

Svar till Mats Molén: Felaktiga och inaktuella citeringar

Dessvärre innehåller Mats Moléns inlägg inga förtydliganden eller nya motiveringar till de många märkliga slutsatserna i hans bok *Vårt ursprung?*. Inte på en enda punkt får vi som läsare något klargörande om hur han kunnat göra tolkningar som påstås motsäga evolutionen eller varför boken presenterat selekterade data och bortsett från stora mängder väsentlig information. Vi får inte veta varför Molén envisas med att upprepa gamla motsagda resultat som att hormonet relaxin skulle existera i bakterier eller hur det minimala hormonet GnRH skulle kunna ge besked om släktskapen mellan ryggradsdjur.

Ett grundläggande problem med Moléns bok är att han inte formulerar någon testbar hypotes angående vilka observationer som skulle vara förenliga eller oförenliga med en skapelse. Skälet till detta är förmodligen att han anser att alla observationer, oavsett hur de ser ut, tyder på en skapelse. Moléns argumentation går därför huvudsakligen ut på att försöka hitta brister hos evolutionen, geologin och astronomin, som om sådana brister automatiskt skulle leda till slutsatsen att livets mångfald åstadkommits av en skapare. För att kunna hitta brister måste emellertid Molén handplocka enstaka observationer som passar hans syften och bortse från helheten. Med samma bedrägliga och selektiva citeringsteknik skulle det gå att visa att Hitler vann Andra världskriget och att Usama bin Ladin är en demokratiförespåkande filantrop. Dessutom gör Molén besynnerliga och extrema tolkningar som ingen med en smula erfarenhet av evolutionära analyser och resonemang eller förmåga till logiskt tänkande skulle göra.

Molén säger sig vara orolig för att mina anklagelser att han sprider information som inte är korrekt eller sann skulle "förgifta ett diskussionsklimat". Däremot tycks han inte det minsta bekymrad över att bokens många felaktiga uppgifter ger oinitierade läsare en fullständigt skev bild av de observationer som ligger till grund för evolutionen. Baksidetexten hävdar att "detta verk fått vitsord om sig att på ett genomarbetat och ambitiöst sätt skilja ut vad som är tro och vad som är vetande i frågorna om evolution och skapelse", vilket ter sig nästan komiskt när man ser alla misstolkningar av evolutionen. Därtill berättas att Molén ofta håller föredrag på skolor och universitet. Dessvärre stämmer det nog att Moléns idéer fått viss spridning. Exempelvis har ett flertal gymnasister under de senaste åren hört av sig till mig och bett om kommentarer. Det är således angeläget att den vetenskapliga kritiken mot *Vårt ursprung?* blir allmänt känd.

Som jag poängterade i min förra recension fanns mycket mer att kritisera än det som utrymmet tillät. Molén anser att de referenser som jag då ifrågasatte ofta var de minst viktiga. Jag kommer därför att här ge ytterligare exempel på fundamentala missförstånd i samband med att jag bemöter Moléns invändningar mot min kritik.

MAKROEVOLUTION KONTRA MIKROEVOLUTION

Molén anser tydligen på fullt allvar att mikroevolution kan ske så oerhört snabbt att varg, schakal och mårhund (s. 39) kunnat uppstå som skilda arter på mindre än 10 000 år, detta trots att de senaste analyserna tyder på att artbildningen tagit tusen gånger längre tid, ca 10 miljoner år (Vilà et al., 1999). Till stöd för sin häpnadsväckande slutsats citerar Molén en lång rad artiklar under referens 9 inkluderande kreationistisk litteratur som ej genomgått vetenskapligt granskningsförfarande, gamla studier från 1950- till 70-talet, och studier av fåglar och sköldpaddor. En enda modern studie av hunddjur nämns, nämligen en kommentar i *Science* (Morrell, 1997) till en undersökning av hundars släktskap med vargar (Vilà et al., 1997). Både kommentaren och originalartikeln säger tydligt att resultaten tyder på att hundar började avskiljas från vargar för ca 100 000 år sedan. (Dock är osäkerheten stor för denna typ av sekvenser.) Molén refererar således till studier som motsäger hans egna slutsatser, men utan att

redovisa på vilket sätt hans avvikande slutsats skulle vara bättre än den som forskarna själva dragit. Har han inte läst sina egna referenser? Nämnar han dem endast för att skapa en illusion av beläsenhet? En senare studie av samma forskare (Vilà et al., 1999) bekräftar hund-varg-studien och visar att de andra hunddjuren förgrenades mycket tidigare.

