

trådformede kolonier, men de er i princip encellede, se figur 135.

Det der sandsynligvis gjorde ægte flercellethed muligt, var at atmosfærens iltindhold efterhånden var steget til omkring 10% på grund af encellede og kolonidannende cyanobakteriers og algers fotosyntese. En flercellet organisme kræver mere ilt end en encellet. En flercellet koloni af encellede organismer optager det ilt den skal bruge via diffusion gennem overfladen, og det sætter en grænse for hvor stor kolonien kan blive, især hvis den er rund. Næste skridt er derfor udvikling af specialiserede celler fx til transport af ilt, vand og næringsstoffer.

Specialiserede celler opstår på grund af mutationer i gener som har indflydelse på reguleringen af andre geners aktivitet. Derved kan dannes forskellige slags eller mængder af proteiner i den enkelte celle, og på den måde kan celler få forskellige opgaver selvom de er genetisk ens. I de tilfælde hvor denne specialisering har været til fordel for individets overlevelse, har den naturlige selektion virket positivt ind. Sandsynligvis har udvikling af organlignende strukturer der kunne transportere ilt, vand og næringsstoffer sammen med strukturer der mindsker organismens risi-

ko for udtørring, været nogle af de virkeligt succesfulde udviklinger som efterhånden også gjorde det muligt for nogle arter at forlade havet for at bebo landjorden.

Med de specialiserede celler er muligheden for udvikling af kønnet forering kommet til. Kønnet forering øger via overkrydsning i meiosen, se side 32, den genetiske variation og dermed øges muligheden for at lave varianter med særlig god overlevelsessevne.

Alt i alt må det siges at udviklingen af flercellede organismer med specialiserede væv har været det afgørende skridt i retning mod den mangfoldighed af liv der både har eksisteret og som findes i dag, især inden for plante- og dyreriget. Inden for de fem riger mener man i dag at der tilsammen findes et sted mellem 10 og 100 millioner forskellige arter. Af disse er kun ca. 1,7 million arter beskrevet og navngivet, og heraf udgør insekter godt og vel halvdelen.

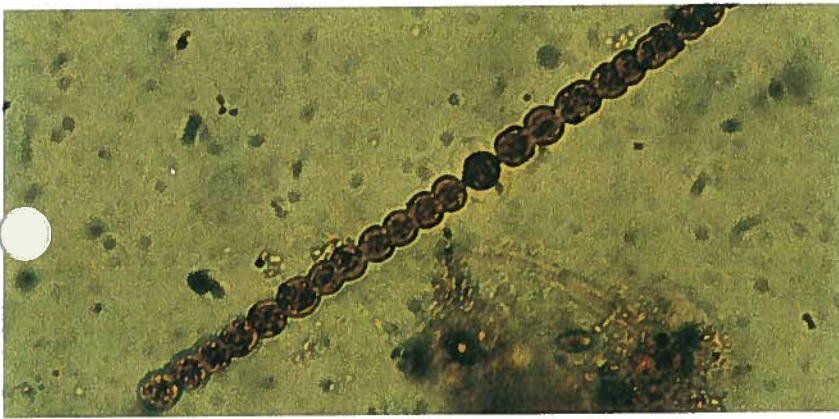
Menneskelinjens oprindelse

Den mest interessante udvikling at følge er vel nok vores egen – menneskets. I dyreriget tilhører vi gruppen af hvirveldyr, det vil sige dyr med rygsøjle og -hvirvler samt i det hele taget indre skelet. Stamformen til hvirveldyr opstod for ca. 430 millioner år siden. Inden for hvirveldyrene tilhører vi gruppen af placentale pattedyr, hvilket vil sige dyr med livmoder og moderkage som dier deres unger. Inden for de placentale pattedyr tilhører vi gruppen af primater, som omfatter mennesket, menneskeaberne, aberne og halvaberne. Vi er tættest beslægtet med de store menneskeaber, det vil sige med chimpanse, gorilla og orangutang.

Af disse står vi nærmest chimpansen

Figur 135. En tråddannende cyanobakterie, *Anabaena* sp.

