

Hva er fakta og hva er spekulasjon i forbindelse med moderne genforskning?

Av Erling Skår, Høgskolen i Volda

I den senere tid har jeg lest en del påstander om at moderne genforskning nærmest har bekreftet evolusjonsteorien. Opplysninger om at arvestoffet til mennesker og sjimpanser er opptil 99% likt ifølge noen artikler, er da med på å støtte opp om disse påstandene. Det har imidlertid slått meg at de aktuelle artiklene er svært lite konkrete og mangler logiske begrunnelser for de fleste påstandene. De synes derfor å være mer like slagord i en reklamekampanje enn opplysende artikler som skaper forståelse hos leseren. Etter at jeg på den 8. europeiske kreasjonistkongressen i 2003 hørte om de mange problemene som evolusjonsteorien hadde i forbindelse med moderne genforskning, bestemte jeg meg for å prøve å forstå hva vitenskapen egentlig har funnet ut om det kodesystemet som ligger bak livet på jorda. Selv har jeg litt bakgrunn i biologi og informatikk, og selv om moderne genforskning er et enormt fagfelt som vel ingen har fullstendig oversikt over, så var jeg optimist med hensyn på at jeg skulle kunne klare å forstå grunnprinsippene i genforskningen med bakgrunn i foredragene på kreasjonistkongressen og diverse artikler fra internett. Det som følger her er da et forsøk på å beskrive det jeg fant på en forståelig måte som forhåpentligvis også kan hjelpe andre til å for-

Sagen kort

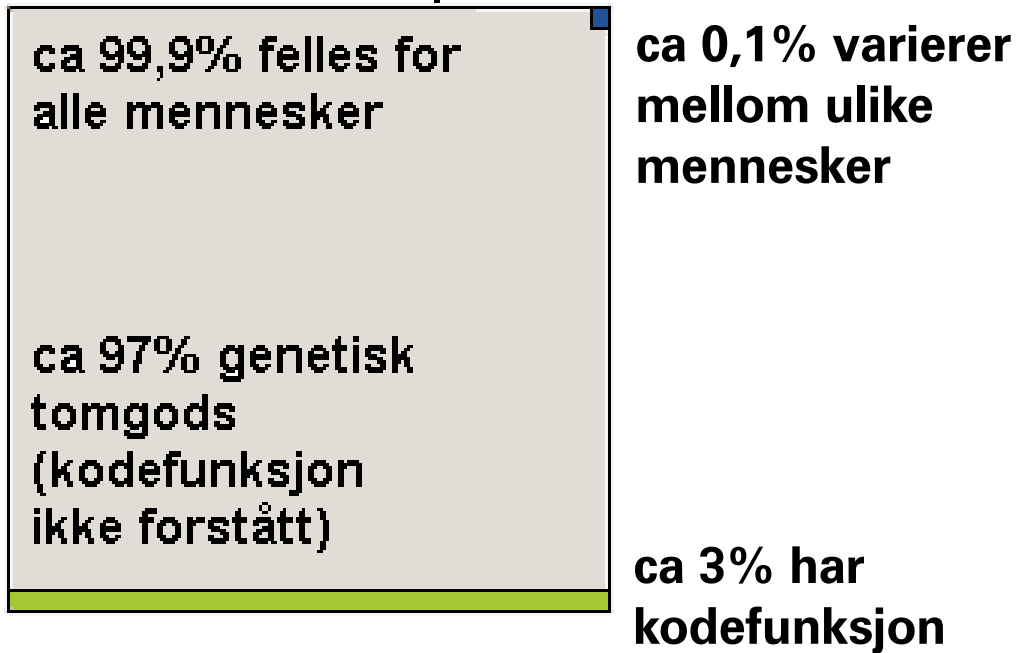
Man gjør ofte meget ud af at mennesket har genmateriale "fælles" med andre pattedyr, fx chimpanser. Men læs her om den overraskende sammenligning man også kan gøre mellem menneske og mus hos hvem vi kan konstatere en lighed på 90%. Måske vil en tilsvarende forskel i *genplaceringen* hos menneske og chimpanse kunne konstateres, og så er de 98% ens gener måske ikke slet så interessante som det normalt fremstilles.

stå at moderne genforskning egentlig gir mer støtte til en overnaturlig skapelse enn til evolusjonsteorien.

I en del artikler har jeg funnet påstander om at genmaterialet inneholde relativt mye koder som ikke har noen funksjon, og her vil jeg da kalle det «*genetisk tomgods*» (*junk DNA, space DNA*). Et hovedspørsmål som jeg hadde problemer med å finne svar på, var hvordan man kunne se forskjell på genetisk tomgods og DNA som virkelig har en funksjon. Et annet nærliggende spørsmål i denne sammenhengen er hvor mye av DNA-koden man egentlig har forstått funksjonen til?