Skillnaden mellan mikroevolution och makroevolution kan i många fall beskrivas som skillnaden mellan en klockas minutvisare och timvisare: många små förändringar leder så småningom till stora skillnader. Ibland kan även blygsamma mutationer få snabba och dramatiska konsekvenser, exempelvis i de nyligen beskrivna hypoteserna kring hur insekter kan ha uppstått ur de leddjur som liknade tusenfotingar genom att flera kroppssegment förlorade förmågan att utveckla ben (Levine, 2002; Ronshaugen et al., 2002; Galant & Carroll, 2002) eller hur käkförsedda ryggradsdjur kan ha uppstått ur djur som liknade nejonögon genom att en liten mutation förändrade ett proteins utbredning i embryot och möjliggjorde utveckling av käkar (Cohn, 2002).

Moléns citat av forskare som uppger ha skrivit att evolutionen ”är så formbar att den kan användas för att förklara vilken observation som helst” (s. 14) är av mycket gamla datum, 1967 respektive 1980, dvs. före den molekylärgenetiska revolutionen. En av de citerade forskarna är Paul R. Ehrlich som 1990 belönades med Crafoord-priset tillsammans med evolutionsbiologen Edward O. Wilson. När jag nyligen kontaktade Ehrlich underströk han att artikeln inte ifrågasatte evolutionen utan endast diskuterade att många ekologer underskattar betydelsen av naturligt urval genom att ägna för mycket uppmärksamhet åt fylogeni med ett alltför stort inslag av spekulation. Det ska dessutom noteras att de fylogenetiska metoderna har förbättrats enormt sedan 1980 tack vare PCR och andra molekylärgenetiska framsteg.

SEKVENSJÄMFÖRELSE

Molén fortsätter att försvara sin märkliga bearbetning av proteinsekvensdata för cytokrom c såsom de publicerades i *Forskning och Framsteg* 1980. Jag påtalade i min recension återigen de komplikationer för detta protein som jag uppmärksammade Molén på redan 1996, framför allt upprepade utbyten av samma positioner, men Molén svarar bara att det inte är något fel på det han gjort. Felet är, såvitt jag kan bedöma utifrån Moléns ytterst knapphändiga beskrivning, att han inte vill ta hänsyn till att enstaka positioner verkar ha bytts flera gånger i en viss utvecklingslinje, till exempel ryggradsdjur, och att antalet verkliga byten av detta skäl bör räknas upp proportionellt enligt enkla statistiska samband. Om man ska testa evolutionen som hypotes måste man göra det enligt alla dess premisser och inte bara räkna bruttoantalet skillnader.

Molén skriver att hans jämförelser av proteinsekvenser resulterar i ”grupp-klassificering, inte sekvens-klassificering”, och att detta skulle stödja en skapelse. Med detta avser Molén att sekvenserna från olika organismer kan sorteras in i tydliga grupper (exempelvis fåglar respektive däggdjur) och att de inte uppvisar kontinuerliga gradvisa skillnader. Detta resonemang bottenar i oförståelse av evolutionära processer. Evolutionen innebär naturligtvis att fåglar är närmare besläktade med varandra än med däggdjur, evolutionen postulerar inte alls gradvisa skillnader mellan dessa grupper för de arter som existerar idag. Inom grupperna kan man ibland observera kontinuerliga gradvisa skillnader, t.ex. om man jämför människa, schimpans, gibbon och babian. Det beror helt på vilka arter som ingår i jämförelsen. Olika arter av gibbon är naturligtvis närmare släkt med varandra än med de övriga arterna och bildar således en gibbon-grupp. De sekvenslikheter som Molén beskriver i sina figurer 2:39 och 2:40 är helt i enlighet med evolutionen.

Molén påstår att ”grupper inom grupper” stämmer med en skapelse men inte med evolutionen. Redan i *Origin of Species* visas hur evolutionens ständiga förgreningar leder till grupper inom grupper, precis som ett vanligt träd växer i naturen. I själva verket är ”grupper inom grupper” precis vad som förväntas och observeras i evolutionära studier.

