

## Vitenskap og menneskets opprinnelse<sup>1</sup>

I det siste har historien om mennesket opprinnelse voldt fornyet kontrovers i media. Nåværende og tidligere kirketopper går ut og hevder at det Bibelske synet om at ett første menneske-par ikke er vitenskapelig. Disse lærde synes overbevist om at neo-darwinismen har 'parkert' det Bibelske synet som passé, og kun som billedlig å regne. Men hvor grundig og eksakt kjenner de grunnlaget og forutsetningene for den vitenskapen de uttaler seg om?

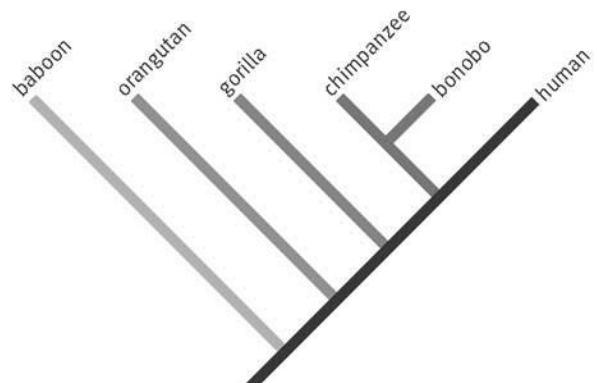
Da forfatteren (Ann Gauger) så slike historier, slo det henne hvor ukritisk alle disse menneskene aksepterte argumentene for at mennesket ble til via felles avstamning og naturalistiske evolusjonsmekanismer. Det er mot dette synet det skal handle i denne artikkelen. Vitenskap er ikke en ufeilbarlig prosess, og disse argumentene trenger å evalueres nøye. Særlig gjelder det når det kommer til et ladet emne som menneskets opprinnelse.

Flesteparten av argumentene for felles avstamning med ape-lignende vesen, er basert på likhets tankegang. Likhet i anatomi og i DNA-sekvens. Likevel vet forfatteren etter egne erfaringer at likhet mellom to komplekse strukturer ikke i tilstrekkelig grad indikerer noen evolusjonær sti mellom dem. Særlig når det kommer til vesentlige genetiske endringer, er mange evolusjons-biologer villig til å sette ut av betraktning omfanget av nødvendige genetiske endringer for å virkeliggjøre endringene de foreslår. Vi skal komme tilbake til at disse hindringene er en signifikant faktor i menneskelig evolusjon, og indikerer at vi ikke kan ha kommet fra en ape-lignende stamfar via ikke-styrte prosesser.

### Støtte for felles avstamning

Først må vi se på status-quo, og hva biologisk vitenskap i dag hevder. Selv om det ikke var noen kjente fossiler som indikerte noe om overgang fra ape-lignende til menneskelige vesener, kan denne idéen føres tilbake til tiden før Darwin. Etter det har paleo-antropologer avdekket fossil-rester som kan synes som slike mellomformer. Sammen med nyere DNA-sekvens sammenlikninger med levende arter, har en noenlunde samlet seg om ett foreslått 'tre for felles avstamning'(se Bilde 1). Enden av grenene representerer levende slekter (grupper av arter med liknende karakteristikk). Og grenskuddene representerer den siste felles stamfar som slekten tenkes å ha kommet fra. Men hvilke bevis er det for dette treet? Det henger på to knagger: anatomiske likheter og ulikheter, og komparative DNA-analyser fra levende arter. Det avhenger også av en kjempemessig, ikke-bevist, forutsetning: At alle likheter skyldes avstamning fra en felles-stamfar. Vi skal se på riktigheten i dette:

Fossile bevis for avstamning er temmelig løst fundert/overfladisk<sup>2</sup>. Gamle fossiler fra hominider er sjeldne, og består typisk av benfragmenter eller stykkevis, atskilte skjelett fra ulike steder og fra ulike geologiske lag. De kan plasseres i to hovedgrupper: ape-lignende fossiler og menneske-lignende