Det er det en grunnleggende kjensgjerning at man gjennom en stor internasjonal inn-

Menneskets totale arvestoff (ca 2 900 000 000 baser)

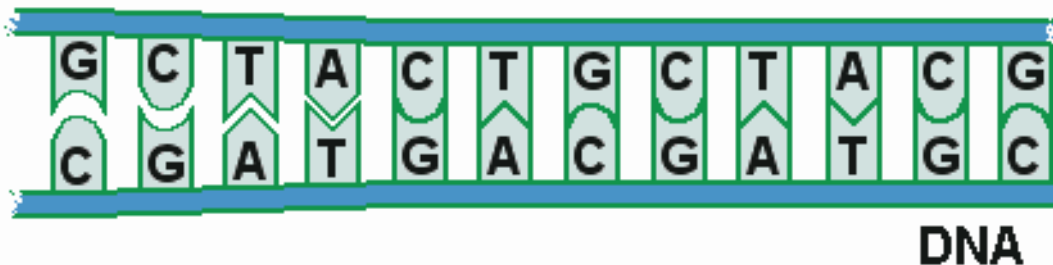
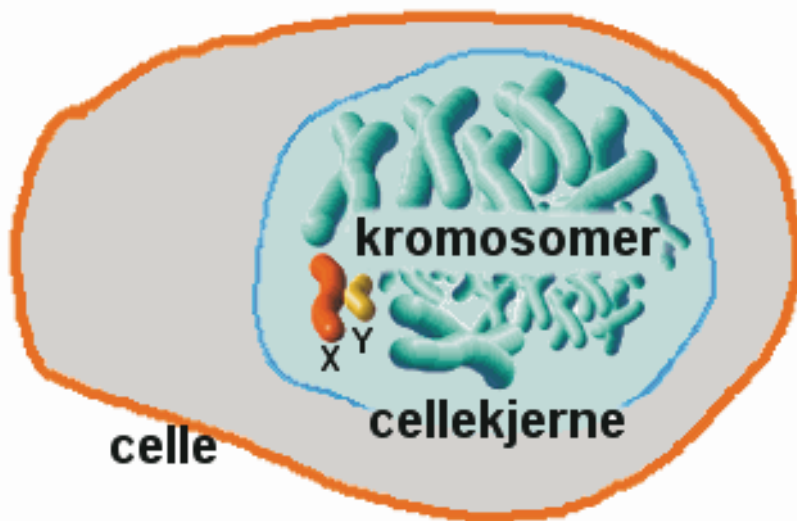


Figur 1. Kvadratet representerer her den totale mengden DNA-koder i menneskets arvestoff. Fordi ca. 0,1% av arvestoffet er gir det grunnlag for en såkalt DNA-profil som kan brukes for å identifisere individ og sjekke familieforhold. Den resterende delen av menneskets genome er da identisk i alle mennesker og den delen som man hittil har identifisert som koder tilsvarer ca 3 %.

sats (*Human Genome Project*) har klart å kartlegge hele den delen av menneskets DNA som er identisk for alle mennesker, og det er da tilgjengelig for dem som ønsker å se det via internet. Nå er det også et faktum at vårt DNA inneholder en del biter som kjennetegner det enkelte individ, og disse bitene vil da bare være like hos eneggede tvillinger. Merk at det er snakk om ca 0,1% av genmaterialet vårt som varierer fra individ, og derfor har vi mennesker 99,9% likt DNA.

Men det å ha kartlagt rekkefølgen av felleskodene i det menneskelige arvestoffet

er ikke det samme som at vi kjenner funksjonen av kodene. Når det gjelder spørsmålet om hvor mye av DNA-koden som vi i dag kan regne som «ikke forstått» eller «genetisk tomgods», så er det naturlig nok vanskelig å oppgi et fast tall. Den delen av DNA som er forstått, vil sannsynligvis øke fra år til år. Et sted fant jeg følgende setning: «*The coding region accounts for about 3% of the total DNA in a human cell.*»¹⁾ Dette betyr med andre ord at noen regner med at 97% av genmaterialet ikke har noen kodefunksjon, og det er nok videre bare en brøkdel av de resterende 3%



Figur 2. Arvestoffet i menneskelige celler består av 23 par kromosomer som er koblet sammen to og to slik den øverste figuren viser. Kromosomene befinner seg i cellekjernen i alle celler og består av lange DNA-molekyl (ca 2 meter til sammen) som er krøllet sammen i en dobbeltspiral. Selve kodingen består av ca 2 900 000 000 baser som i figuren har benevnningen G, C, T og A.

som man virkelig har forstått funksjonen til. Men man antar likevel at disse kodene har en funksjon siden de har en struktur som likner på andre koder som man har funnet funksjonen til. Nå finnes det sikkert andre tall i andre publikasjoner, men poenget her er at det er forståelig at de som skriver om 95-99% likhet med sjimpanser unngår å fortelle om hvor mye vi virkelig har forstått av den genetiske koden. Det

styrker ikke overbevisningsnivåen til en artikkel om man innrømmer at man f.eks. har forstått mindre enn 3% av funksjonen til genmaterialet vårt.

Hvordan kan man telle gen?

I det følgende vil jeg her prøve å få fram hva som egentlig ligger bak påstandene om likhet mellom arvestoffet i mennesker

og andre dyr, og forhåpentligvis vil det føre til at leseren vil forstå at argumentet om at genforskningen støtter evolusjonsteorien, er et slagord uten vitenskapelig grunnlag. For å forstå moderne genforskning er det viktig å forstå betydningen av ulike begrep som brukes, og derfor vil vi først definere noen sentrale begrep.

DNA er et begrep som omfatter hele arvestoffet sett fra en *kjemisk synsvinkel*.

