

Genetisk programmering¹?

I hver celle av kroppen din og min er de krøllet sammen: Dobbeltspiralene DNA, selve livets dødehavsruller. Forskerne kveiler dem ut og leser dem høyt for oss. Det vil si: De leser gen-bokstavene, formet av nukleinsyrer.

Nettstedet Science 2.0 ga oss en melding om at forskere fra University of Bristol i

Storbritannia er på sporet av genene som koder for alderdom. De har lett etter gen-mønstre i en rekke pattedyr som evolusjonen har gjort gradvis mer langlivede, og faktisk funnet flere gen-signaturer som kan være lenket til høyere alder.

- Proteinene vi oppdaget, forandret seg i et spesielt mønster, noe som antyder at utviklingen av disse proteinene ikke skjedde tilfeldig, med snarere ved design (...) Uttalelsen kommer fra en av forskerne bak studien. Ved design?.. Hvem skulle i så fall være designeren?



Bilde 1 Gen for alderdom Illustrasjonsbilde: www.colourbox.no/forskning.no

Det finnes gener for alderdom, gener for sykdom, gen for intelligens. Genenes sekvensoppbygning danner en kode, som uttrykk for et språk. Men gir språk noen mening uten at noen har noe å si? Vi skal gjøre et unntak og benytte et bibelsitat her: Rom 1v20: "Hans usynlige vesen, både hans evige kraft og hans guddommelighet, har de fra verdens skapelse av kunnet se og erkjenne av hans gjerninger. Derfor har de ingen unnskyldning."

New Scientist fortalte om en annen stor studie, der over 20 000 mennesker i USA har fått hjernen skannet og genene kartlagt. Resultatene viser at intelligensen delvis ligger i genene. Det er ikke omstridt. Men forskerne har denne gangen funnet ett bestemt gen som har en liten, men målbar virkning på intelligensen. Ett enkelt gen gjør oss litt mer intelligente. Det er overraskende. Men det å gjøre noe for å oppnå noe - intelligens for eksempel - innebærer som regel at noen - som Egon Olsen - har en plan. Hvem har en plan med genet for intelligens? Genetikerne finner ut hvordan genene er designet, hva de gjør, hvordan de er programmert.

Det grunnleggende spørsmålet blir likevel: Finner de, som Finn Kalvik, først og fremst seg sjæl? -og i relasjon til andre (vår tilføyelse) Ideen om at gener koder for noe, betinger at gener betraktes som et språk. Et språk blir meningsløst uten at noen bruker språket for å uttrykke seg. Med andre ord: Er det noen som vil uttrykke seg gjennom genene? Som vil



Bilde 2 Finne seg sjæl -i forhold til hvem? Finn Kalvik (Foto: Stig Ove Voll, Wikimedia Commons)

¹ Av Journalist Arnfinn Christensen; Søndag 22. april 2012; <http://www.forskning.no/artikler/2012/april/319755>

oppnå noe? ..Den ukjente inGENIør?.. Ubevisst bruker forskerne et ingeniørspåk. Vil ingeniøren lage en maskin som kan fly, må han gi den vinger. Vil livet lage en organisme som lever lenger, må den utstyres med bestemte gener.

