

## ...om raser

Ordet *ras* har använts länge som beteckning på en undergrupp inom en art. Tyvärr har ordet fått dålig klang eftersom det utnyttjats i politiska syften som grund för motsättningar, förföljelser och diskriminering. Det har föreslagits att helt rensa ut ordet *ras* ur lagtexter och dylikt. Inför ett sådant förslag vill man gärna veta vilka de vetenskapliga kriterierna för en rasindelning är och vilken relevans begreppet *ras* har för biologiska arter i allmänhet. Vad gäller människan kanske vår arts uppkomst och senare öden kan ha något att säga om rasbegreppets giltighet för vår del.

Innan vi ger oss in i rasbegreppet för att finna några hållbara vetenskapliga ståndpunkter, kan det vara värdefullt att börja med en genomgång av begreppet *biologisk art*. Inte heller denna till synes lättfattliga kategori har nämligen kunnat ges en helt entydig definition.

Arter är reella företeelser. Det framgår av att alla folk har en benägenhet att särskilja och namnge högre växter och djur som känns igen på sitt utseende, kombinerat med iakttagelser om naturlig förekomst hos djur även läten och speciella beteenden. Arterna kan identifieras därför att de utgör avgränsade enheter utan mellanformer.

### Redan de gamla grekerna...

För antikens tänkare fanns ingen åtskillnad mellan naturvetenskap och filosofi. Platon låter sin idélära forma bilden av naturen. Vad han sökte var artens *essens*, dvs. de typiska särdrag som antogs gå tillbaka till ett ursprungligt ideal.

Naturkunskapen utvidgades betydligt genom hans lärjunge Aristoteles, men i fråga om artbegreppet tillförde han inget nytt. Han och hans efterföljare ansåg arterna vara oföränderliga, och den variation man ändå observerade ignorerades såsom varande betydelselösa ofullkomligheter.

Sedan antiken har definitionerna växlat och avspeglar ganska väl det biologiska tänkandets historia. Då intresset för naturen åter vaknade under renässansen blev definitionerna striktare och arternas oföränderlighet betonades allt starkare. För att kunna foga ihop kriteriet om en

arts *essens* med dess ofta varierande utseende, t. ex. larv – puppa – fjäril, införde John Ray på 1600-talet begreppet *gemensamt ursprung* som ett artkriterium. Men med detta avsåg han ingalunda någon evolution utan helt enkelt att alla individer av samma art var avkomlingar till det ursprungliga av Gud skapade originalet – eller paret, då det var fråga om djur med sexuell förökning. Sådana idéer var gångbara ända fram till slutet av 1800-talet.

Fler och fler började dock uppmärksamma bristerna i detta synsätt. Det var svårt, för att inte säga omöjligt, att definiera en arts *essens*. Man kunde utgå från ett typexemplar i något museum eller herbarium, men då gick en stor del av informationen förlorad, t. ex. mång-

*forts.* ▶

## sammanfattning

1. Indelningen i arter är vanligen problemfri inom större delen av växt- och djurvärlden. Den bygger på såväl yttre och inre observerbara egenskaper (fenotypen) som på fortplantningsbarriärer och genetiska kriterier (skillnader i kromosomer, gener och DNA-avsnitt).
2. Det föreligger i regel både fenotypisk och genotypisk variation inom en art.
3. Arternas fenotypvariation kan vara kontinuerlig eller mer abrupt. Geografiskt åtskilda grupper brukar betecknas som raser. Detta begrepp kan i många fall baseras på väl definierade skillnader och tillämpas i ett brett naturvetenskapligt perspektiv. Raserna är ett steg i artbildningens dynamik i det att de längre fram i tiden kan utvecklas till skilda arter.
4. Alla människor tillhör samma art, *Homo sapiens*, och har ett sentida gemensamt ursprung i Afrika. Utvandringen till övriga kontinenter har skett under de senaste 100 000 åren. Trots utseendemässiga olikheter är människan en art där den genetiska inomartsvariationen är liten vid jämförelse med andra primater, t. ex. schimpans och gorilla.
5. Även om det föreligger klara fenotypiska och genetiska skillnader mellan geografiskt åtskilda grupper inom vår egen art kan människor inte på den grundvalen indelas i ett bestämt antal väl definierade raser. Av den sammantagna genetiska variationen återfinns den allra största delen inom en enskild befolkningsgrupp. De skillnader som kan påvisas när olika befolkningsgrupper jämförs utgör en mycket liten del.
6. De drag som särskiljer mänskliga befolkningar torde bero på variationer i ett fåtal gener och kan antas ha uppkommit som anpassningar till klimat och andra livsbetingelser som varierat i olika delar av världen.



FOTO: PHOTODISC ©

*Den viktigaste förändringen var att inte längre betrakta en art som essensen av en abstrakt idé utan som en population av genetiskt unika individer som varierar sinsemellan men ändå är avgränsade mot andra sådana grupper i sin omgivning.*

formigheten inom en art (polymorfism) och förekomsten av geografiskt åtskilda varianter. Man fann också allt fler intermediära former och svårdefinierade arter, t. ex. inom björnbärssläktet och bland fibblorna. Linné blev på äldre dagar mer skeptisk mot de oföränderliga arterna och var på det hela taget mer intresserad av släkten än av arter.

