

---

## Zusammenfassung

Hominiden-Fossilien sowie genetische Daten verdeutlichen, dass die Evolution von kognitiven und sprachlichen Kapazitäten beim modernen Menschen nicht auf eine einzelne massive Mutation zurückgeführt werden kann. Seitdem sich die Gattung Homo von der Gattung Pan abgespalten hat, trat offensichtlich eine graduelle Evolution kognitiver und sprachlicher Fähigkeiten ein. Die kraniale Kapazität, die vermutlich mit der kognitiven Kapazität korreliert, erhöhte sich systematisch im Verlauf der menschlichen Abstammungsgeschichte, wenn die Arten *H. floresensis* und *Paranthropus* nicht berücksichtigt werden. Zahlreiche externe und intrinsische Faktoren dürften die kognitive Evolution ausgelöst haben, wobei soziale Faktoren offensichtlich eine entscheidende Rolle gespielt haben. Entsprechend wird geschlussfolgert, dass die Evolution der „biologischen Disposition für Sprache“ im Einklang mit der Evolution anderer kognitiver Kapazitäten erfolgte und auf graduellen Mutationen beruht.

---

## Stichwörter

Anzestrale Migration, Biologische Disposition, Kraniale Kapazität, Homini-  
denfossilien, mtDNA, Multiregionale Hypothese, Out-of-Africa-Hypothese,  
Pan-Hom-Abspaltung, Primatenevolution.

## 1.1 Ein Überblick

Wie hat sich das Sprachvermögen entwickelt? Um sich dieser offensichtlich mysteriösen Fragestellung annähern zu können, müssen wir uns mit der Abstammung des Homo (H.) sapiens – bzw. modernen Menschen – auseinandersetzen. Das Gehirn des modernen Menschen spielt hierbei eine zentrale Rolle. Es ist mit einem kognitiven Berechnungssystem ausgestattet, das über ein beträchtliches und außergewöhnliches Leistungsvermögen verfügt. Das Sprachsystem kann als Teilsystem dieses Berechnungssystems angesehen werden. Der moderne Mensch ist der einzige biologische Organismus, der aufgrund seiner kognitiven und sprachlichen Fähigkeiten, die sich wiederum durch prosodische lexikalische, semantische und syntaktische Berechnungen auszeichnen, in der Lage ist, über innere Befindlichkeiten, Gefühle, Gedanken und Ideen zu berichten und Informationen auszutauschen. Wir implizieren hierbei nicht, dass die biologischen Vorfahren des modernen Menschen nicht über sprachliche Kapazitäten verfügten. Gerade im Gegenteil vermuten wir, dass sich die biologischen Grundlagen unseres Sprachsystems über mehrere Millionen Jahre hinweg allmählich entwickelten. Um den Bauplan der Sprachevolution besser zu verstehen, ist es wichtig, ein genaues Bild über die Faktoren zu erhalten, die diese an den sprachlichen Berechnungen beteiligten neurobiologischen Prozesse stützen. Mit dem Begriff „Sprache“ beziehen wir uns auf alle natürlichen Sprachen, sowohl die, die aktuell gesprochen werden, als auch solche, die bereits ausgestorben sind. Das Vermögen oder die Kapazität, eine Sprache zu sprechen, basiert auf universellen Berechnungen der menschlichen Kognition und dieses Vermögen ermöglicht uns, unendliche viele neue Bedeutungen zu kreieren und auszudrücken. Die Menge der linguistischen Regeln, die auf universellen Parametern beruhen, sind dagegen finit und werden durch einen art-spezifischen neurobiologischen Bauplan vorgegeben.

Moderne Menschen besitzen eine gemeinsame Abstammung mit anderen Primaten. Millionen von Jahren trennen verschiedene Arten, und deren Evolution ist das Ergebnis von vermutlich graduellen genetischen Mutationen, die durch Faktoren bestimmt wurden, über die wir zum gegenwärtigen Zeitpunkt nur spekulieren können. Obwohl das Sprachvermögen auf dem Genotyp des modernen Menschen (H. sapiens) beruht, können wir keine Evidenz zur Unterstützung der Annahme finden, dass dieser Genotyp sich durch Merkmale auszeichnet, die spezifisch für Sprache sind. Der moderne Mensch ist mit einer „biologischen Disposition für Sprache“ ausgestattet, aber diese ist nicht das Ergebnis einer einzigen, massiven Mutation. Der Genotyp des modernen Menschen unterstützt bestimmte kognitive Eigenschaften, die für den Spracherwerb und für andere kognitive Fähigkeiten grundlegend sind. In diesem Zusammenhang weisen wir auf verschiedene Hypothesen über Ereignisse hin, die wahrscheinlich relativ kleine Mutationen im

Rahmen der natürlichen Selektion auslösten. Viele Faktoren haben vermutlich über einen längeren Zeitraum hinweg die neurobiologischen Prozesse geformt, die es uns heute ermöglichen, Informationen über die wahrgenommene Welt und darüber, wie gewisse Dinge funktionieren, auszutauschen, aber wir können auch, wie bereits erwähnt, innere Zustände, Emotionen, Überzeugungen oder Ansichten ausdrücken. Vor allem ermöglicht die menschliche Sprache soziale Stabilität unter den Mitgliedern einer Gruppe oder Gemeinschaft und es ist möglich, gemeinsame Ziele und Absichten abzusprechen.

Ein einflussreicher philosophischer Standpunkt des 20. Jahrhunderts postuliert, dass nur *H. sapiens* mit einer angeborenen linguistischen Universalgrammatik ausgestattet seien, und weist implizit die Annahme einer graduellen Evolution der „biologischen Disposition für Sprache“ zurück (Chomsky, 1965; Bickerton, 2009). Das Modell der Sprachevolution abzulehnen ist ein irrationaler Standpunkt und übergeht den zwischenzeitlich in den Naturwissenschaften erzielten Erkenntnisstand. Diese kreationistische Position war (und ist teilweise) populär, da sie größtenteils gegen empirische Daten immun ist. Demgegenüber spiegelt sie die Schwierigkeit wider, ein plausibles Kognitionsmodell der Primatenevolution zu entwickeln. Beispielsweise kann das Alter eines Primatenfossils mit radiometrischen oder inkrementellen Messungen ungefähr bestimmt werden, aber es bleibt unklar, in welchem Verhältnis diese Fossilien zueinander stehen und wie sie im Rahmen eines Stammbaums abgebildet werden sollen. Auch ist die Isolierung von mitochondrialer (mt)DNA in den Knochen von Fossilien ziemlich schwierig, weil DNA mit der Zeit degradiert und Gewebe oder Knochen absterben. Im Allgemeinen wird angenommen, dass Fossilien, die älter als 40.000 Jahre sind, keine DNA mehr enthalten. Die „biologische Disposition der Sprache“ (BDS) kann jedoch als das Ergebnis eines langen evolutionären Prozesses angesehen werden und unsere kognitiven Fähigkeiten sind nicht unbedingt derart einzigartig, wie es teilweise behauptet wird: Jede kommunikative Kapazität kann einer bestimmten Art spezifisch zugeordnet werden, aber die Interpretationen werden oft anthropomorphisiert und gegenüber der BDS als inferior angesehen. Ein besseres Verstehen unseres Sprachvermögens erfordert, dass Vergleiche zu anderen, nicht-menschlichen Kommunikationsformen gezogen werden, weil die BDS durch natürliche Selektion entstanden ist und nicht aufgrund eines metaphysischen Beschlusses. Paul Broca hatte einmal in diesem Zusammenhang kundgetan: „Ich möchte lieber ein transformierter Affe sein als ein degenerierter Sohn von Adam“ (zitiert von Sagan, 1979). Bevor wir einige mögliche Szenarien vorstellen, die die kognitive Evolution ausgelöst und unterstützt hat, soll zunächst zusammenfassend dargestellt werden, was wir zum gegenwärtigen Zeitpunkt über die Entwicklungsgeschichte der Menschheit wissen.