DNA er da lange lenker med **baser** (*bases*). Det finnes 4 typer baser: Adenin, Guanine, Thymine og Cytosine som vi i det følgende vil betegne med forbokstavene. Disse er da satt sammen i en slags taustige (da.: rebstige) hvor hvert trinn enten består av et AT eller GC par. En slik taustige kan da relativt lett deles midt på trinnene (mellom A og T og mellom G og C), og de lange lenkene man da får, kan da trekke til seg løse baser (A vil tiltrekke seg T, T vil tiltrekke seg A osv). Dette er da det kjemiske prinsippet bak kopiering av DNA-molekyl hvor de to nye taustigene får nøyaktig samme rekkefølge av baser som den opprinnelige taustigen.

Genom (*Genome*) er da et like omfattende begrep som DNA, men når man bruker dette begrepet (som er en sammensetting av gen og kromosom), så tenker man særlig på *kodene* i DNA-molekylene i et individ eller en art. Mennesket har f.eks. 46 adskilte DNA-molekyl som til sammen inneholder arvestoffet vårt. De 46 delene kalles **kromosom** (*chromosome*), og disse opptrer som par. Merk at vi har fått de to kromosomene i et kromosompar fra to foreldre, og derfor vil de ikke være helt identiske, men i genetisk sammenheng så sier vi likevel at de inneholder de samme kodene. I praksis vil derfor et menneske ha 23 ulike kromosomer. Det siste kromosomparet er imidlertid litt spesielt fordi det hos kvinner består av to like molekyl kalt X, men hos menn består det av to ulike molekyl som er kalt X og Y.

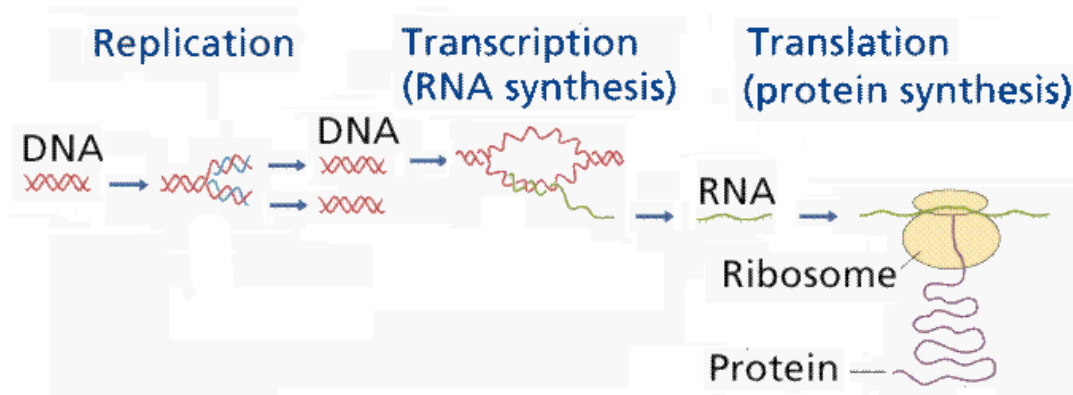
Gen. Så lenge man snakker om den genetiske koden som helhet, er det ikke noen særlige problem, men det er når man skal prøve å kartlegge de enkelte delene av

helheten, at ting blir vanskelig. Her følger en definisjon av gen som jeg har funnet på internett:

***Gener** = spesifiserte segment av DNA som bestemmer cellens struktur og funksjon; den virksomme delen av arveprosessen. Deler av DNA koder vanligvis for rekkefølgen av aminosyrer i polypeptider ²⁾*

Merk at polypeptider er et kjemisk navn som svarer til det mer kjente biologiske begrepet *proteiner* som i sin tur er et fellesnavn på sentrale stoff i levende organismer som da er sammensatt av *aminosyrer*. Generelt er det svært vanskelig å finne en klar definisjon av gen, og årsaken er nok at sammenhengen mellom spesifiserte deler av DNA-molekylet og cellestrukturer/cellefunksjoner ikke er et enkelt en til en-forhold. Tidligere tenkte man at spesifiserbare biter av kromosomene kodet for spesifiserbare strukturer/funksjoner, men mer og mer tyder nå på en komplisert mange til mange-sammenheng. Det vil si at mange DNA-sekvenser styrer en cellestruktur/cellefunksjon, og at en DNA-sekvens kanskje styrer mange cellestrukturer/cellefunksjoner.

I definisjonen ovenfor har man nevnt DNA-segment og polypeptid, og den mest nærliggende tolkningen er da at *et gen er en sammenhengende del av DNA* som inneholder koden for et polypeptid som kan være et protein eller en del av et protein. Når man f.eks. skriver at menneskeceller inneholder ca. 30 000 gen, så er det sannsynligvis snakk om så mange enkeltsegment i det menneskelige DNA med startkode og sluttkode, og ikke f.eks. at man har talt opp at mennesket har så mange ulike strukturer/funksjoner. Det er med andre ord snakk om en *strukturell definisjon knyttet til spesielle koder i DNA-molekylet* og ikke en total forståelse for alle cellestrukturer og cellefunksjoner i menneskeceller. I denne sammenhengen er det viktig å være klar over at kjennskap til kodesekvensen i DNA-molekylet ikke betyr at vi forstår hva kodene betyr. Et generelt trekk med genetiske koder er at samme koder



Figur 3 viser tre ulike prosesser hvor genkoder er involvert.

Reproduksjon (replication) betyr at genkoden kopieres.

Avskrivning (transcription) betyr at koden overføres til et RNA-molekyl som kan forlate cellekjernen.

Øversettning (translation) betyr at koden overføres til aminosyrer som bygges sammen til protein i et ribosom. Denne siste funksjonen kalles også **proteinsyntese**.

synes å gå igjen mange steder på DNA-molekylet, og akkurat som i vanlige språk er det viktig å forstå sammenhenger for å kunne tolke enkelte setninger.