Ett första steg mot ett mer biologiskt artbegrepp togs av den franske greven de Buffon i mitten av 1700-talet då han hävdade att inte utseendet utan förmågan att kunna föröka sig med varandra definierade individer av samma art.

### Darwin och hans efterföljare

Hos somliga var uppgivenheten så stor att de helt ville förkasta begreppet art. Den unge Darwin blev betänksam då han konfronterades med den geografiska variationen på Galapagosöarna. Skulle öarnas olika former av sköldpaddor och härmfåglar kallas arter? Senare var hans uppfattning ambivalent, och han fann ingen grundläggande skillnad mellan art och *varietet*. Han ansåg att det inte fanns någon definition av en art som kunde tillfredsställa alla, men hävdade ändå att varje naturforskare intuitivt visste vad som menades då man talade om arter.

Detta håller ganska bra än i dag. Men tack vare Darwin har sättet att uppfatta en art radikalt förändrats. Den viktigaste förändringen, som också krävde den största omställningen i tänkandet, var att inte längre betrakta en art som essensen av en abstrakt idé utan som en population av genetiskt unika individer som varierar sinsemellan men ändå är avgränsade mot andra sådana grupper i sin omgivning.

Det biologiska artbegreppet fick sin klaraste utformning under 1930- och 40-talen, framförallt genom Ernst Mayr. Nu betonas återigen arternas grundläggande särställning inom den evolutionära biologin. Arter

är den mest betydelsefulla indelningen, klart viktigare än underarter, raser och varieteter, och mindre godtyckliga än släkten och familjer. Till grund för detta ligger den absoluta fortplantningsbarriär som skiljer en art från varje annan.

I sin inflytelserika bok från år 1937 gjorde Dobzhansky en ingående inventering av alla de olika isolationsmekanismerna, från hinder för kromosomparning som leder till letalitet eller sterilitet hos korsningsavkommor, till oförenliga beteenden och skilda ekologiska nischer som förhindrar parning mellan individer av olika art. Alla dessa mekanismer bidrar till att upprätthålla en barriär som inte kan överbryggas. När det gäller geografiskt åtskilda populationer blir dock förekomsten av biologiska hinder för fortplantning ganska spekulativa, eftersom de inte har tillfälle att mötas. Dessutom lämnas många organismgrupper utanför, framför allt mikroorganismer, och i synnerhet bland växter finns komplikationer i form av *polyploid*i, könlös förökning och självsterilitet.

### Olikheternas betydelse

Det biologiska artbegreppets starka betoning av fortplantningsbarriärer har kritiserats. För att nå fram till en allmängiltig lösning på detta gamla problem lägger man nu även vikt vid olikheter. De behöver inte gälla utseendet, men en art skall på något vis kunna särskiljas och får inte vara sammanlänkade med närstående grupper genom övergångsformer. De många komplikationer man möter i naturen kan förhoppningsvis lösas med hjälp av nya insikter inom molekylär och biokemisk genetik. Till exempel kan till det yttre helt lika arter, s.k. "sibling species", åtskiljas genom att de har vissa alternativa genvarianter som aldrig förekommer tillsammans. Vidare är studier av kontaktzoner och genotypmönster man finner där viktiga för artkriteriet. Inom en art är genflödet ohämmat, vilket avspeglas i ett gemensamt genotypmönster. I möte med angränsande arter kan ett mindre genetiskt utbyte visserligen förekomma, men hålls i schack genom att mellanformer missgynnas. Anpassning till olika ekologiska miljöer är en viktig faktor både vid artbildning och för att bibehålla artskillnader.

*varietet* – beteckning av individer inom en art som avviker i fråga om enstaka egenskaper

*polyploid*i – flera uppsättningar av antalet kromosomer

## Variationens natur

Att vara olika är alltså något som utmärker arter. Men som alla vet varierar även individer inom samma art. Människor kan t. ex. vara långa eller korta, mörka eller ljusa, med krökta näsor eller platta, med blåa, gröna, bruna eller svarta ögon. Befolkningar kan särskiljas genom olika yttre egenskaper, men eftersom dessa formas av många samverkande gener under individens utveckling och kan modifieras av omvärldsfaktorer, är *genotypen* bakom ett visst utseende svår att definiera. Ännu mindre – ja, i nuläget ingenting – vet vi om de genetiska gruppkillnader som eventuellt finns i fråga om personlighet, temperament och begåvningar av skilda slag.

Av det skälet är det bättre att vid karaktärisering av grupper utnyttja mångformiga egenskaper, där det finns klart avgränsade varianter med enkel nedärvning, ofta av biokemisk och molekylär typ. När det gäller att finna sådan genetisk variation har människan varit föregångsarten. Redan i mitten av 1900-talet hade ett antal blodgruppssystem med serologiska varianter upptäckts och analyserats genetiskt, först AB0, sedan MN, P och Rh. På 1960-talet kompletterades de med molekylära enzymvarianter, som kan särskiljas genom elektrofores. Med hjälp av sådan variation kan grupper inom en art karaktäriseras genom varianternas olika förekomst, genfrekvenserna. Utbredningen av olika blodgrupper varierar exempelvis globalt, med hög frekvens av B-typen i Asien men total avsaknad av denna typ hos Amerikas ursprungsbefolkning. Även inom mindre områden kan genfrekvenserna särskilja grupper, t. ex. har samer i Sverige en högre frekvens av A2 –varianten än övriga svenskar.