Einer der ersten Ansätze zur systematischen Untersuchung des Verhältnisses zwischen einzelnen Sprachen und deren Ursprung beruht darauf, natürliche Sprache analog zum Abstammungsmodell der Arten zu beschreiben. Der Sprachwissenschaftler August Schleicher (1861) verwendete einen Stammbaum, der die botanische Taxonomie widerspiegelte, um die Geschichte der Sprachen als natürliche Entwicklungsstadien in Form von Auf- und Abstieg zu beschreiben. Zur gleichen Zeit war er ein Vertreter eines polygenetischen Modells. Er vermutete, dass der Ursprung verschiedener Sprachgruppen auf einem sprachlosen Urmenschen mit affenähnlichen Vorfahren beruht. Schleicher glaubte, dass die große Vielfalt der Sprachen, die sich unabhängig voneinander entwickelt hätten, gegen die Annahme einer Protosprache spricht, die Ausgangspunkt für die Entwicklung moderner Sprachen sei. In diesem Zusammenhang argumentierte der Zoologe und Generalist Ernst Haeckel (1868), dass verschiedene Arten und Rassen sowie deren sprachliche Vielfalt von einem Affenmenschen abstammen. Vor dem Hintergrund der Annahme, dass es verschiedene Abstammungslinien gibt, glaubten viele Sprachwissenschaftler des 19. und 20. Jahrhunderts an einen engen Zusammenhang zwischen einer bestimmten menschlicher Rasse und einer einzelnen Sprache. Alfredo Trombetti (1905), ein italienischer Sprachwissenschaftler, verteidigte jedoch in Anlehnung an Charles Darwins (1871) Überzeugungen ein monogenetisches Modell, indem er vermutete, dass alle Einzelsprachen auf eine Sprache zurückgeführt werden können, die etwa vor 100.000-200.000 Jahren gesprochen wurde. Mit dem Anspruch, linguistische Universalien zu finden, versuchte Joseph Greenberg (1963) in jüngerer Zeit alle menschlichen Sprachen zu klassifizieren. Er teilte diesen Ansatz mit Noam Chomsky (1956), dessen Vorgehensweise allerdings nicht empirisch ist, sondern deduktiv und theoriegeleitet. Die Schwierigkeiten, diese Ergebnisse in Bezug auf die neurobiologische Architektur zu deuten, konnten damit jedoch nicht überbrückt werden. Beispielsweise werden einige universelle linguistische Eigenschaften als absolut angesehen (z. B. besitzen alle Sprachen Pronomen). Zudem tendieren die meisten Sprachen zu bestimmten Strukturen: Sprachen mit einer SVO (Subjekt-Verb-Objekt)-Wortordnung verwenden meistens Präpositionen und SOV-Sprachen Postpositionen (in dem englischen Beispiel „He gave the book to her“ befindet sich das Verbpartikel „to“ vor dem indirekten Objekt; in der japanischen Version des gleichen Satzes „Kare wa kanojo ni hon o ageta“ (wörtlich: „Er ihr Buch gab“) werden die Partikel bzw. Kasus-Marker „wa“, „ni“ und „o“ jeweilig nach den entsprechen Pronomen bzw. Nomen platziert.

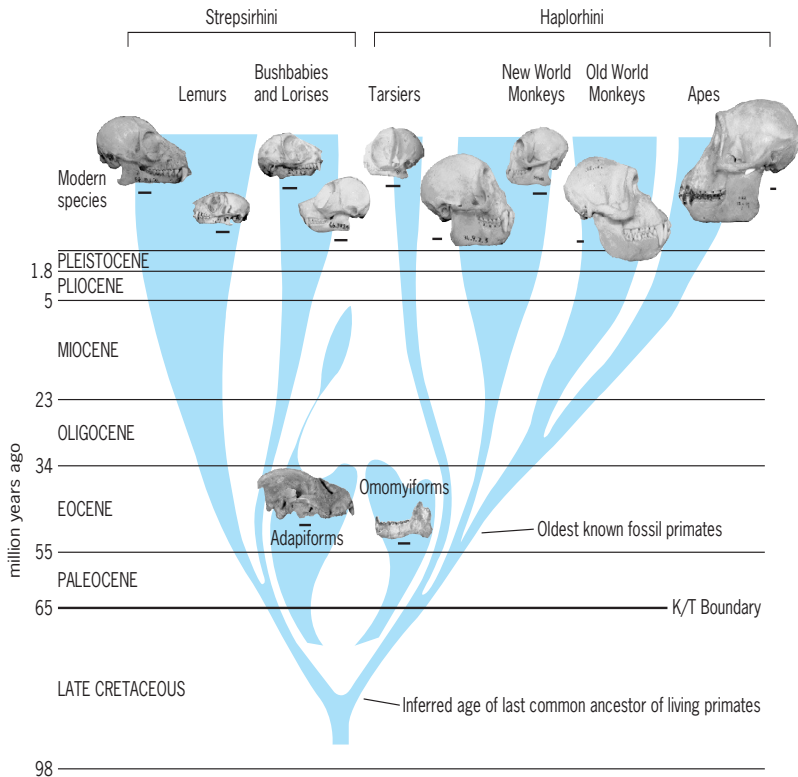
## 1.2 Fossilien-Belege

Die heutigen Evolutionsforscher, die aus unterschiedlichen Disziplinen kommen, vergleichen entsprechend den Pionieren Charles Darwin (1871) und später Eric Lenneberg (1964) biologische, kognitive und verhaltenspsychologische Aspekte zwischen verschiedenen Arten, um die Evolution der Eigenschaften zu verstehen, die die „biologische Disposition für Sprache“ (BDS) ausmachen. Spekulationen und Überzeugungen beruhen oftmals auf unzureichenden empirischen Daten und sind von unseren Vorstellungen über mögliche Ereignisse, die während einer Epoche von mehreren 100.000 Jahren oder sogar Millionen von Jahren stattgefunden haben, abhängig. Ein möglicher Ansatz besteht darin, externe Hinweise näher zu untersuchen. Die zeitlich parallelen Entdeckungen von besonderen Werkzeugen und Fossilien, die mit einem bestimmten kulturellen Verhalten und symbolischen Bedeutungen einhergehen, weisen auf komplexere Formen der Kommunikation hin. Neben der sprachlichen Kommunikation entwickelte der moderne Mensch ein bestimmtes Kulturverhalten wie Werkzeuge und Kleidungsstücke anzufertigen, Fischfang und Tauschhandel zu betreiben, Objekte zu verzieren und sich selbst zu schmücken, symbolische Kunst zu schaffen, sich mit Spielen und Musik zu unterhalten oder der Toten zu gedenken. Sollte die BDS mit modernem Verhalten zusammenfallen, würde der zeitliche Rahmen für die Entwicklung der modernen Sprache bei etwa 40.000-50.000 Jahren liegen. Allerdings bleibt hierbei unberücksichtigt, dass modernes Verhalten und komplexe Formen der Kommunikation nicht aus dem Nichts entstanden sein können. Relevante Komponenten der BDS können bis zu unseren engsten lebenden Verwandten zurückverfolgt werden und vielleicht sogar noch ein Stück weiter (siehe Abb. 1.1).