Her følger et sitat som understreker dette viktige skillet mellom å kjenne til en kode og å forstå den:

«Kjennskap til en DNA-sekvens gir oss ikke kunnskap om hva budskapet betyr. Slik som ord i språket vårt, er også meningen til DNA-sekvenser avhengig av kontekst. Ferdiggjøringen av HGP (Human Genome Project = kartlegge DNA-koden for mennesker) er bare første skrittet i det usedvanlig komplekse arbeidet med å dekode informasjonen.»³⁾

Oppdagelsen av proteinsyntesen avslørte startsekvenser og sluttsekvenser

Men hvordan er det så mulig å telle gener når man ikke vet funksjonen til det 30 000 genene som man mener det er i menneskets DNA? Må vi ikke forstå et budskap for at vi skal forstå når enkeltdele i budskapet skifter tema? I prinsippet

bør man det, men om man har klart å dekode noen enkle budskap og finner at disse synes å ha spesielle startsekvenser og sluttsekvenser, så er det mulig å anta at andre typer budskap bruker samme type startsekvensene og sluttsekvensene, men man kan ikke være sikker på at disse sekvensene gjelder for alle typer koder.

Generelt kan man si at det var oppdagelsen av proteinsyntesen som gav grunnlaget for å kunne telle gen. Det at man har funnet sammenhengen mellom DNA-koder som definerer ulike protein, og aminosyresekvensen i proteinene, betyr at man har fått tilgang til kodesystemet.

Proteinene i menneskekroppen er satt sammen av lange kjeder med aminosyrer, og man har da funnet ut at slike kjeder med aminosyrer (proteiner) lages i **ribosomer** (*ribosomes*) som finnes i cellene. RNA-molekyler som er kopier fra deler av DNA-koden og ulike aminosyrer, vil da bli plukket opp av disse ribosomene, og resultatet blir ferdige proteiner. Denne prosessen kalles **proteinsyntese**, og siden storparten av innholdet i cellene nettopp er

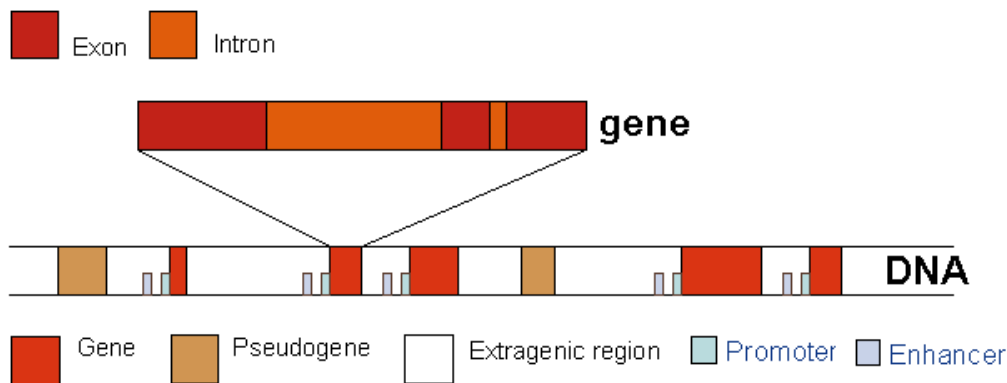
		Second letter				
		U	C	A	G	
First letter	U	UUU UUC	UCU UCC UCA UCG	UAU UAC	UGU UGC	U C A G
		UUA UUG		UAA UAG	UGA UGG	
	C	CUU CUC CUA CUG	CCU CCC CCA CCG	CAU CAC	CGU CGC CGA CGG	U C A G
		CAA CAG				
A	AUU AUC AUA	ACU ACC ACA ACG	AAU AAC	AGU AGC	U C A G	
	AUG		AAA AAG			AGA AGG
G	GUU GUC GUA GUG	GCU GCC GCA GCG	GAU GAC	GGU GGC GGA GGG	U C A G	
			GAA GAG			

Figur 4. Denne tabellen viser hvordan tre og tre bokstaver (baser) kombineres til koder for ulike ord (condon) som i sin tur koder for ulike aminosyrer i proteinsyntesen. Om vi f.eks. har koden CGA, så betyr C at vi havner i andre rad, G at vi havner i fjerde kolonne og A at vi skal velge tredje kode, og den vil da kode for aminosyren Arginine.

proteiner, er det nærliggende å tenke at storparten av de genetiske kodene er koder for proteiner. Nå er det mye forskning som ligger bak oppdagelsen av hvordan proteinsyntesen fungerer, og vi vil ikke gå inn på denne, men bare konkludere med at det i levende celler finnes to ulike kjeder, DNA/RNA-kjedene som inneholder *base-sekvenser*, og proteiner som inneholder *aminosyre-sekvenser*, og siden det finnes ulike teknikker for å studere slike sekvenser uavhengig av hverandre, er det ikke noen grunn til å tvile på at man virkelig har funnet kodesystemet som forteller hvordan DNA-kjeder brukes til å lage proteiner.

