



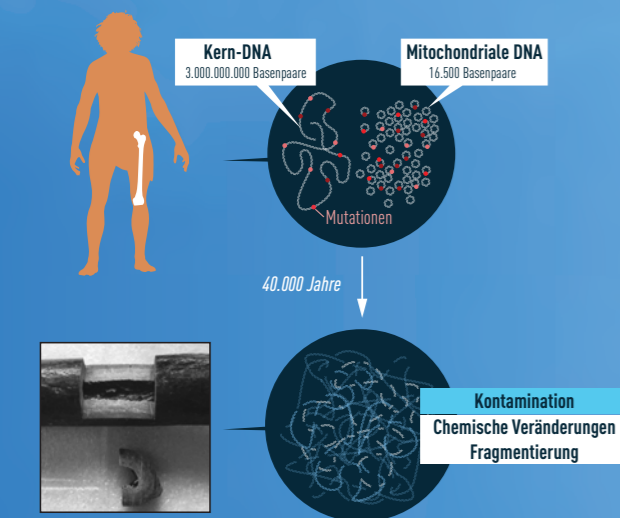
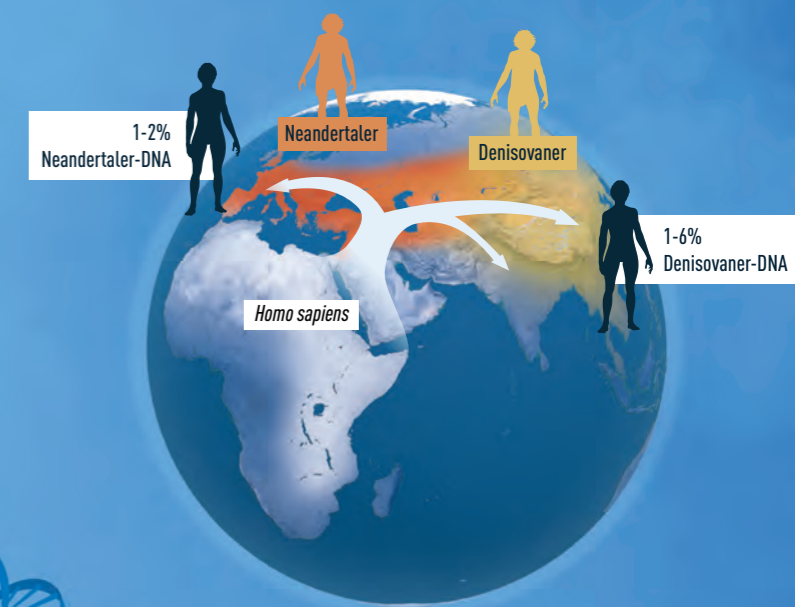
Die Nobelversammlung des Karolinska-Instituts hat entschieden, den Nobelpreis 2022 für Physiologie oder Medizin an Svante Pääbo für seine Entdeckungen im Zusammenhang mit dem Genom ausgestorbener Hominini und der menschlichen Evolution zu verleihen.

Der Nobelpreis für Physiologie oder Medizin 2022



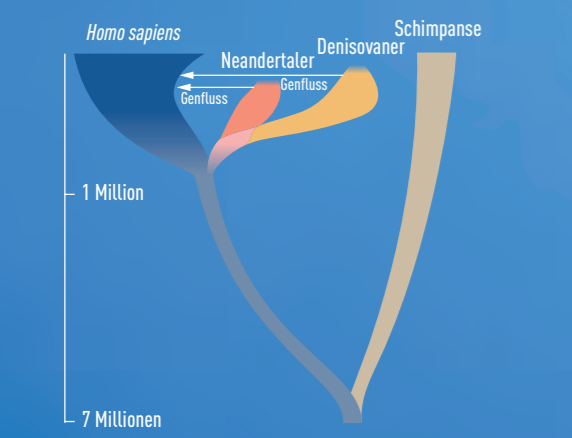
Aufgedeckt: Geheimnisse in der DNA ausgestorbener Hominini

Woher kommen wir und in welcher verwandtschaftlichen Beziehung stehen wir zu denen, die vor uns lebten? Neandertaler bevölkerten Europa und den Westen Asiens über Hunderttausende von Jahren; der Denisova-Mensch lebte 30.000 Jahre lang in Koexistenz mit dem *Homo sapiens*, bevor er ausstarb. Doch was wissen wir über unsere Verwandtschaft mit den Neandertalern? Durch Untersuchung des Genoms ausgestorbener Hominini hat Svante Pääbo grundlegende Fragen der menschlichen Evolution beantwortet.



