

Efter Linné
Linnélektioner - idéhäfte 6

SKOLPROJEKT LINNÉ är ett av fem projekt initierade av nationella Linnédelegationen inför firandet av 300-årsminnet av Carl von Linnés födelse. Serien Linnélektioner utgör en del av Skolprojekt Linné.

PROJEKTLEDARE: *Britt-Marie Lidesten*, Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik

SKOLPROJEKT LINNÉ STÖDS EKONOMISKT AV:

Myndigheten för skolutveckling, nationella Linnédelegationen, Erik Johan Ljungbergs Utbildningsfond, Wenner-Gren stiftelserna

BESTÄLLNING AV SERIEN LINNÉLEKTIONER:

Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik (www.bioresurs.uu.se/skolprojektlinne)

I REDAKTIONEN FÖR IDÉHÄFTET EFTER LINNÉ: *Britt-Marie Lidesten*, redaktör, *Christina Polgren*, föreståndare, Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik

OMSLAGSBILD: Bakgrund "Människans cousins" ur Carl von Linné, "Anthropomorpha," i *Amoenitates academicae* (Stockholm: Laurentius Salvius, 1763). Förgrund en nutida biologisk fantasi – Lego Bionicle™. Foto och montage av Jonas Pertoft

© 2008. SKOLPROJEKT LINNÉ/NATIONELLT RESURSCENTRUM FÖR BIOLOGI OCH BIOTEKNIK, UPPSALA UNIVERSITET

TEXT OCH ILLUSTRATIONER: Se sid. 40

GRAFISK FORM: Södra tornet kommunikation, Uppsala

TRYCK: Taberg Media Group

ISBN 978-91-976647-7-6



Efter Linné

Linnélektioner – idéhäfte 6

Upptäckernas tid är just nu!	2
Minimalt liv	4
Evolutionen är grunden	6
Evolution i molekylärbiologiskt perspektiv	8
Släkträd och bioinformatik	13
Livets början	17
Domän Archaea	20
Domän Bacteria	22
Domän Eukarya	26
Referenser	40



DNA-fragment från okända organismer berättar om liv som återstår att upptäcka.

Upptäckternas tid är just nu!

Vad händer inom biologin idag? Biologiämnets expansion är närmast explosionsartad och nya forskningsrön inom exempelvis molekylärbiologi och miljö blir dagliga nyheter i massmedia.

På 1700-talet, Carl von Linnés tid, låg fokus på att beskriva, namnge och systematisera organismvärlden. Botaniken stod i centrum för Linnés vetenskapliga arbete och ett bakomliggande syfte var att hitta ekonomiskt värdefulla växtarter att använda till exempelvis mediciner och färgning av garn. Linnés arbete med att systematisera organismvärlden leder vidare mot Charles Darwin och evolutionsteorin. Betydelsefullt var också att allt bättre mikroskop konstruerades från 1600-talet och framåt, vilket gav förutsättningar för upptäckter som rör celler och cellkomponenter. Därmed var grunden lagd för den expansion av cell- och molekylärbiologi som pågått under de senaste 50 åren.

Molekylärbiologiska metoder förenar idag många olika områden inom biologin och öppnar nya möjligheter till förståelse av komplexa biologiska sammanhang. Grunden för förståelsen av den biologiska världen är

kunskapen om arterna. De molekylärbiologiska metoderna har medfört att systematiken, beskrivningen av organismernas släktskap, återfått en stark ställning inom biologin. Parallellt med att cellernas minsta beståndsdelar beskrivits har det blivit allt viktigare att förstå hur de storskaliga systemen fungerar. Hur påverkas exempelvis ekosystemen av de förväntade klimatförändringarna?

Häftet "Efter Linné" fokuserar på evolution samtidigt som ett ekologiskt perspektiv genomsyrar innehållet. Frågorna "Varifrån kommer vi?" och "Vart är vi på väg?" har både biologiska, filosofiska och religiösa dimensioner, men även om de biologiska svaren är ofullständiga så läggs den ena pusselbiten till den andra och ett spännande nytt landskap växer fram.

Den första delen av häftet visar exempel från den molekylärbiologiska bakgrunden till evolutionen, medan den andra delen handlar om organismerna och miljön. Genom att iaktta miljön omkring oss förstår vi mer av hur organismerna är anpassade till varierande miljöförhållanden. Egenskaperna hos dagens organismer ger också ledtrådar till hur evolutionen gått till. Exempelen i

häftet visar på utvecklingen från de enklaste bakteriecellerna till de gröna växterna.

Elever ställer frågor om de senaste upptäckterna och uppgiften för skolan blir att ge möjlighet att fördjupa förståelsen av förutsättningar, sammanhang och konsekvenser. Häftet vill väcka fascination inför den nya biologin. Säkert väcks många frågor som inte kan besvaras inom ramen för detta häfte, men syftet är att inspirera till att söka fördjupade kunskaper inom evolution och molekylärbiologi.

Den osynliga världen

Linné fascinerades av allt i naturen, från stort till smått. Han var en mycket skarpögd iakttagare som reflekterade över det han såg, och hans levande och detaljrika beskrivningar gör att vi tycker oss förflyttade till 1700-talet.

I avhandlingen *Mundus invisibilis* (Den osynliga världen) från 1767 skriver Linné följande angående mikroskopstudier:

”Många med oss vilka ännu stå blott vid tröskeln, längta fulla av häpnad och förvåning att få undersöka de många skatterna i denna kammare; ingen har dock så vitt jag vet vågat träda därin, men åt naturforskare skall dock den upptäckten, närmare provad, skänka mycken upplysning och klarhet.” Från Linné hämtas också citatet: *Maxima in minimus* (att se det stora i det lilla).

Idag använder forskare olika mikroskopiska tekniker, som exempelvis elektron- och fluorescensmikroskopi, för att avslöja cellernas minsta beståndsdelar.

Levande eller dött?

Att avgöra om ett djur är levande eller dött tycker vi oftast är ganska självklart, vi ser om det slutar röra sig, om andningen upphör och hjärtat stannar. Men hur är det då med björndjuret som kan ligga i dvala i årtal för att

Dagens biologiutbildningar vid universitet och högskolor har ett helt annat innehåll jämfört med på Linnés tid, men fortfarande är exkursioner och upplevelser i naturen viktiga inslag. Molekylärbiologi är en viktig grund för biologins olika delområden och molekylärbiologiska metoder används för att undersöka komplexa samband inom så väl storskaliga ekologiska system som det mikroskopiska universum som en cell utgör.

”Den mest spännande tiden för biologin är nu”, säger Margareta Krabbe, lärare vid Institutionen för biologisk grundutbildning vid Uppsala universitet, och fortsätter: ”Den vetenskapliga kunskapen inom biologi har vuxit exponentiellt de senaste fem åren.”

sedan väckas till liv bara genom att tillföra lite vatten? *Artemia*, ett litet kräftdjur, som till exempel finns i saltsjöar i USA, ser ut som pepparkorn när de ligger torkade i en burk avsedda att användas som foder till fiskyngel. Läggs dessa embryon i 3% saltvatten väcks de till liv, börjar utvecklas och växa till. Salladshuvudet, som du plockar i trädgårdslandet och lägger i kylskåpet, hur länge är det levande? En torkad gul ärta är den levande eller död? Hur kan man visa om den lever? Se försök s 15.

Vad är liv och hur ska vi förklara skillnaden mellan levande och dött? Inne i en levande cell öppnas ett universum av mikroskopiska strukturer och molekyler. Var och en av dessa komponenter är inte liv men tillsammans och i samverkan finns livet, med möjlighet till ämnes- och energiomsättning och förökning.

De minsta levande organismerna är bakterier. Ännu mindre är virus, som är parasiter i gränslandet mellan liv och död. Virus har ett proteinhölje och en nukleotidsträng (DNA eller RNA), men måste utnyttja en värdscells ämnes- och energiomsättning för att kunna fortplanta sig. Transposoner är nakna DNA-strängar som fortplantar sig och hoppar mellan platser i organismernas *genom*. Är transposoner liv? Gränsen mellan vad som är levande organismer och dött material blir allt mer diffus när man närmar sig det allra minsta.



Minimalt liv

Vilka komponenter innehöll den första levande cellen? Vi kan anta att konstruktionen var så enkel som möjligt men att grundläggande biologiska processer som rör energi- och ämnesomsättning, samt fortplantning kunde äga rum. För att kunna beskriva hur evolutionen gått till behöver vi studera dagens organismer och försöka förstå uppbyggnaden och evolutionära förändringar hos *genomen*.

Hur kan vi ta reda på vilka gener som är nödvändiga för en levande cell? Det finns flera möjliga vägar. Tänkbart är att studera naturligt förekommande celler från skilda arter vars *genom* har reducerats på naturlig väg. Möjligt är också att på konstgjord väg minska antalet gener för att ta reda på den minsta möjliga uppsättningen av gener som behövs för en levande cell. Detta är också intressant för bioteknikindustrin där det är viktigt med en effektiv produktion av celler eller cellkomponenter. En tredje möjlighet är att på konstgjord väg konstruera en cell med ett så litet *genom* som möjligt. Alla dessa vägar prövas av forskare och ger svar som blir pusselbitar i förståelsen av livets utveckling och funktion.

Bakteriernas *genom* krymp

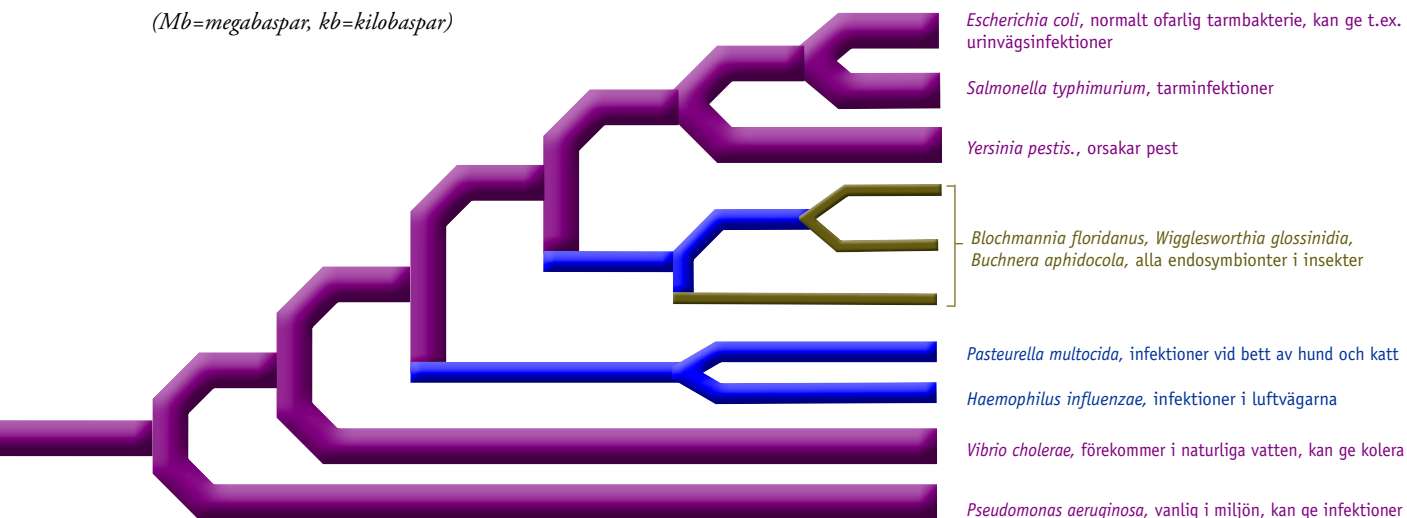
Bakteriers *genom* är långtifrån stabila, de genomgår ständiga förändringar beroende på att exempelvis sekvenser dubbleras (duplikation) eller förloras (deletion), eller beroende på att gener överförs från andra organismer.

Det innebär att både geninnehållet och *genomets* storlek förändras med tiden.

Man kan anta att dagens bakterier utvecklats från de första bakterierna genom att det skett successiva dubbleringar av DNA-sekvenser. En motsatt utveckling mot mindre *genom* kan man se hos nutida bakterier som lever som parasiter eller i symbios med eukaryota celler. Sådana bakterier antas härstamma från frilevande bakterier. Om man jämför frilevande bakterier med bakterier som lever som parasiter så är i regel *genomet* betydligt mindre hos parasiterna. Undersökningar visar att bakterier med mindre än två megabaspar i sitt *genom* härstammar från förfäder med betydligt större *genom*. För bakterier gäller en närmast perfekt korrelation mellan storleken på *genomet* och antalet gener. Om *genomet* minskar innebär det att gener går förlorade och därmed också metaboliska reaktionsvägar och regleringsmöjligheter. En förklaring till att parasiter har ett mindre antal gener är att värdorganismen bidrar med olika slag av näringsämnen som exempelvis aminosyror och vitaminer som bakterien kan använda i sin ämnes- och energiomsättning. De bakteriegener som ursprungligen användes för syntes av dessa ämnen behövs nu inte och följden blir att om det inträffar mutationer som skadar dessa gener kommer sådana normalt skadliga mutationer inte att påverka bärarens överlevnad. Hos bakterier finns skadade gener (så kallade pseudogener) ofta kvar i *genomet* en tid men försvin-

Figuren visar släktskapet inom gruppen gamma-proteobacteria. Grenarnas tjocklek och färg visar relativ storlek på bakteriernas *genom*. Grön <2 Mb, blå 2-4 Mb, violett >4 Mb. Av figuren framgår att bakterier med litet *genom* har sitt ursprung i bakterier med större *genom*. Lägg märke till att *Buchnera*, *Wigglesworthia*, och *Blochmannia*, som finns på samma gren av släkträdet och alla lever symbiotiskt inne i insekter, har *genom* som reducerats kraftigt till < 700 kb.