Nach dem gegenwärtigen Stand der Erkenntnis trennten sich die Gattung *Pan*<sup>1</sup> und die Tribus (Gattungsgruppe) *Hominini* (einschließlich Gattung *Homo* sowie die Vorfahren dieser Gattung) vor etwa 4-7 Mio. Jahren. Archäologische Daten stützen die Annahme, dass sich stammesgeschichtlich die Vorfahren der Gattung *Homo* von den Schimpansen vor 6,5-7,4 Mio. Jahren abspalteten, und die DNA-Analyse verdeutlicht, dass diese Trennung vor ungefähr 4-5 Mio. Jahren endgültig abgeschlossen war. Eine interessante Beobachtung ist, dass *Sahelanthropus tchadensis*, ein 7 Mio. Jahre altes Fossil mit einem Gehirnvolumen von 320-380 cm<sup>3</sup>, menschenähnlichere Eigenschaften aufwies als ein 3-4 Mio. Jahre alter humaner Hominid (z. B. Wood, 2002). Die Speziation oder Artenbildung „Schimpanse-Mensch“ war

---

1 Der Gemeine Schimpanse (*Pan troglodytes*) ist ein Menschenaffe (Gattung *Hominidae*) und gehört der Gattung *Panini* an, genauso wie der Bonobo (*Pan paniscus*), der auch Zwergschimpanse genannt wird.



**Abb. 1.1** Evolution der Primaten. (Adaptiert, © C. Soligo, UCL Anthropologie.)

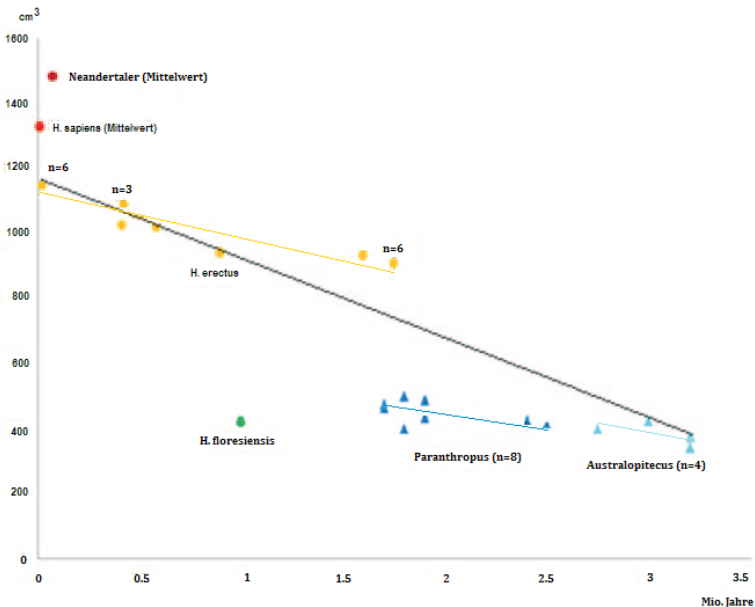
ein relativ langer evolutionärer Prozess, und es ist anzunehmen, dass Kreuzungen stattgefunden haben, bevor sich die Vorfahren des Menschen endgültig vom Stammbaum der Gattung *Pan* abgespalten hatten. Dies ist eine plausible Hypothese, denn der Gemeine Schimpanse und der Bonobo können zusammen Nachwuchs zeugen, obwohl sich beide Arten vor 1 Million Jahren voneinander abspalteten. Ein direkter Vergleich zwischen verschiedenen Formen der Speziation hat begrenzten Wert, aber weist kritisch darauf hin, dass das von Ernst Mayr (1942) entwickelte Artenkonzept weitere Differenzierungen erfordert. Wir stellen in diesem Zusammenhang fest, dass bislang unbekannte Faktoren die Evolution der BDS im Verlauf der menschlichen Abstammungsgeschichte auslösten und dass diese Faktoren in der Abstammungsgeschichte anderer Menschenaffen, einschließlich der Gattung

Pan, keine Rolle spielten. Die geographische Dissoziation von Hominini und „Proto-Schimpanzen“ wird oft als Grund für die unterschiedlichen Abstammungslinien angeführt. Es könnte sein, dass die Formation des Großen Afrikanischen Grabenbruchs (Great Rift Valley) im Osten Afrikas, der eine trockene Savanne darstellt, zu einer spezifischen Evolution der Hominini geführt hat, da die Schimpansen im feuchten Dschungel von West- und Zentralafrika gelebt haben. Das erste Schimpansenfossil, drei 500.000 Jahre alte Zähne, wurde jedoch in Ostafrika in der Nähe des Sees Baringo in Kenia gefunden und nicht in West- oder Zentralafrika (McBreathy und Jablonski, 2005). Daher kann bezweifelt werden, dass das Rift Valley eine Schlüsselrolle bei der Abspaltung von Hominini und Schimpansen gespielt hat. Entsprechend ist Formation einer Savannenlandschaft nur ein schwaches Argument für die Entwicklung des aufrechten Gangs.<sup>2</sup>

Aufgrund des Vergleichs von Genen, die der moderne Mensch und der Gemeine Schimpanse miteinander teilen, hat das Konsortium der Schimpansen-Sequenzierung und -Analyse festgestellt, dass sich das „Forkhead-Box-Protein P2“ (Foxp2) schneller in der menschlichen Abstammungslinie entwickelte. Bei dem Foxp2 handelt es sich um einen an Sprechen und Sprache beteiligten Transkriptionsfaktor. Schimpansen vokalisieren, benutzen Gesten und Gesichtsausdrücke, um zu kommunizieren. Im Laufe der menschlichen Abstammungsgeschichte entwickelte sich diese grundlegende kommunikative Prädisposition unter natürlichem Selektionsdruck weiter und ermöglichte komplexere Vokalisierungen. Die Evolution des modernen Menschen dauerte etwa 4 Mio. Jahre nach der endgültigen Abspaltung vom Schimpansen. Anthropologen sind insbesondere an Übergangsformen interessiert, d.h. Arten, die affen- und menschenähnliche Eigenschaften aufweisen, um Evidenz für ein bestimmtes Klassifikationsschema zu erhalten. Obwohl die Liste der Fossilien relativ klein ist, wurden sogenannte Übergangsarten gefunden. Im Jahr 1974 wurden 40 Prozent des Skeletts eines Australopithecus afarensis (AL 288-1) in Äthiopien gefunden (Johanson und BeEdey, 1981). Sie ist auch unter dem Spitznamen „Lucy“ bekannt – benannt nach dem Beatle-Song „Lucy in the Sky with Diamonds“. Lucy war nur 1,1 m groß und ihr Schädelvolumen betrug etwa 400-500 cm<sup>3</sup>, was etwa 35 % des Schädelvolumens des modernen Menschen entspricht. Sie hatte einen aufrechten Gang, da ihr Becken und ihre Beinknochen denen des