Foto: Per Schriver.



som vi delte fælles stamform med i Afrika indtil for ca. 6 millioner år siden, se figur 136.

Det der især adskiller menneskets stamform fra menneskeaberne, er holdningen og bevægelsesmønsteret. Mennesket står oprejst og går på to ben, mens menneskeaberne sjældent står oprejst, og de går på alle fire. Specielt for chimpanser og gorillaer gælder at de støtter på forlemmerne med knoerne.

På det tidspunkt hvor menneskelinjen blev udviklet, skete der i løbet af nogle millioner år store geologiske og klimatiske forandringer i Afrika. En tiltagende tørke betød at skovarealet hvor primaterne holdt til, blev indskrænket, og til gengæld blev en landskabstype som savannen udviklet. På savannen har der været mindre søer og pletter af skov. Disse områder har måske været den geografiske isolation der har gjort det muligt at genetisk drift og naturlig selektion, se side 110-112, har virket i retning af at udvikle mennesket. Specielt har udvikling i retning af opret gang været af overlevelsesmæssig værdi, idet man der ved lettere har kunnet holde øje med naturlige fjender som fx løver og leoparder. Ud over løver og leoparder har der også dengang levet store planteædende pattedyr som antiloper, elefanter, næsehorn, giraffer og zebraer på savannen.

Analyse af slægtskab mellem mennesket og menneskeaberne

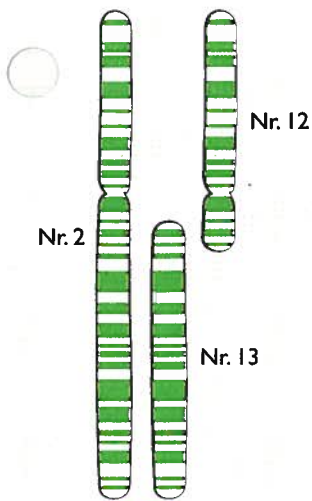
Siden Darwins tid og op gennem godt og vel halvdelen af 1900-tallet har den eneste mulighed for at analysere slægtskab mellem forskellige arter været sammenlignende analyser af arternes morfologi. Morfologi fortæller noget om organismernes



Figur 136. En chimppanse, *Pan troglodytes*. Foto: Jens Sigsgaard, Aalborg Zoo.

form og bygning, og problemet med denne form for sammenligning er at der kan være ret store forskelle selv inden for samme art. Tænk blot på hvor forskellige hunderacer kan være selv om de tilhører samme biologiske art. Opdagelsen af gennernes placering på kromosomerne og DNA's opbygning og funktion har givet mulighed for at sammenligne arter på kromosom- og DNA-niveau. Det har vist sig at være et særdeles nyttigt supplement til de morfologiske undersøgelser.

At mennesket og de store menneskeaber overhovedet er beslægtede, ses bl.a. ved hjælp af sammenlignende analyser af de forskellige arters kromosomer. Det viser sig at kromosomernes struktur og båndmønster, se figur 62 side 58, har en slående lighed hos de fire arter. Således kan samtlige bånd på menneskets kromosomer genfindes hos chimpansen, selv om nogle af dem er placeret lidt anderledes. Kromosomerne hos de fire arter adskiller sig primært fra hinanden ved at der er sket inversioner, der ofte udgør en forplantnings-



Figur 137. Menneskets kromosom nr. 2 (til venstre) er dannet ved sammensmeltning af det der er nr. 12 og 13 (til højre) hos chimpansen. Det ses at båndmønstret stemmer nøje overens.

mæssig barriere, se side 59, og ved at mennesket har 46 kromosomer, mens chimpanse, gorilla og orangutang alle har 48 kromosomer. Menneskets lavere kromosomtallet skyldes en sammenvoksning af to kromosomer som menneskeaberne stadig har, se figur 137.