En ofta använd metod för analys av sekvenser är att först identifiera dem som är parvis mest lika varandra. För cytokrom c innebär detta exempelvis att människa är mest lik rhesusapa, endast en skillnad på 104 positioner, och att kyckling och anka skiljer sig från varandra i två positioner. De två primaterna skiljer sig från de två fåglarna på 10-13 positioner. Människan har 11 skillnader gentemot anka och Molén har noterat att människan överraskande har fler skillnader mot häst, nämligen 12. Men hästen är likväl mer lik andra däggdjur (förutom just primater) än vad den är lik kycklingen. Att det blir 12 skillnader i jämförelsen människa-häst men bara 11 i jämförelsen människa-anka beror på att människan har ett stort antal unika positioner jämfört med alla andra djur (utom rhesusapa) samtidigt som hästen också har tre unika utbyten. Människa och häst har alltså förändrats åt varsitt håll jämfört med det ursprungliga däggdjuret. Ankan, å andra sidan, ser knappast ut att ha förändrats alls i cytokrom c sedan dess förfader skilde sig från däggdjurslinjen. Ankan har i genomsnitt ovanligt få skillnader gentemot de flesta andra djur. Icke desto mindre är den allra mest lik kycklingen.

En viktig observation i dessa jämförelser är att vissa arter skiljer på endast en position (människa-rhesus), andra i två positioner (kyckling-anka) osv. Således kan vi här notera mycket små gradvisa skillnader som uppenbarligen är funktionella. Närmare en mellanform går knappast att komma för detta protein än att se dessa arter som skiljer i en enda position. Moléns eget exempel motbevisar således effektivt hans egen slutsats att "mellanformer [av proteiner] inte kan fungera och därför heller aldrig kan ha funnits" (s. 93).

Eftersom cytokrom c har ett begränsat antal positioner som kan variera, och många av dessa kommer att ha förändrats när tillräckligt lång tid förflutit, så är detta protein inte lämpligt för att studera mycket stora evolutionära avstånd. De positioner som tillåts ändras kommer sannolikt att ha förändrats flera gånger. Studier av stora evolutionära avstånd kräver därför proteiner som förändras mycket långsamt. Omvänt gäller att mycket korta avstånd, exempelvis människa-schimpanse, kräver proteiner som förändras oerhört snabbt för att vi överhuvud taget ska ha möjlighet att observera några skillnader. Detta kan jämföras med att olika radionuklider (isotoper) används för studier av olika tidsintervall beorende på vilken sönderfallshastighet de har. Kol-14 har en halveringstid på drygt 5000 år och sönderfaller således förhållandevis snabbt. Det kan användas för att datera objekt som är upp till ca 50 000 år men inte mer eftersom alltför lite då kvarstår av radionukliden vilket Molén beskriver på s. 108. Icke desto mindre citerar Molén ett antal bestämningar av mer än 570 miljoner år gamla material med just kol-14-metoden och visar att ingen åldersuppskattningen överstiger 60 000 år (s. 100 och tabell 3:4, s. 118). Detta är givetvis fullständigt självklart och helt förväntat. Att bestämma sådana geologiska åldrar med kol-14 är ungefär som att försöka mäta djupet i Mari-anergraven med ett lod som är en meter långt.

Med tanke på att cytokrom c har en låg andel utbytbara positioner (ca 45% mellan växter och djur), men har bytt hälften av dessa redan mellan däggdjur och fiskar, stämmer det evolutionära träd man kan rekonstruera från sekvensjämförelser ändå förbluffande väl med det som erhålls med andra evolutionära metoder. Jag har varit i kontakt med författaren till artikeln i *Forskning och Framsteg*, professor Hans Jörnvall på Karolinska Institutet, som svarade: "Mitt intryck av Mats Molén är att han ej verkar bry sig om vettiga svar och vill misstolka allt."

Molén anser att data från molekylära klockor "i princip falsifierat evolutionsteorin" (ref 243). Varför har inga evolutionsbiologer dragit denna slutsats? Har de som dagligen forskar på detta missat något grundläggande som Molén har lyckats upptäcka? I så fall skulle hans slutsats vara publicerad på förstasidan i *Nature* eller *Science*. Han ger inget förtydligande av sin revolutionerande slutsats utan hänvisar kort till sin bok där vi endast finner hans missförstånd att "det enligt evolutionsteorin måste vara konstant mutationshastighet". Sådana anmärkningsvärda påståenden kräver givetvis extra välgrundade bevis. Att enstaka proteiner ibland uppvisar avvikande evolutionshastigheter kan ha ett flertal förklaringar, t.ex. gendupli-

kationer (Ayala, 2000), och kan inte kullkasta alla andra observationer som enhetligt styrker evolutionen.