Selve kodesystemet som kalles **Standard genetiske koden** (*The standard genetic code*), er også forholdsvis enkelt. På detal-

jnivå viser denne koden sammenhengen mellom baserekkefølgen i et RNA-molekyl og aminosyresekkefølgen i et protein. Prinsippet er da at 3 og 3 av de 4 ulike basene (T, C, A og G) sees i sammenheng. Generelt kan vi da si at genspråket har 4 bokstaver og $4 * 4 * 4 = 64$ mulige ulike ord (**condon** = en basesekvens på 3 element). Figur 4 viser sammenhengen mellom basekoder og de 21 ulike aminosyrene som proteiner er oppbygd av. Merk at basen Tymin bare finnes i DNA, og den tilhørende basen i RNA molekylet heter da Uracil, og om man vil se sammenhengen mellom DNA og aminosyrer i stedet for sammenhengen mellom RNA og aminosyrer, så er det bare å erstatte U med T i tabellen.



Figur 5. Figuren viser en typisk bit av et DNA-molekyl hvor vi ved hjelp av fargekoder har markert ulike typer sekvenser som er knyttet til gen-begrepet. De røde/mørke områdene er 5 ulike gen hvorav ett av dem er forstørret opp slik at vi ser at også et gen er sammensatt av ulike sekvenser. Merk at det bare er den mørkeste delen kalt exon innenfor hvert gen som koder rekkefølgen av aminosyrer i proteinene. Merk videre at man også i noen tilfeller har funnet noen kodesekvenser i den delen som kalles extragenetic regions, og noen slike som er funnet i encellede organismer er da markert med mindre ruter på figuren for å illustrere hvordan ny forskning kan redusere de hvite områdene i genmaterialet.

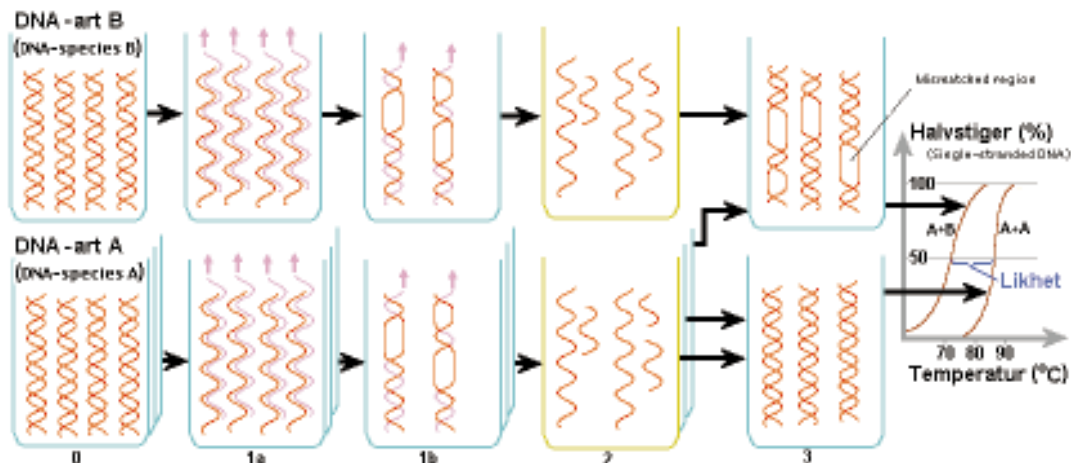
Hvordan er så genene oppbygd?

Nå er det klart at det er mange forskjeller på genene i ulike livsformer, men noen grunnleggende prinsipper synes å gå igjen i flere livsformer, og her vil vi kort prøve å gi et bilde av hvordan et typisk gen i en DNA-sekvens ser ut. Bakgrunnen for figur 5 er to figurer fra en nettside.⁴⁾

Nederst på denne figuren ser vi da en del av DNA-koden som består av noen gener (5 stk.) og noen andre sekvenser som man da antar ikke koder for strukturer/funksjoner i cellen. **Pseudogen** (*Pseudogene*) er da sekvenser som synes å likne på andre gen, men siden de mangler sentrale koder, antar man at det er snakk om ikke-fungerende gener (*nonfunctional genes*). **Ikke-gen-områder** (*Extragenetic regions*) er da store områder av DNA-koden som mangler koder som man forbinder med gen, og derfor er de markert som hvite om-

råder på et kart. Nå er det imidlertid slik at slike områder erfaringsmessig vil skrumpe etter hvert som forskningen skrider fram. I noen encellede organismer har man f.eks. funnet at man foran gen finner visse forbedende sekvenser og to eksempler på slike er kalt *Promoter* og *Enhancer*. I figuren har vi markert disse som mindre ruter. *Promoter* har da med oppstartning av RNA-syntesen å gjøre⁵⁾ mens *enhancer* har med rekkefølgen av dekodningen av RNA å gjøre⁶⁾.

Hvis vi så beveger oss inn i de DNA-områdene som er markert som gener fordi de har en struktur som blant annet innebærer at de har en start-condon og en slutt-condon, så er det heller ikke slik at man kjenner funksjonen til hele disse områdene. Det har nemlig vist seg at store deler av den opprinnelige genkoden *ikke* blir overført til aminosyrerekkefølge i proteiner, og denne delen kalles da *introns*. Den kode-



Figur 6. DNA-prøver fra to ulike arter (A og B) fordeles i 4 glass (0), og så fjerner man først den ene halvdel av alle stignene (1a) og lar resten prøve å danne nye DNA-stiger, og om det lykkes, så må man videre fjerne alle dubletter (1b) slik at man sitter igjen med bare ulike DNA-sekvenser. Noe prøver blir deretter bestrålt av radioaktiv stråling (2) før man blander A+A og A+B og sjekker i hvor stor grad de nye løsningene vil danne halvtiger eller helsiger ved ulike temperaturer (3). Avstanden mellom de to kurvene som er vist til høyre, blir da et mål for likhet mellom de to artene.