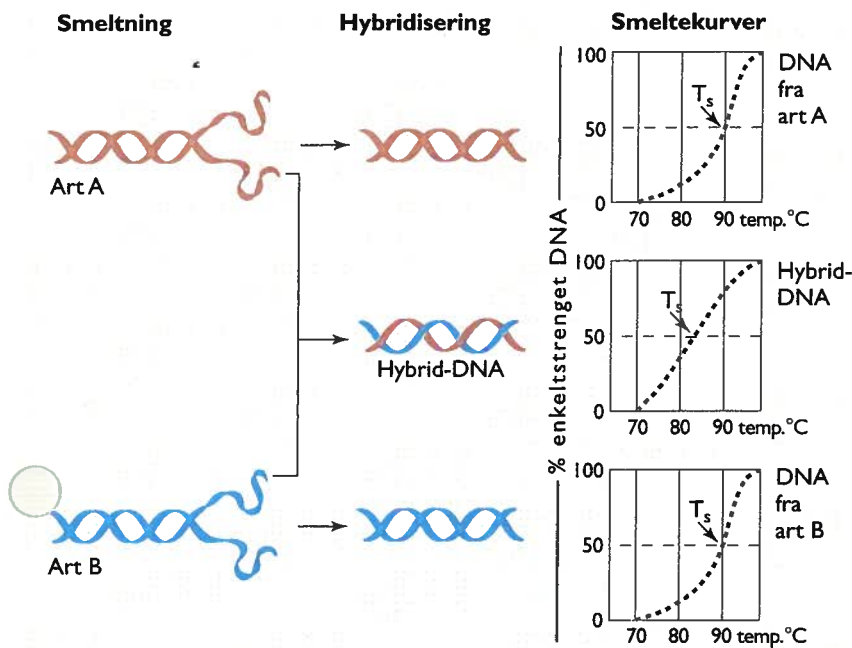
Slægtskabet mellem mennesket og menneskeaberne kan også analyseres ved hjælp af *DNA-DNA hybridiseringer*. Hybridisering har været nævnt side 101-103 og bygger på et princip om at man kan få stykker af enkeltstrengt DNA til at hybridisere, det vil sige danne hydrogenbindinger, på grund af baseparring. Hybridiseringen sker uanset om strengene er af forskellig oprindelse fx fra hver sin art. Jo mere de to DNA-strengene hybridiserer, jo tættere beslægtet er de to arter.

Man starter med at opvarme de to arters DNA for at gøre det enkeltstrengt hvorefter man blander det sammen. Der-

efter afkøles blandingen, og nogle af de to arters DNA-strengene vil da baseparre de steder hvor der findes komplementære baser. Når disse hybrid-molekyler igen opvarmes, afhænger deres stabilitet af antallet af komplementære basepar, og man måler den temperatur hvor de igen bliver enkeltstrengede. Det kaldes deres smeltepunkt, og denne temperatur sammenlignes med det tilsvarende smeltepunkt for de to arters DNA, se figur 138.

En smeltepunktsændring på $1,1^{\circ}\text{C}$ svarer til en forskel på 1% i de to undersøgte nukleotidsekvenser. På det grundlag kan man aflæse menneskets og de tre store menneskeabers relative slægtskab, se figur 139.

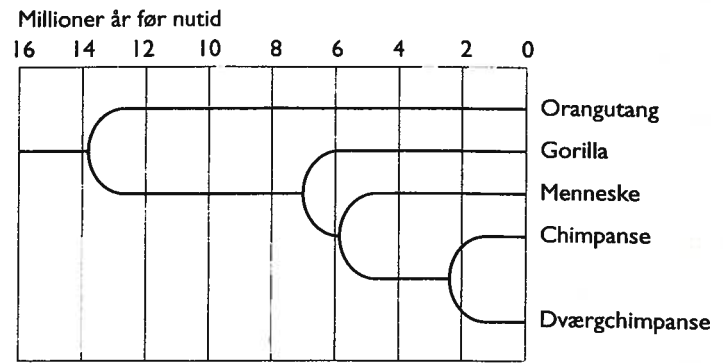
Men analysen fortæller ikke hvornår den enkelte art er udviklet på primaternes stamtræ, da man ikke kender hastigheden af den molekylære evolution. Meget tyder på at den ofte sker springende på grund af periodevis genetisk drift og kraftigt selektionstryk. Derfor kombinerer man data fra mange forskellige slags molekylære forsøg med tidsdatering af fundne fossiler, og på det grundlag kan man konstruere et stamtræ for mennesket og menneskeaberne som vist i figur 140.