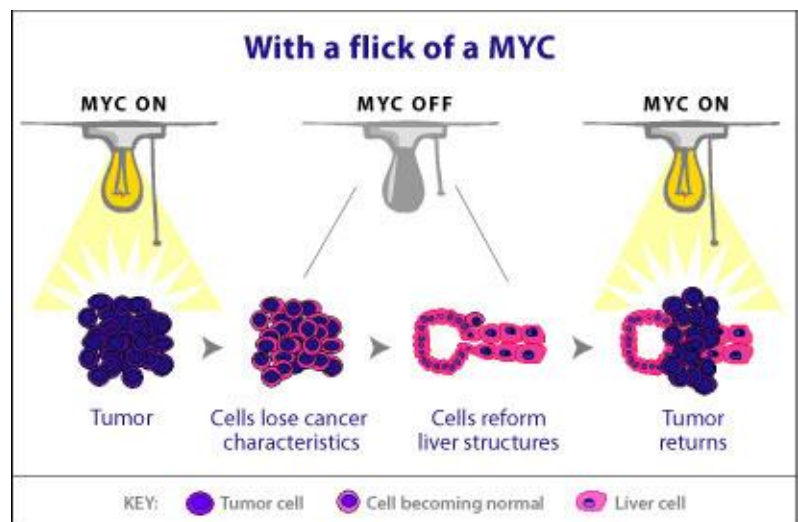
Et hierarki av kompleksitet

Det menneskelige genom viser seg ha færre enn 30.000 gener. Dette er overraskende, tatt i betraktning at menneskets celledmaskiner produserer ca. 100.000 ulike proteiner. Dermed kunne en tro det ville eksistere tilsvarende antall gener til å kode for dem. Det kan virke som det 'er for få gener til å gjøre rede for den utrolige kompleksitet som våre nedarvede egenskaper utgjør.

Genetikeren Steve Jones sier: 'En sjimpansse deler nok 98% av dets DNA med mennesker, men det gjør dem ikke til 98% menneske'. Vi har også gener til felles med mus og gris, men det sier vel ikke noe om den menneskelige natur av den grunn(?) Når noen vil fortelle oss at genene forteller oss hvem vi er, har de ikke fått tak i hele virkeligheten. Det er altså ikke 'én til én' sammenheng, men 'en til mange' sammenheng mellom gener og proteiner.

Når det sies at 98% av DNAet i menneskelig genom tilsvarer apenes, høres det ekstremt mye ut i en 'demokratisk' sammenheng. Men logisk sett er det betydningen vi tillegger det, som er avgjørende. Kvantitativt sett har vi samme empiri i forhold til vannmolekyler i menneskekroppen: 99% av molekylene i menneskekroppen består av vann. Vil en gjøre tilsvarende slutning ut fra den kvantitative korrespondansen? Nei, en vil selvfølgelig ikke påstå at mennesket og vann som sådan er i slekt.

Når det gjelder menneskets slektskap med apenes, beror det den evt. likhet eller forskjell på betydelig mer enn antall %-overensstemmelse: Bare et slikt forhold som at genene kan slå av eller på, vil innebære utrolig mange 'uttrykksstadier'. En organisme med n gener, som hver enkelt kan befinne seg i stadiene 'uttrykt' eller 'ikke-uttrykt'. Da er det altså 2^n ulike uttrykksstadier. OM nå to organismer A og B har h.h.vis 30.000 og 32.000 gener. Ja, så ville det være 2^{2000} ulike uttrykksstadier. Det er et tall større enn antall kjente elementærpartikler i universet (10^{85}).



Bilde 3 MyC av eller på Fra:

<http://news.stanford.edu/news/2004/october13/med-felsher-1013.html>

A og B har h.h.vis 30.000 og 32.000 gener. Ja, så ville det være 2^{2000} ulike uttrykksstadier. Det er et tall større enn antall kjente elementærpartikler i universet (10^{85}).

En relativt liten forskjell i antall gener, vil i så fall kunne forklare den store forskjellen i fenotyper -(de observerbare karakteristika). Men i mer komplekse organismer, fins det en langt større vifte av molekylære maskiner de kan bygge opp og kontrollere.

*Miljø betyr også noe*²

Molekylærgenetikeren Eli Grindflek arbeider i Norsvin ved Universitetet for miljø- og biovitenskap på Ås. Hun er for tiden travelt opptatt med å utforske hvilke genvarianter som gir mest effektiv produksjon av svinekjøtt kombinert med best mulig dyrevelferd. Siden gris og menneske er veldig like genetisk sett, ble genene de studerte, valgt ut basert på deres funksjon hos mennesket. Selv om husdyrenes genom er kartlagt, er det fortsatt langt igjen før vi forstår hele det molekylære grunnlaget for alle egenskaper og sykdommer hos dyrene, understreker Grindflek. Miljø har dessuten en stor innvirkning på den genetiske utviklingen. – Det kan være alt fra fôring, klima og stell til hva slags bingedyrene vokser opp i. Det er ikke alltid like lett å si at “feilen” ligger i genene.