### Moderna DNA-studier

Under de senaste årtiondena har dessa s. k. klassiska markörer fått minskad betydelse då det blivit möjligt att studera variationer i själva arvsassemolekylen, DNA. I slutet av 1960-talet upptäcktes restriktionsenzymerna, som angriper specifika ställen på DNA-tråden och kan klippa sönder den i analyserbara avsnitt. Det är numera möjligt att upptäcka enstaka utbyten och bortfall av dess minsta beståndsdelar, basparen eller *nukleotiderna*. Upprepade sekvenser av två, tre eller fyra baspar, s. k. mikrosatelliter, har visat sig särskilt användbara för studier av inomartsvariationen, eftersom de förekommer spridda över hela kromosomuppsättningen, har många varianter och inte tycks inverka på livsdugligheten. Enzym- och DNA-varianter finns inte bara hos människor. De förekommer hos alla organismer och har blivit ett värdefullt hjälpmedel inom populationsbiologin.

Sett ur evolutionens långa perspektiv uppkommer all ny variation genom *mutationer*. De flesta nya mutationer är försämringar av ett fungerande system, och om de orsakar stora skador är de vanligen inte vidare utan renas bort av arvsmassan. Även mutationer som inte skadar livsdugligheten antas uppkomma med en viss (liten) sannolikhet. De flesta försvinner snabbt, men en och annan kan öka sin förekomst och efter många generationer ersätta tidigare existerande former. Chansen att detta sker är större om den nya varianten medför någon fördel, men är den helt neutral beror dess fortsatta existens bara på hur många individer som fortplantar gruppen. Stora populationer kan ha fler genetiska varianter än små, och en flaskhals med få individer under något skede kan eliminera mycket av variationen i en population.

## Anpassning och slump

Det totala geninnehållet i en population är inte oföränderligt. Från generation till generation kan varianter av gener förloras och mutationer ge nya tillskott, liksom kontakter med grupper som har en annan genetisk sammansättning. Genfrekvenserna modifieras i det långa loppet, främst genom individuellt varierande framgång i fråga om överlevnad och fortplantning.

### Därför är vi ljusa eller mörka

Anpassning är den huvudsakliga mekanismen för geografisk differentiering. Klimatfaktorer är t. ex. den troligaste orsaken till hudens olika pigmentering. Starkt pigmenterad hud skyddar mot intensiv solstrålning, men å andra sidan är solen UV-strålning livsnödvändig för kroppens produktion av D-vitamin från de förstadiet av vitaminet som vi får genom födan. I mindre soliga trakter har det funnits ett stort behov av att absorbera solstrålningen och ljus hudfärg har varit fördelaktig. Nordliga folk har därför mindre pigment i huden. Ett undantag är eskimåerna som får i sig tillräckligt med D-vitamin genom sin fisk- och trandiet. Pigmentmängden i hår och hud tycks regleras genom variation i mycket få, kanske bara en enda gen. Skillnader i hudfärg kan verkligen sägas vara ytliga och påverkar troligen inte andra kroppsfuntioner.

Även kroppens storlek och form kan vara en anpassning till klimatet. En slank kropp med långa armar och ben ger stor kroppsytta som lätt avger värme medan en rundare kroppsform skyddar mot kyla. I mycket varmt och fuktigt klimat är det fördelaktigt för värmebalansen att ha liten kroppsvolym, som t. ex. pygméerna i Centralafrika.

## könsspecifika mönster

Alla kromosomer utom könskromosomerna förekommer i par och varje gen som är lokaliserad där blir därför dubbelt representerad i arvsmassan. Båda föräldrarna bidrar vid nedärvningen, och en gen som i en generation finns hos en kvinna kan nästa gång befinna sig hos en man. X-kromosomen intar en mellanställning med ett exemplar hos män och två hos kvinnor. Gener på Y-kromosomen slutligen förekommer i minst antal eftersom de bara finns i en upplaga och i halva befolkningen, nämligen hos männen.

Förutom i kromosomerna finns DNA även i mitokondrierna, små organeller som förekommer i hundratals i varje cell och sköter dess energiomsättning. Mitokondrierna överförs endast via äggcellen och deras gener ärvs följaktligen endast från mor till barn. I de allra flesta fall finns mitokondriegenerna endast i en version hos varje individ, låt vara i mångdubblad upplaga.

De icke könsbundna kromosomerna kan genom att de är dubblade härberga mer genetisk variation och bevara den längre. Sådana skillnader kan vara av betydelse och kanske förklara de divergerande slutsatser som dragits från olika undersökningar av genvarianters ålder. Eftersom mitokondrier ärvs maternellt, från mor till barn, och Y-kromosomen från far till son, blir det också möjligt att observera könsspecifika mönster i befolkningshistorien.