(Mb=megabaspar, kb=kilobaspar)



ner i allmänhet efter hand genom deletioner. Följden blir att *genomet* minskar i storlek hos bakterier som lever som parasiter eller i symbios med andra organismer. Förhållandena är annorlunda hos människan och andra eukaryoter där det finns en mängd pseudogener kvar i *genomet* som har förlorat sin funktion.

Vilka är orsakerna till att antalet gener minskar hos bakterier som lever i symbios? Det finns flera förklaringsmodeller som visar på evolutionära fördelar för både värdorganismen och bakterien. Ett exempel är att för bakterier som tillverkar värdefulla näringsämnen som värden behöver, kan förlusten av onödiga bakteriegeneter göra att bakterierna får mer resurser till förökning. Fler bakterier bidrar med mer av den attraktiva produkten och värden (och därmed bakterien) kan klara sig bättre och få en ökad avkomma. Populationsgenetik är därför viktig för att förstå de evolutionära fördelarna med förändringar i *genomet*.

Experiment med evolution

Försök har genomförts på Institutionen för medicinsk biokemi och mikrobiologi vid Uppsala universitet där förlusten av DNA hos bakterier av släktet *Salmonella* studerats.

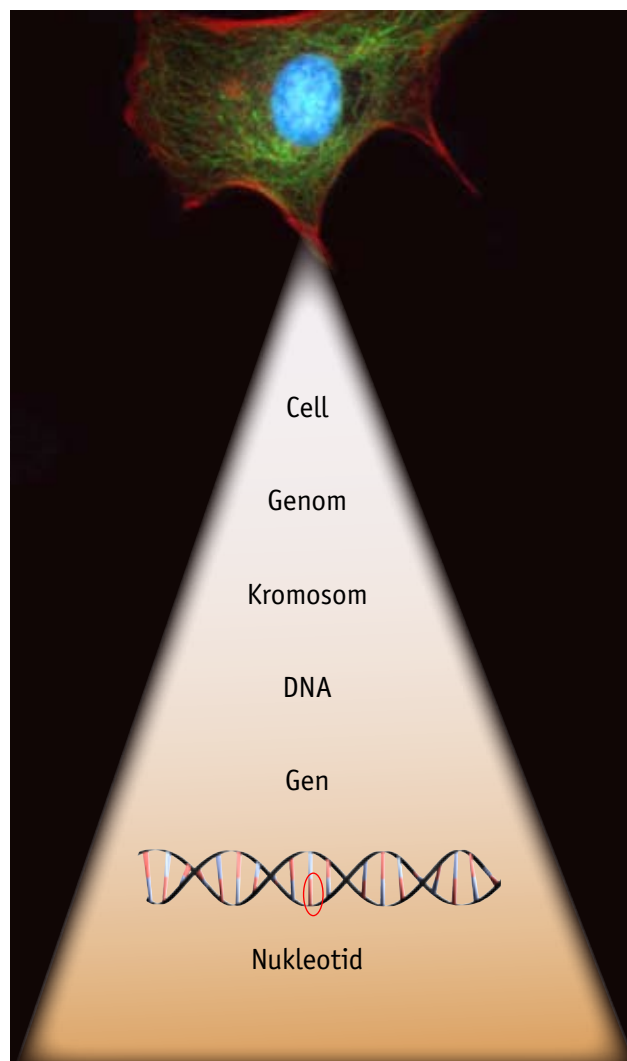
Bakterier ströks ut på en agarplatta så att enskilda kolonier bildades, vardera med ursprung i en enda cell. (Cirka 25 generationer gav en koloni med cirka 10^8 celler.) En koloni valdes slumpvis ut från plattan och ströks ut på en ny platta. Denna procedur med successiva flaskhalsar (=bottlenecks) där en enda bakterie förökades och fick bilda en koloni upprepades upp till 270 gånger. (Se s 7 om s.k. bottlenecks, flaskhalsar, samt s 23 om renutstyck av bakterier.) Mutationer, som fanns med i den cell som uppförökades, spreds därmed till hela populationen (mutationen fixerades i populationen). I försöket studerade man förlusten av DNA-sekvenser och fann att deletionerna uppgick till mellan 1 och cirka 200 kilobaspar. Försöket visade att ett *genom* kan reduceras på naturlig väg under en förhållandevis kort tidsperiod.

Sådana förluster av gener som beskrivits kan innebära att bakterierna blir sämre anpassade till sin miljö och att därmed fortplantningsförmågan reduceras (lägre "fitness"). Är det möjligt att bakterierna kan återfå en bättre fitness? Försök visar att om bakterier som förlorat delar av sitt *genom* får föröka sig tillsammans med ett stort antal normala bakterier under cirka 100 generationer så återfår de en del av sin ursprungliga förmåga.

Konstgjort liv

Forskare från Craig Venter Institute håller på att bit för bit bygga ihop de gener som behövs för en fungerande cell. De har redan lyckats byta ut hela *genomet* i en bakterie och ersatt detta med *genomet* från en annan bakterie. När konstruktionen av en konstgjord bakteriekromosom är klar kan det ursprungliga *genomet* i en cell ersättas och en konstgjord cell har skapats.

Hur ska vi använda den nya kunskapen? Nya forskningsresultat kan leda till en positiv utveckling men kan också verka skrämmande. De konstgjorda cellerna som man håller på att utveckla kommer dock inte att kunna leva i naturliga miljöer utanför laboratoriet och avsikten är att de ska användas för exempelvis produktion av läkemedel och miljövänliga biobränslen.



Evolutionen är grunden

Carl von Linné (1707-1778) fascinerades av den stora variationen i organismvärlden. Från början ansåg han att alla arter hade skapats i sin nuvarande form, men efterhand omprövade han detta och öppnade för synsättet att det från en ursprungsart kan bildas liknande arter.

Linnés ambition var från början att beskriva och namnge alla levande organismer, men han insåg efterhand det omöjliga i ett sådant företag. Hans system för klassificering av organismer var lösningen på den tidens bioinformatikkris – hur alla nyupptäckta djur och växter skulle registreras. Totalt cirka 8 000 växter och 4 400 djur namngavs av Linné, en imponerande insats, som lade grunden för dagens systematik. Idag vet vi att antalet arter är oändligt mycket större än Linné trodde. En uppskattning av antalet flercelliga organismer på jorden ger värden mellan 2 och 100 miljoner arter. 1,5-1,8 miljoner arter, de flesta djur, har hittills beskrivits vetenskapligt.

Linnés sexualsystem för att klassificera växter efter antalet och placeringen av ståndarna är ett artificiellt system som inte speglar det naturliga släktskapet. Linné var medveten om detta och arbetade på ett naturligt system som skulle visa släktskap där växterna ordnades efter fler karaktärer. Idag studerar forskare DNA och mikroskopiska detaljer för att kunna ordna växterna efter släktskap så att deras evolutionära historia återspeglas.

Början på ett evolutionärt tänkesätt

Egentligen är det ganska fantastiskt. Det är först under de senaste hundra åren som vi människor haft möjlighet att få en förståelse för livets utveckling.

1742 fick Linné se en gulsporre med muterade blommor. Blommorna var så förändrade att de inte kunde placeras in i samma klass i Linnés sexualsystem som en normal gulsporre (se s 37). Upptäckten innebar att Linné omprövade sin tidigare uppfattning att arterna var konstanta och han drog slutsatsen att nya arter kan bildas genom korsningar mellan olika arter. För

detta blev han hårt kritiserad av den franske biologen Georges-Louis Leclerc de Buffon (1707–1788). Buffon menade att hybrider har en sämre överlevnadsförmåga än föräldraarterna och därför knappast kan ge upphov till nya arter.

Nya idéer om hur arter förändras kom lite senare från ett oväntat håll, från Buffons lärjunge Jean-Baptiste Lamarck (1744–1829). Till en början ansåg Lamarck att arterna inte kan förändras, men hans studier av maskar och mollusker fick honom att ändra uppfattning. Lamarcks tankar om att miljön ställer krav på organismerna kan ses som föregångare till evolutionsteorin. Andra tankegångar är idag motbevisade: Han menade att organismerna förändras under sin levnad, och att dessa förändringar sedan går i arv. Han ansåg även att organismerna med tiden blir allt mer komplicerade och raffinerade. För att kunna förklara varför det också finns enkla livsformer menade Lamarck att enkla livsformer hela tiden uppstår från död materia, en idé som kallas uralstring.

Engelsmannen Erasmus Darwin (1731–1802) var en stor beundrare av

Linné och översatte stora delar av hans verk till engelska. I slutet av 1700-talet formulerade han en teori om att alla organismer härstammade från en grundform, men Erasmus Darwin beskrev inte hela evolutionprocessen. Det gjorde i stället hans barnbarn Charles Darwin.



Charles Darwin

Evolutionsteorin

Charles Darwin (1809-1882) fick under åren 1831 till 1836 följa med fartyget Beagle på en vetenskaplig jordenrunda. Särskilt besöket på Galapagosöarna gjorde stort intryck. Han började fundera på om inte arterna i naturen kunde förändras på motsvarande sätt som husdjuren och de odlade växterna förändrats. Darwin arbetade under många år med evolutionsteorin utan att offentliggöra den. Det var inte förrän han fick se en uppsats av Alfred Russell Wallace med liknande tankegångar, som Darwin bestämde sig för att publicera sina forskningsresultat och 1859 kom boken "On the origin of species".

Darwin beskriver så här hur det naturliga urvalet av de bäst anpassade organismerna går till: Det föds fler individer inom en art än de som kan överleva. Om en del individer har egenskaper som gör dem bättre anpassade till miljön de lever i, betyder det att de har en större chans att överleva och föröka sig. Beträffande ärftlighet skriver han att om de egenskaper som gynnar vissa individer i det naturliga urvalet också är ärftliga, så kommer även deras avkomma att ha dessa egenskaper.

Darwin lyckades aldrig formulera en hypotes om ärftlighetens mekanismer som han själv var nöjd med, men att det var möjligt att förändra organismernas egenskaper var Darwin övertygad om. Det räckte ju att se på husdjuren. Människans medvetna avel har exempelvis skapat 400 hundraser som alla härstammar från de vilda vargarna.

Samtidigt som Darwin formulerade sin evolutionsteori levde Gregor Johann Mendel (1822–1884) som munk i ett kloster i Brno, nuvarande Tjeckien. Mendel experimenterade med ärtor och fann att avkommans egenskaper styrdes av föräldrarnas på ett regelbundet sätt, och att detta inte var kopplat till miljöbetingelser. Mendel löste en viktig del i ärftlighetens gåta, nämligen att vi ärver hälften av anlagen från vår far och hälften från vår mor.

Han publicerade sina resultat 1865, men de kom tyvärr att falla i glömska och det var inte förrän 35 år senare som Mendels verk återupptäcktes och fick stor spridning. Mendels forskning medförde att förutsägelser om ärftlighet kunde kombineras med tankegångar om ett naturligt urval till en mer heltäckande evolutionsteori. När sedan DNA-spiralens uppbyggnad beskrevs 1953 föll alla bitar på plats. Idag vet vi att DNA-molekyler med likartad uppbyggnad finns hos allt liv på jorden och att denna molekyl innehåller de ärftliga egenskaperna.

Mekanismer och processer vid artbildning

Evolutionen är en vetenskaplig förklaringsmodell, en teori, som genomsyrar hela den biologiska vetenskapen. Den ifrågasatts inte av seriösa forskare idag.

Förändringar av enskilda nukleotider eller av större sekvenser i kromosomerna sker slumpmässigt men evolutionen är inte slumpmässig. De individer som är bäst anpassade till de miljöförhållanden som råder har möjlighet att få flest överlevande avkomma och kan därmed sprida sina anlag till fler. Darwins uppfattning var att små förändringar efter hand kunde leda till större skillnader. En struktur, exempelvis ett öga, nyskapas inte av

en enda genetisk förändring, successiva förändringar i arvsanlagen har medfört att synorgan med allt bättre funktion utvecklats. Det går inte att säga att utvecklingen generellt går från enklare till mer komplicerade strukturer och organismer, eller från något sämre till något bättre. Evolutionen har lett till mer komplexa former likaväl som till förenklingar. Evolutionen har i sig inget mål och inget syfte.