Figur 138. Princip i smeltepunktsanalyse. T_s står for smeltetemperaturen og er defineret som den temperatur hvor 50% af DNA'et er smeltet til enkeltstreng. T_s for hybridmolekylet sammenlignes med et gennemsnit af T_s for art A plus T_s for art B. Efter Jensen i Menneskets oprindelse og udvikling, 2001.

Sammenlignede individer	1	2
	Ændring af smeltepunkt i °C	Forskel på DNA i %
Menneske – menneske	0,31	0,28
Chimpanse – chimpanse	0,39	0,35
Chimpanse – dværgchimpanse	0,77	0,70
Menneske – chimpanse	1,59	1,44
Menneske – dværgchimpanse	1,59	1,44
Menneske – gorilla	2,50	2,27
Chimpanse – gorilla	2,55	2,32
Menneske – orangutang	3,49	3,17
Chimpanse – orangutang	3,52	3,20
Gorilla – orangutang	3,57	3,25

Figur 139. Resultater fra forsøg med DNA-DNA-hybridisering mellem forskellige individer af mennesker og menneskeaber. Ændringen af smeltepunkt i forhold til de to arter hvis DNA hybridiseres er anført i °C, kolonne 1, og i %, kolonne 2. Efter Caccione og Powell i *Evolution* 5/1989 og Bremer i *Levende organismer*, 1997.



Figur 140. Stamtræ for mennesket og menneskeaberne konstrueret på grundlag af molekylære data kombineret med tidsdatering af fossiler.

Morfologisk og molekylær evolution

Chimpansen er meget tættere beslægtet med mennesket end med gorillaen og orangutangen. Analyser af det samlede genom hos mennesket og chimpansen viser en identitet på næsten 99%. Det betyder at vi er forskellige i ca. 30 millioner nukleotidpositioner. Sat i forhold til at der mellem mennesker, som beskrevet i kapitlet *Analyser af menneskets DNA* side 98, er den såkaldte single nukleotid polymorfi i 3-5 millioner nukleotidpositioner, er det en lille forskel. Derudover har man fundet ud af at de fleste forskelle findes i ikke-kodende dele af genomet. Det kan derfor være svært at forstå hvordan vi kan være så forskellige fra chimpansen både i morfologi, adfærd og intelligens.

Den mest sandsynlige forklaring er nok at de fleste betydningsfulde mutationer er sket i regulatoriske gener, altså gener der har indflydelse på aktiviteten af andre gener. De regulatoriske gener har også ind-



Figur 141. Sammenligning af kraniet af det moderne menneske, *Homo sapiens* (til venstre) med kranier af unge og voksen chimpanse, *Pan troglodytes* (i midten og til højre). Foto: Per Schriver.

flydelse på samspillet mellem de strukturelle gener, altså de gener der bestemmer individets morfologiske udvikling. Hvis man fx sammenligner menneskets og chimpansens kranium, er det tydeligt at menneskets kranium minder mere om en chimpanseunges kranium end om en voksen chimpanses kranium, se figur 141.