*genotyp* – genuppsättningen i kromosomerna

*nukleotid* – byggsten i nukleinsyror, t. ex. DNA

*mutation* – förändring i DNA-molekylen



FOTO: PRESSENS BILD/ANNA LITTORIN

Att tåla mjölk – en nymodighet i människans historia.

Redan Darwin påpekade att olika skönhetsideal också kan vara en urvalsfaktor som bidragit till att utseendet varierar hos olika folkslag. Mer tveksamt är det om lokal anpassning orsakat blodgruppernas geografiskt varierande förekomst eller de skillnader i kroppens förmåga att bryta ner alkohol som konstaterats hos olika befolkningar.

### Genetisk drift

Det finns nämligen ett annat fenomen som kan orsaka genetiska skillnader mellan grupper. Genfrekvenser kan förändras helt slumpartat genom *genetisk drift*. Slumpen får större spelrum ju mindre de separerade grupperna är och ju mindre genutbyte de har med varandra. Skillnaden mellan två grupper kan vara en effekt av att de levit åtskilda under många generationer men kan också uppkomma genom att en utvandring startas med ett fåtal individer, grundarna, som råkar ha en genuppsättning som inte är representativ för den större grupp de kommer ifrån. Sådana exempel har man funnit hos några religiösa sekter som utvandrat från Europa till Amerika under 1700-talet och som än i dag uppvisar genetiska skillnader både från sin ursprungspopulation och från sina nuvarande grannbefolkningar.

### Att tidsbestämma differentieringen

I och med att molekylära varianter blivit möjliga att analysera har intresset i viss mån förskjutits mot vad man förmodar vara neutrala varianter, som undandras det naturliga urvalets påverkan. Anledningen till detta är att artdifferentieringens tidsaspekt anses allt viktigare. Vi vill inte bara veta att en differentiering skett, utan också när. Med hjälp av det *naturliga urvalet* kan en förändring ske med olika hastighet, och snabbare ju större skillnader det finns i överlevnadsförmåga. Egenskaper som förändrats genom en lokal anpassning kan sällan tidsbestämmas. Ett undantag är laktasgenen, där man faktiskt kan säga ganska precis när en genvariant började gynnas av det naturliga urvalet. Mjölksocker finns bara i däggjurens mjölk, och deras ungar producerar i tarmen ett enzym, laktas, som bryter ner sockermolekylen och gör den tillgänglig som näring. Men ganska snart upphör laktasbildningen, vilket gör att vuxna djur inte kan tillgodogöra sig mjölksocker. Detsamma gäller människorna i de flesta delar av världen.

En genförändring tycks dock ha uppkommit och spritt sig i vissa befolkningar sedan de börjat tämja boskap och konsumera deras mjölk. Den muterade genen ger laktostolerans genom att laktas fortsätter att produceras hela livet. Framför allt i Skandinavien och vissa delar av Afrika och Arabien, bland

tuareger och beduiner, finns många laktostoleranta – i Sverige och Danmark mer än 90%. Denna speciella genvariant torde ha blivit gynnsam och spritt sig först sedan tamdjurshållning blev en del av livsföringen i dessa befolkningar för mindre än 10 000 år sedan. Den måste ha givit sina bärare en avsevärt förbättrad näringssituation eftersom 300 generationer tycks ha varit tillräcklig tid för att uppnå dess nuvarande utbredning.

## Artens historia kan avläsas i generna

Alla genetiska analyser bygger på den stora, men inte absoluta, stabiliteten hos DNA-molekylen. Men till skillnad från beräkningar av genfrekvenser utgår de molekylära metoderna från mutationer som orsakar skillnader mellan enskilda individer. Släktskapsband mellan två personer innebär att de båda ärvt kopior av samma gen från en tidigare generation. Avståndet till denna föräntningslänk kan röra sig om allt från en enda (för syskon) till hundratals generationer för folk med ursprung från olika kontinenter.

Alla individer som lever i ett visst tidskede får inte barn som kan föra deras gener vidare, och därför blir genförmedlarna till dagens människor allt färre ju längre tillbaka i tiden man söker sig. Till slut kommer man till en punkt där en gen som finns hos alla nu levande människor kan sammanlänkas med en enda ursprungsgen hos en enda individ. Men eftersom DNA-molekylen inte är helt stabil är de nu existerande genkopiorerna inte längre identiska hos alla sina bärare. Under tidens gång har mutationer inträffat, enstaka byggestenar i molekylerna har förändrats, försvunnit eller förmerats. Med kännedom om populationens ungefärliga storlek och sannolikheten för mutationer kan man skatta tidsavståndet till den urform som fanns hos den senaste gemensamma anfadern eller anmodern.

Den tekniska utvecklingen har gjort det möjligt att i detalj jämföra proteiner och DNA-sekvenser hos olika befolkningar och även med motsvarande varianter hos våra nära släktingar inom primaterna. Genom tillkomsten av storskaliga anläggningar för DNA-sekvensering kan man jämföra sammansättningen över relativt långa sträckor, nukleotid för nukleotid, hos hundratals människor med olika geografiskt ursprung. Tack vare att naturen tillämpar flera nedärvningsalternativ kan analysen fördjupas genom jämförelse av variationsmönstret från olika delar av arvsmassan.