Bilde 1 Kladogram-basert på homologi (ensartet kroppsbygning) <http://dictionary.reference.com/browse/cladogram>

<sup>1</sup> fritt etter Science og Human Origins; kap.1 av Ann Gauger

<sup>2</sup> Se mer i kap.3 av Science og Human Origins; Case Luskin

fossiler. Denne mangelen på sammenheng er velkjent. Likevel har hominid-fossilene blitt betraktet som historiske, fysiske bevis for felles avstamning med aper. Ernst Mayr, en velkjent evolusjonist-biolog, bekrefter dette:

"De tidligste fossilene av Homo, homo rudolfensis og Homo erectus, er atskilt fra Australopithecus av et stort, åpent gap. Hvordan kan vi forklare denne plutselige, evolusjonære endringen? Når vi ikke har noen fossiler, som kan tjene som manglende mellomledd, må vi falle tilbake til den gamle, velprøvde metoden: konstruksjon av en historie-fortelling»<sup>3</sup>. Denne fortellingen finner en illustrert i publikasjoner som National Geographic, ja en fant de illustrert allerede før Darwins tid.

Sammenlikning av DNA-sekvenser, er tilsvarende gåtefullt. DNA-strenger er strenger med flere millioner nukleotider (basepar). Det å ordne DNA-sekvensene i rekkefølge for å sammenligne dem, er en vanskelig affære. Det kan være enkelt-baser, innskudd, utelatelser, duplikasjoner og rearrangement av DNA. Dette vanskeliggjør hva som skal være med og ikke i analysen. Resultatet avhenger av hva som er inkludert eller utelatt. Men uansett er spørsmålet: 'Hva skyldes likhetene?'

For de fleste evolusjonsbiologer er det en underliggende forutsetning at likhetene skyldes felles avstamning. Men i prinsippet kan de skyldes andre forhold. Ford Mustang og Taunus har også likheter, og noen kan foreslå at det var en ukjent felles biltype, som var opphav til dem. Men likhetene skyldes i dette tilfellet felles design, ikke felles avstamning. Kan det gjøre det når det kommer til levende organismer også?

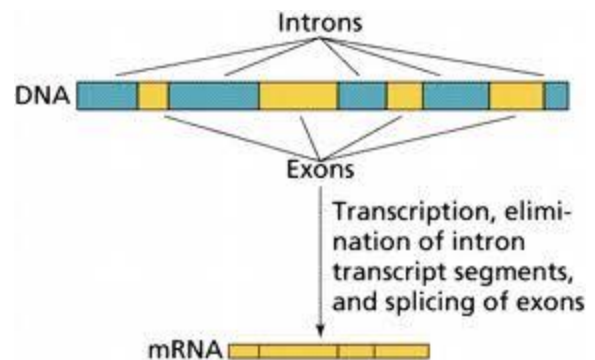
For at en historie omkring felles opphav kan

verifiseres, må minst to ting vises. i) Det må eksistere en stegvis overgang fra den opprinnelige til den nye formen. Det gjelder enten det er ett nytt gen, et nytt protein eller en ny art. ii) Skal dette ha skjedd ved en

ikke-styrt darwinistisk prosess, må det være nok tid og sannsynlighets-ressurser for at endringen skal være mulig. Den neo-darwinistiske mekanismen med mutasjoner, rekombinasjon, genetisk drift og naturlig utvalg må være nok til å danne den foreslåtte forbedringen, innen den disponible tiden. Disse to tingene: en stegvis tilpasningsmåte, nok tid og sannsynlighet for at denne stien skal bli tilbakelagt, er absolutte nødvendigheter for at neo-darwinistisk evolusjon skal ha funnet sted. Likevel har disse to tingene ennå til gode å bli demonstrert, for noen vesentlig evolusjonær forandring. Vi skal se at disse to kravene ikke er godtgjort for menneskets opprinnelse, og sannsynligvis heller aldri vil bli det.