Bilde 4 Ikke alt ligger i genene
<http://www.forskning.no/artikler/2011/oktober/300699>

Forskerne må også være oppmerksomme på at det ikke bare er å velge frem ønskede genvarianter for en egenskap, uten at det går på bekostning av noe annet. Grindflek bruker eksempler fra grisens verden. – Hvis vi bare avler frem gener som gir raskest vekst og best kjøtt, kan det gå utover benkvaliteten. Spekktykkelsen hos det norske landsvinet er for eksempel redusert fra 30 millimeter til under 10 millimeter i løpet av 50 år.. Vi har sett eksempler på at mindre fett hos gris fører til at purka ikke har tilstrekkelig fettlager til å klare dietiden.

*Ett moteksempel på naturlig utvalgs monopol-betydning -genomarkitektur*³

Mange gener finnes hos alle dyr, og blant dyr som er beslektet viste det seg også at rekkefølgen av gener langs DNA delvis var lik. Forskerne har derfor antatt at denne gamle arkitekturen av genomet i seg selv er viktig, og at oppbygningen aktivt har blitt bevart gjennom naturlig seleksjon. Men nye funn fra Sars-senteret ved Universitetet i Bergen og det franske genomsenteret Genoscope, snur opp ned på denne forestillingen. De har kartlagt genomet til et halesekkdyr, og resultatene viser at dyret har en radikalt forskjellig genomarkitektur også fra andre arter som de har mange fellestrekk med. Forskerne konkluderer med at arkitekturen til dyrenes genom kan ha blitt formet ved nøytrale evolusjonære krefter, eller sagt på en annen måte – ved tilfeldigheter.

² Fra: <http://www.forskning.no/artikler/2011/oktober/300699>

³ <http://www.forskning.no/artikler/2010/november/270749>

– Forestillingen om at arkitekturen som vi finner i de fleste genomer er den optimale som har utviklet seg gjennom naturlig seleksjon, finnes det ingen bevis for. Vi har derimot vist at så snart evolusjonen skjer veldig raskt, så kan den opprinnelige genomarkitekturen forsvinne, sier Daniel Chourrout. -Ett av de mest oppsiktsvekkende funnene til Sars-gruppen var at plasseringen av intronene – de ikke-kodede sekvensene langs DNA-strengen som stykker opp genene – var helt



Bilde 5 Gjennomsiktig halesekkedyr

annerledes enn for alle andre undersøkte <http://www.forskning.no/artikler/2010/november/27074> dyr. De aller fleste introner i arvestoff som er undersøkt, er urgamle og det er vanskelig å forklare hvor de opprinnelig kommer fra. Derfor har forskerne trodd at de er så betydningsfulle, at de blir bevart gjennom naturlig seleksjon. – Hva vi oppdaget i Oikopleura var at mange introner er byttet ut, og de fleste av de gamle intronene er forsvunnet. Genomet har normalt antall introner men de er ikke de samme – de er nye, forteller Chourrout. Noen steder oppdaget forskerne at enkelte introner var nærmest identiske. Forskerne mener dette kan forklares med at noen sekvenser har blitt kopiert og at en del er flyttet til et annet sted i DNA-strengen. – Denne endringen av intronplasseringen er ekstremt høy hos Oikopleura, og det er det mest oppsiktsvekkende vi har funnet ved denne organismen, sier Chourrout⁴.

⁴ Denoeud m.fl.: Plasticity of Animal Genome Architecture Unmasked by Rapid Evolution of a Pelagic Tunicate, Science, Published Online 18 November 2010, DOI: 10.1126/science.1194167.