*genetisk drift* – slumpmässig effekt på genfrekvenser i en begränsad population

*naturligt urval* – den process där omvärldsfaktorer påverkar individer med olika genuppsättning så att somliga ger ett större bidrag än andra till nästa generation

## Finns det raser?

Kan vi nu, med dessa nya insikter och tekniker, få en klarare uppfattning om rasbegreppet? Inledningsvis ställdes frågan om hur det används i vetenskapliga sammanhang.

Som en grundregel bör man utgå från ett brett artbegrepp som kan inkludera både geografisk och annan variation, tills det otvetydigt visar sig att observationerna stämmer bättre med en uppdelning på två eller flera arter. Men om det inom en art finns *fenotypiska* olikheter mellan geografiskt eller ekologiskt åtskilda grupper, och de inte leder till att arten splittras i flera, måste också sådan variation kunna beskrivas. Det gör man bäst genom en uppdelning i raser, som tidigare kallats underarter och ibland försetts med egna vetenskapliga namn. Det finns inga allmänt vedertagna normer för hur dessa båda begrepp skall användas.

I den klassiska taxonomiska forskningen har man av naturliga skäl koncentrerat sig på lätt observerbara yttre drag, men allt eftersom biologerna fått tillgång till allt vassare verktyg har man kunnat konstatera att geografisk differentiering är allmänt förekommande även vad avser egenskaper som tidigare generationers biologer inte hade möjlighet att studera. Det är numera väl dokumenterat att t. ex. immunsystemet är väl så variabelt som yttre egenskaper, vilket inte är förvånande eftersom det är uppenbart att en art inom olika delar av sitt utbredningsområde ofta exponeras för lokala parasiter och sjukdomsalstrare.

Trots att man i många fall inte vet i vilken mån de fenotypiska olikheterna mellan grupper motsvaras av genotypiska skillnader är raser relevanta biologiska begrepp, framförallt i ett evolutionsperspektiv där de utgör mellansteg i artbildningens dynamik. Längre fram i tiden kan de övergå i skilda arter eller åter sammansmälta.

### Arten *Homo sapiens*

Det råder inga tvivel om att alla människor tillhör samma art, *Homo sapiens*, som uppvisar tydliga geografiska olikheter över sitt stora spridningsområde. För de flesta andra primater är situationen en annan. Schimpansen och gorillan kan delas upp i raser som tycks ha varit separerade från varandra mycket länge, men ändå är mycket lika varandra till det yttre. Och om vi går tillbaka några hundra tusen år i vår egen förhistoria kan det vara svårt att avgöra om de morfologiskt olika grupper som tycks ha levt samtidigt; neandertalare, sena *Homo erectus*, ålderdomliga och moderna *Homo sapiens*, skall räknas som en eller flera arter.

FOTO: PRESENS BILD/JAN COLLISJÖ



Något klart samband mellan en arts mångformighet och dess geografiska utbredning finns inte. Människan är en mångformig art, som sedan mycket länge varit spridd över alla jordens landområden utom Antarktis. Men det finns arter med lika stor spridning, som ändå till utseendet är nästan enhetliga. Ett exempel är fiskgjusen. Annars rör det sig då vanligen om mänsklighetens följeslagare, dvs. arter som för sin spridning varit beroende av människans förflyttningar, t. ex. råttor, möss, bananflugor, ogräs och diverse parasiter på odlade växter. Gemensamt för dem är att de spritts relativt nyligen. De flesta arter med stort utbredningsområde uppvisar geografiska olikheter, ofta med ett klinalt variationsmönster, dvs. en kontinuerlig övergång mellan olika lokala varianter i fråga om utseende, beteenden, fysiologi och näringsbehov. Det finns många exempel på sådan mångformighet bland fåglar och däggdjur.

### Människans planmässiga urval

Här måste framhållas att den rasuppdelning som finns hos hundar, hästar och andra tamdjur beror på mänsklig styrning vid aveln av husdjuren, som ju är helt beroende av människan för sin fortlevnad. Genom att tillämpa planmässigt urval och inavel inom olika avelslinjer kan enhetlighet och tydliga gränser uppnås relativt snabbt, både vad gäller utseende och beteenden.

### Anpassning kontra slump

Det är viktigt att påpeka att de förhållanden som gäller för t. ex. husdjuren aldrig rått för någon art under naturliga betingelser – inte heller vår egen. Det gäller såväl tidsperspektivet som differentieringens orsaker och resultat. Några "rena raser" har aldrig funnits i naturen. Ur den synvinkeln måste också effekten av "rasblandning" ses. Det har ofta hävdats att individer med föräldrar av olika

Att hundraser är så olika beror inte på naturligt urval, utan människans styrning av aveln.

Några "rena raser" har aldrig funnits i naturen.

*fenotyp* – resultatet av genotypens reaktion med miljön



Kartan visar den moderna *Homo Sapiens* utbredning. Så många år sedan var det de första bosättarna nådde de olika kontinenterna.

folkslag, mulatter, mestiser och andra, skulle vara undermåliga, såväl fysiskt som mentalt. Studier, bl. a. på Hawaii, har visat att denna uppfattning inte har något fog för sig.