Arten är den viktigaste taxonomiska enheten och är grunden för klassificering av organismer, men det är inte självklart hur arter avgränsas. Under årmiljonernas lopp har organismerna förändrats så att nya arter uppkommit. Förändringarna sker i allmänhet gradvis och var gränsen mellan två arter ska dras är ofta diskutabelt.

Den generella förklaringen till hur artbildning går till är att en population av någon anledning splittras upp geografiskt. Delpopulationerna isoleras och evolutionen

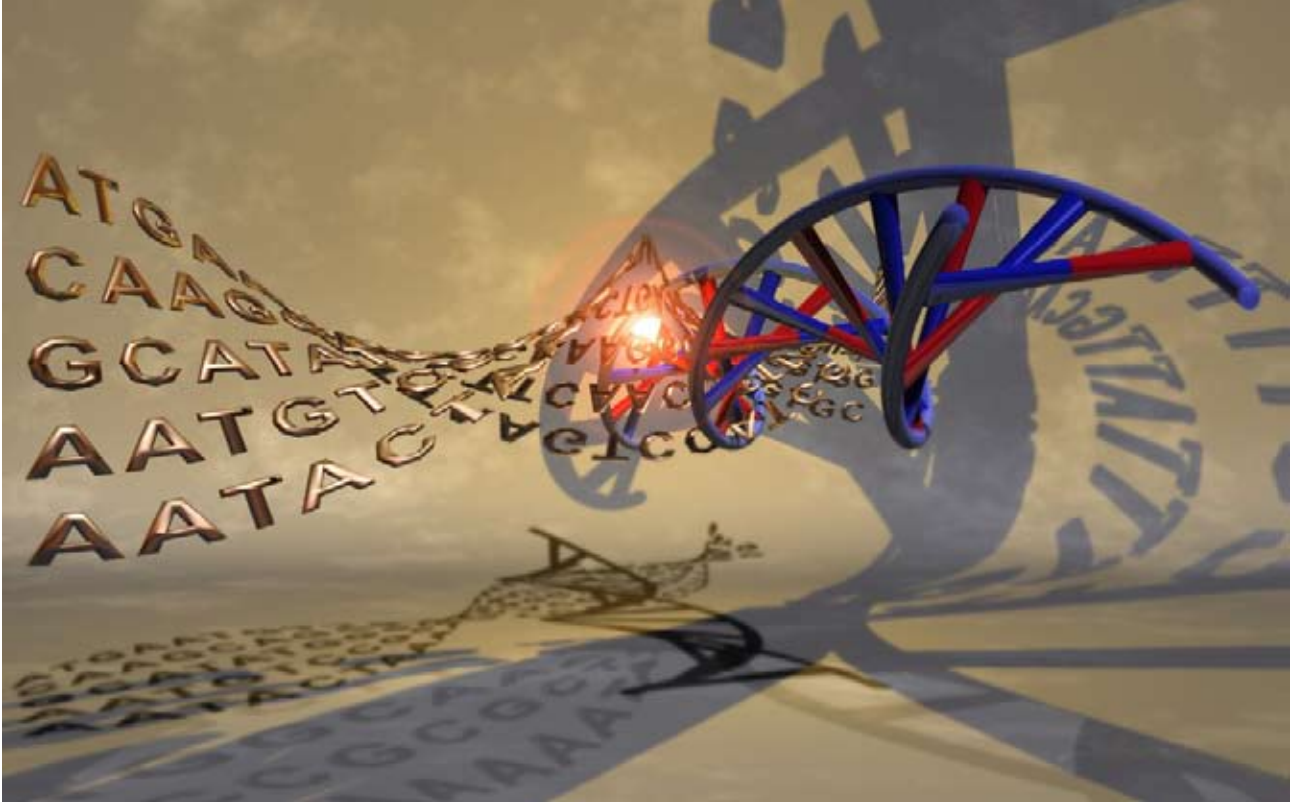
“Nothing in biology makes sense except in the light of evolution”

Theodosius Dobzhansky (1973)

leder till olika specialiseringar beroende på skilda miljöförhållanden. I vissa fall är det möjligt att olika arter kan bildas från en ursprungsart inom samma område. Inom växtvärlden kan plötsliga förändringar som polyploidi (kromosomtalsfördubbling) och hybridisering leda till att nya arter bildas.

Under jordens historia har det förekommit perioder då omfattande förändringar av miljön ägt rum. Organismerna utsattes då för ett starkt tryck, många individer dog ut och endast de som hade egenskaper som var anpassade till den förändrade miljön överlevde och fortplantade sig. När en population på detta sätt minskar kraftigt i storlek och genomgår en så kallad flaskhals kommer gener att bevaras mer eller mindre slumpmässigt. Egenskaperna hos individerna i populationen innan miljöförändringen inträffade kan därför skilja sig från egenskaperna hos individerna efter minskningen. Detta är en av förklaringsmodellerna till att populationer förändras och nya arter utvecklas. (Se även s 5.) Man räknar med att fem perioder med omfattande massdöd har förekommit under jordens historia. Den kanske mest kända inträffade för 65 miljoner år sedan och innebar att de stora dinosaurierna dog ut. Många anser att en sjätte period med massutrotning av organismer beror på människan och inleddes med industrialiseringen.

Vi kan beskriva evolutionen som genetiska förändringar hos organismerna som sker under en viss tidsperiod. Evolutionen är inte avslutad utan pågår ständigt, men för det mesta ser vi inte förändringarna eftersom de sker så långsamt.



Nutidens upptäcktsfärder går till organismernas minsta beståndsdelar.

Evolution i molekylärbiologiskt perspektiv

En viktig milstolpe i vetenskapens historia är sekvenseringen av det mänskliga *genomet*. 1990 startade HUGO-projektet (The Human Genome Project) som ett internationellt samarbete mellan forskare med avsikten att sekvensera människans hela *genom*. Resultatet av HUGO-projektet offentliggjordes 2001 samtidigt med det konkurrerande projektet som genomförts av Celera genomics, ett företag i USA med forskaren Craig Venter i spetsen. Craig Venters projekt genomfördes på betydligt kortare tid och till lägre kostnad jämfört med HUGO-projektet.

DNA-materialet till de båda projekten hämtades från ett flertal personer för att anonymiteten skulle bevaras och för att undvika att eventuella sjukdomsanlag som påträffades kopplades till en enskild person. Sedan dess har emellertid *genomen* från två enskilda personer sekvenserats. *Genomen* från James Watson, som tillsammans med Francis Crick och Maurice Wilkins beskrev DNA-molekylens struktur, och Craig Venter finns nu tillgängliga via databaser. Genom att jämföra enskilda *genom* har man funnit att det är större genetiska skillnader mellan enskilda personer än man tidigare trodde, kanske är skillnaden upp till en halv procent mellan olika personer.

Efter HUGO

Genomen från allt fler organismer sekvenseras nu i allt snabbare takt. Fram till och med år 2007 har mer än 600 organismer sekvenserats i sin helhet.

När det mänskliga *genomet* kartlagts blev det uppenbart hur komplext *genomet* är till byggnad och funktion. En stor överraskning var att antalet gener var så få. Innan *genomet* sekvenserats ansåg man att antalet gener var i storleksordningen 100 000 medan antalet nu uppskattas till mellan 22 000–23 000. Antalet proteiner som bildas i mänskliga celler är däremot betydligt fler.

Utmaningen är nu att ta reda på hur generna regleras, vilka proteiner som bildas och vilka funktioner de har i samspelet med alla andra komponenter i cellen. Det här avsnittet innehåller exempel på den molekylärbiologiska bakgrunden till evolutionen.

Jämförelser

Med utgångspunkt i de sekvenserade *genomen* från olika organismer är det möjligt att göra jämförelser.

Många sjukdomar, till exempel diabetes, har en ärftlig bakgrund och kunskaper om det mänskliga *genomet* och jämförelser med andra organismers *genom*

kan ge genetiska förklaringar till många sjukdomar.

Traditionellt har man ansett att skillnaderna är stora mellan djur, växter och svampar, men när man analyserar *genomen* ser man att de största skillnaderna finns inom gruppen bakterier (domän Bacteria) och att djur, växter och svampar är förhållandevis närstående. När vi tittar på de yttre skillnaderna och beteendena tycker vi nog att människan är rätt olik andra djur, men den genetiska skillnaden i förhållande till vår närmaste släkting schimpansen är i genomsnitt bara någon enstaka procent. Desto mer intressant blir det att få en förklaring till hur denna lilla genetiska skillnad kan ge upphov till så stora skillnader i utseende och beteende.

De kunskaper om metoder och tolkning av resultat som man fått från arbetet med sekvenseringar har inneburit att det varit möjligt att starta flera nya projekt.

Human Genome Diversity Project avser att beskriva den variation i *genomen* som finns mellan människor och mellan populationer av människor. Avsikten är att ta reda på när specifika mutationer uppstod och följa deras spridning i befolkningsgrupper. Man har funnit att den största genetiska variationen finns mellan de ursprungliga befolkningsgrupperna i Afrika. Detta stöder teorin att människan har sitt ursprung i Afrika eftersom en sannolik förklaring till den stora genetiska variationen är att dessa befolkningsgrupper har haft längst tid för att utveckla genetiska skillnader jämfört med befolkningsgrupper i andra delar av världen.

Variation i *genomet*

HapMap-projektet startade 2002 som ett samarbete mellan forskare i olika länder. Syftet är att skapa en allmänt tillgänglig databas där små variationer i det mänskliga *genomet*, single nucleotide polymorphisms (SNPs), registreras. I genomsnitt finns det en SNP per 100-300 baser. SNPs som finns i närheten av varandra på en DNA-sträng ärvs i allmänhet tillsammans och bildar en haplotyp, se följande exempel.

Haplotyp 1 (kromosom från mamman): **ACTAGC**

Haplotyp 2 (kromosom från pappan): **ATTGGC**

SNPs är viktiga markörer för att identifiera exempelvis sjukdomsanlag.

I det mänskliga *genomet* finns inte bara en stor variation beträffande enstaka nukleotider (SNPs), utan också av förändringar som berör fler än ett baspar: deletioner (förlust av nukleotider), duplikationer (dubbling av sekvenser), inversioner (omvända DNA-sekvenser) och translokationer (DNA-sekvenser har förflyttats till an-

nan plats i *genomet*). Sådana förändringar resulterar i skadade gener (pseudogener). Exempel på pseudogener hos människa är ett stort antal luktreceptorgener och genen för det enzym som katalyserar sista steget i vitamin C-syntesen.

Det förekommer också DNA-sekvenser, så kallade transposoner, som lever sitt eget liv och ”parasiterar” på *genomet*. Transposoner kan kopiera sig själva och flytta till nya platser i *genomet*. Mer om transposoner följer nedan. Stora partier av *genomet* består av mer eller mindre långa avsnitt med repetitiva sekvenser, DNA-sekvenser som upprepas ett varierande antal gånger. Variationer i antalet av sådana sekvenser kan ibland vara orsak till sjukdomar, exempelvis gäller det Huntingtons sjukdom. Avsnitt med repetitiva sekvenser ligger också till grund för DNA-fingerprinting, den metod som bland annat används för att identifiera personer.

Gemensamma nyckelgener

Vid jämförelse mellan *genomen* hos de sekvenserade organismerna finner man nyckelgener som har en likartad sekvens, detta beroende på att de basala funktionerna är likartade hos organismerna. Exempelvis har gener som styr bildningen av enzymer som medverkar i celledningen en likartad nukleotidsekvens. Ytterligare exempel är den grupp av gener, homeotic genes (HOX-gener), som styr utvecklingen hos människa, såväl som hos bananflugor och nematod, och avgör vilken del av embryot som ska bli fram- respektive bakända, och vad som ska bli rygg- och buksida. Hos blommväxter finns MADS-boxgenerna som styr bildningen av blommans delar (se s 33-34).

Under utvecklingens gång har de levande organismerna återanvänt och modifierat det som redan finns, dvs. gener har ibland förändrats och fått nya funktioner. Denna process bygger ofta på att gener dupliceras, och två eller efterhand ännu fler kopior, av den ursprungliga genen bildas. De dubblade generna kan ha kvar sin ursprungliga funktion och ibland förstärks effekten. Om det exempelvis finns flera gener för enzym som bryter ner kroppsfrämmande ämnen så blir det en snabbare nedbrytning av läkemedel (se idéhäfte 4, Livsviktiga läkemedel). Om en av generna fortfarande har kvar sin ursprungliga funktion, så kan kopian förändras utan att organismen riskerar problem. En genfamilj bildas på detta sätt. Gener får därmed nya funktioner vilket medför ändrade egenskaper hos organismen. Hos människa räknar man med att cirka hälften av de kodande DNA-sekvenserna utgörs av genfamiljer

som består av identiska eller mycket likartade gener.

Om man studerar gener och genfamiljer som finns hos många organismer kan man gruppera organismerna efter likheter och skillnader i en viss nukleotidsekvens och därmed följa de evolutionära förändringarna och fastställa släktskap. Förändringarna kan relateras till en tidsaxel och en sådan molekylär klocka visar när olika evolutionära förändringar inträffat.