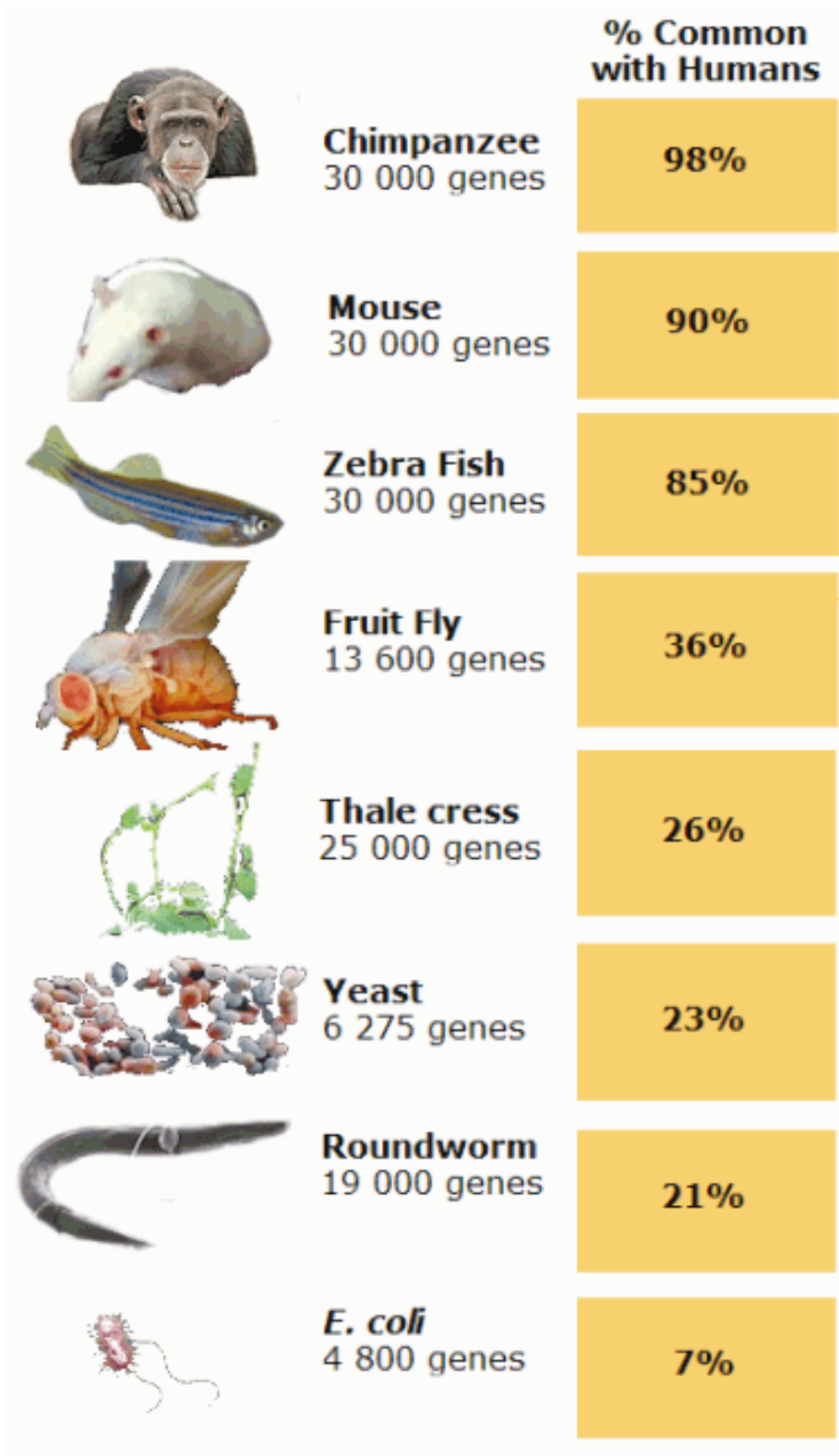
delen som overføres til proteinene kalles *exons* ⁷⁾. En konklusjon så langt er da at de genene som mennesker har klart å avgrense og telle, utgjør en svært liten del av DNA-koden, og inni selve genene er det også svært mye kode (introns) som man ikke har forstått funksjonen til. Mange artikler om moderne genteknologi etterlater et slags inntrykk av at moderne forskning har avslørt arvematerialets hemmeligheter, men det som er nevnt så langt viser tydelig at dette ikke er tilfelle.

Hvordan sammenlikner man arvestoff fra ulike livsformer?