Den variation som uppkommer genom naturligt urval och anpassning till lokala förhållanden är fundamentalt annorlunda än slumpvariationen som man studerar med hjälp av DNA-sekvensering. Anpassningen sker genom ett samspel mellan många gener som är svåra att identifiera, medan de molekylära varianterna är kända till sitt precisa kromosomala läge och sin molekylära uppbyggnad men saknar som regel effekt på livsfunktionerna. Detta kan ligga bakom de olika uppfattningarna om rasdifferentieringen som tycks finnas hos ekologiskt inriktade evolutionsbiologer och DNA-sekvenserande molekylärbioologer. Båda aspekterna på den genetiska variationen är dock viktiga om man vill förstå utvecklingen av arten människa och hur den har uppnått sin nuvarande utbredning och differentiering.



ILLUSTRATION: JAN-ÅKE WINQVIST

Den senaste forskningen tyder på att Neandertalarna var en "ras".

## Vårt ursprung

Den molekylära genetiken är på god väg att revolutionera vår uppfattning om människans ursprung, även om de genetiska studierna på DNA-nivå ännu inte helt kunnat klargöra förloppet och bilden just nu är ganska förvirrande. Den för närvarande mest gångbara hypotesen är att den moderna människan uppkom i Afrika, söder om Sahara, för mindre än en halv miljon år sedan och att en mindre grupp därifrån lämnade Afrika för att befolka den övriga världen för ungefär 100 tusen år sedan. Enligt åldersbestämda fossila fynd fanns det moderna människor i Mindre Asien för ungefär 90 tusen år sedan, i sydöstra Asien och Australien för 60 till 40 tusen år sedan, i Västeuropa för 35 och i Amerika för 15-20 tusen år sedan (se kartan ovan).

Enligt en annan, den multiregionala hypotesen, har den moderna människotypen utvecklats på flera geografiskt åtskilda platser i Afrika och Asien, ur föregångare som varit bosatta där betydligt längre, kanske en miljon år. En svårighet med denna hypotes är att det förefaller otroligt att dessa olika grupper har kunnat uppehålla kontakter och utbytt gener med varandra över så stora avstånd och under så lång tid, vilket är nödvändigt för att kunna bibehållas som en enda art, något som bevisligen har varit fallet.

## Ledtrådar bland fossil och kromosomer

Fossila fynd av förmänniskor bekräftar det afrikanska ursprunget, men kan i övrigt tolkas på olika sätt. I de flesta fall har man antagit att människans utveckling skett inom en relativt liten och avgränsad befolkningsgrupp. Det skulle stämma med att geografisk uppdelning i små grupper är den vanligaste orsaken till art- och rasbildning. En liten populationsstorlek ökar sannolikheten för slumpeffekter och olika ekologiska nischer ger spelrum för det naturliga urvalet. Men utseendet hos vissa fossil har också tolkats som att det skett hybridiseringar mellan yngre och mer ålderdomliga typer, t. ex. mellan moderna *Homo sapiens* och neandertalare. Den DNA-analys som gjorts talar dock för att vi och de är skilda arter.

Bland kromosomala gener har man på senaste tid funnit fall där flera varianter måste ha bibehållits mycket länge. I Afrika har tiden sedan en viss genvariation uppstod ibland skattats till mer än en miljon år, och för en variant med asiatisk utbredning till mer än 200 tusen år. Att så gammal variation bevarats antyder att några allvarigare flaskhalsar inte förekommit, varken vid den moderna människans uppkomst eller vid expansionen från Afrika. Att Afrika varit ursprungsområdet bekräftas i de flesta studier genom en större och äldre variation där än i övriga världen. Några varianters utbredning pekar dock mot att det kan ha skett en viss återinvandring till Afrika från Asien.

Mitokondrie-DNA visar en variationstyp som överensstämmer med en liten ursprungsgrupp som senare expanderat dramatiskt, och det är också på sådana data som ut-ur-Afrika-modellen först byggdes. Även i studier av mitokondrie-DNA inriktar man sig på neutrala varianter för att undvika effekter av naturligt urval. Men inom mitokondriens DNA sker ingen rekombination utan hela dess arvsmassa nedärvs som en enhet. Utrensning av mindre gynnsamma muterade gener kan därför tänkas återverka på variationen även i de analyserade neutrala avsnitten. Ett urval som är baserat på skillnader i aktivitet skulle kunna förklara varför mitokondrie-DNA ger en mer enhetlig bild av variationernas ålder än den övriga arvsmassan.

Mitochondrie-DNA återspeglar kvinnornas befolkningshistoria, som i vissa avseenden kan tänkas vara en annan än männens. Ännu finns få jämförelser mellan hur mitokondrie- och Y-kromosomvarianter spritts, men det förekommer färre varianter av Y-kromosomerna och de har visat sig ha större spridning än mitokondrievarianterna. Det stämmer med bilden av männen som långväga upptäckare eller erövrare av nya områden, under det att kvinnornas förflyttningar skett mer kontinuerligt och i kortare steg.