## Et test-eksperiment

Vi kan ikke gå tilbake og observere hvor realistisk det er at mennesker utviklet seg fra en felles stamfar. Så vi tar utgangspunkt i mye enklere forandringer, forandringer som er testbare i et laboratorium. Proteiner som ser like ut, er felles antatt å ha et felles evolusjonært opphav. Om proteinene har ulike funksjoner, så antas at noen form for neo-darwinistisk prosess ledet til deres duplisering og ulikheter. På mikro-format er dette historien om felles opphav. For slike proteiner kan vi teste i laboratorium hvor mange mutasjoner som trengs for å endre gamle proteiner til å få nye



Bilde 2 Hva skal tas med i undersøkelsen? Fra: <http://www.meritnation.com/ask-answer/question/what-introns-exons/molecular-basis-of-inheritance/2943626>

<sup>3</sup> E.Mayr: "What makes Biology Unique?" N.Y. Cambridge University Press, 2004), s.198

funksjoner. En kan slik bestemme hva slags innovasjoner som er mulige ut fra neo-darwinistiske mekanismer. Om de svikter her, så svikter de overalt.

Bilde 3: Kbl og BioF, to liknende tredimensjonale protein-strukturer fra E-coli bakterien.

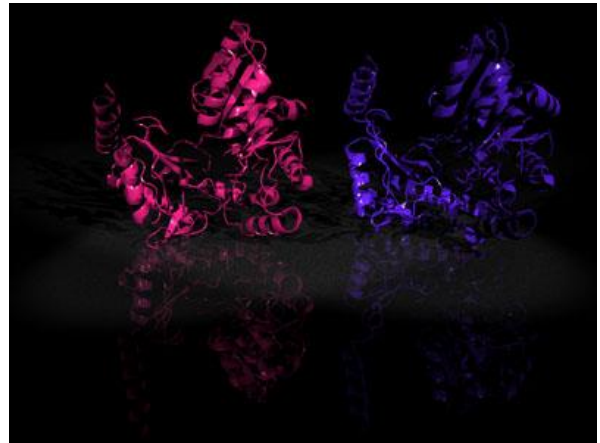
Anne Gauger og hennes kollega Douglas Axe, tok to bakterielle proteiner som så ganske like ut, men hadde distinkt ulike funksjoner. Disse tenkes å være evolusjonære kusiner, som nedstammet fra et felles opphav for millioner av år siden, grunnet deres lignende strukturer. Selv om de ikke nedstammer fra hverandre direkte, så må et funksjonelt skift fra

noe lik Kbl til noe likt BioF være mulig, om neo-darwinismen er sann. Slike funksjonelle skift burde være relativt enkel å oppnå, da de anses å opptre nesten overalt. Likevel da forfatterne testet eksperimentelt hvor mange mutasjoner det ville kreve, fant de at det minst ville kreve minst 7 mutasjoner for at det ene enzymet skulle utvikle seg til det andre. Her skal vi se at det i praksis er klare grenser for hva som er mulig mht. Antall mutasjoner. Bakterier er genetisk effektfulle for evolusjonær forskning, grunnet at de er raskt tilpasningsdyktige, så lenge det er snakk om 1-2 mutasjoner. Tre koordinerte mutasjoner er krevende, også for bakterier. Men i dette tilfellet krevdes minst 7, kanskje mange flere, mutasjoner. Ventetiden for at 7 slike mutasjoner skulle opptre i en bakteriestamme, ble beregnet til  $10^{27}$  år. Så har altså evolusjonsteorien kommet i tidsklemme likevel. Den formodede alderen på universet er i størrelsesorden  $10^{10}$  år. Slike endringer kan statistisk sett ikke forekomme.

Forfatterens resultat er i tråd med annen publisert forskning angående endring av proteiner til nye funksjoner. Forsøk på å endre proteiners virkemåte/funksjon, krever typisk 8 eller flere mutasjoner, godt utenfor rekkevidde av neo-darwinistiske prosesser innen universets levealder.