- 
- 2 Die klassische Annahme, dass Ostafrika die Wiege der Menschheit ist, wird durch neuesten Fossilienfunde des Hominiden *Graecopithecus freybergi* in Griechenland und Bulgarien in Frage gestellt. Die Fossilien (Unterkiefer: 7,175 Mio. Jahre; Zahn: 7,24 Mio. Jahre) sind offenbar älter als die ältesten „Vormensch-Fossilien“ (*Sahelanthropus*), die in Afrika gefunden wurden (6-7 Mio. Jahre). Möglicherweise erfolgte die vormenschliche Abspaltung vom Genus *Pan* in Nordafrika oder im Mittelmeerraum und nicht in Ostafrika (Fuss et al., 2017).

modernen Menschen entsprechen. Demgegenüber waren Lucys Arme deutlich länger und wahrscheinlich wurden Bäume als Unterkunft bevorzugt. Diese 3,2 Mio. Jahre alte Spezies ist ein Beispiel für die Entwicklung von Bipedalismus, obwohl die Größe ihres Gehirns etwa der des Schimpansen entsprach. Das Schädelvolumen allein ist kein Hinweis auf bestimmte kognitive Fähigkeiten. Bestimmte kognitive Funktionen erfordern eine spezifische neuronale Vernetzung und die Gehirngröße an sich informiert nicht über die für Kommunikation zur Verfügung stehenden neuronalen Schaltkreise. Wir können jedoch ausschließen, dass Lucy bereits über ein sprachfertiges Gehirn verfügte, aber wir können nicht ausschließen, dass sie einfache Gesten und Vokalisierungen verwendete, um mit ihren Artgenossen zu kommunizieren.



**Abb. 1.2** Kraniale Kapazitäten erwachsener Homininen. Wenn der Genus „Paranthropus“ und „H. floresiensis“ nicht berücksichtigt werden, stieg die kraniale Kapazität in der menschlichen Abstammungsgeschichte systematisch an. (Daten von Falk, 2007)



Aus evolutionärer Sicht illustriert Abb. 1.2, dass signifikante Veränderungen vor etwa 2 Mio. Jahren mit dem Erscheinen des *H. erectus* aufgetreten sind: ein Anstieg des Hirnvolumens von 800 auf 1.400 cm<sup>3</sup> im Spätpleistozän, während die Körpergröße sich nicht deutlich veränderte (Falk, 2007).<sup>3</sup> Das obige Diagramm zeigt jedoch auch, dass das Schädelvolumen zwischen der Gruppe „Australoiteus“ und der Gruppe „später *H. erectus*“ kontinuierlich anstieg, wenn die Gruppen „*Paranthropus*“ und „*H. floresiensis*“ unberücksichtigt bleiben (siehe Fußnote 4). Der evolutionäre Prozess, der zur Kapazität der komplexen Sprachverarbeitung führte, erfordert nicht nur neurologische Neuvernetzungen und eine Vergrößerung des Hirnvolumens, sondern auch positionale Veränderungen des mit den im Brustkorb befindlichen Lungen verbundenen Vokaltrakts. Der Bedarf an komplexerer Vokalisation hat vermutlich diese neurologische Umstrukturierung sowie die Veränderungen der Larynx-Position ausgelöst. Corticale Neuvernetzung ist eine Voraussetzung, um eine komplexe kognitive Verarbeitung zu ermöglichen. Diese adaptive Umstrukturierung wurde vermutlich durch verschiedene Faktoren ausgelöst, nicht nur durch intrinsische Faktoren wie einen größeren Bedarf an Vokalisation, sondern auch Umweltbedingungen haben die kognitive und linguistische Evolution in eine bestimmte Richtung geführt. Lassen Sie uns zu der Frage zurückkehren, warum die Hirngröße insbesondere beim *H. erectus* deutlich zunahm. Hierzu werden verschiedene Hypothesen diskutiert. Beispielsweise behauptet die Klimawandelhypothese, dass unsere Vorfahren durch plötzliche Veränderungen der Wetterbedingungen und einen dramatischen Klimawandel gezwungen wurden, vorzuplanen und Vorkehrungen in Bezug auf drastische Veränderungen von Umweltbedingungen zu treffen. Eine Erhöhung der neurokognitiven Neuvernetzung geschah, um sich rauen und schwierigen Lebensbedingungen anzupassen. Ein anderes Modell ist die Ökologiehypothese, die an einem bestimmten Punkt mit der Klimawandelhypothese assoziiert ist. Da sich die Migration unserer biologischen Vorfahren von C weg entfernte, erforderten die ökologischen Bedingungen ein adaptives Verhalten in Bezug auf weniger Nahrungsquellen. Entsprechend wird auch angenommen, dass ausgehend vom Äquator die nördliche und südliche Migration weniger Pathogene bekämpfen musste, wovon die Hirnentwicklung wieder profitierte. Die Ökologiehypothese nimmt implizit an: Je mehr unser Immunsystem Energie in Form von Kalorien benötigt, um Parasiten zu bekämpfen, desto weniger Energie kann für die

---

3 Der Anstieg des Gehirnvolumens hatte jedoch auch einige Nachteile. Babies werden offensichtlich frühreif geboren, wenn die typische Korrelation zwischen Gehirngröße und Schwangerschaftszeitraum berücksichtigt wird. Im Vergleich zu anderen Primaten würde die Tragezeit 17 Monate und nicht 9 Monate betragen. Bei Kleinkindern verlangsamt sich das Gehirnwachstum postnatal erst nach einem Jahr, d. h., der Hirnreifungsprozess dauert insgesamt 21 Monate.

Hirnentwicklung verwendet werden. Dies ist sicherlich eine interessante Hypothese, aber impliziert auch, dass die Hirnentwicklung vor der Migration unterdrückt wurde. Dies ist eine Annahme, die nur schwer aufrechterhalten werden kann.

