

den theoretischen Erwartungen für Entstehungsszenario 2 gegenüber. Daraus ergibt sich, dass für dieses Szenario die theoretischen Erwartungen deutlich niedriger liegen als die Schätzung von SUMI (2011) und nur mit der Schätzung von Mróz (2017) kompatibel sind. Wie hoch die erwarteten Anzahl FFPs aufgrund der Entstehungsszenarien 1 und 3 sind, wird in diesen Beiträgen leider nicht erwähnt.

Wenn weitere FFP-Beobachtungen die Schätzungen von SUMI bestätigen sollten, könnte dies die gängigen Entstehungstheorien in Frage stellen, wenn theoretische Erwartungen für die Entstehungsszenarien 1 und 3 sich ebenfalls als gering erweisen. Aber auch im Rahmen eines Schöpfungsmodells, bei dem solche Objekte nicht auf natürlichem Weg entstanden, sondern Ergebnis eines direkten Schöpfungsaktes wären, fiel es schwer zu erklären, warum es so viele solche Objekte gibt, die doch anders als die Sterne nie mit dem bloßen Auge wahrgenommen werden können. Wenn sich hingegen herausstellen sollte, dass die hier präsentierten Schätzungen an FFPs erheblich nach unten korrigiert werden müssten, könnte dies die Entstehungstheorien bestätigen. Sollten sich im Extremfall alle FFP-Kandidaten als Fehlinterpretation erweisen, würde dies erneut die Entstehungstheorien in Frage stellen, jedoch kompatibel mit einem Schöpfungsmodell sein.

[EHRMANN A (2021) Planeten um ferne Sterne. Stud. Integr. J. 28, 22–29 • HAN C et al. (2004) Gravitational microlensing: A tool for detecting and characterizing free-floating planets. *Astrophys. J.* 604, 372–278 • McDONALD I et al. (2021) Kepler K2 Campaign 9 – I. Candidate short-duration events from the first space-based survey for planetary microlensing. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 505, 5584–5602; arXiv: 2107.02746 • MRÓZ P et al. (2017) No large population of unbound or wide-orbit Jupitermass planets. *Nature* 548, 183; arXiv: 1707.07634 • SAMSON A J et al. (2020) Predictions of the Nancy Grace Roman Space Telescope galactic exoplanet survey II: Free-floating planet detection rates. *Astron. J.* 160, 123; arXiv: 2006.10760 • SUMI T et al. (2011) Unbound or Distant Planetary Mass Population Detected by Gravitational Microlensing. *Nature* 473, 349; arXiv: 1105.3544 • VERAS D et al. (2012) Planet–planet scattering alone cannot explain the free-floating planet population. *Mon. Not. R. Astron. Soc.* 421, L117–L121]. P. Korevaar

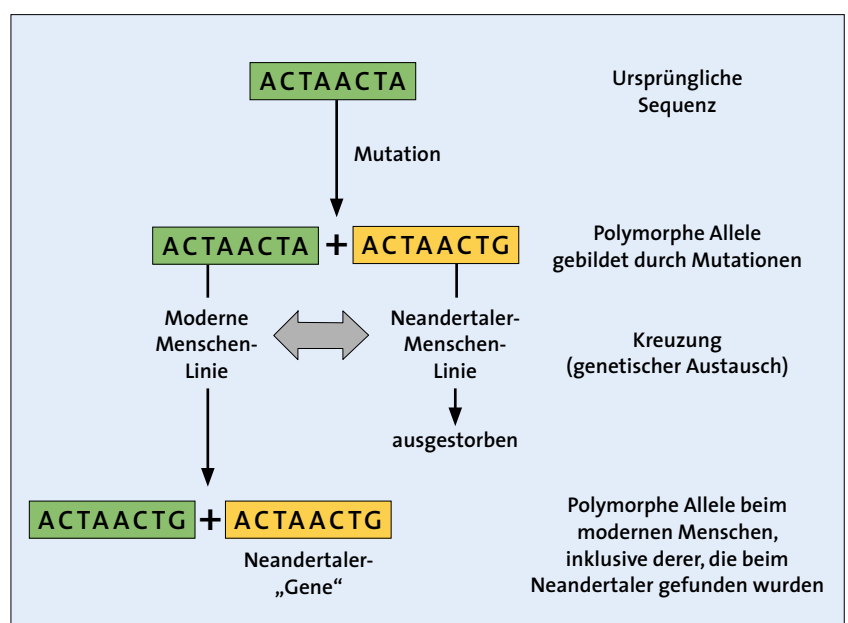
## ■ Kaum einzigartige DNA-Sequenzen im Erbgut des Menschen

Jeder von uns teilt etwa 1–4 % seiner DNA mit den ausgestorbenen Neandertalern (SÁNCHEZ-QUINTO 2012). Diese Aussage ist allerdings missverständlich und dadurch irreführend. Denn es ist nicht gemeint, dass moderne Menschen 1–4 % Neandertaler-DNA haben oder dass 1–4 % unserer Gene von Neandertaler-Vorfahren stammen. In Wirklichkeit geht es um Allele derselben Gene. Damit ist gemeint, dass jedes Gen in verschiedenen Ausprägungen vorkommen kann. So trägt jeder einzelne Mensch in seinem Genom (= gesamtes Erbgut) viele einzigartige Allele, die bei anderen Menschen nicht vorkommen, die aber im Genom der Neandertaler und/oder der Denisovaner zu finden sind.