Hoppande gener

Genomet hos en organism är inte så stabilt som man tidigare föreställt sig. Förändringar kan exempelvis bero på rörliga DNA-sekvenser, så kallade transposoner, ”hoppande gener”, som på olika sätt kan förflyttas från en plats i en kromosom till en annan plats i samma kromosom eller till en annan kromosom. Transposoner kan på detta sätt skada gener och ge upphov till defekter och sjukdomar. Transposoner finns hos bakterier och hos eukaryota organismer inklusive människa. Transposo-

ner hos eukaryoter har många likheter med varandra och med dem som finns hos bakterier.

Det finns två huvudgrupper av transposoner. Den ena gruppen består av transposoner som liknar retrovirus. De översätts först till RNA, varefter RNA-molekylen bildar en komplementär DNA-sekvens med hjälp av enzymet omvänt transkriptas. DNA-sekvensen sätts sedan in på ett nytt ställe i *genomet*. Den andra gruppen av transposoner har inget RNA-stadium. De förflyttar sig antingen genom att ett enzym som bildas av transposonen klipper ut denna och placerar in transposonen på en ny plats eller genom en mekanism där transposonen kopieras och kopian placeras in på ett nytt ställe.

I de klassiska korsningsförsök som Georg Mendel genomförde med släta och skrynkliga ärtor, beror fenotyperna på varianter av genen *rugosus*. Skrynkliga ärtor har sämre enzymaktivitet för bildning av stärkelse och bildar dessutom mindre andel grenade stärkelsemolekyler. Eftersom stärkelsesyntesen inte fungerar normalt kommer istället socker att lagras och vatteninnehållet blir högre.

Strekkoda levande organismer

Kommer det snart att vara passé att använda fälthandböcker? Kanske blir det möjligt att stoppa in exempelvis en liten del av en växt i en biologisk strekkodsläsare och sedan avläsa vilken art det är, till och med när man är ute i fält!

Idén med projektet Barcode of Life är att det ska bli standard att använda en kort DNA-sekvens, cirka 500-700 baser, från en bestämd del av organismernas genom för att identifiera en art. Motsvarande sekvens från olika organismer varierar något beträffande nukleotidsekvensen och de skillnader och likheter som finns kan användas för att identifiera en art.

Men kanske är det inte så enkelt. Var går egentligen gränsen för en art? Det finns ju en variation i nukleotidsekvens även inom en art och var ska man dra gränsen mellan olika arter. Det finns exempel på arter som varierar kontinuerligt över ett utbredningsområde och om individer från områdets ytterkanter möts kan de inte längre få fertil avkomma och bör därför betraktas som skilda arter.

Forskare som är engagerade i projektet anser dock att det går att använda vissa gener som har en lagom stor variation mellan arter. För de flesta organismer går det bra att använda en del av mitokondriens cytokrom C-oxidas-gen. När sekvensen från en okänd art jämförs med ett bibliotek av motsvarande sekvenser från olika arter går det att fastställa vilken art det är förutsatt att sekvensen finns med i biblioteket. Flera delprojekt ingår och man har bland annat påbörjat kodningen av världens cirka 10 000 fågelarter och 30 000 fiskarter. Totalt har till och med oktober 2007 cirka 35 000 arter, merparten djur, kodats. Viktiga användningsområden för tekniken är exempelvis att snabbt kunna identifiera skadedjur och sjukdomsframkallande mikroorganismer. Även fragment av organismer kan analyseras. (Se ”Consortium for the Barcode of Life”, www.barcoding.si.edu, www.barcodinglife.org)



Den metod som utarbetats inom projektet ger möjlighet att identifiera en okänd art med hjälp av en specifik sekvens i DNA. Denna nukleotidsekvens, som här symboliseras av en strekkod, är unik för en viss art.

När ärtorna mognar förlorar de mycket vatten och blir skrynkliga. Hos dessa ärtor har genen för det stärkelsebildande enzymet skadats av att en sekvens med 800 baspar hamnat inne i genen. Att det är fråga om en transposon stöds av att sekvensen har inverterade ändrar som liknar kända transposoner. Se försök med ärtor på s 15.

Hos däggdjur består vanligen 25-50% av totala *genomet* av transposoner och liknande sekvenser. Hos människa finns exempelvis *Alu*-sekvenser som vardera består av 200-300 baspar. Vi har cirka 500 000 kopior av *Alu*-sekvenser i vårt *genom* som tillsammans utgör cirka 10% av hela *genomet*.

Vilket ursprung har transposonerna? Var de kanske ursprungligen retrovirus? Hur har de påverkat evolutionen? Detta är frågor som väcks och som återstår att försöka besvara.

Reglering av genernas aktivitet

Traditionellt har man förklarat hur generna i DNA fungerar genom att beskriva hur DNA bildar en kompletär mRNA-sträng som sedan utgör mall vid proteintillverkningen, det så kallade centrala dogmat. Det är ett mycket förenklat synsätt som kompliceras av att många faktorer kan påverka förloppet.

Kroppscellerna i en organism innehåller samma *genom*, men vilka gener som är aktiva varierar mellan olika celler och beror på utvecklingsstadium och miljöförhållanden. Mycket kan hända som påverkar hur mycket protein som bildas från en viss gen hos en eukaryot organism. Följande exempel visar hur regleringen påverkas i de olika stegen från gen till färdigt protein.

- Det är inte bara generna i sig som styr organismens egenskaper, så kallade epigenetiska faktorer påverkar i hög grad. Till exempel är likheten stor mellan två enäggstvillingar, men de skiljer sig också åt i vissa avseenden som beror på epigenetiska faktorer. Ju äldre tvillingarna blir desto större blir skillnaderna. Epigenetiska faktorer kan ändra den normala styrningen av genernas aktivitet och medföra katastrofala effekter för organismen, till exempel kan cancer utvecklas. Ett exempel på epigenetisk faktor är hur hårt DNA-molekylen är packad. För att en gen ska kunna avläsas krävs att DNA-molekylen med den aktuella genen frigörs från sin tätt packade form annars kommer ingen bildning av mRNA att kunna ske. Exempelvis bildar den ena X-kromosomen hos kvinnor en tätt packad Barr-kropp. Packningen av DNA-molekylen beror på hur många metylgrup-



Underblomma, Mirabilis jalapa, har blommor som varierar i färg sannolikt beroende på inverkan av transposoner.

per som är bundna. Gener som har många metylgrupper bundna till sig kommer inte att avläsas. Metyleringen av gener sker redan i embryostadiet och bevaras sedan under följande celldelningar. Det innebär att alla celler i en viss vävnad bildar samma proteiner och får likartade egenskaper. Om det inträffar ett fel i metyleringen kan organismen bli defekt. Se exempel på s 38 som beskriver Peloria, Linnés monsterväxt.

- Ny forskning visar att den komplementära sträng av DNA som inte kodar för protein innehåller gensekvenser som avläses baklänges. Dessa har sannolikt viktiga funktioner för styrning av genernas aktivitet.
- Till en gen hör ett varierande antal DNA-sekvenser som har betydelse för avläsningen av genen. Sekvenserna finns både i direkt anslutning till genen och på längre avstånd. Olika proteiner (transkriptionsfaktorer) medverkar vid regleringen genom att binda till DNA.
- mRNA som bildats från en gen är en "råkopia" som innehåller både exoner (proteinkodande sekvenser) och introner (ej proteinkodande). Medan mRNA fortfarande befinner sig inne i cellkärnan kan molekylen klippas isär och kombineras på olika sätt så att det bildas flera varianter av mRNA. Detta är en orsak till att det bildas så många fler proteiner än det finns gener.

- Ett stort antal gener hos människan, så väl som hos andra organismer, kodar för korta RNA-molekyler som innehåller delar av andra geners kod. Via en komplicerad process bildas små fungerande RNA-molekyler som kan binda komplementärt till motsvarande kod på en mRNA-molekyl i cytoplasman. Effekten blir att mRNA bryts ner och inget protein bildas. Detta kallas RNA-interferens (RNAi). Celler hos framför allt lägre organismer kan använda mekanismen för att stoppa infektioner av RNA-virus. Även förflyttningar av transposoner inom *genomet* kan förhindras. Små RNA-molekyler tycks även kunna påverka genernas promotorsekvenser så att genaktiviteten i stället ökar. RNA-interferens är ett viktigt verktyg inom forskningen för att studera enskilda geners funktion. 2006 års Nobelpris i medicin eller fysiologi tilldelades prof. Andrew Z. Fire och prof. Craig C. Mello, båda från USA, för deras upptäckt av att små RNA-molekyler kan reglera genaktiviteten.

Sannolikt är det så att om regleringen av generna ändras har det minst lika stor betydelse för evolutionen som förändringar i själva generna.

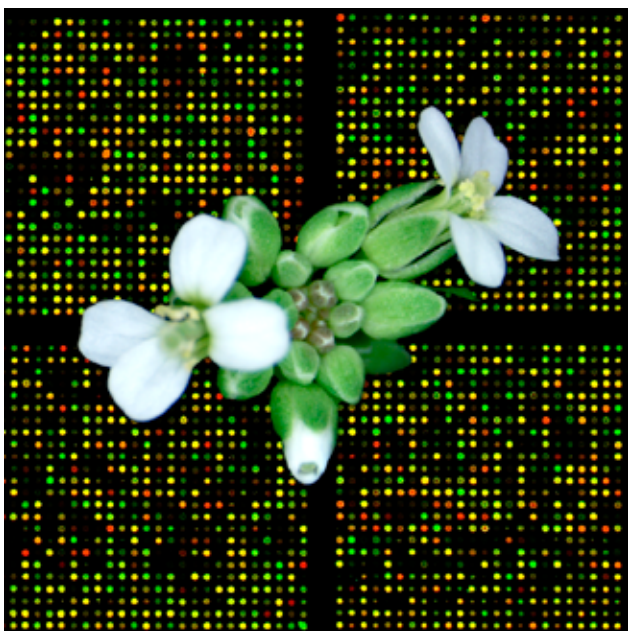
Från gener till proteiner

Fokus har under lång tid varit på DNA-molekylens byggnad och funktion. När nu allt fler *genom* har kartlagts växer intresset för att ta reda på mer om det komplexa samspel mellan DNA och proteiner som råder i en cell.

I ett aktuellt projekt har man valt jäst som modellorganism. Enskilda proteiner registreras tillsammans med den cellkomponent som är bunden till proteinerna. Resultaten visar att cellen kan utföra en mängd uppgifter genom att sätta samman ett begränsat antal basala komponenter (moduler) i olika kombinationer. Om det blir kris för cellen behöver den heller inte bygga maskineriet från grunden utan kan bara tillverka de basala enheterna som sedan sätts samman i rätta kombinationer.

Detta är intressant ur evolutionär synpunkt eftersom delar av cellens maskineri och de basala enheterna kan spåras genetiskt hundratals miljoner år tillbaka. Om man jämför en mänsklig cell med en jästcell så finner man delar av samma maskineri, med samma basala enheter som utför samma uppgifter i båda cellerna. Evolutionen fungerar så att förändringen av organismerna sker genom att nya, specialiserade enheter läggs till de tidigare. Även regleringen av maskineriet kan ändras.

Nedan syns backtrav, Arabidopsis thaliana, mot bakgrund av en microarrayundersökning. Backtrav är genetikernas älsklingsväxt och mycket välundersökt – sekvensen för hela genomet publicerades år 2000. Microarray är en metod som är användbar för att ta reda på vilka gener som uttrycks i exempelvis olika vävnader och vid olika tidpunkter. Undersökningar kan bland annat göras av vilka gener som samtidigt är aktiva i en cancercell jämfört med en normal cell. Olika färger indikerar genaktiviteten. Bilden till höger visar en transgen groddplanta av backtrav.



Släkträd och bioinformatik



Bioinformatik är en snabbt växande gren inom biologin. Det är kombinationen av nya metoder och kunskaper inom molekylärbiologi, data och matematik som gör det möjligt att hantera de enorma datamängder som kommer fram vid analys av proteiner och DNA.

Databaser med sekvenser av nukleotider och aminosyror från en mängd organismer är fritt tillgängliga. Den största DNA-databasen är GenBank, medan SwissProt innehåller flest sekvenser från proteiner. Det finns också gratisprogram att hämta på nätet för att arbeta med de stora datamängderna.

Utvecklingen av de levande organismerna kan studeras på molekylärnivå och intressanta evolutionära frågor väcks. Inom området systematisk biologi har DNA-data och avancerade matematiska beräkningsmetoder lett till ökad förståelse för släktskap och evolution.

För att studera släktskap mellan olika växter används DNA-data från flera olika gener, helst med olika ursprung. DNA-data kan hämtas från gener i cellkärnan, vilka ärvs både från moderplantan och faderplantan, eller från gener i kloroplasterna, vilka i likhet med mitokondrierna ärvs endast från moderplantan.

DNA-data sätts samman till en datamatrix som analyseras med matematiska metoder, ofta med en evolutionär modell i grunden. Utifrån denna analys konstrueras släkträd.