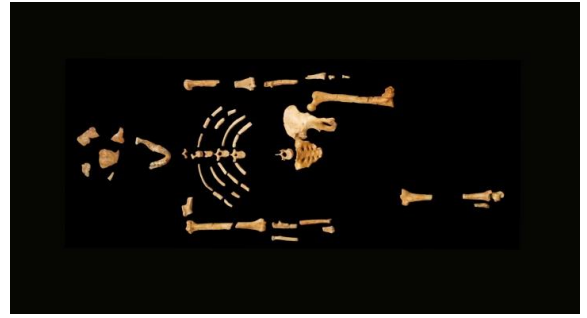
### Hva så med mennesket?

Generelt er altså ikke neo-darwinistiske prosesser tilstrekkelig for å etablere en evolusjons-sti mellom to proteiner med distinkte funksjoner, fordi det krever for mange koordinerte mutasjoner. Nå vil vi prøve å finne ut om denne analysen også gjelder nødvendige overganger fra en ape-liknende stamfar til oss. La oss ta en kort oversikt over hva som skiller oss fra store aper. Det er signifikante anatomiske ulikheter som oppreist gange, lengre bein og kortere armer, endring i muskelstyrke, samt finmotorikk i tunge og lepper og større hodeskaller og hjerner (generelt). Men mer viktig er abstrakt tenkeevne, språkevne med syntaks og grammatikk, kunstnerisk opplevelse, estetisk sans og etisk vurderingsevne. Om en skal se på antall mutasjoner som kreves her, må vi begrense oss til de fysiske ulikhetene, da vi vet lite om hvordan intellektuelle endringer oppstår. For mennesker å kunne gå og løpe effektivt, krever en ny ryggsøyle, ny helning på bekkenet, ben som vinkler innover fra hoftene så vi kan holde beina under oss og ikke vagge fra side til side. Vi trenger tær, føtter og knær som er justert for oppreist gange samt at hodeskallen sitter i en balansert posisjon på toppen av ryggraden. Feste for kjever og kinnmuskler må endres, øye-gropene må flyttes for at vi kan se framover og samtidig hvor vi setter føttene.



Bilde 3 Kbl og BioF-protein m. ulik funksjonalitet Fra: <http://www.biologicinstitute.org/research>

Mange av disse endringen kan sees i Bilde 4 og 5. Her ser vi (4) Lucy" (3,2 mill. år) og (5) tyrkisk gutt (1,6 mill.år). Lucy ligner mest på en sjimpanse, mens bena antyder hun tilbragte tid ved å gå oppreist. Vitenskapsfolk diskuterer i hvilken grad hun var landbasert, da visse elementer i skjelettet ville gjort det å gå lite effektivt. Den tyrkiske gutten er til sammenlikning mye mer lik moderne mennesker. Han hører til Homo erectus som dukket opp for ca. 2 mill. år siden, med alle tilpasninger for oppreist gange, inkl. å løpe over lengre avstander. Eneste ulikhet til oss er hodeskallen, men den hører inn under variasjonsområdet til nålevende arter (pygméer).



Bilde 4 Lucy Fra: <http://www.heritagedaily.com/2012/10/lucy-and-selams-species-climbed-trees-australopithecus-afarensis-shoulder-blades-show-partially-arboreal-lifestyle/61178>

"Om det holder stikk med vårt slektskap til sjimpanse, må endringen til menneske inkludere noe lignende endringen fra 'Lucy' til 'tyrkisk gutt'. Det finnes ingen gode overgangsarter for å tette det gapet. John Hawks, paleoantropolog ved University of Wisconsin/Madison erklærer: "Ingen australopithecus-art er tydeligvis overgangsart til Homo erectus.. Vår tolkning er at endringen er plutselige og inter-relaterte.. en kombinasjon av drift og seleksjon, resulterte i en radikal endring i alle frekvenser, som fundamentalt endret den komplekse tilpasningen. M.a.o. en genetisk revolusjon<sup>4</sup>."