Pääbos Forschung führte zu einem neuen Verständnis unserer Evolutionsgeschichte. Als der *Homo sapiens* seine Migration aus Afrika begann, lebten die Neandertaler im westlichen und die Denisova-Menschen im östlichen Eurasien. Mit der Ausbreitung des *Homo sapiens* kam es zu einer Vermischung, was Spuren in unserer DNA hinterließ.

Die DNA befindet sich in verschiedenen Abschnitten der Zelle. Die Kern-DNA enthält den Großteil der genetischen Informationen, während das erheblich kleinere mitochondriale Genom in Tausenden von Kopien vorliegt. Nach dem Tod wird die DNA allmählich abgebaut und es kommt zu einer Kontamination des genetischen Materials.



Das Genom des Neandertalers und des Denisova-Menschen

Die Untersuchung der DNA ausgestorbener Lebensformen ist äußerst anspruchsvoll, da nach Tausenden von Jahren nur noch Spuren davon zu finden sind. 1997 gelang es Pääbo, einen Teil der mitochondrialen DNA eines Neandertalers zu sequenzieren. Damit war es erstmals möglich, eine DNA-Sequenz unseres nächsten ausgestorbenen Verwandten zu untersuchen.

Pääbo stellte sich daraufhin der enormen Herausforderung, das Kern-Genom des Neandertalers zu sequenzieren. Im Jahr 2010 gelang ihm das scheinbar Unmögliche – er publizierte die erste Genomsequenz eines Neandertalers. Untersuchungen zeigten, dass sich Neandertaler und *Homo sapiens* während ihres Jahrtausende währenden Zusammenlebens außerhalb der Grenzen Afrikas vermischten. Der moderne Mensch europäischer oder asiatischer Abstammung trägt etwa 1–2 % des Neandertaler-Genoms in sich.

2010 sequenzierte Pääbos Arbeitsgruppe außerdem DNA aus einem 40.000 Jahre alten Stück eines Fingerknochens aus der Denisova-Höhle in Sibirien. Dabei entdeckte Pääbo einen bislang unbekanntem Hominini, der den Namen Denisova-Mensch erhielt. Vergleiche zeigten, dass es auch zwischen diesem Frühmenschen und dem *Homo sapiens* zu einer Vermischung kam. Heute lassen sich noch bis zu 6 % Denisova-DNA im Genom einiger moderner Menschen nachweisen.

Was macht uns zum Menschen?

Im Rahmen seiner richtungweisenden Forschung etablierte Svante Pääbo eine neue wissenschaftliche Fachrichtung, die Paläogenetik. Dank seiner Entdeckungen weiß man heute, dass archaische Gensequenzen Auswirkungen auf die Physiologie des modernen Menschen haben. Beispielsweise beeinflussen bestimmte Neandertaler-Gene unsere Immunantwort auf verschiedene Arten von Infektionen.

Der *Homo sapiens* zeichnet sich durch seine einzigartige Fähigkeit zur Entwicklung komplexer Kulturen und fortschrittlicher Innovationen aus und ist in der Lage, gegenständliche Kunst zu schaffen. Er kann aber auch offene Wasserflächen überqueren, was dazu führte, dass er sich auf unserem gesamten Planeten verbreitete. Die genetischen Unterschiede zwischen dem *Homo sapiens* und unseren nächsten ausgestorbenen Verwandten waren bis zu Pääbos bahnbrechenden Erkenntnissen unbekannt. Aktuell konzentriert sich die Forschung stark auf die Untersuchung der funktionellen Auswirkungen dieser Unterschiede, um herauszufinden, was genau es ist, das uns zum Menschen macht.