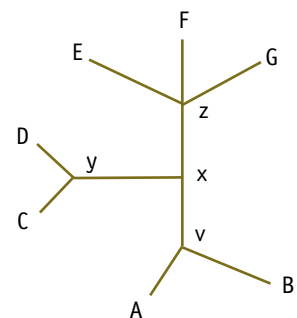
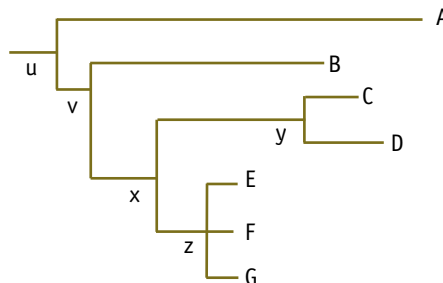
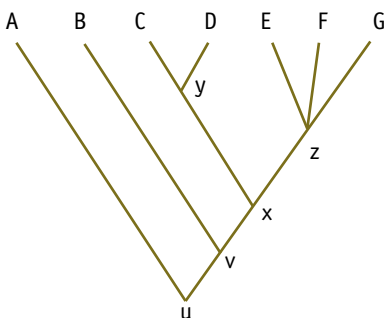
Släkträd och trädänkande

I de tre släkträd som avbildas nedan representerar bokstäverna A-G nu levande organismer medan u-z visar organismer som utvecklats vidare i flera olika linjer. Varje nod (förgrening) i ett släkträd motsvarar den tidpunkt där en hypotetisk förfader delades upp i två nya

arter. Noder med fler än två grenar (till exempel noden z i trädet) innebär inte att en uppdelning i tre utvecklingslinjer inträffade samtidigt. Det är de matematiska metoderna som inte förmår att ge ett entydigt svar om i vilken ordning E, F och G delades upp utifrån de data som för tillfället matats in. Släkträdet i mitten speglar evolutionen genom att grenarnas längder motsvarar det antal förändringar i DNA som skett under utvecklingen.

För att tolka ett evolutionärt släkträd måste man lära sig något som kan kallas trädänkande. Ett träd kan alltid vridas i varje nod (förgrening). Det innebär att två organismer som finns nära varandra i det ritade trädet inte nödvändigtvis är nära släkt med varandra. Eftersom noden v kan vridas så att G (eller lika gärna E eller F om även noden z vrids) hamnar närmast A innebär det att A inte är närmare släkt med B än med G. A kallas systemgrupp till resten av trädet. I varje nod är de grenar som utgår från noden varandras systemgrupper. Noderna i träden är märkta med u, v, x, y och z, vilka också motsvarar de hypotetiska förfäderna till organismerna ovanför respektive nod. Trädet i mitten är ett rotat träd, dvs. vi har bestämt att A är systemgrupp till resten av trädet och att roten sitter i "u". För att rota ett träd har man oftast med en så kallad utgrupp, dvs. en referensgrupp som är relativt nära släkt med resten av organismerna i trädet (ingruppen). I annat fall kommer inte grenarna i trädet att hamna rätt i förhållande till varandra.

Ett orotade träd visas längst till höger. Roten skulle teoretiskt kunna sättas precis var som helst. Det kan vara enklare att förstå att grenarna kan vridas åt olika håll när man tittar på det orotade trädet.



Övningar i bioinformatik

Övningar, laborationer och länkar som beskrivs på följande två sidor finns på www.bioresurs.uu.se, se Skolprojekt Linné och Bioteknik i skolan.

Banan och tomat – hur är de släkt?

Nedan beskrivs kortfattat arbetsgången från extraktion och sekvensering av DNA tills ett släkttred konstruerats. DNA kan enklast renframställas med hjälp av färdiga analyskit (kit). En enkel metod presenteras i laborationen "Undersökning av växternas evolution", se webbtidningen Bioscience explained vol 3, nr 2. Framtaget DNA kan sedan skickas till ett laboratorium för sekvensering.

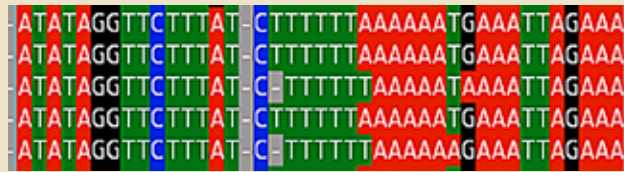
Sekvenserna jämförs därefter med andra redan framtagna sekvenser som finns fritt tillgängliga i databasen GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov). I det här fallet har vi valt *rbcL* (*chloroplast ribulosebiphosphate carboxylase large subunit*) som kodar för den större subenheten av enzymet RuBisCO. Växter måste ha ett fungerande RuBisCO för att kunna fotosyntetisera. Därför förändras generna som kodar för RuBisCO mycket lite. Skriv exempelvis *tomato rbcL* i sökrutan överst på GenBanks webbsida och välj *Nucleotide* i rutan *Search*.

När alla sekvenser hämtats för de växter som ska ingå i släkttredet kan gratisprogrammet ClustalW användas (www.ebi.ac.uk, välj Tools, Sequence Analysis) för att passa ihop sekvenserna så att de partier som överensstämmer placeras ovanför varandra. Detta kallas att aligna; uttalas öljajna. Sekvenserna kan ha insertioner

(en extra DNA-bit) och deletioner (bitar saknas), och om så är fallet ska övriga bitar passas ihop så att de rätta delarna av sekvenserna jämförs. Detta sker automatiskt i programmet. Se figur nedan som visar fem korta alignade sekvenser:

Den alignade matrisen analyseras i till exempel ClustalW med matematiska metoder och man får fram ett släkttred.

För att ta reda på släktskap mellan organismer kan man också använda *TaxBrowser* i Genbank. Utgå från någon av modellorganismerna, till exempel majs (*Zea mays*) eller ris (*Oryza sativa*) och lägg sedan till andra arter genom att ange ett engelskt eller vetenskapligt namn, så byggs ett träd utifrån den information

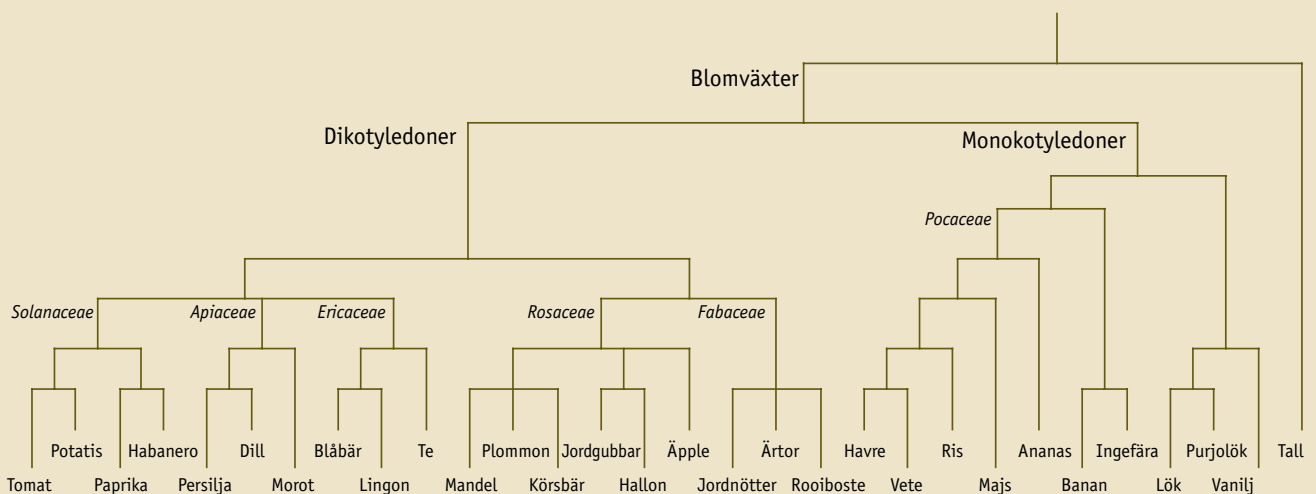


som finns i databasen.

Släkttredet nedan innehåller vanliga ätbara växter. Det är rotat med tall som utgrupp. De stora grupperingarna är monokotyledoner (enhjärtbladiga växter) och dikotyledoner (tvåhjärtbladiga växter). Namnen på grupperna inuti trädets är familjenamn (slutar på -aceae).

Studera släkttredet

1. Leta upp dina frukostfavoriter. Hur är de släkt med varandra?
2. Vilka växtfamiljer finns i din müsli?
3. Finns te och rooibos-te i samma familj? Vilka svenska växter är te närmast släkt med?
4. Hur ser man på tomat och potatis att de är släkt?



5. Ta reda på någon annan känd växt som är nära släkt med vanilj.
6. Körsbär och plommon är stenfrukter (stenhård kärna). Hur är det med mandel?

Övningar från resurscentrum för biologi och bioteknik

1. SKRÄP-DNA??

Större delen av det mänskliga *genomet* kodar inte för proteiner. En del av dessa sekvenser kan ha funktioner som vi inte känner till idag och beteckningen skräp-DNA får därför användas med försiktighet. I denna övning studeras olika gener för att se kodande och icke kodande delar.

2. VILKA ÄR VI NÄRMAST SLÄKT MED?

2.1 En manuell jämförelse görs mellan aminosyrasekvenser från några organismer – en enkel introduktion inför arbete med molekylärbiologiska databaser.

2.2 Arbeta som molekylärbiologisk forskare och hämta aminosyrasekvenser från människa och olika djur från en databas. Bygg ett släkträd och fundera över släktskap och evolution.

3. EN BIOINFORMATISK GENJAKT I

Sök i databaser efter information om en sjukdomsframkallande gen. Den mänskliga gensekvensen jämförs med sekvenser från olika djur och ett släkträd byggs. Strukturen för det protein som bildas från genen studeras.

4. EN BIOINFORMATISK GENJAKT II

I den här övningen jämförs *genomen* från olika arter.

5. DNA FRÅN VÄXTER

Laborationen börjar med extraktion av DNA från växter. Växt-DNA amplifieras med PCR och resultatet kontrolleras med elektrofores. DNA skickas för sekvensering och DNA-sekvensen kan sedan användas för att studera släktskap mellan växtarter. (Se även föregående sida.)

Övningar på Forskning.nu

På webbsidan Forskning.nu finns flera bioinformatik-övningar. De handlar om proteinstrukturer, människans genom, sjukdomsframkallande bakterier, hur olika stammar av influensavirus kan identifieras och hur släkträd kan byggas utifrån proteinsekvenser.

Pussla med DNA

Långa nukleotidsekvenser kan inte sekvenseras i ett stycke utan måste delas upp i fragment som sekvenseras var för sig och därefter sätts samman. Övningen visar denna smarta snabbversion som företaget Celera an-

vände vid sekvenseringen av humant DNA. Utifrån nukleotidsekvensen byggs en mRNA-molekyl och med utgångspunkt i denna en aminosyrasekvens. Övningen, i form av ett pussel, är praktisk och konkret. Den bygger på ett material framtaget av Netherlands Institute of Ecology.

Laborera med växter

Släta och skrynkliga ärtor – vilka är orsakerna?

Mendels upptäckte att ärtor kan vara släta eller skrynkliga och att egenskaperna överfördes till avkomman på ett förutsägbart sätt. Vad beror det på att ärtor får olika utseende?

Större delen av en ärta utgörs av hjärtbladen som innehåller energi och näring till grodden. Mängderna av olika enzym, andelen stärkelse i förhållande till socker, samt typen av stärkelse som bildas skiljer åt mellan släta och skrynkliga ärtor och styrs av arvsanlag. Laborationen visar olika egenskaper hos släta och skrynkliga ärtor och ger möjlighet att fundera över den genetiska bakgrunden.

Är ärtor levande?

En torr gul ärta – hur kan man visa om den är levande eller inte? Det finns flera sätt som presenteras närmare på skolprojektets webbsida. Tänk: Allt liv behöver vatten. Vilka processer sätts igång när ärtor tar upp vatten? Det finns till exempel olika sätt att påvisa att cellandningen kommit igång, se bild t.h. Efterhand ser man också att groningen påbörjats.





Är livet ett osannolikt undantag i universum? I likhet med ägget, symbolen för livet, skört och starkt på samma gång.

Carl von Linné valde att placera ett ägg i centrum av sin vapensköld omgivet av de tre fälten som fick symbolisera naturen: djurriket, växtriket och stenriket.

Livets början

Vilka var de första levande cellerna och när bildades de? Jordens historia sträcker sig tillbaka ca 4,5 miljarder år och forskare anser att livet uppkom för ca 3,5-4 miljarder år sedan. Flera kandidater till det första livet har presenterats och diskuterats, men än så länge kan vi inte säkert veta, enbart fundera över sannolikheten att levande celler skulle kunna utvecklas och leva i en viss miljö.

Under den första tiden i jordens historia var miljön på jordens yta mycket ogästvänlig. Det var alldeles för varmt för att liv skulle kunna existera: radioaktiva processer pågick i jordens inre som bidrog till att värma upp jorden, nedfallet av meteoriter var omfattande och vulkanutbrott var vanliga. Ozonskiktet, som nu till stor del fångar upp den farliga ultraviolettera strålningen från solen, hade ännu inte utvecklats. Det tog lång tid innan miljöförhållandena gjorde det möjligt för liv att existera på jorden.