Det kan tages som udtryk for at evolutionen på menneskelinjen, gennem selekti-

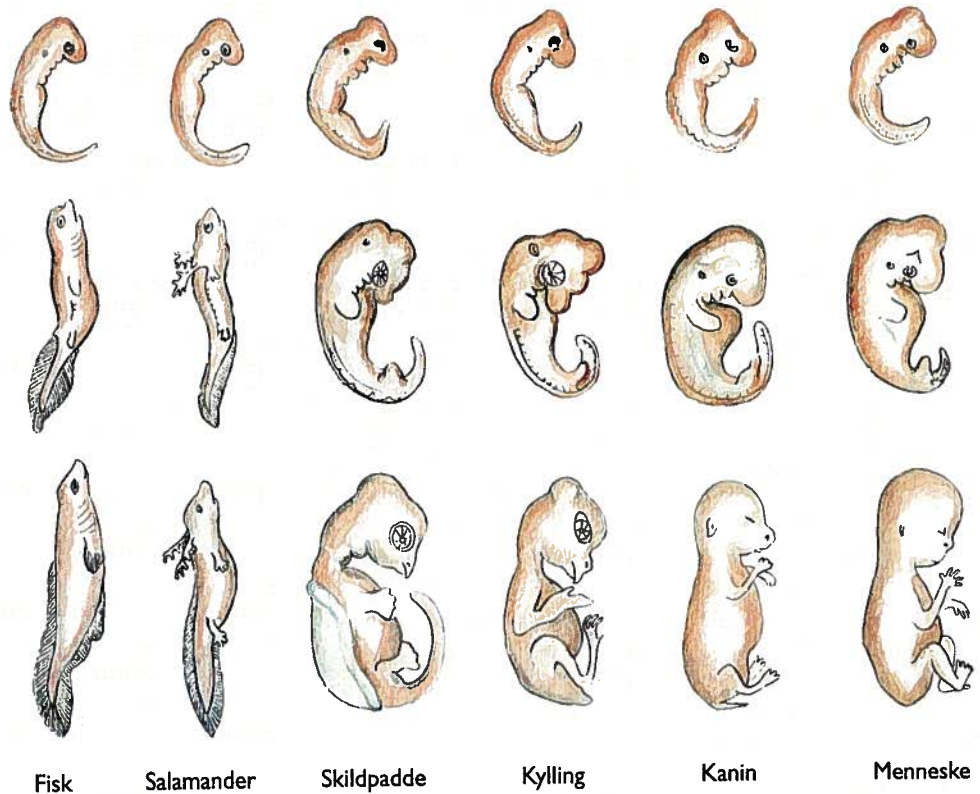
on af mutationer i regulatoriske gener, er gået i retning af at forlænge tiden for udvikling af hjernebarken gennem en forlængelse af fostertilværelsen og barndommen.

Hvis man sammenligner fosterudviklingen hos repræsentanter for de forskellige grupper af hvirveldyr, ses det at dyrene i tidlige stadier ligner hinanden meget. Fx har de alle, mennesket inklusive, på et tidspunkt anlæg til gæller og haledannelse, se figur 142.

Siden slutningen af 1800-tallet har man kaldt dette at *ontogenesen*, som er udviklingen af en organisme fra det befrugtede æg til det voksne individ, er en gentagelse af *fylogenese*, som er en dyrearts evolution gennem tiden.

I dag kan vi tilføje, bl.a. på grundlag af de kolossale ligheder der er mellem det humane DNA og chimpansens DNA, at når ontogenesen ligner en gentagelse af fylogenese, så skyldes det at evolutionen overvejende er sket gennem mutationer i de regulatoriske gener frem for gennem mutationer i de strukturelle gener. Mutationer i de regulatoriske gener hæmmer enten udvikling af bestemte organer fx gæller og hale, eller fremmer udvikling af bestemte organer fx en større hjerne hos mennesket. Disse mutationer er derfor i kombination med genetisk drift en væsentlig del af forklaringen på de store spring evolutionen indimellem tager i retning af nye arter.

Figur 142. Sammenligning af tre stadier hos nogle hvirveldyr. Efter Husen m.fl. i Grundbog i Genetik, Evolution og Etologi, 1983.



Udviklingen af det moderne menneske, *Homo sapiens*

I dag står det klart at menneskelinjen ikke er en videre udvikling af de nulevende menneskeaber, men blot er en gren på primaternes stamtræ, se figur 140 side 127. På samme måde står det også klart at det moderne menneske, *Homo sapiens*, som eneste nulevende repræsentant blot er en af grenene på menneskelinjens stamtræ. På grundlag af datering af fossile fund mener man at en meget tidlig *Homo sapiens* levede i Afrika for mellem 400.000 og 200.000 år siden. Når disse fossiler antages at tilhøre vores art, skyldes det at de fundne kranier har et rumfang der er betydeligt større end det ses hos andre samtidige fossiler. De er dog mindre end nutidsmennesket og har større øjenbrynsbuer. Fossilerne af *Homo sapiens* fra perioden fra 200.000 til 100.000 år siden er også fundet i Afrika. De viser et kranierumfang der næsten svarer til nutidsmenneskets på trods af at der stadig ses kraftige øjenbrynsbuer. På et enkelt fossil, der er 130.000 år gammelt, er der stort set ingen anatomiske forskelle fra nutidsmennesket. De ældste fossiler uden for Afrika er højst 60.000 år gamle. De er fundet i Kina men deres aldersbestemmelse er meget usikker. I Europa er de ældste fossiler omkring 43.000 år gamle. Det tyder på at der på et tidspunkt for under 100.000 år siden er begyndt en udvandring fra Afrika, måske på grund af klimatiske forandringer.