### Liten variation hos människan

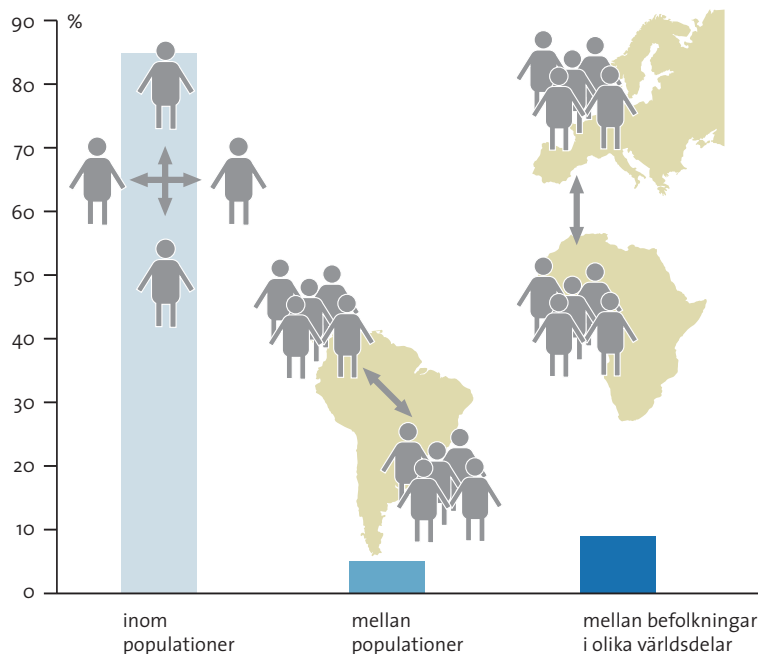
Människans genetiska variation tycks vara liten om man beaktar artens nuvarande utbredning och individantal. Gorillor, orangutanger och schimpanser, våra närmaste släktingar, har begränsade utbredningsområden där de geografiskt separerade raserna är till det yttre lika, men trots detta har de flerfaldigt större variation för neutrala mitokondrie- och nukleära DNA-markörer. Studier av variationen hos andra arter bekräftar detta. Däremot finner man just ingen skillnad då man jämför förekomsten av enzymvarianter hos människor, andra däggdjur och t. ex. insekter. Det kan bero på att dessa aktiva molekyler inte är helt neutrala utan har en viss betydelse för överlevnad och fortplantning. Därför hålls den variationen i schack genom det naturliga urvalet.

Det är svårt att ge någon bra förklaring till att människorna med sin tydliga mångformighet ändå har så liten variation i fråga om neutrala DNA-markörer. En liten inomartsvariation kan bero på att arten är ny, att den under en längre tid bestått av ganska få individer, eller att den tämligen nyligen genomgått en flaskhals med mycket reducerat individantal. De flesta observationer av variationen för neutrala markörer pekar mot att antalet föräldraindivider hållit sig kring 10 000 under den moderna människans första tid. Däremot antar många att hennes afrikanska föregångare varit betydligt talrikare, men lokalt uppsplittrade, under de miljoner år som föregick uppkomsten av *Homo sapiens*. Ännu råder stor osäkerhet om förekomsten och omfattningen av eventuella flaskhalsar och om vad som förorsakat inomartsvariationens låga nivå.

## Variationens fördelning

Det finns ingen samstämmighet i försöken att klassificera mänskligheten i olika raser, och inga givna normer för vilka kriterier som skall användas eller hur gränserna skall sättas. Mänskliga befolkningar är variabla och

andelen av den totala genetiska variationen



föränderliga, de har blandat sig och delats upp under olika tider, förflyttat sig till nya områden och kanske återvänt till tidigare boplatser. De geografiska mönster som vi kan iakttä i dag kan inte tolkas som grenar på ett stamträd som tidigt skilts åt och sedan under lång tid inte haft några kontakter med varandra. Den bilden kan gälla för vissa isolerade befolkningar, men på andra håll, t. ex. inom Europa och i Kina, har sporadiska folkvandringar och erövringar gjort att släktskapen mer kan liknas vid ett nätverk eller en spalje än ett förgrenat träd.

Bristen på skarpa gränser mellan mänskliga populationer är förvirrande, men vår genetiska variation ger ändå en möjlighet att utforska vår historia bortom skrivna och arkeologiska vittnesbörd. Ur den synvinkeln är det av intresse att ta reda på hur den genetiska variationen inom vår art är uppdelad. Vi vet att de yttre dragen kan skilja sig mycket markant, men hur mycket annan variation finns det inom en folkgrupp eller ett lands befolkning, hur mycket skiljer sig befolkningar på samma kontinent och hur mycket de som länge bebott olika kontinenter?

Den förste att besvara dessa frågor var Lewontin som år 1972 använde sig av klassiska markörer från 190 populationer som han delade upp i sju rasgrupper enligt allmänt vedertagen antropologisk klassificering. Han fann att 85% av variationen fanns inom populationerna och endast 6,3% mellan rasgrupperna. Resterande andel åtskilde de olika populationerna inom samma rasgrupp.

Liknande resultat har framkommit i nyare studier där man använt sig av kromosomala DNA-varianter (se diagrammet ovan).