Livets barnkammare?

Vilka miljöer är tänkbara som livets barnkammare? Tidigare ansåg man att grunda, varma hav var den miljö där livet bör ha utvecklats. Idag lyfter man fram behovet av en skyddade och stabil miljö för att liv ska kunna utvecklas.

Runt uppvällande heta källor i djuphavet finns ekosystem med bakterier som utnyttjar energin från kemiska föreningar som finns lösta i det heta vattnet. Jättemaskar och vissa blötdjur är exempel på organismer som utnyttjar energin från dessa bakterier. Kanske var det härnere i djuphavet som de första cellerna bildades.

Djupt under vår fötter, nere i sprickorna i den till synes sterila graniten lever och frodas en till stora delar oupptäckt värld av bakterier helt utan både syre och ljus. Bakterier har påträffats ner till 3 500 meters djup i ett borrhål i Siljansringen, men förmodligen finns bakterier på ännu större djup. Kanske var det i stället här, djupt nere i den skyddande berggrunden, som de första levande cellerna bildades?

Iakttä och undersök!

Upptäck den biologiska mångfalden i omgivningen och fundera över anpassningar och utveckling! I den andra delen av häftet presenteras exempel på organismer som lever i dag för att ge förståelse för vilka egenskaper som har utvecklats under livets historia som anpassningar till olika miljöer. Vi följer spåret från bakterier med fotosyntes via grönalger till landväxter.

En organismgrupp som lever idag härstammar inte från en annan nu levande organismgrupp. Alla organismgrupper som finns i dag har förändrats under en lång utvecklingshistoria. Man kan dock få en uppfattning om utvecklingshistorien genom att studera nu levande organismer.

Djupt nere i berget

Mikrobiologer från Göteborgs universitet undersöker förekomsten av bakterier i berggrunden för Svensk Kärnbränslehanterings (SKB:s) räkning. Syftet är att ta reda på om det finns bakterier som kan orsaka korrosionsskador på de kopparkapslar som det använda kärnbränslet ska kapslas in i. Det finns gott om bakterier i den till synes sterila graniten i SKB:s underjordiska forskningslaboratorium på Äspö utanför Oskarshamn. Hittills har cirka tvåhundra nya arter identifierats. Bakteriehalterna är dock mycket lägre än på jordytan och därför används PCR för att masskopiera DNA (se s 20).

Principen för att identifiera en okänd bakterieart är ganska enkel. Bakterieceller innehåller en gen som kodar för 16S rRNA, en RNA-molekyl som medverkar vid cellens proteinframställning. Genen från den okända bakterien masskopieras först genom PCR och nukleotidernas ordning fastställs. Denna jämförs sedan med sekvenser från andra arter som finns inlagda i internationella databaser, precis som man jämför fingeravtryck från olika förbrytare i ett kriminalregister. Passar inte det genetiska fingeravtrycket på någon av de kända bakteriearterna, så rör det sig om en ny art.

Bakterier har på ett unikt sätt anpassat sig till den högre temperaturen djupt nere i berget, de låga närings-

halterna och syrebristen. En viss bakterieart kan klara upp till 113° C. Många av bakterierna utnyttjar vätgas som energikälla och koldioxid för att bygga upp cellstrukturer. Specialisering, för att klara extrema miljöer, är ett sätt att undvika konkurrens. Genom att studera livet djupt nere i berggrunden kan vi förstå mer om de miljöer som var tänkbara för utvecklingen av det första livet.

Efterhand som organismernas genom kartläggs kan vi förstå allt mer av hur generna har förändrats och därmed dra slutsatser om släktskap och de tidiga organismernas egenskaper.

Livet och miljön interagerar

Det pågår ständigt ett samspel mellan de levande organismerna och den miljö de lever i. Miljöförändringar under jordens historia har förändrat villkoren för de levande organismerna, men organismer har också ändrat miljön och därmed förutsättningarna för andra organismer.

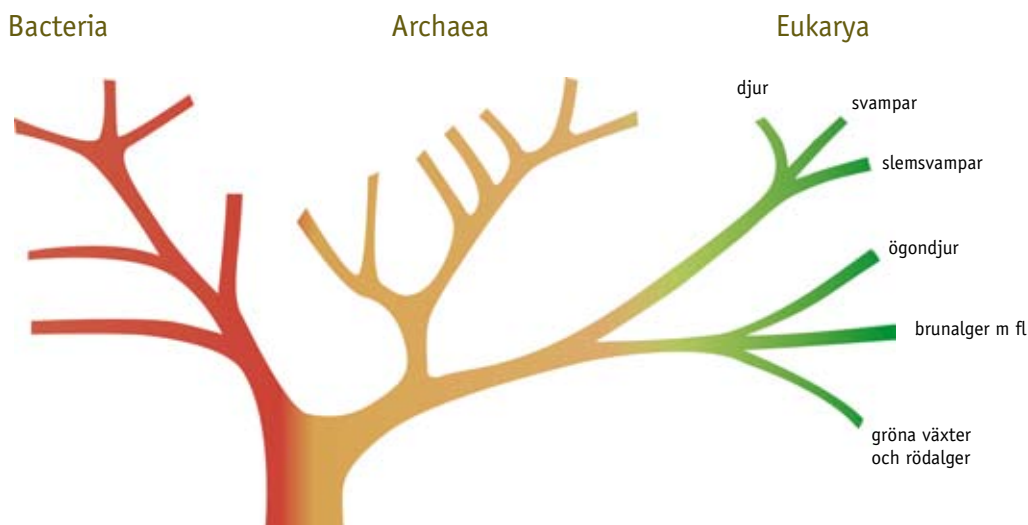
Tre domäner

Liv kan definieras som en avgränsad enhet (en cell) som har förmåga att omvandla kemiska ämnen och energi och som kan fortplanta sig. Det finns många likheter mellan de levande organismerna som visar att de har ett gemensamt ursprung. Kopieringen av DNA (replikationen) och

bildningen av proteiner (transkriptionen och translationen) fungerar på principiellt samma sätt hos alla organismer. Elektrontransportkedjan, den process då energirikt ATP bildas efter att elektroner successivt passerar membranbundna proteiner och når en slutlig elektronacceptor, finns hos organismer i alla tre domänerna som organismvärlden kan indelas i. Det innebär att det är möjligt att denna reaktionsväg har uppstått hos en organism som var föregångare till alla organismer som finns idag.

Genetiska undersökningar visar att alla levande organismer kan placeras in i tre huvudgrupper, så kallade domäner: Archaea, Bacteria och Eukarya. Trots att de är osynliga för ögat utgörs det överväldigande flertalet av de levande organismerna av bakterier och andra mikroorganismer. De medverkar vid omvandlingen av ett spektrum av kemiska ämnen, processer som bland annat innebär att atmosfären bildas och bibehålls. För att förstå villkoren för livet på jorden är det därför nödvändigt att studera mikroorganismerna. Organismer som hör till Archaea och Bacteria har stora likheter till det yttre och saknar cellkärna. Cellernas kemiska uppbyggnad och arvsanlagen uppvisar däremot stora skillnader. Att reda ut släktskapet mellan organismer inom Archaea och Bacteria är problematisk eftersom gener kan överföras på flera olika sätt mellan celler i samma generation. Detta kallas horisontell överföring, till skillnad från den genöverföring som sker mellan generationer.

Dagens organismvärld delas in i tre huvudgrupper arkéer (Archaea), bakterier (Bacteria), och eukaryoter (Eukarya). Arkéer och bakterier består av encelliga organismer medan eukaryoter kan vara antingen encelliga eller flercelliga.



The Tree of Life

”The Tree of Life Web Project” är ett samarbete mellan biologer över hela världen. På www.tolwebb.org finns tusentals sidor med information om levande organismer. Bilden med trädstrukturen symboliserar livet på jorden. Ytterst på trädets grenar finns de organismer som lever idag, några exempel finns avbildade. Målet för The Tree of Life-projektet är att varje grupp av organismer och även varje art, levande så väl som utdöd, ska ha var sin sida med information. En avdelning av webbsidan innehåller även tips och idéer för skolan.

Med början i någon av trädets huvudgrenar kan man klicka sig fram genom den systematiska hierarkin för att slutligen nå fram till en specifik art. Sök rätt på exempelvis människan.



Tidsbrickan

Ett urval av föremål och organismer kan användas för att diskutera evolution i relation till förändrade miljöförhållanden och anpassningar hos organismerna. Viktigt är att poängtera att organismerna representerar grupper. De har genomgått en utveckling och ser inte likadana ut som de ursprungliga.

Föremålen och organismerna placeras på brickor, samma uppsättning på varje bricka. Varje grupp använder en bricka och uppgiften blir att placera föremålen på brickan i den tidsordning de uppkom – från urttid till nutid. Gruppen diskuterar och motiverar för att komma överens om ordningen. Viktigt är att dokumentera arbetet. Brickans innehåll kan varieras alltefter syfte och mål.

Diskussionen börjar ofta med att gruppen går igenom och resonerar om vad det är som finns på brickan. Parallellt kommer funderingar kring i vilken ordning organismerna uppkommit. En del grupper kommer in på förutsättningar för att nya organismgrupper har kunnat utvecklas och när det skedde. De frågor eleverna ställer till varandra under diskussionen är bra att fånga upp och utgå från i den fortsatta undervisningen.

Brickan innehåller granit, blodstensmalm, lavasten, råolja, stenkol, förstenat trä, vattenprov med grönalger, vitmossa, stensöta, revlumner, skavfräken, tallkvist, Aralia, filtlav (Peltigera) som vanligen lever i symbios med cyanobakterier, agarplatta med bakterier (Micrococcus luteus) och en apelsin.





En trivsam miljö för arkeer men knappast för människor!

Domän Archaea

Arkéer kan leva i miljöer som få andra organismer klarar – de kan leva i varma källor (termofiler) eller i höga salthalter (halofiler). Till arkéerna hör också de mest extremt anaeroba organismer man känner, metanogenerna.

Termofila arkéer kan klara temperaturer över 100 °C och lever naturligt i varma källor. Sannolikt var de första arkéerna termofila. Enzymerna hos dessa bakterier är anpassade till den höga temperaturen.

Halofilerna trivs i höga salthalter och finns exempelvis i saltdammar, i Döda havet och på salt fisk. Vissa halofiler bildar en purpurröd färg beroende på ett ljuskänsligt pigment som är uppbyggt ungefär som det pigment som finns i ryggradsdjurens näthinna.

Metanogenerna lever i syrefria miljöer som exempelvis i sumpmarker, i bottenlammet i en näringsrik sjö eller i matsmältningskanalen hos växtätare, till exempel i våmmen hos idisslare. Metanogenerna bildar metangas som ingår i den biogas som produceras vid nedbrytning av organiskt material. På många håll i landet tar man vara på biogas som bildas i soptippar och vid rötning av slam från reningsverk.

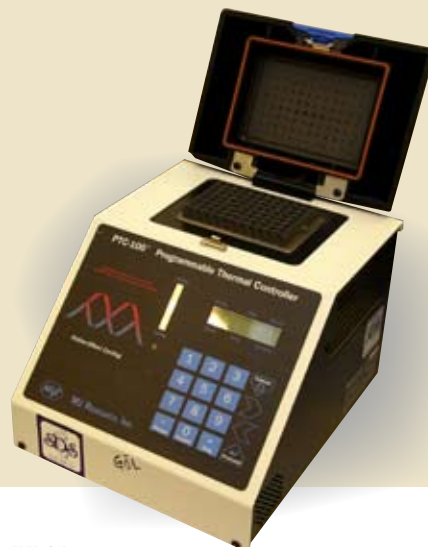
Enzym från Thermus aquaticus, en bakterie från domänen Bacteria, används för att masskopiera DNA med metoden polymeraskejdereaktion (polymerase chain reaction, PCR). Enzymet tål temperaturer upp till närmare 100 °C. Metoden används för att till exempel undersöka spår från en brottsplats eller vid släktskapsundersökningar.



Biogasreaktor

Biogasprocessen är idag högaktuell av flera anledningar. Den gör det möjligt att behandla olika typer av organiskt avfall och samtidigt producera miljövänlig energi (biogas) och en rötrest, som är rik på växtnäringsämnen. Biogasen innehåller brännbar metangas som kan användas till fordonsgas, samt till värme- och elproduktion. Många olika mikroorganismer, inklusive arkéer, medverkar i processen.

Gör ett modellförsök med en biogasreaktor. En flaska fylls med ett organiskt material innehållande biogasproducerande mikroorganismer, t. ex. kogödsel eller rötrest från en biogasanläggning (ej röt slam från ett reningsverk på grund av smittrisken). Mata mikroorganismerna med någon form av näringsrik föda, t.ex. källsorterat hushållsavfall. Sätt i en tättslutande gummipropp med slangförbindelse till en tom heliumballong. Följ gasproduktionen under några veckor. Se beskrivning på www.bioresurs.uu.se/skolprojektlinne





Cyanobakterie av släktet *Anabaena*

Domän Bacteria

Det finns en mängd arter av bakterier, flertalet ännu inte beskrivna, och variationen i energi- och ämnesomsättning är stor. I en liten volym av exempelvis jord eller naturvatten finns tusentals olika slags bakterier, de flesta säkert okända för forskare. Tidigare har det krävts att bakterier odlats för att deras metabolism och *genom* ska kunna kartläggas, men många bakterier är svåra att odla och hittills har endast cirka femtusen olika arter beskrivits. Ett nytt forskningsfält, *metagenomik*, handlar om att i stället förutsättningslöst analysera DNA-innehållet i olika naturliga miljöer.