Das Phänomen, dass jeder von uns unterschiedliche Allele besitzt, die denjenigen der ausgestorbenen Neandertaler gleichen, ist als sogenannte „unvollständige Abstammungssortierung“ (engl: incomplete lineage sorting; ILS) bekannt (Abb. 1). Dieses Phänomen resultiert aus Allelen, die in der Ausgangspopulation (hier: des Menschen) vorhanden waren und sich auf Teilpopulationen verteilt haben wie z. B. die

Linie, die zum modernen Menschen führt, oder die Linie, die zu den Neandertalern führt. Aus diesem Grund muss jeder Versuch, die Abstammung von archaischen Menschen im menschlichen Genom zu kartieren, die Vermischung der Gene dieser frühen Menschen durch die Fortpflanzung von ILS trennen. Darüber hinaus könnte eine Technik, die es ermöglicht, sowohl Vermischung als auch ILS zu identifizieren, die Erstellung eines Katalogs spezifisch menschlicher Genomregionen ermöglichen, der frei von beiden Prozessen ist. Dadurch stünde ein weiteres Mittel zur Prüfung von Hypothesen zur Evolution des Menschen zur Verfügung.

Ein Team von Bioinformatikern hat kürzlich einen neuen Algorithmus namens SARGE (Speedy Ancestral Recombination Graph Estimator) entwickelt, mit dem sie die genomweiten Rekombinationsmuster von 279 modernen menschlichen Genomen, zwei Neandertaler-Genomen und einem Denisovaner-Genom bestimmten (SCHAEFER 2012). Mithilfe ihres neuartigen Algorithmus (Computersoftware) kartierten sie die Abstammung von Neandertalern und Denisovanern sowie die ILS bzw. das Fehlen von beidem in modernen menschlichen Genomen. Sie bestätigten frühere



**Abb. 1** Die gemeinsame genetische Variation in unserer gemeinsamen menschlichen Vorfahrenpopulation ist auch noch weitgehend unter den heutigen Menschen vorhanden, ebenso bei den Neandertalern bis zu ihrem Aussterben. Es können aber auch Konvergenzen oder wiederkehrende Mutationen vorliegen, die unabhängig erworben wurden.

Befunde, wonach es mindestens eine schubartige Vermischungsphase zwischen modernen, nicht-afrikanischen Menschen und Neandertalern gab. Außerdem identifizierten sie mehrere lange und stark divergierende DNA-Sequenzen, die zwar für Neandertaler spezifisch schienen, jedoch auch in einigen modernen menschlichen Populationen gefunden wurden. Demnach ist ein Großteil der heutigen genetischen Variation innerhalb des Menschen auf ILS zurückzuführen. Darüber hinaus nehmen die Autoren der Studie an, dass moderne Menschen mit Denisovaner-Allelen das Ergebnis mehrerer Introgressionsereignisse aus verschiedenen Ursprungspopulationen sein müssen. In der Genetik bezeichnet man mit Introgression den Transfer von genetischem Material von einer Art in den Genpool einer anderen durch die wiederholte Rückkreuzung eines Hybriden (hier: zwischen zwei Unterarten des Menschen) mit einer seiner Elternarten. Die Introgression ist ein zeitaufwendiger Prozess; selbst wenn sie künstlich herbeigeführt wird, kann es viele Hybridgenerationen dauern, bis eine signifikante Rückkreuzung stattfindet.