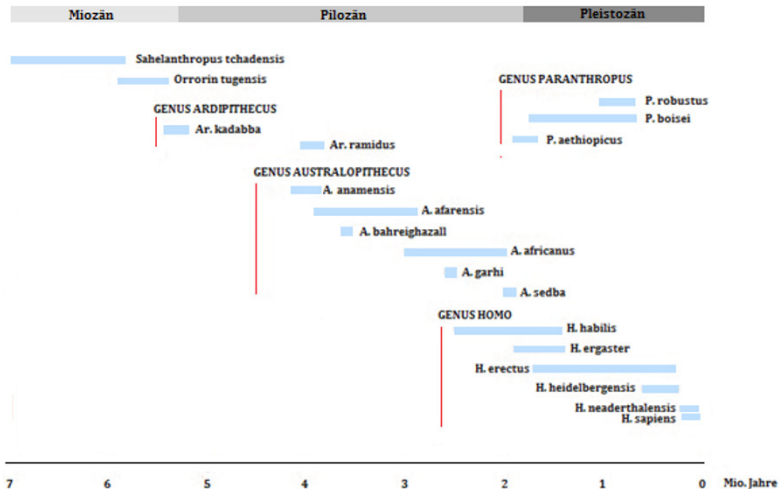
Eine plausible Hypothese ist, dass soziale Konkurrenz die dramatische Zunahme des Hirnvolumens beeinflusst hat (Geary, 2002). Soziale Rivalität löste ein kognitives Verhalten aus, um kleinere und mittelgroße Gruppen oder sogar größere Populationen zu managen und zu organisieren. Die Vorteile von strukturierten, intimen Gemeinschaften bestehen darin, dass jedes Mitglied einer solchen Gemeinschaft seinem Ego gerecht werden kann, indem er oder sie von diesen geteilten Ressourcen und Kenntnissen profitiert. Die kulturelle Entwicklung geht daher mit der biologischen einher und entwickelt sich von Generation zu Generation. Linguistische Kommunikation ist die Spitze des Eisbergs der sozialen Kommunikation. Soziale und biologische Fitness sind zwei Seiten derselben Medaille und deren gleichzeitige Existenz erhöht die Wahrscheinlichkeit, sich erfolgreich gegen biologische Feinde und schwierige Klimabedingungen durchzusetzen. Ein relativ schneller Anstieg des Hirnvolumens wie im Fall von *H. erectus* kann vielleicht auf eine Verbesserung der sozialen Interaktion zurückgeführt werden.

In einem engen Zusammenhang mit dieser sozialen Komplexitätshypothese steht Dunbars Plauder-Annahme, die besagt, dass Sprache durch das Sammeln von Neuigkeiten über andere Leute entstanden sei. Die soziale Funktion besteht demnach darin, Allianzen und Glaubenskonzepte bezüglich der Wahrheit von Aussagen zu schaffen, die nicht mit eigenen Augen bestätigt werden können. Aufgrund von Studien mit Tieren, die sich sozial verhalten, konnte Dunbar eine hohe Korrelation zwischen der typischen Frontallappen-Kapazität eines einzelnen Mitglieds einer Tierart und der maximalen Größe der Gruppe, in der es lebt, feststellen. Entsprechend ist die Anzahl der Beziehungen zu anderen Mitgliedern bei menschlichen Gemeinschaften begrenzt. Intime Gemeinschaften umfassen kaum mehr als 150 Mitglieder, die sich untereinander kennen. Kommunikation unter Einzelpersonen in größeren Gemeinschaften wie Nachbarschaft, Schulsystemen oder Unternehmen geschieht nicht von Angesicht zu Angesicht, sondern basiert auf Bestimmungen und Hierarchien und umfasst Untergruppen, die die Rolle eines einzelnen Individuums einer größeren Gemeinschaft managen. Der deutliche Anstieg des Neocortex geschah ungefähr vor 1,8 Mio. Jahren während der Epoche des *H. erectus*. Bei Schimpansen umfasst der Neocortex 50 % des Gehirns, aber beim modernen Menschen 80 %. Der Neocortex ist für höhergradige kognitive Funktionen wie Emotionen, Ichbewusstsein, Überzeugungen, Sprache, Musik, Planungen, Glaubenskonzepte und komplexe Ideen verantwortlich.

Abb. 1.3 bietet einen differenzierten Überblick über die menschliche Abstammungsgeschichte. Die bipedale Gruppe „*Ardipithecus*“ besteht aus zwei Unterarten:

Ar. ramidus und Ar. kadabba. Deren Mitglieder verfügten sogar über ein noch kleineres Gehirn (etwa 300-350 cm<sup>3</sup>) als Lucy, aber werden als biologische Vorfahren des modernen Menschen angesehen. In Bezug auf die Gruppe *Paranthropus* stellt sich die Frage, ob der robuste *Australopithecus* (Au. oder P. robustus) vom grazilen (Au. garhi) abstammt. Im Allgemeinen bezieht sich der Begriff „*Australopithecus*“ auf beide Gattungen. Erst vor wenigen Jahren wurde ein Hominini-Fußskelett in der äthiopischen Region Afar (BRTVP-2/73) gefunden, das nach Schätzungen 3,4 Mio. Jahre alt ist (Haile-Selassie et al., 2012). Diese Art unterscheidet sich von A. afarensis (Lucy) und ist eher mit dem frühen Ar. ramidus zu vergleichen. Die Koexistenz der verschiedenen Hominini-Arten während der Pliozän-Epoche (P<sub>o</sub>) weist auf multiple bipedale Adaptionen hin. Die Fossilien-Nachweise verdeutlichen, dass Bipedalismus bereits vorhanden war, bevor Hominini in der Lage waren, komplexe Vokalisierung zu benutzen oder Werkzeuge herzustellen und einzusetzen. Es kann jedoch nicht ausgeschlossen werden, dass einige Hominini bereits über ein einfaches Kommunikationssystem verfügten, was sich allerdings deutlich von den Kommunikationsformen Gemeiner Schimpansen abhob. Die menschliche Abstammung umfasst im Paläolithikum (Altsteinzeit) H. habilis (1,44-2,4 Mio. Jahre), H. erectus (0,3-1,9 Mio. Jahre), H. antecessor (500.000-800.000 Jahre), H. heidelbergensis (250.000-600.000 Jahre), H. neanderthalensis (30.000-250.000 Jahre), H. rhodesiensis (125.000-300.000 Jahre), H. floresiensis (10.000-100.000 Jahre)<sup>4</sup> und H. sapiens (250.000 Jahre).

- 
- 4 Heute ist es immer noch ungewiss, ob die Spezies „Hobbit“, die über ein Hirnvolumen von etwa 400 cm<sup>3</sup> verfügte, als eine neue Art angesehen werden sollte oder als eine pathologische Abweichung im Sinne einer Mikrocephalie (z. B. Brown et al., 2004; Falk et al., 2005; Holloway et al., 2006). Obwohl es wie eine Form von Mikrocephalie aussieht, scheint das kleine Hobbit-Gehirn unter Berücksichtigung der heutigen Definition nicht in die Kategorie einer Mikrocephalie zu fallen. Diese Annahme wird dadurch unterstützt, dass deren Body-Mass-Index (BMI) mit dem des modernen Menschen verglichen werden kann. Auch der Vergleich des LB1-Endokast mit den Arten von Menschenaffen wie H. erectus, *Australopithecus*, moderner Mensch, Pygmäe und moderner Mensch mit Mikrocephalie deutet darauf hin, dass die Form des LB1-Gehirns dem eines H. erectus ähnelt (erweiterter Frontal- und Temporallappen), obwohl die Größe des Gehirns eher mit der eines *Australopithecus* verglichen werden kann. H. floresiensis scheint eine andere Spezies zu sein, die jedoch mit dem H. erectus verwandt ist. Vermutlich waren trotz des relativ kleinen Hirnvolumens die corticalen Vernetzungen vergleichbar denen des H. erectus entwickelt.