Mer än sex miljoner nya gener och tusentals nya proteinfamiljer har upptäckts och tusentals nya enzymer har beskrivits i prover från havsvatten. Resultaten kommer från en världsomspännande vetenskaplig expedition ledd av forskaren Craig Venter (se s 8). Under expeditionen med *Sorcerer II* har prover tagits på havsvatten runt om hela jordklotet med 200 nautiska mils mellanrum. Proverna har filtrerats genom successivt allt finmaskigare filter. De hittills publicerade resultaten bygger på analyser av DNA från det filter som huvudsakligen fångat upp bakterier och virus.

Genom analyserna har förståelsen ökat för hur proteiners och proteinfamiljers funktioner förändrats med tiden. Till exempel finns det strukturer hos många av proteinerna i proteinfamiljerna från bakterier som liknar strukturerna hos eukaryoternas proteiner. Man kan därför anta att ett flertal av dessa proteinfamiljer fanns redan innan de tre domänerna utvecklades. Dessutom

har man upptäckt många nya proteiner som skyddar bakterier och virus från att skadas av UV-strålning

Även vi människor har naturligt en mängd bakterier både utanpå kroppen och exempelvis i tarmarna. Uppskattningsvis finns det mellan 500 och 1000 olika bakteriearter i tarmkanalen. Nyttiga bakterier hjälper till att bryta ner maten, medan andra bakterier kan orsaka skada. Exempelvis beror magsår på bakterien *Helicobacter pylori*. Totalt sett finns det mer än tio gånger så många bakterieceller i människans kropp som det finns mänskliga celler. Ett projekt för att beskriva det ekosystem av mikroorganismer som finns hos en människa har nyligen påbörjats. Genom att studera det mikrobiella samhället hos människor av olika ålder och hälsostatus hoppas forskare få klarhet i hur mikroorganismer ökar eller minskar risken för olika sjukdomar. Säkert har mikroorganismer större betydelse än vi vet om i dag.

Energi från solen

Fotosyntes förekommer i dag hos olika typer av bakterier och hos alger och växter. Fotosyntesen uppkom troligen tidigt i livets historia. I de första formerna av fotosyntes bildades inte syre och det finns fortfarande olika slags bakterier med fotosyntes som inte bildar syre, se försök på s 22. Det var först när cyanobakterierna uppkom som syre började produceras.

Försök med bakterier

Laborationerna nedan beskrivs utförligt på www.biore-surs.uu.se, se Skolprojekt Linné och Bioteknik i skolan.

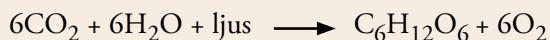
Bakterier som använder ljus

När organismer utvecklades, som kunde ta vara på energin från solen för att tillverka energirika ämnen, innebar det en stor urvalsfördel för dessa organismer. Gröna växter och cyanobakterier genomför fotosyntesen på samma sätt. Andra former av fotosyntes förekommer hos purpurbakterier, gröna svavelbakterier och gröna icke-svavelbakterier.

Ett enkelt och bra försök som visar olika slags fotosyntetiserande bakterier är att tillverka en Winogradskykolonn, ett miniatyresystem där ett brett spektrum av bakterier kan leva under lång tid.

Sediment och vatten hämtas från exempelvis en dyg sjö eller havsvik. Sedimentet blandas med cellulosa (t.ex. papper), kalciumkarbonat, ammoniumklorid, kaliumdivätefosfat och kalciumsulfat. Ett mätglas eller en smal glasburk fylls till hälften med blandningen och vatten tillsätts från samma miljö. Kolonnen får sedan stå belyst av en vanlig glödlampa under några veckor.

I kolonnens övre del är miljön syrerik med organismer som exempelvis alger och cyanobakterier, medan miljön successivt blir allt mer anaerob nedåt i kolonnen beroende på att bakterier förbrukar det syre som från början fanns i sedimentet. De anaeroba bakterierna i nedre delen av kolonnen reducerar sulfat till den giftiga och illaluktande gasen divätesulfid. Divätesulfid kan i sin tur användas av fotosyntetiserande bakterier (purpurbakterier och gröna svavelbakterier) som elektrondonator vid tillverkning av kolhydrater från koldioxid. Koldioxiden bildas i kolonnen av bakterier vid nedbrytning av det organiska materialet. Reaktionsformeln nedan visar fotosyntesen hos cyanobakterier, alger och växter:



Fotosyntesen hos purpurbakterier och gröna svavelbakterier avviker på så sätt att divätesulfid är elektrondonator och svavel bildas i reaktionen, jämfört med att vatten är elektrondonator hos växter och syre bildas. Reaktionen ger möjlighet för bakterierna att reducera koldioxid till användbart cellmaterial.

Olika arter av bakterier kommer att återfinnas på olika nivåer i kolonnen beroende på hur bra de tål divätesulfid. Överst i kolonnen och längs den sida som är vänd mot ljuset lever fotosyntetiserande organismer.

Från kolonnens övre del och nedåt kan ofta följande färgskiftningar och organismer återfinnas:

- Blågrön-grön zon: alger, cyanobakterier
- Röd zon: purpurbakterier
- Grön zon: gröna svavelbakterier
- Svart zon (med utfälld järnsulfid): sulfat- och svavelreducerande bakterier

STUDERA OCH IAKTTA

Studera kolonnen regelbundet under cirka sex veckor.

- Ge några exempel på bakterier som kan finnas i kolonnen med ledning av färgnyanserna.
- Vilka energikällor utnyttjar dessa organismer?
- Jämför kolonnen med naturliga miljöer.



Winogradskykolonner kan användas för att visa exempelvis fotoautotrofa bakterier och för att illustrera svavelomsättning i aeroba och anaeroba miljöer. Kolonnerna ovan har utvecklats olika beroende på skillnader i grundmaterial och tillsatser. Den vänstra kolonnens röda färg visar att det finns purpurbakterier, sannolikt av typen fotoautotrofa purpursvavelbakterier. Den gröna färgen i kolonnen t.h. indikerar fotoautotrofa gröna svavelbakterier troligen tillsammans med cyanobakterier. Den svarta färgen i nedre delarna av kolonnerna visar på anaerob miljö och sulfat- och svavelreducerande bakterier.

Överallt finns det bakterier!

Pröva att odla upp bakterier från omgivningen på agarplattor med ett allsidigt näringsmedium. Undersök exempelvis:

- bakterier från luften genom att låta agarplattor stå öppna under en viss tid i olika miljöer.
- bakterier från ytor genom att trycka olika föremål mot agarytan.
- extrakt av olika jordar.

MATERIAL

petriskålar, Nutrient agar (NA) eller annat allsidigt näringsmedium

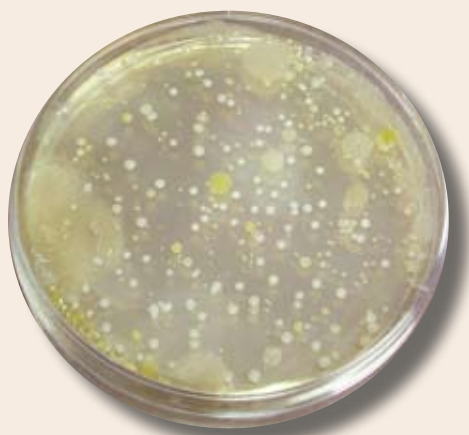
Hitta enstaka bakterier

Ibland vill man skilja ut enstaka bakterier från en blandning av många olika arter och odla upp en renkultur av denna bakterie. Det är också viktigt att kontrollera bakteriekulturer så att de inte kontamineras av okända bakterier. I båda fallen använder man en metod där man successivt späder ut bakterierna från blandningen. Metoden används också i den forskning som beskrivs på sidan 5 som handlar om att följa successiva genetiska förändringar hos bakterier.

Använd ympnål och gör upprepade utstryk på en agarplatta. Bränn av ympnålen mellan varje utstryk. Ett foto som visar resultatet efter det att plattan inkuberats visas till höger.

MATERIAL

Bakterier hämtade från lösning eller platta, platta med Nutrient agar (NA) eller annat allsidigt näringsmedium, ympnål, gasolbrännare



Agarplattan har stått öppen och bakterier har fallit ned på ytan. Varje koloni härstammar från en enda bakterie som genomgått successiva delningar och bildat en koloni.



Utstryk av Micrococcus luteus. Tre successiva utstryk har gjorts. Det tredje utstryket visar enskilda kolonier. Varje koloni härstammar från en enda bakterie. Utstryket visar att det bara finns en sorts bakterie på plattan.

Säkerhet vid arbete med bakterier

Ta hänsyn till följande säkerhetsaspekter vid de försök som beskrivs på detta uppslag. På www.bioresurs.uu.se/ säkerhet finns anvisningar för mikrobiologiskt arbete som utarbetats i samarbete med Arbetsmiljöverket. Här finns också förslag till en blankett att använda vid riskbedömning.

1. Bakterier som använder ljus

Inga farliga kemikalier används. När du tömmer kolonien, använd handskar och sørj för god luftväxling.

2. Överallt finns det bakterier

Agarplattor med okända mikroorganismer ska tejpas igen innan inkuberingen och får sedan inte öppnas igen. Efter avläsning ska plattorna destrueras genom till exempel autoklavering.

3. Hitta enstaka bakterier

Odla inte upp okända bakterier. Använd endast klass I-organismer. Försöket kräver vana vid mikrobiologiskt arbete.

Cyanobakterier

Upptäck cyanobakterierna och du märker att spåren leder mot de mest oväntade håll. Det kan handla om allt från att lösa problemen med algblooming i Östersjön till att förstå varför befolkningen på Guam, en ö i västra Stilla havet, drabbats av allvarliga hjärnskador.

Cyanobakterier finns över hela jorden och i olika slags miljöer, men de flesta arterna finns i sötvatten. Vissa arter lever i symbios, exempelvis tillsammans med svamp i lavar. Cyanobakterier kan även leva tillsammans med mossor. De skiljer sig från andra fotosyntetiserande bakterier genom att i likhet med växterna ha klorofyll a. De har även andra färgämnen exempelvis det blå färgämnet fykocyanin som tillsammans med klorofyll ger en blågrön färgton åt de flesta cyanobakterier.

Viktigt utvecklingssteg

Det var först när cyanobakterier utvecklades som fotosyntes med syreproduktion uppkom. Produktionen av syre fick stora konsekvenser för livet på jorden som hittills varit anpassat till en anaerob miljö. Syrgasen reagerade med lösta järnjoner och bildade järnoxid som fälldes ut till sediment. Sedimenten hårdnade efterhand till järnhaltiga bergarter. Åldersbestämning av bergarterna visar att denna process startade för cirka 2,7 miljarder år sedan. När allt tillgängligt järn reagerat med syre ökade syrehalten i atmosfären och katastrofen för många anaeroba bakterier var ett faktum. Många syreföreningar är farliga, exempelvis väteperoxid och syreradikaler reagerar med DNA och andra makromolekyler och skadar därför levande organismer.

Syrgasen i atmosfären har på många sätt betydelse för livet på jorden inte minst genom att en syrerik atmosfär är förutsättningen för att ett ozonskikt ska kunna bildas. Detta hindrar farlig UV-strålning från att nå jordytan och därmed ges möjlighet till ett liv på land.

För mycket fosfor och för lite kväve

När det bildas en grön soppa i sjöar och hav, så kallad algblooming, kan det bero på massförekomst av cyanobakterier. Att bada i eller dricka sådant vatten kan vara farligt eftersom cyanobakterier ibland bildar giftiga ämnen. I Östersjön återkommer algbloomingar med cyanobakterier regelbundet varje sommar och en diskussion har pågått under lång tid om hur detta problem ska lösas. Man anser nu att algbloomingen gynnas av höga halter fosfor, låg halt oorganiskt kväve och varmt vatten. Många arter av cyanobakterier kan fixera luftens kväve

och har en konkurrensfördel i förhållande till alger som inte klarar av denna process. Cyanobakterierna gynnas därför av låga kvävehalter. Forskare anser att den mängd kväve som cyanobakterierna tillför Östersjön genom kvävefixering till och med kan vara lika stor som den kvävemängd som tillförs beroende på mänskliga aktiviteter.

Cyanobakterierna är nödvändiga för livet på jorden samtidigt som massförökningen av cyanobakterier medför problem. De är viktiga som en näringsbas i haven och kvävefixeringen är nödvändig för att ge biologiskt tillgängliga kväveföreningar.