I forbindelse med DNA-basert evolusjonsforskning hvor man kartlegger genetisk likhet mellom ulike livsformer, bruker man en metode som kalles **DNA-DNA kryssing** (*DNA-DNA hybridization*). For å kunne avsløre hullene i evolusjonistenes

argumenter, er det viktig at vi forstår metodene som brukes for å sammenlikne DNA. Her følger en beskrivelse av denne metoden i tre punkt:

1) Siden det er vanlig med gjentakinger av kodesekvenser i vanlig DNA, er det viktig å redusere DNA-sekvensen fra hvert individ før man fører sammen gen fra to individ. (*DNA hybridization begins by discarding the repetitive DNA (about half the genome) and retaining the unique-sequence, genic DNA.*)⁸⁾. Generelt er det slik at DNA-stigen vil bli oppsplittet i halvstiger når temperaturen øker, og når temperaturen så igjen senkes, vil halvstiger prøve å koble seg sammen med andre halvstiger til helstiger. Om ulike halvstiger kobler seg sammen, vil det bare bli trinn der hvor rett basepar kommer sammen, og vi får da ofte stiger med manglende trinn. Den ytre forskjellen på en stige med alle trinn intakt (vanlig DNA-molekyl) og en stige med



Figur 7. Viser en forenklet figur fra internett som er basert på DNA-kryssing (DNA hybridization), og noen vil nok oppfatte det slik at det finnes en slags objektiv skala for likhet som f.eks. forteller at sjimpansen er 2 % forskjellig fra mennesket.

manglende trinn er da at temperaturen hvor hel-stiger går over til halv-stiger vil minske jo færre trinn som er intakt. Siden det videre er mulig å fysisk skille ad halv-stiger og hel-stiger ved å la DNA strømme forbi ulike «kjemiske kroker», er det mulig å fremstille en DNA-prøve som i hovedsak består av *ulike* halv-stiger som ikke vil kombinere seg med hverandre uten at de vil mangle relativt mange trinn. Prinsippet er da at man regulerer temperaturen til rett under den som splitter opp feilfrie stiger, og på den måten kan like halv-stiger fjernes, og man sitter da igjen med halvstiger som ikke klarer å finne en identisk partner. Resultatet etter en forholdsvis lang forberedende prosess er DNA-sekvenser som bare har *ulike* halv-stiger.

2) Man bruker så å gjøre noen slike prøver radioaktive ved bestråling slik at det er mulig å spore de aktuelle DNA-kodene i den videre prosessen.

3) Om man så blander den ene radioaktive prøven (A) med en annen tilsvarende prøver fra samme art (A) samtidig som vi blander den andre prøven (A) med en prøve fra en annen art (B), så vil man kunne observere like biter fra de to prøvene gå sammen og danne mest mulig feilfrie helstiger. Metoden man bruker for å kontrollere hvor like ulike prøver er, er da at man måler forholdet mellom halvstiger og helstiger i de to blandingene (A+A og A+B) ved forskjellige temperaturer. Når man så sammenholder resultatet fra disse to blandingene, kan man få et «likhetstall» for hvor like arvestoffet er i de to prøvene (A og B). Om man så setter likhetstallet for A/A blandingen til 100% (samme art) vil vi da kanskje få 98% om A er hentet fra mennesker og B er hentet fra sjimpanser slik figur 7 viser.

Når slike undersøkelser leder opp til fremstillinger av likhet mellom mennesker og andre livsformer som den er vist på figur 7, så er det kanskje noen som tror at dette representerer et sterkt argument for evolusjonsteorien. En sammenheng mellom ytre

likhet og indre likhet som denne figuren egentlig viser, er da forventet også om vi antar at livsformene er skapt, og slik representerer ikke likhet i arvematerialet et argument for slektskap slik evolusjonister ofte vil hevde.

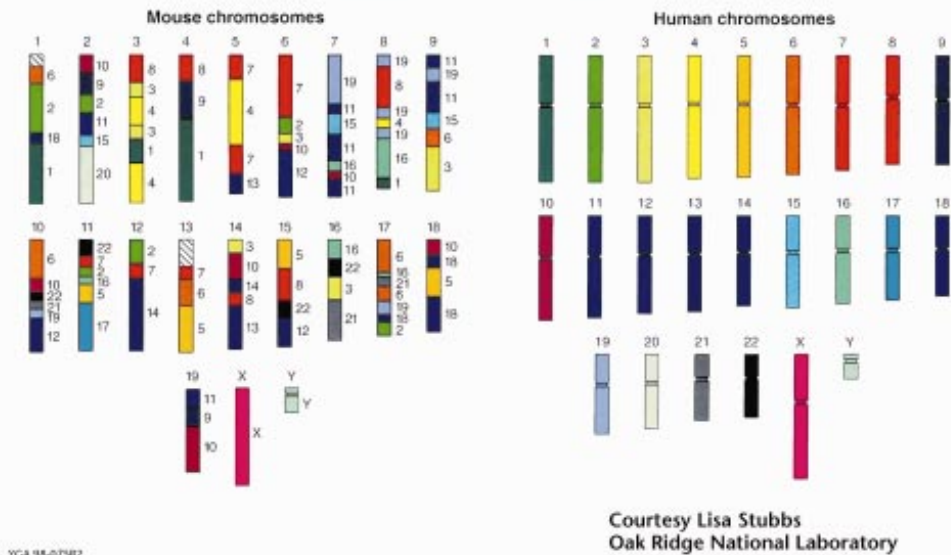
Men man kan også sette spørsmålsteget ved om den aktuelle metoden egentlig er en god måte å fremskaffe et prosenttall som sier noe om likhet. Vi kan for eksempel tenke oss at vi vil bruke samme metode for å finne et prosenttall for hvor like to bøker er. Vi kunne da bruke et dataprogram som først scannet gjennom hver bok og plukket vekk alle like ordsekvenser. Så ble resten fra de to bøkene sammenliknet ved at man parallellkjørte de mest like sekvensene fra hver bok og så fant et prosenttall for hvor mange ord/bokstaver som kom på samme plass i sekvensene fra de to bøkene. De fleste vil nok være enig om at dette ikke er den beste måten for å finne ut hvor like to bøker er da denne metoden ikke måler informasjon, men bare kodesequens. Også DNA-molekylet er bærer av informasjon, og mange vil nok være enige om at det er bedre å se på det ferdige resultatet (en ape og et menneske) når vi skal sammenlikne hvor ulike mennesker og aper er.