**Abb. 1.3** Rekonstruierte Abstammung des modernen Menschen anhand von Fossilienfunden (adaptiert und modifiziert, Wikipedia)

Der Fundort der Fossilien und deren Alter geben einige Hinweise auf die Migrationsbewegungen der verschiedenen Hominini und somit auf die mögliche Koexistenz verschiedener Arten während eines bestimmten Zeitabschnitts. Es ist daher plausibel, dass der rekonstruierte Stammbaum des modernen Menschen nur einen kleinen Teil der Hominini berücksichtigt, die in einem Zeitraum von 4 Mio. Jahren gelebt haben. Aber wie verbreitete sich die Gattung Homo auf der ganzen Welt? Paläoanthropologen haben in der Vergangenheit insbesondere zwei Hypothesen kontrastiert: die „multiregionale Hypothese“ und die „Out-of-Africa Hypothese“.<sup>5</sup> Beide Hypothesen nehmen an, dass die genetische Vielfalt innerhalb der Gattung Homo in Afrika entstanden ist, doch die „multiregionale Hypothese“ vermutet vielfältige Kreuzungen, um regionale Kontinuität zu erklären (Wolpoff et al., 2000). Entsprechend wird vermutet, dass sich die Menschenarten zu Beginn der jüngsten Gletscherbildungen im Paläolithikum entwickelten (etwa vor 2,5 Mio. - 1.700 Jahre). Die Evolution der Menschenarten hätte sich in verschiedenen geographischen Regionen fortgesetzt, und zwar durch lateralen Gen-Austausch vom H. erectus bis zum modernen Menschen. In jeder Region hätte es lokale Adaptionen gegeben

5 Andere Begriffe sind „Recent-African-Origin-Modell“ oder „Replacement-Hypothese“.

und gleichzeitig hätten sich in allen Regionen allgemeine genetische Eigenschaften durchgesetzt. Wolpoff und Mitarbeiter (2001) beziehen sich auf die Eigenschaften der menschlichen Schädelknochen in Australien und Mitteleuropa und vermuten getrennte Stammlinien, d. h., der *H. erectus* entwickelte sich in Australien und der Neandertaler in Mitteleuropa. Die „Out-of-Africa Hypothese“ nimmt dagegen an, dass sich der moderne Mensch in Afrika vor etwa 100.000-200.000 Jahren als eine neue Art der Gattung *Homo* entwickelt und etwa vor 50.000-60.000 Jahren Afrika verlassen habe. Hierbei wurden in den neu entdeckten Regionen die bereits dort lebenden Menschenarten vom *H. sapiens* verdrängt (Weaver und Roseman, 2008).

Die Debatte über die Migration von Menscharten kann nicht als abgeschlossen angesehen werden. Trinkhaus (2007) analysierte verschiedene Fossilienmerkmale (z. B. Eigenschaften des Schädels und Form des Unterkiefers, Form und Größe der Zähne und anderer Knochen) von späteren Europäern, die nicht in afrikanischen Proben, aber in denen der Neandertaler gefunden wurden. Er vermutet eine „dezentrate Assimilation von dem Neandertaler bis zum modernen Menschen, da sich der moderne Mensch in ganz Europa verbreitete“ (lateraler Gen-Austausch). Die ersten *H. sapiens* sind stumme Zeugen, da sie Knochen und Werkzeuge überliefern, spätere Individuen können anhand der weiblich-spezifischen mtDNA und des männlich-spezifischen Y-Chromosoms biologisch genauer bestimmt werden. Zufällige Mutationen in beiden Fällen ermöglichen, den Grad der Verwandtschaft und die Abstammung zu bestimmen. Alle Menschen dieser Welt sind sehr eng miteinander verwandt, wenn die DNA-Analysen zum Beispiel mit Schimpansen verschiedener afrikanischer Gruppen verglichen werden. Die mitochondriale Eva, belegt durch die Analyse der mtDNA und die auch afrikanische Eva genannt wird, ist die letzte gemeinsame Vorfahrin (MRCA, „most recent common ancestor“), eine Frau, die etwa vor 200.000 Jahren in Afrika lebte und von der heute alle lebenden *H. sapiens* abstammen (Cann et al., 1987). Die Daten zu den Y-Chromosomen unterstützen auch die Out-of-Africa Hypothese und weisen auf eine Ausbreitung von Asien zurück nach Afrika (Hammer et al., 1998). Neuere DNA-Untersuchungen von Neandertaler-Knochen konnten einige Probleme bei der Analyse (insbesondere Kontaminationen mit DNA des modernen Menschen) vermeiden und zeigen, dass Neandertaler 1-4 % mehr genetische Varianten mit Nicht-Afrikanern teilten als mit afrikanischen Bevölkerungsgruppen der Subsahara – die San aus Südafrika und die Yoruba aus Westafrika (Green et al., 2010). Auch unterscheidet sich die Menschenart *Denisova*, die im sibirischen Altaigebirge gefunden wurde, laut mtDNA-Analyse vom Neandertaler und vom modernen Mensch, obwohl diese Arten der Gattung *Homo* zur gleichen Zeit, etwa vor 41.000 Jahren, existierten (Reich et al., 2010). Weitere Analysen zeigen, dass 4-6 % des Genoms mit den heute lebenden Melanesiern und den australischen Aborigines in Ozeanien geteilt werden, aber nicht

mit einer anderen Bevölkerungsgruppe. Es ist daher begründet anzunehmen, dass ein lateraler Genfluss zwischen zwei Regionen außerhalb von Afrika stattgefunden hat (Reich et al., 2011).<sup>6</sup>

Zusammenfassend lässt sich die Stammesgeschichte des modernen Menschen wie folgt darstellen: Unter Berücksichtigung molekularer Uhrberechnungen trennten sich die Abstammungslinien des Menschen und des Schimpansen endgültig vor etwa 4 Mio. Jahren. Verschiedene Modelle werden diskutiert, wann und wie sich die Abspaltung des Schimpansen von der menschlichen Abstammungslinie vollzog. Der Genom-Analyse zufolge spalteten sich, wie oben erwähnt, Hominiden und Schimpansen zunächst voneinander ab, aber kreuzten sich zu einem späteren Zeitpunkt (z. B. Bower, 2006). Der genetische Unterschied zwischen beiden Spezies beträgt nur etwa 1,6%, ein Unterschied, der kleiner ist als der zwischen Schimpansen und Gorillas (2,3 %).<sup>7</sup> Aus genetischer Sicht kann der moderne Mensch als eine dritte Spezies oder Schwester-Spezies des (Gemeinen) Schimpansen und des Bonobos angesehen werden.