SKRÄP-DNA

Molén hävdar att "en hel del" så kallat skräp-DNA har funktioner. Vi känner sedan länge till att även korta DNA-segment som inte kodar för gener har betydelse för genernas aktivitet och för DNA:ts kopiering och paketering. Men faktum kvarstår att en stor andel av arvsmassan saknar specifika funktioner och skiljer mellan individer utan att orsaka några funktionella skillnader. Som exempel kan nämnas att vissa individer har en gen för seende i den gröna delen av färgspektrat, andra individer har två, tre, fyra eller fler "gröna" gener utan att synegenskaperna är annorlunda. De flesta individer har flera extra gener för tillväxthormon, men dessa tycks inte vara aktiva och de saknas hos vissa personer utan att ge upphov till några skillnader. Än mer anmärkningsvärt är exemplet jag gav i min recension, nämligen att alla människor har en defekt gen för tillverkning av C-vitamin. Listan kan göras mycket lång över DNA-segment som har tydligt släktskap med fungerande gener men som inte kan ge upphov till någon produkt, men som likväl har stora likheter mellan arter, exempelvis mellan schimpans och människa. Om Molén vill hävda att alla dessa uppenbara pseudogener och "en hel del" av skräp-DNA har funktioner, har han påtagit sig en enorm bevisbörda.

Liksom andra kreationister diskuterar Molén i stället en falsk analogi, nämligen organ vars funktioner var okända för hundra år sedan (se mitt svar på Anders Gärdeborns inlägg). Känner Molén till de exempel som finns på att pseudogener saknas hos vissa individer utan att detta verkar leda till några funktionella konsekvenser?

YTTERLIGARE FELAKTIGHETER

Vid flera tillfällen hävdar Molén att gjorda observationer stämmer med en skapelse. Exempelvis påstår han att ett däggdjurshjärta fungerar sämre än ett reptilhjärta för dykning och temperaturreglering (s. 89). Låt mig påminna om att det är däggdjur som har reglerad kroppstemperatur medan reptiler är beroende av omgivningens temperatur. Dessutom kan däggdjur som valar och sälar dyka betydligt djupare och i kallare vatten än reptiler som sköldpaddor och ormar.

Molén har citerat fynd som bl.a. tydde på att hajar (broskfiskar) utvecklats inom gruppen av benfiskar och att lungfisk och kvastfening är närmare släkt med benfiskar än med de fyrfota ryggradsdjuren (s. 93). Dessa uppseendeväckande och kontroversiella slutsatser (ref 251) var baserade på mycket snabbt muterande DNA (mitokondrie-DNA) vilket är svårt att använda för studier av avlägsna evolutionära förgreningar på grund av den osäkerhet som orsakas av att samma positioner kan ha förändrats många gånger under dessa långa tidsperioder (se ovan). Nya studier av kärn-DNA (Venkatesh et al. 1999 och 2001) bekräftar i stället den etablerade uppfattningen om dessa släktskap. Oavsett vilken ordningsföljd som till slut förhoppningsvis kan fastställas för dessa förgreningar måste man ha klart för sig att de ägde rum under en förhållandevis kort tidsperiod, kanske blott 50 miljoner år eller ännu mindre, för omkring 400 miljoner år sedan varför osäkerheten är stor när man studerar nu levande avkomlingars arvs massa. Denna komplikation har jag tidigare påtalat för Molén som dock undviker att förmedla tolkningssvårigheterna till läsaren.

I en tabell med exempel som Molén påstår motsäger evolutionen (Tabell 2, s. 94) hävdas att RNA (egentligen rRNA, ref 268) ger resultat som skiljer från det etablerade evolutionära trädet för reptiler, fåglar och däggdjur. Den tidigare osäkerheten beror på att flera förgreningar ägde rum inom en förhållandevis kort tidsperiod. Nya studier bekräftar att sköldpaddor är närmare besläktade med krokodiler och fåglar än med ormar och ödlor (Hedges & Poling 1999; Cao et al. 2000; Janke et al. 2001).