### Så mye på så liten tid

I det videre ønsker vi ikke å argumentere for hvorvidt homo erectus var det første menneskelige vesen, eller er direkte av vår slekt. Det som er poenget her, er at endringen fra A. afarensis til H. erectus på en eller annen måte må ha funnet sted, om hypotesen om felles avstamning skal holde. Men for at en slik radikal transformasjon skal ha funnet sted, ville det ha krevd reorganisering av multiple anatomiske strukturer. Nettopp slikt som krever multiple spesifikke mutasjoner.

To spørsmål må besvares: i) Hvor mange mutasjoner ville det kreve å endre en australopithecus til en Homo erectus? ii) Om det er 1,5 mill. år mellom dem, kan neo-darwinistiske mekanismer produsere det på denne tiden? Til i) Bramble og Lieberman talte 16 trekk ved menneskelig kropp, som først dukket opp i homo erectus<sup>5</sup>. Disse trekkene er nødvendige for å stabilisere hodet, kunne dreie kroppen ved hodet og hofter, absorbere støt og omdanne energi under løping. Mange av disse endringene må opptre sammen, for å kunne ha noen fordel (i naturlig seleksjon). Hver av disse 16 endringene krever sannsynligvis flere multiple mutasjoner. Å oppnå et trekk som krever seks nøytrale mutasjoner, er grensen for hva bakteriebestand kan oppnå. For aper er grensene mye lavere. På grunn av mye mindre bestander (eks. 10.000 for aper vs. 1 milliard for bakterier) og levealder på 15-20 år vs. 1/1000 av 1 år for bakterier, så ville det ta ekstremt lang tid selv for en enkelt mutasjon å opptre og bli stabilisert i en primat populasjon.

Dette er bekreftet via flere forskere. I 2007 estimerte Durrett og Schmidt i Genetics journal, at det ville ta 6 mill. år for en enkelt mutasjon å inntre og bli permanent i en avstammings-linje<sup>6</sup>. De samme



Bilde 5 Tyrkisk gutt Fra: [http://en.wikipedia.org/wiki/Turkana\\_Boy](http://en.wikipedia.org/wiki/Turkana_Boy)

<sup>4</sup> J.Hawks et al., »Population bottlenecks and Pleistocene human evolution,» Mol Biol Evol 17 (2000): 2-22

<sup>5</sup> Bramble and Liebermann, «Endurance Running»

<sup>6</sup> R.Durrett,D.Schmidt, «Waiting for Regulatory Sequences to appear,» Annals of Applied probability 17(2007):s19

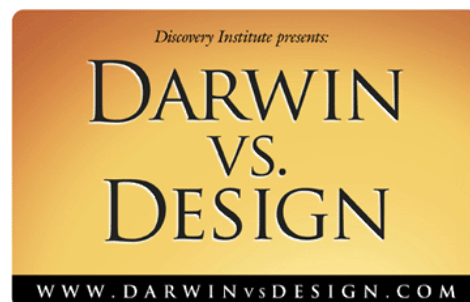
forfatterne estimerte at det ville ta 216 mill. år for at to mutasjoner ville inntreffe på en posisjon på et makromolekyl (binding site), hvis første mutasjonen hadde nøytral effekt<sup>7</sup>.

### Å se fakta i ansiktet

Men 6 millioner år er hele tiden som kan benyttes for endring fra australopithecus til Homo erectus, etter standard evolusjonær tidsskala (inntil nå..) 216 mill. år tar oss -igjen etter standard evolusjonær tidsskala, tilbake til Trias-perioden. Det var da de første pattedyrene skal ha oppstått. 1-2 mutasjoner er ikke tilstrekkelig for å produsere nødvendige endringer for 16 anatomiske trekk innenfor det aktuelle tidsrommet. På det meste kan en posisjon på et makromolekyl ('binding site'), påvirke reguleringen av 1-2 gener. Durrett og Schmidt erkjente problemet, men mente at fordi det er ca. 20.000 gener som utvikler seg uavhengig av hverandre, hvorav mange kunne ha fordel av mutasjoner i sine regulerende områder.