Die Argon-Datierung lässt vermuten, dass sich das bipedische Gehen etwa vor 4 Mio. Jahren entwickelte, die ältesten Steinwerkzeuge werden auf 2,6 Mio. Jahre datiert und der *H. erectus* dispergierte vor ungefähr 1,8 Mio. Jahren aus Afrika zunächst nach dem heutigen Israel und anschließend nach Asien und Europa. Die ersten Fossilien des *H. erectus* wurden 1891 auf Java von dem holländischen Arzt Eugène Dubois gefunden, und er vermutete, dass es sich um eine „Übergangsspezies“ zwischen Affen und modernem Menschen handelt. Ein anderes oft zitiertes Fossil des *H. erectus* wurde in der Nähe von Peking (Peking-Mensch) entdeckt und wird auf ein Alter von 680.000-780.000 Jahren geschätzt (Shen et al., 2009). Gegenwärtig stellt sich die Frage, ob die frühe Periode (vor 1,24-1,8 Mio. Jahren) einer anderen Spezies zuzuordnen ist, *H. ergaster*. Einige Anthropologen vermuten, dass *H. ergaster* der direkte afrikanische Vorfahre des *H. erectus* ist und

---

6 Wie schnell die DNA zerfällt, ist extrem temperaturabhängig. Nach neueren Berechnungen kann allerdings DNA länger erhalten bleiben, als zuvor angenommen. Allentoft und Mitarbeiter (2012) berichten, dass gefrorene DNA ( $-5^{\circ}\text{C}$ ) eine Halbwertszeit von bis zu 158.000 Jahren hat, d. h., sie würde etwa 6,8 Mio. Jahre erhalten bleiben. Bei  $13^{\circ}\text{C}$  wurde eine Halbwertszeit von 521 Jahren für Moa-Knochen entdeckt – 400-mal länger, als Laborexperimente es vorausgesagt hatten. (Moa ist ein ausgestorbener flügelloser Vogel, der in Neuseeland bis 1400 n. Chr. lebte.)

7 Natürlich vergleichen wir den heutigen Schimpansen (einschließlich Genen und Schädelvolumen) mit Arten der menschlichen Abstammungslinie, jedoch nicht mit denen von Schimpansen, die vor etwa 4 Mio. Jahren lebten. Es wird implizit angenommen, dass die Evolution des Schimpansen relativ überschaubar war, obwohl diese Schlussfolgerung verfrüht sein könnte.

nach Asien migrierte.<sup>8</sup> Es gibt keinen Zweifel daran, dass diese Spezies tatsächlich einen aufrechten Gang hatte, wie das Sperren der Knie und die veränderte Position des Foramen magnum (großes Hinterhauptloch) belegen.<sup>9</sup> Die Vorfahren des anatomisch modernen Menschen (AMH) waren offensichtlich erstmalig im Grabenbruch Ostafrikas (Rift Valley) ansässig; von dort aus migrierten sie in andere Himmelsrichtungen – nach Norden, Westen und Süden. Es wird angenommen, dass eine Abstammungslinie vor 700.000 Jahren im heutigen Europa und im Mittleren Osten zum Neandertaler und eine andere Abstammungslinie in Afrika zum modernen Menschen evolvierte. Da vor ungefähr 100.000 Jahren die Eiszeit endete, verbesserten sich die Klimabedingungen in Afrika und führten vermutlich zu einem Bevölkerungswachstum unter den Frühmenschen. Bei den ältesten Fossilien unserer direkten Vorfahren handelt es sich um 160.000 Jahre alte Schädel von zwei erwachsenen Männern und einem Kind, die in der Nähe des Dorfes Herto in Äthiopien gefunden wurden. Der Herto-Schädel ist mit 1,450 m<sup>3</sup> etwas größer als das durchschnittliche Schädelvolumen des modernen Menschen (1,350-1,400 m<sup>3</sup>), daher werden diese Fossilien oftmals der Unterspezies *H. sapiens idaltu* zugeordnet. Der AMH lebte vor den meisten Neandertalern und kann daher nicht von dieser Homo-Spezies abstammen. *H. sapiens idaltu* besaß eine komplexe Steinkultur, da im gleichen Sediment einige hunderttausend Steinwerkzeuge existierten. Weitere Migrationen fanden im Zeitraum zwischen 90.000 und 180.000 Jahren vor unserer Zeit statt. AMH verbreiteten sich schnell in der gesamten eurasischen Region und scheinen sich gegenüber anderen Hominiden durchgesetzt zu haben. Es wird angenommen, dass sie China vor etwa 68.000 Jahren erreichten, Australien vor 60.000, Europa vor 36.000 und Amerika<sup>10</sup> und Ozeanien vor etwa 12.000 Jahren (Cann et al., 1987). Mit Ausnahme der Antarktika und einiger Inseln wie Neusee-

- 
- 8 Die 1891 von dem niederländischen Anthropologen Eugène Dubois auf Java gemachten Fossilienfunde stimmen damit überein. Er bezeichnete die Überreste des Schädels als „*Pithecanthropus erectus*“ (aufrechter Affenmensch). Es besteht heute kein Zweifel darüber, dass der Java-Mensch zum Genus *Homo* gehört und einige Anthropogene beziehen sich mit der Bezeichnung „*Homo erectus*“ ausschließlich auf Hominide, die auf Java gefunden wurden. Unter Berücksichtigung der geographischen Regionen, in denen die Fossilien gefunden wurden, werden die Begriffe wie *Homo georgicus* (Dmanisi, Georgien), *Homo soloensis* (Ngandong, Java), *Homo pekinensis* (Peking, China) verwendet. Die afrikanische Variante des *Homo erectus* wird normalerweise als *H. ergaster* bezeichnet.
  - 9 Das „große Hinterhauptloch“ bezieht sich auf die Öffnung im Schädel, durch die das Gehirn mit der Wirbelsäule verbunden ist.
  - 10 Eine jüngst veröffentlichte Studie behauptet, Indizien dafür gefunden zu haben, dass die menschlichen Vorfahren bereits vor etwa 130.000 Jahren den nordamerikanischen Kontinent besiedelt haben. Die Indizien sind sogenannte „Hammer-Steine“, die in

land und Hawaii migrierte der moderne Mensch vor etwa 10.000 Jahren in alle Regionen der Erde. Eine genaue Bestimmung des Ursprungs der Sprache scheint in Anbetracht der wenigen Hinweise und Belege nicht möglich zu sein. Der Gebrauch einer Lautsprache scheint jedoch mit dem Auftreten bestimmter Kulturformen, die abstrakte und symbolische Bedeutungen ausdrücken, im Zusammenhang zu stehen. Wir werden in den weiteren Ausführungen mögliche Szenarien oder Schlüsselereignisse in Bezug auf die Sprachentstehung beim modernen Menschen untersuchen. Ein komplexes natürliches Kommunikationssystem unterstützt die Entwicklung kultureller Formen, ermöglicht, sofort Informationen auszutauschen und gemeinsame Ziele zu formulieren, Erwartungen auszudrücken und Pläne zu schmieden und vor allem soziale Beziehungen unter den Mitgliedern einer Gruppe oder eines Stammes aufzubauen und zu pflegen. Arnold Schleichner und Ernst Haeckel nahmen an, dass verschiedene Sprachen zu verschiedenen Spezies oder Rassen gehören. Im 18. und 19. Jahrhundert war dies die Standardauffassung. Heute nehmen wir zur Kenntnis, dass linguistische Typologien, ethnische oder charakterliche Gesichtspunkte in keinem Zusammenhang mit der BDS stehen. In den vorliegenden Betrachtungen beziehen wir uns auf die zugrunde liegenden kognitiven und neurobiologischen Prinzipien, die es uns ermöglichen, eine oder mehrere Sprachen zu erwerben oder zu lernen. Eine Frage, die sich immer wieder stellt, ist, wie sich die biologische Disposition entwickelt haben könnte. Verfügt die Vorfahren des modernen Menschen bereits über eine oder eine partielle biologische Sprachdisposition, und welche Faktoren bestimmten die relevanten biologischen Mutationen und die kognitiv-linguistischen Adaptionen, die die Verarbeitung der modernen Lautsprache ermöglichten? Der vorliegende Ansatz untersucht die Evolution der BDS nicht als einen isolierten Prozess, sondern als einen Prozess, der wechselseitig mit der Entwicklung anderer kognitiver, für den modernen Menschen charakteristischer Kapazitäten einhergegangen ist.