Alternative sammenlikninger som er mindre kjent

For å forstå problemene som genforskningen skaper for evolusjonsteorien, så vil vi her kort trekke fram en annen figur som viser likhet mellom arvestoffet til mennesker og mus som da er basert på direkte sammenlikning av genkodene. Denne ble vist på kreasjonistkongressen i 2003 av André Eggen.⁹⁾

Her har man da tatt utgangspunkt i menneskets kromosom og gitt dem nummer og farger. Siden mennesker og mus begge hører med til gruppen pattedyr, har begge artene de fleste organiske strukturer og funksjoner felles, og derfor kan mus f.eks.

Mouse and Human Genetic Similarities



Figur 8. Figuren viser de 24 kromosomene som finnes i mennesket til høyre (inkl. 2 kjønnskromosom). Til venstre vises de 21 kromosomene som finnes i mus hvor man har markert de områdene som har samme DNA-sekvens som hos mennesket med farge og nummer fra menneskets kromosom. Generelt ser vi da at mange DNA-sekvenser går igjen, men rekkefølgen av disse er da svært forskjellig mellom menneske og mus.

brukes for uttesting (da.: afprøvning) av medisiner tenkt brukt på mennesker. Ifølge figur 7 skal disse genomene være 90% like, og det betyr i praksis at man vil finne igjen kodene for de samme strukturer/funksjoner i begge arvestoffene, men de er da totalt omstøkket (da.: byttet rundt) slik som figuren viser. Problemet for evolusjonistene i denne sammenhengen er da å kunne forklare hvordan en slik stor endring i genmaterialet kan forekomme når all erfaring tyder på at større endringer i genmaterialet er dødelig for individene det gjelder. Evolusjonen står og faller på om arvestoffet kan endres gradvist uten at individene dør ut, og vi vil derfor hevde at det er svært vanskelig å finne vitenskapelig bevis for at dette kan skje, simpelt hen fordi

evolusjonistene til dags dato mangler slike bevis. Det at de i stedet gjør et stort poeng av at en del DNA-sekvenser er felles for mennesker og «beslektede» dyr, synes derfor å være en slags avledningsmanøver. Dette innebærer da en overfokusering av likheter og unnvikelser i forbindelse med de mange store forskjellene i genmaterialet som da tyder på at evolusjonen ikke har skjedd.

Her vil vi til slutt også nevne genomstørrelse som et eksempel på at man unngår å bringe inn data som synes å lage problem for evolusjonsteorien. I ulike sammenhenger kan vi da f.eks. lese at mennesket har ca 2 900 000 000 baser i arvestoffet, men det er ikke så ofte vi ser sammenlikninger i totalstørrelsene til arvestoffet i andre livs-

former. Årsaken er da åpenbart at dette er en faktor som *ikke* synes å gjenspeile evolusjonsforløpet. Det er f.eks. funnet amøber som har 100 ganger større genom enn mennesket (Amoeba proteus: 290 000 000 000), og det bryter da totalt med den gradvise økningen i kompleksitet som man forventer fra encellede dyr og opp til mennesket som da representerer endepunktet i en lang oppadgående utvikling ifølge evolusjonsteorien.

Noter

- 1) www.web-books.com/MoBio/Free/Contents.htm.
- 2) *“Genes Specific segments of DNA that control cell structure and function; the functional units of inheritance. Sequence of DNA bases usually code for a polypeptide sequence of amino acids.”* <http://www.emc.maricopa.edu/faculty/farabee/BIOBK/BioBookglossPQ.html>
- 3) *“Knowledge of a DNA sequence does not give us knowledge of what the message mean. Like words in sentences in our language, the meaning of DNA sequences depend on their context. Completing the HGP is but the first step in the extraordinary complex task of decoding the information.”* <http://www.doegenomes.org/>
- 4) www.web-books.com/MoBio/Free/Contents.htm.
- 5) *»Promoter is the DNA region where the transcription initiation takes place.«*
- 6) *“Enhancers are the positive regulatory elements located either upstream or downstream of the transcriptional initiation site.”*
- 7) *“The transcriptional region consists of exons and introns. Exons encode a peptide or functional RNA. Introns will be removed after transcription.”*
- 8) www.scricciolo.com/classificazione/sequence6.htm
- 9) Internett-adresse med lenke til nettsted hvor man kan bestille CD-er med foredrag fra 8th European Creationist Congress: www.genesis.nu/8thecc/

Redaksjonell note

Som led i Origos bestræbelser for at stille relevant undervisningsmateriale til rådighed er der i forbindelse med denne artikel lavet nogle spørgsmål på dansk til brug i biologiundervisningen. Afsnittene *Hvordan sammenligner man arvemateriale fra forskellige livsformer?* og *Alternative sammenligninger som er mindre kendt* er endvidere oversat til dansk da der nok skal være de elever som stejler over at skulle læse norsk (forstå det hvem der kan!), men disse meget spændende afsnit vil så ubesværet kunne inddrages i undervisningen. – Find det alt sammen på www.skabelse.dk til fri kopiering ved kildeangivelse.