I den vestlige del af Europa har man fundet fossiler der viser at der i perioden fra 200.000 til 30.000 år siden har levet en anden art på menneskelinjen, de såkaldte neandertalere, *Homo neanderthalensis*, se figur 126 side 116.

Disse fortidsmennesker har altså levet i

Europa samtidig med det moderne menneske i godt og vel 10.000 år. Man ved ikke om de to arter har kendt til hinandens eksistens. Men det er et faktum at neandertalerne uddøde for omkring 30.000 år siden, og det kan skyldes at de er blevet fortrængt af vores art, selvom klimatiske forandringer eller en epidemi også er mulige forklaringer.

Brug af mitokondrie-DNA og PCR til slægtskabsanalyser

Som nævnt tidligere i dette kapitel indeholder cellers mitokondrier en lille smule DNA. Man ved at dette DNA er et lille cirkulært molekyle bestående af 16.569 basepar. Molekylet som også kaldes *mtDNA* har vist sig at være særdeles velegnet til evolutionsundersøgelser, især af nærtbeslægtede arter. Det skyldes for det første at basernes mutationshastighed i mtDNA er ca. 10 gange højere end i DNA fra kernen. Det gør det muligt at se genetiske forskelle der er opstået inden for en relativt kort tidsperiode. Desuden nedarves mtDNA i reglen altid direkte fra moren, idet den hanlige sædcelles bidrag til befrugtningen stort set kun er kernemateriale. Det gør arvegangen mere enkel.

I 1997 lykkedes det for første gang nogensinde at isolere DNA fra fossile neandertalknogler. Disse knogler som formodes at være omkring 40.000 år gamle, viste sig at indeholde rester af mtDNA. Ved hjælp af PCR-metoden, se side 100, fik man opformeret et stykke på i alt 379 nukleotider som man senere sekventerede, se side 95. Man sammenlignede herefter den fastlagte sekvens med den tilsvarende sekvens fra nulevende mennesker. Endvidere sammenlignede man samme mtDNA-sekvens mel-

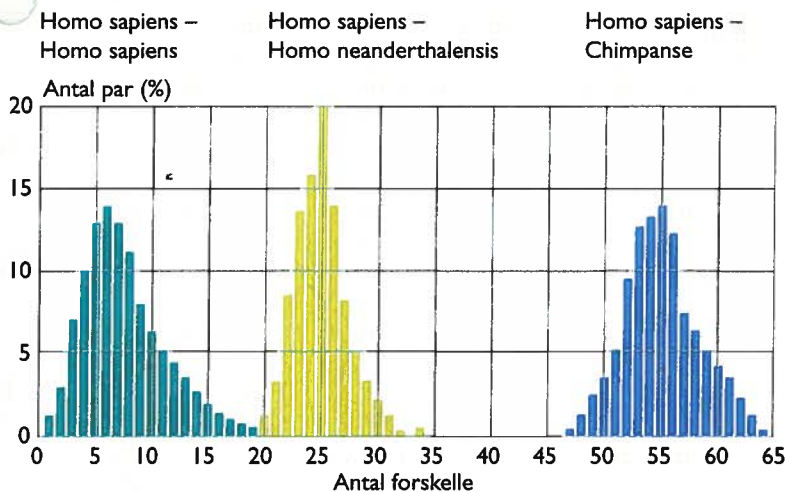
lem tilfældige nulevende mennesker fra forskellige steder i verden, ligesom man sammenlignede mtDNA-sekvensen mellem nulevende mennesker og nulevende chimpanser, se figur 143.