---

Kalifornien gefunden wurden. Die Funde werden gegenwärtig kontrovers diskutiert (Holen, 2017; siehe Kommentare von Callaway, 2017; Hovers, 2017).



## Literatur

- Allentoft, M. E., Collins, M., Harker, D., Haile, J. Oskam, C. L., Hale, M. L., Campos P. F., Samaniego, J. A., Gilbert, M. T., Willerslev, E., Zhang, G., Scofield, R. P., Holdaway, R. N., Bunce, M. (2012). The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1748), 4724–33.
- Bickerton, D. (2009). *Adam's tongue*. Hill and Wang.
- Bower, B. (2006). Hybrid-driven evolution: Genomes show complexity of human-chimp split. *Science News*, 169(20), 308–9.
- Brown, P., Sutikna, T., Morwood, M. J., Soejono, R. P., & Jatmiko, W. (2004). A new small-bodied hominid from the late Pleistocene of Flores, Indonesia. *Nature*, 441, 624–28.
- Callaway, E. (2017). Controversial study claims humans reached Americas 100,000 years earlier than thought. *Nature*, doi:10.1038/nature.2017.21886.
- Cann, R. L., Stoneking, M., & Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature*, 325(6099), 31–6.
- Chomsky, N. (1956). Three models for the description of language. *Information Theory, IRE Trans*, 2(3), 113–24.
- Chomsky, N. (1995). *The minimalist program*. Cambridge, MA: MIT Press.
- Darwin, C. (1871). *The descent of man, and selection in relation to sex*. London: John Murray.
- Falk, D. (2007). Evolution of the primate brain. In W. Henke & I. Tattersall (eds.), *Handbook of palaeoanthropology, vol. 2: Primate evolution and human origins*. Springer Press, 1133–62.
- Falk, D., Hildebolt, C., Smith, K., Morwood, M. J., Sutikna, T., Brown, P., Jatmiko, Saptomo, E. W., Brunsden, B., & Prior, F. (2005). The brain of LB, Homo floresiensis. *Science*, 308(5719), 242–5.
- Fuss, J., Spassov, N., Begun, D. R., & Böhme, M. (2017). Potential hominin affinities of Graecopithecus from the Late Miocene of Europe. *PLOS*, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0177127>.
- Geary, D. (2002). Principles of evolutionary educational psychology. *Learning and Individual Differences*, 12, 317–45.
- Greenberg, J. (1963). *Universals of language*. Cambridge: MIT Press.
- Green, R. E., et al. (2010). A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, 328 (5979), 710–722.
- Haeckel, E. (1868). *The history of creation*. London: Kegan Paul, Trench & Co.
- Haile-Selassie, Y., Saylor, B. Z., Deino, A., Levin, N. E., Alene, M., & Latimer, B. M. (2012). Anew hominin foot from Ethiopia shows multiple Pliocene bipedal adaptations. *Nature*, 483, 565–569.
- Hammer, M. F., Karafet, T., Rasanayagam, A., Wood, E. T., Altheide, T. K., Jenkins, T., Griffiths, R. C., Templeton, A. R., & Zegura, S. L. (1998). Out of Africa and back again: Nested cladistic analysis of human y chromosome variation. *Molecular Biology and Evolution*, 15(4), 427–41.
- Holen, S. R., Deméré, T. A., Fisher, D. C., Fullagar, R., Paces, J. B., Jefferson, G. T., Beeton, J. M., Cerutti, R. A., Rountrey, A. N., Vescera, L., & Holen, K. A. (2017). A 130,000-year-old archaeological site in southern California. *Nature*, 544, 479–85. doi:10.1038/nature22065.
- Holloway, R. L., Brown, P., Schoenemann, P. T., & Monge, J. (2006). The brain endocast of Homo floresiensis: microcephaly and other issues. *American Journal of Physical Anthropology*, 129 (supplement 105).

- Hovers, E. (2017). Unexpectedly early signs of Americans. *Nature*, 544, 420–21.
- Johanson, D., & Edey, M. (1981). *Lucy, the beginnings of humankind*. St Albans: Granada.
- Lenneberg, E. H. (1967). *Biological foundations of language*. New York, NY: Wiley.
- Mayr, E. (1942). *Systematics and the Origin of Species*. New York, NY: Columbia University Press.
- McBrearty, S., & Jablonski, N. G. (2005). First fossil chimpanzee. *Nature*, 437, 105–8.
- Reich, D., et al. (2010). Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*, 468(7327), 1053–1060.
- Reich, D. et al. (2011). Denisova Admixture and the First Modern Human Dispersals into Southeast Asia and Oceania. *American Journal of Human Genetics*, 89(4), 516–28.
- Sagan, C. (1979). *Broca's Brain*. New York: Random House.
- Schleicher, A. (1861). *Compendium der vergleichenden Grammatik der indogermanischen Sprachen* [German]. Weimar: H. Böhlau. [English version: Schleicher (1874). A Compendium of the comparative grammar of the Indo-European, Sanskrit, Greek, and Latin languages (translated an abridged version from the 3rd German edition by Herbert Bendall). London: Trübner and Co.]
- Shen, G., Gao, X., Gao, B., & Granger, D. (2009). Age of Zhoukoudian *Homo erectus* determined with (26) Al/(10)Be burial dating. *Nature*, 458(7235), 198–200.
- Trinkaus, E. (2007). European early modern humans and the fate of the Neandertals. *Proceedings National Academy of Science*, 104(18), 7367–72.
- Trombetti, A. (1905). *L'unit d'origine del linguaggio* [Italian]. Bologna: Luigi Beltrami.
- Weaver, T. D., & Roseman, C. C. (2008). New developments in the genetic evidence for modern human origins. *Evolutionary Anthropology: Issues, News, and Reviews*, 17(1), 69–80.
- Wolpoff, M. H., Hawks, J., & Caspari, R. (2000). Multiregional, not multiple origins. *American Journal of Physiological Anthropology*, 112(1), 129–36.
- Wolpoff, M. H., Hawks, J., David, W., Frayer, D. W., & Hunley, K. (2001). Modern Human Ancestry at the Peripheries: A Test of the Replacement Theory. *Science*, 291(5502), 293–297.
- Wood, B. (2002). Hominid revelations from Chad. *Nature*, 418, 133–5.

Die Natur der Sprache

Evolution, Paradigmen und Schaltkreise

Hillert, D.

2018, X, 264 S. 43 Abb., 26 Abb. in Farbe., Softcover

ISBN: 978-3-658-20112-8