Dette siste er ufornuftig. Selv om en har 20.000 gener tilgjengelig, blir ikke selve oppgaven enklere av den grunn. Og selv om antall 'gunstige' øker med en faktor  $10^4$ , så er tidshorizonten astronomisk mye høyere, sml.  $10^{27}$  år for bakterier.. Mange av endringene vi så i Homo erectus, måtte som sagt opptre samtidig om de skulle ha noen effekt på naturlig seleksjon. Så selv om en tilfeldig mutasjon eller to resulterte i en endring, ville de ikke dermed bli bevart i populasjonen. Og å få alle 16 anatomiske endringer til å inntreffe og bli stabile i populasjonen i løpet av 6 millioner år vil ikke kunne inntreffe. Langt mindre kan det ha skjedd via ikke-styrte prosesser på den 1,5 mill. år som det formodentlig tok. For å ha en forestilling om grunnen, kan en tenke seg en digital subrutine. De består som kjent av 0-er og 1-ere. Om nå en smårolling vilkårlig begynner å endre 0 er til enere og omvendt, hvor sannsynlig er det at en ny subrutine som kan utføre databehandling blir dannet? Naturlig seleksjon kan tjene til å fjerne feil, men er dårlig på innovasjon-nydannelse av informasjon. Det har intet forsyn og kan ikke vurdere hvilke endringer som kan tjene til forbedringer på sikt. Det har heller ikke evne til mening, og kan føre til tap av betydelige mengder genetisk informasjon.

For å få til de omtalte 16 anatomiske endringer ville det kreve hundrevis, kanskje tusener av mutasjoner. Dersom det kan skje ved tilfeldige mutasjoner i det hele.. Som kjent vil det anslagsvis inntreffe én mutasjon i løpet av de 6 millioner år evolusjonister har tildelt for hele overgangen fra australopithecus til Homo erectus. Det tyner troverdigheten når de hevder at alle anatomiske endringer da skal finne sted, spesielt om hver endring krever multiple mutasjoner. Gitt disse tallene, er det ekstremt usannsynlig, om ikke absolutt umulig at vi skal ha blitt til ved en gradvis evolusjon fra hominide forfedre. I tillegg kommer som sagt ulikheten ved abstrakt tankegang, kommunikasjon via språklig kode. Våre unike menneskelige egenskaper innebærer et kvantesprang, ikke bare en forbedring. Det er ikke et sprang som kan ha skjedd uten styring<sup>8</sup>. Neo-darwinistiske mekanismer er utilstrekkelige til å fullføre de nødvendige endringene på den tilmålte tiden. { Mer om ulikheter mellom aper og mennesker<sup>9</sup>, samt oversikt over 100-vis av fenotype ulikheter mellom store aper<sup>10</sup> og mennesker }



Bilde 6 Relle alternativ Fra:

[http://www.evolutionnews.org/2007/03/darwin\\_vs\\_design\\_scientists\\_wi003319.html](http://www.evolutionnews.org/2007/03/darwin_vs_design_scientists_wi003319.html)

<sup>7</sup> R.Durrett and D.Schmidt, «Waiting for mutations : With applications to regulatory sequence evolution and the Limits of Darwinian evolution,» Genetics 180 (2008):1501-1509

<sup>8</sup> E.Varki et al., «Explaining human uniqueness: genome interactions with environmen, behavior and culture,» Nature Reviews Genetics 9 (2008):749-763 <sup>9</sup> <http://www.info-krever-intelligens.info/news/ikoner-for-fall/>

<sup>10</sup> «Comparing the human and shimpazee genomes», Genome Research 15 (2005):s.1746-1758