverfahren, das allgemein als die treffsicherste verfügbare Methode zur Diagnose oder die beste Methode zur Therapie akzeptiert ist, und mit der neue Entwicklungen verglichen werden sollten.

Literatur

- ASHTON N & C STRINGER (2023) Did our ancestors nearly die out? *Science* 381, 947–948.
- BRANDT M (2020) Wie alt ist die Menschheit? Demografie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 6. erw. Aufl., Holzgerlingen.
- BRANDT M (2023) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrals Special, 2. erw. Aufl., Holzgerlingen.
- CHARLESWORTH B (2009) Fundamental concepts in genetics: effective population size and patterns of molecular evolution and variation. *Nat. Rev. Genet.* 10, 195–205.
- HU W, HAO Z et al. (2023) Genomic interference of a severe human bottleneck during the Early to Middle Pleistocene transition. *Science* 381, 979–984.
- MAREAN CW (2010) Als die Menschen fast ausstarben. *Spektrum der Wissenschaft* 12, 58–65.