Den gennemsnitlige forskel i mtDNA-sekvensen mellem forskellige moderne mennesker er på ca. 8 basepar. Den gennemsnitlige forskel mellem *Homo sapiens* og *Homo neanderthalensis* er på ca. 27 basepar, mens den gennemsnitlige forskel mellem *Homo sapiens* og chimpansen er på ca. 55 basepar. Det ses at der ikke er noget overlap mellem de grønne og gule data. Det indikerer at neandertalere og det moderne menneske ikke tilhører samme art. Men som man kan se af de nævnte gennemsnitstal, er de trods alt meget tættere

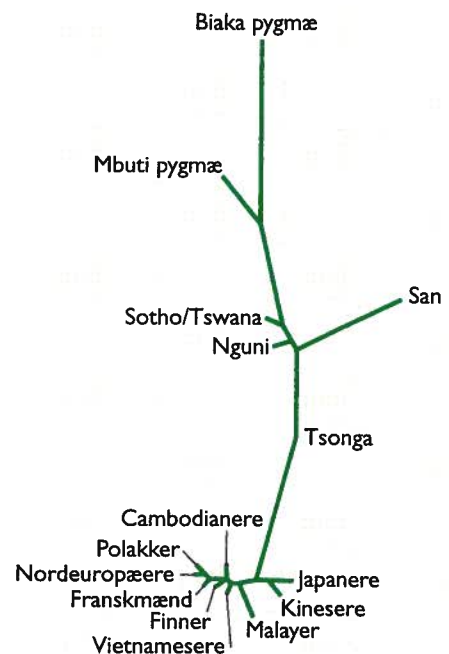
beslægtet end mennesket og chimpansen. På grundlag af disse analyser sammenholdt med tidsdatering af neandertal-fossilet har man vurderet at *Homo sapiens* og *Homo neanderthalensis* blev adskilt for mindst 500.000 år siden.

Man har også analyseret og sammenlignet mtDNA hos 15 nulevende befolkningsgrupper for at afklare deres indbyrdes slægtskab og størrelsen af den genetiske variation inden for befolkningsgruppen. Her viser det sig at de afrikanske befolkningsgrupper har langt den største variation både mellem sig og i den enkelte befolkningsgruppe. Denne variation er langt større end den man finder hos resten af jordens befolkning tilsammen, se figur 144.

Figur 143. Histogrammer over variation af mtDNA. De tre histogrammer viser den procentvise fordeling af antallet af forskellige baser ved sammenligning af mtDNA-stykker på 379 nukleotider fra samme område af mitokondriets DNA. I histogrammet til venstre er tilfældige nulevende mennesker sammenlignet med hinanden, i det midterste er nulevende mennesker sammenlignet med neandertaleren, og i det højre er nulevende mennesker sammenlignet med nulevende chimpanser. Efter Krings i Cell 90/1997.



Figur 144. Variation mellem 15 befolkningsgrupper vist som netværk. Variationen er baseret på sammenlignende analyser af mtDNA. Længden af en gren viser graden af variation. Det ses at de afrikanske befolkningsgrupper har langt de største grene i netværket. Efter Jensen i Menneskets oprindelse og udvikling, 2001.



Det tyder på, som vi også har fået bekræftet i andre sammenhænge, at det moderne menneske er opstået og udviklet i Afrika gennem mange tusinde år inden en relativ lille gruppe mennesker har forladt Afrika og koloniseret resten af verden. Den geografiske isolation har, sammen med genetisk drift og naturlig selektion, skabt den genetiske variation vi kalder racer og har tilpasset mennesket til et liv under meget forskelligartede miljøforhold. Omvendt har det korte tidsperspektiv og de konstante folkevandringer gennem de sidste 45.000 år gentagne gange nedbrudt isolationsbarrierer og opblandet befolkninger. Racebegrebet vil da efterhånden miste sin betydning hvilket figur 145 måske er et eksempel på.



Figur 145. Amerikanske gymnasieelever. Det er tydeligt at disse unge udgør en homogen etnisk gruppe på trods af deres forskellige, mere eller mindre tydelige tilhørsforhold til de tre hovedracer, se side 7-8. Foto: A.P.I. Image Library.