*Då man studerar den totala genetiska variationen finner man att en övervägande andel hänför sig till variationer mellan individer inom en och samma population.*



## KUNGL. VETENSKAPSAKADEMIEN

THE ROYAL SWEDISH ACADEMY OF SCIENCES

Box 50005, 104 05 Stockholm. Tel 08-673 95 00,

Fax 08-15 56 70, E-post: info@kva.se, webbadress: www.kva.se

### lästips

*Evolution*, Marianne Rasmuson, Carlssons 1997.

*Vi och dom*, Kungl. Vetenskapsakademien/Fredrik Sjöberg, Atlantis 1997.

*The Great Human Diasporas*, L.L. & F. Cavalli-Sforza, Addison Wesley 1995.

### vi anser vidare...

*Akademien anser* finns också att läsa på vår webbplats:

[www.kva.se](http://www.kva.se)

Där finns möjlighet att ställa frågor till expertpanelen.

### prenumerera

Prenumererar kostnadsfritt gör du enklast på vår webbplats eller genom att kontakta redaktören. Ange om du önskar tryckt version eller via e-post.

### redaktion

#### AKADEMIEN ANSER, nr 1/2000 om raser

Kungl. Vetenskapsakademien,  
Box 50005,  
besöksadress: Lilla Frescativägen 4A  
104 05 Stockholm.  
Tel. 08-673 95 00, Fax 08-15 56 70

**Syftet** med *AKADEMIEN ANSER* är:

- att föra ut Vetenskapsakademiens syn i aktuella frågor.
- att betona argument baserade på vetenskaplig forskning som ett oundgängligt inslag i samhällsdebatten.
- att tydliggöra Vetenskapsakademiens roll i Sverige, från kunskapsutveckling till kunskapsanvändning.

**Ansvarig utgivare:** Erling Norrby  
**Redaktör:** Eva Krutmeijer,  
tel. 08-673 95 95,  
e-post: evak@kva.se

**Grafisk form:** Typoform

**Tryck:** Tryckindustri, Solna 2000

**ISSN:** 1404-8418

Vi uppmuntrar till ytterligare användning av vår text, men ange gärna källan!

Över 80% av variationen finns inom folkgrupperna och högst 10% mellan befolkningar som bebor olika kontinenter. Ett undantag utgör Y-variationen där endast 36% återfinns inom befolkningar och 53% mellan folkslag från olika kontinenter. Bilden av mänsklighetens genetiska grupperingar kan alltså skifta beroende på vilken del av arvsmassan man väljer att studera.

### Ska rasbegreppet vara kvar?

Sammantaget antyder dessa resultat att en viss geografisk isolering förekommit sedan människorna spritt sig över jorden, men att den antingen inte varat tillräckligt länge eller inte varit fullständig. Att även den skillnader som konstaterats kan leda till motsatta slutsatser är emellertid uppenbart.

Lewontins egen ideologiska slutsats var att eftersom rasindelningen bara leder till elände och försvårar mänskliga relationer finns det inte längre någon som helst anledning att bibehålla rasbegreppet. Andra har emellertid en något annorlunda inställning. Man har visserligen inte funnit några absoluta genskillnader mellan befolkningar, endast skillnader i förekomst av varianter som finns hos de flesta folkslag, men det är trots allt tillräckligt för att med hög

sannolikhet hänföra en individ till rätt grupp. Ju flera gener man tar hänsyn till desto säkrare karakteriseras grupperna, och för en mer än nittioprocentig chans till rätt placering av en individ krävs inte mer än ett tiotal gensystem med ganska måttliga genfrekvensskillnader.

Det är tydligt att man försöker besvara två olika frågor. Den första rör hur mycket olika folkgrupper har gemensamt, och svaret är att de genetiskt sett är mycket lika varandra. Den andra gäller om det går att skilja folkgrupper från varandra med hjälp av genetiska varianter olik förekomst, och svaret blir att det är möjligt. Båda är relevanta frågor och vad vi måste utgå från vid alla diskussioner om rasbegreppet. En uppdelning kan göras utifrån yttre egenskaper, hud, hår, kroppsform och ansiktsdrag, och den ger en tämligen god överensstämmelse med den globala förekomsten av olika genvarianter. Det finns inga sakliga belägg för någon samverkan mellan individens yttre egenskaper och deras intellektuella och mentala kvaliteter. Vad vi däremot vet är att de olikheter som finns är spår ur vårt förflutna och vittnar om de skilda miljöer som människan exponerats för.

### expertgrupp

De ledamöter av Vetenskapsakademien som har ingått i expertgruppen för detta nummer är:

**Bertil Daneholt**, professor i molekylär genetik, Karolinska institutet, Stockholm

**Torbjörn Fagerström**, professor i teoretisk ekologi, Lunds universitet

**Gunnar von Heijne**, professor i teoretisk kemi, Stockholms universitet

**Inge Jonsson**, professor i litteraturvetenskap, Stockholms universitet

**Christer Kiselman**, professor i matematik, Uppsala universitet

**Jan Lindsten**, professor i genetik, Karolinska sjukhuset, Stockholm

**Ulf Pettersson**, professor i medicinsk genetik, Uppsala universitet

**Marianne Rasmuson**, professor i genetik, Umeå universitet

**Staffan Ulfstrand**, professor i zoökologi, Uppsala universitet