Dass sich die drei Menschenpopulationen miteinander vermischt haben, ist heutzutage allgemein anerkannt. Aber die Bedeutung dieser Vermischungen wurde möglicherweise unterschätzt. Die Forscher fanden heraus, dass nur 1,5 % des menschlichen Genoms (also seiner Allele; s. o.) sowohl einzigartig sind als auch von allen heute lebenden Menschen geteilt werden. Weitere 7 % des gesamten menschlichen Genoms (von allen Menschenformen) sind enger mit Genomen moderner menschlicher Populationen verwandt als mit denen der alten Neandertaler oder Denisovaner. Diese 1,5 % bis 7 % ausschließlich menschlicher DNA beziehen sich auf menschenpezifische Veränderungen der Sequenzen, die bei keiner anderen menschlichen Form vorkommen und nur bei *Homo sapiens* zu finden sind. Diese Daten müssen jedoch sorgfältig interpretiert werden. Bedeuten sie, dass

moderne Menschen alle bis zu 98,5 % Neandertaler sind? Nein, sie bedeuten eher, dass 98,5 % der Allele, der man im Neandertaler-Erbgut vorfindet, irgendwo in der gesamten Population der modernen Menschen ebenfalls vorkommen. Außerdem wurden dabei diejenigen Stellen nicht berücksichtigt, an denen Denisovaner und Neandertaler durch Mutationen DNA-Sequenzen hinzugewonnen oder verloren haben (sog. Indel-Mutationen). Es ist bekannt, dass beim Vergleich moderner menschlicher Populationen ein genetischer Unterschied von bis zu 12 % aufgrund solcher Zugewinne und Verluste festgestellt werden kann.

Diese neuen Studien zeigen, dass sich Neandertaler und Denisovaner gar nicht so sehr von uns unterscheiden und dass die gegenseitige Vermischung eine viel größere Rolle spielte als bisher angenommen. All dies steht in vollem Einklang mit der Auffassung, dass alle Menschenformen von einem einzigen Paar erschaffener Menschen abstammen, wie es die Bibel berichtet. Die Autoren selbst hängen immer noch der Idee an, dass der Neandertaler ein niedriger entwickelter Hominide sei: Sie diskutieren einige der einzigartigen genetischen Unterschiede in Bezug auf die Gehirnentwicklung (was anscheinend den modernen Menschen dem Neandertaler überlegen macht, obwohl es nicht den geringsten Beleg für diese Deutung gibt). Die Alternative ist, dass die einzigartigen Allele lediglich auf nicht zufällige Mutationen zurückzuführen sind, die in mehreren modernen menschlichen Populationen aufgetreten sind, aber keine Bedeutung für die Biologie oder Selektion haben (BORGER 2020).

[SÁNCHEZ-QUINTO F et al. (2012) North African Populations Carry the Signature of Admixture with Neanderthals. PLoS ONE 7(10): e47765, doi:10.1371/journal.pone.0047765 • SCHAEFER NK et al. (2021) An ancestral recombination graph of human, Neanderthal, and Denisovan genomes Science Advances 7(29): eabco776, doi: 10.1126/sciadv.abco776 • BORGER P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Oder: Die Illusion der Verwandtschaft. Stud. Integr. J. 26, 77–85.] P. Borger

## ■ 14 „computergesteuerte“ Glieder beim Wimpertierchen

Wimpertierchen sind einzellige Eukaryoten; das sind – anders als Bakterien – Lebewesen mit einem Zellkern und mit Zellorganellen wie Mitochondrien, Golgi-Apparat und Ribosomen. Diese Zellorganellen sind komplexe biologische Gebilde, die hochspezialisierte biochemische Aufgaben übernehmen. Wimpertierchen gedeihen in Meeres- und Süßwasserumgebungen und sind in Boden- und Moosproben unter dem Lichtmikroskop relativ leicht zu beobachten. Die meisten Mitglieder der Gattung sind frei lebend, aber einige Arten leben als Kommensalen im Verdauungstrakt von Seeigeln, das heißt sie leben von den Ressourcen des Wirtes, ohne ihn dabei zu schädigen.

Es ist faszinierend, diese Tierchen unter dem Mikroskop zu beobachten (Video dazu unter <https://www.youtube.com/watch?v=CZA-oJzlkzZ4>). Sie haben 14 beinartige Strukturen, die so genannten Cirren, mit denen sie sich geschickt in der Umgebung bewegen. So können die Einzeller bemerkenswert ausgeklügelte, tierähnliche Verhaltensweisen an den Tag legen, um biologische Funktionen auszuführen. Sie suchen nach Nahrung oder nach Partnern und „rennen davon“, um Fressfeinden zu entkommen. Wie machen sie das? Sie müssen über eine Art Computersystem verfügen, um gerichtete und sinnvolle Bewegungen zu machen.

In einer neuen Studie wurde diese Steuerung beim Wimpertierchen *Euplotes eurystomus* untersucht (LARSON 2021). Diese Studie von Ben LARSON und Mitarbeitern von der Universität von Kalifornien in San Francisco, USA, hat in der Tat ergeben, dass die Mikrobe eine Art eingebauten mechanischen Computer besitzt, der die Beine in einer Weise bewegt, die typisch für so genannte „endliche Zustandsmaschinen“ ist. Darunter versteht man einen Automaten, der nur eine begrenzte Menge an Zuständen annehmen kann. Ein Beispiel für einen solchen Automaten ist eine elektrische Tür, die