SLUTSATSER

Moléns många ålderstigna och inaktuella referenser samt den totala avsaknaden av information från alla nyligen fullbordade arvsmassor gör att hans bok saknar aktualitet och förankring i den moderna verkligheten. Att hävda att den vid utgivningen 2000 var "helt uppdaterad med nya fakta och forskningsrön" visar inte bara att Molén far med osanning (exempelvis publice-rades lansettfiskens hemoglobin redan 1998) utan understryker dessutom att han varit näst intill totalt avskärmad från den information som vällt fram under en följd av år. Endast några små smulor av information, filtrerade genom ett tätt kreationistiskt filter av förutfattade meningar, har sipprat fram till honom. Moléns isolering förstärks av att han utifrån detta selekterade material ogenerat hävdar att han försöker ha en helhetssyn.

Man kan inte som Molén påstå att boken är "helt uppdaterad" och att den framför vetenskaplig kritik mot evolutionen, men så snart kritik framförs och argument efterlyses urskulda sig med att boken inte är någon lärobok och att alla kan göra sig skyldiga till missförstånd. Extraordinära påståenden kräver extraordinära bevis.

Rön som påstås motsäga väldokumenterade slutsatser skall inte tas emot med ödmjukhet, de skall givetvis granskas nyfiket och med extra kritiska ögon, annars skulle vår värld vimla av galna idéer. Evolutionen togs emot med stor skepsis 1859, men tack vare omfattande observationer och enorm förklaringskraft har den visat sig vara den överlägset bästa förklaringen till de stora likheterna mellan dagens alla levande organismer liksom så totalt skilda observationer som fossila kedjor och icke-fungerande gener. Om nu Molén mitt i pågående informationsrevolution vill vrida klockan tillbaka till före 1859 krävs extra väldokumenterad och mycket omfattande bevisning. Emellertid har han som väntat inte kunnat styrka något av sina många anmärkningsvärda påståenden.

Dan Larhammar

REFERENSER

- Ayala, F. J. Neutralism and selectionism: the molecular clock. *Gene* 261, 27–33, 2000.
- Cao, Y., Sorenson, M. D., Kumazawa, Y., Mindell, D. P. & Hasegawa, M. Phylogenetic position of turtles among amniotes: evidence from mitochondrial and nuclear genes. *Gene* 259, 139–148, 2000.
- Cohn, M. J. Lamprey Hox genes and the origin of jaws. *Nature* 416, 386–387, 2002.
- Galant, R. & Carroll, S. B. Evolution of a transcriptional repression domain in an insect Hox protein. *Nature* 415, 910–913, 2002.
- Hedges, S. B & Poling, L. L. A molecular phylogeny of reptiles. *Science* 283, 998–1001, 1999.
- Janke, A., Erpenbeck, D., Nilsson, M. & Arnason, U. The mitochondrial genomes of the iguana (*Iguana iguana*) and the caiman (*Caiman crocodylus*): implications for amniote phylogeny. *Proc. R. Soc. Lond. B* 268, 623–631, 2001.
- Levine, M. How insects lose their limbs. *Nature* 415, 848–849, 2002.
- Morrell, V. The origin of dogs: running with the wolves. *Science* 276, 1647–1648, 1997.
- Ronshaugen, M., McGinnis, N. & McGinnis, W. Hox protein mutation and macroevolution of the insect body plan. *Nature* 415, 914–917, 2002.
- Venkatesh, B., Ning, Y. & Brenner, S. Late changes in spliceosomal introns define clades in vertebrate evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 10267–10271, 1999.
- Venkatesh, B., Erdmann, M. V. & Brenner, S. Molecular synapomorphies resolve evolutionary relationships of extant jawed vertebrates. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98, 11382–11387, 2001.
- Vilà, C., Savolainen, P., Maldonado, J. E., Amorim, I. R., Rice, J. E., Honeycutt, R. L., Crandall, K. A., Lundeberg, J., & Wayne, R. K. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science* 276, 1687–1689, 1997.
- Vilà, C., Madonado, J. E., & Wayne, R. K. Phylogenetic relationships, evolution, and genetic diversity of the domestic dog. *J. Hered.* 90, 71–77, 1999.