En fascinerande gåta

På ön Guam i västra Stilla havet drabbas befolkningen av en sjukdom med symtom som liknar ALS, Parkinsons sjukdom och Alzheimers sjukdom. Orsaken till sjukdomen var länge okänd men nu anser man att den beror på ett gift som bildas av cyanobakterier som lever i symbios med kottpalmer. Giftet koncentreras i kottalpalmens frön. Dessa äts av flygande hundar som i sin tur är en mycket uppskattad delikatess för befolkningen, som kokar dem i kokosnötsmjölk och äter de flygande hundarna hela. För varje steg i näringskedjan koncentreras giftet och mängden gift hos befolkningen blir så hög att skador på nervceller i hjärnan uppkommer. Det gift som finns i cyanobakterierna på Guam finns också i många andra arter av cyanobakterier.

Vätgas – morgondagens energi?

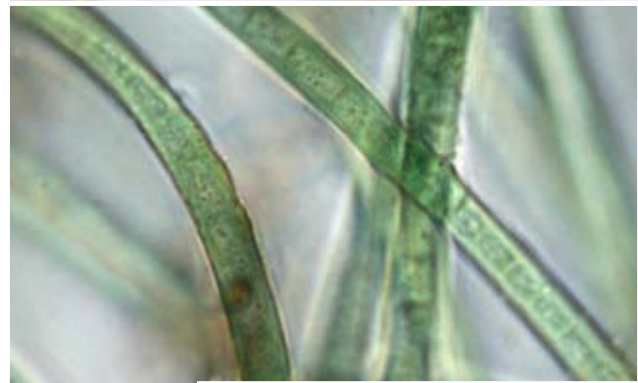
Hur ska vi klara energiförsörjningen i Sverige och världen? Varken olja, kol, kärnkraft, vattenkraft, biobränslen eller vindkraft är utan miljöproblem. Önskvärt vore att som fotoautotroferna kunna ta vara på energi direkt från solen. Många forskare studerar fotosyntesen för att lära sig mer om hur solenergi används vid tillverkning av energirika kolhydrater. Med utgångspunkt i fotosyntesen hos levande organismer pågår försök med att designa artificiella system för energiproduktion. Är artificiell fotosyntes med produktion av vätgas kanske lösningen på energiproblemen?

Vätgas bildas av cyanobakterier som en biprodukt vid kvävefixering. Eftersom vätgasen är energirik och kan användas av bakterierna, så återvinner de som regel den producerade vätgasen och ingen vätgas kommer ut i omgivningen. Forskning pågår vid bland annat Uppsala universitet med att frikoppla vätgasproduktionen för att eventuellt i framtiden kunna använda vätgas från cyanobakterier som energikälla.

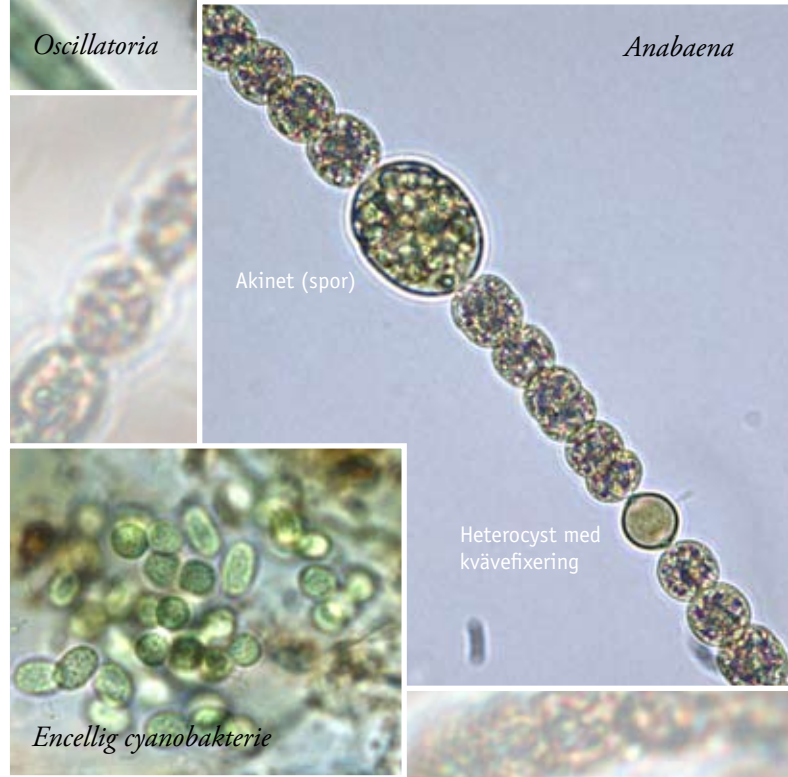
Uppgifter

1. Problemet med algblomning i Östersjön är mycket komplicerat och beror på många faktorer. Diskutera orsaker, samband och förslag till lösningar.
2. Hur yttrar sig sjukdomar som ALS, Parkinsons sjukdom och Alzheimers sjukdom och vilka skador får de drabbade patienterna?
3. Hur fungerar fotosyntesen? Hur kan man utnyttja kunskap om fotosyntesen för att få fram vätgas via artificiell fotosyntes?
4. Studera planktonprov och sök efter olika slag av cyanobakterier. Cyanobakterier har små celler och vanligen en blågrön färg.
5. Odlar cyanobakterier i näringslösningar utan kväve och med olika halt av fosfor.
6. Separera plastidfärgämnen med papperskromatografi och jämför organismer som hör till olika grupper (cyanobakterier, alger, gröna växter). Hos fotoautotrofer fångas energin i ljuset upp av speciella pigment-proteinkomplex. De pigment som framförallt absorberar ljuskvanta till fotosyntesen är klorofyllerna. Dessutom finns ytterligare pigment som är röda och gula – antocyaner, karotenoider och xantofyller. Deras funktion kan vara att locka pollinatörer till blomväxter eller att hjälpa klorofyll att fånga in ljus, men de kan också skydda växten mot för mycket ljus. De flesta pigment kan separeras med papperskromatografi. På resurscentrums webbsida beskrivs hur det går till att separera, isolera och identifiera de viktigaste plastidpigmenten hos några olika fotoautotrofer. Pigment-sammansättningen hos olika grupper av autotrofer jämförs och visar släktskapet mellan organismgrupperna.

Laborationerna beskrivs utförligt på www.bio-resurs.uu.se, se Skolprojekt Linné.



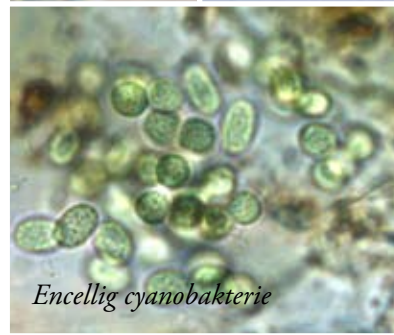
Oscillatoria



Anabaena

Akinet (spor)

Heterocyst med kvävefixering



Encellig cyanobakterie



Homoeothrix



Bildserien visar ciliaten *Ophrydium versatile*. De stora ringarna markerar framdelen med cilier. De små ringarna visar en födopartikel som individen försöker fånga.

Domän Eukarya

En eukaryot cell är betydligt mer komplicerat byggd än en cell från domänerna Arkaea eller Bacteria. Eukaryota celler är också större. De har cellkärna, samt flera andra organeller. Genom att eukaryota celler uppkom fanns förutsättningar för en utveckling av flercelliga organismer med komplicerad byggnad och betydligt större storlek.

Endosymbiont teorin

För cirka två miljarder år sedan inträffade en av de viktigaste händelserna under livets utveckling på jorden – det som gav förutsättningar för att flercelliga varelser inklusive människan skulle kunna utvecklas. Från början självständiga bakterier slukades av större bakterier. De mindre cellerna integrerades i den större cellen och kunde efterhand inte leva på egen hand. På detta sätt bildades mitokondrier och kloroplaster.

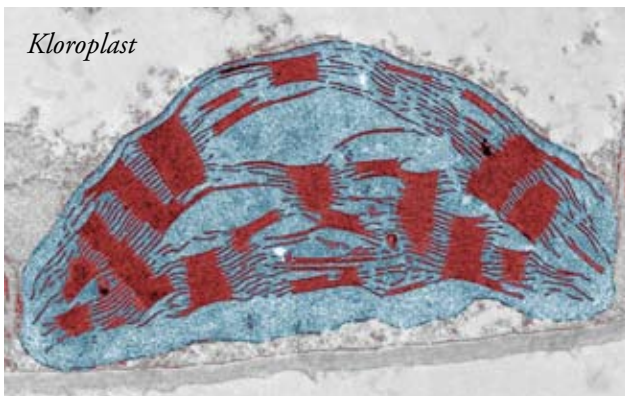
Kanske var det så att när syrehalten i atmosfären hade stigit till en farligt hög nivå blev det fördelaktigt för anaeroba bakterier att ta upp andra bakterier som hade utvecklat förmåga till cellandning. Dessa bakterier kunde utvinna energi genom att bryta ner organiska ämnen i en process där syre togs tillvara och oskadliggjordes. Bak-

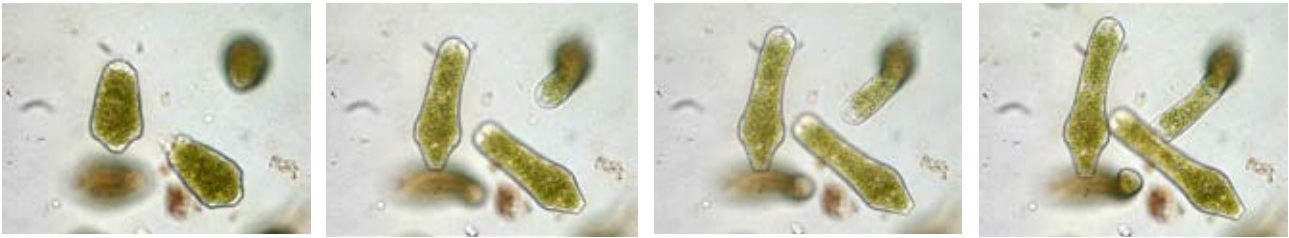
terierna med förmåga till cellandning utvecklades till de mitokondrier som finns i dagens eukaryota celler.

För cirka 2,2 miljarder år sedan ökade atmosfärens syrehalt snabbt till mer än 10 % av dagens nivå. Troligen påbörjade eukaryota celler vid den här tiden ett samarbete med cyanobakterier. Den ökade syrehalten kan bero på att de eukaryota cellerna med fotosyntes var mer effektiva syreproducenter än frilevande cyanobakterier.

Eftersom alla eukaryota celler har mitokondrier medan kloroplaster saknas hos djur och svampar är det mest sannolikt att de bakterier som utvecklades till mitokondrier kom först och de blivande kloroplasterna senare. Denna modell för hur eukaryota celler bildades kallas *endosymbiont teorin* (*endo* = inuti) och är i dag den helt dominerade förklaringsmodellen. Teorin stöds av att mitokondrier och kloroplaster:

- har en ring av DNA. Om man jämför DNA från mitokondrier och bakterier visar det sig att mitokondrien sannolikt härstammar från gruppen alfaproteobakterier. (Till denna grupp räknas *Rhizobium*, kvävefixerande bakterier som lever i symbios med ärtväxter.) Motsvarande undersökning visar att kloroplasterna härstammar från cyanobakterier. (Den gen som används för jämförelser bildar 16S rRNA som ingår i ribosomerna.)
- förökas genom delning.
- har innermembran med enzymer och transportsystem som är homologa med dem som finns i membran hos nu levande bakterier.
- har egna ribosomer av bakterietyp (mindre än de ribosomer som finns i den eukaryota cellen). Antibiotika som skadar ribosomer i frilevande bakterier skadar även mitokondriernas och kloroplasternas ribosomer.





Ciliaten drar blixtnsabbt i hop sig, men sträcker snabbt ut sig igen.

Djur och eller alg?

Ibland kan det vara svårt att avgöra till vilken grupp en organism hör. På bilderna ovan syns en kolonibildande organism. Den rör sig snabbt som ett djur och har cilier för att fånga in födopartiklar samtidigt som cellerna innehåller en mängd gröna partiklar. Organismen är en ciliat, *Ophrydium versatile*. Den bildar en koloni i form av en grön centimeterstor geléboll som förekommer i sjöar. Kolonin blir ett miniekosystem med ciliater i ytskiktet och en mängd olika små planktonorganismer som lever inne i gelébollen. Inuti varje ciliat finns flera hundra encelliga grönalger (t.ex. *Chlorella*) som endosymbionter. Ciliaten får på detta smarta sätt god tillgång till fotosyntesprodukter.

En annan intressant grupp är euglenorna, en grupp av encelliga alger som har klorofyll a och b i likhet med grönalger och växter. De lever som autotrofer med fotosyntes när det är ljust men övergår till att bli heterotrofer och ta upp organiskt material när det är mörkt. Euglenor har en ljusdetektor som reagerar på ljus och en färgad ögonfläck. I likhet med djuren saknar de cellvägg. En laboration, där många intressanta egenskaper hos euglenor kan studeras, finns på www.bioresurs.uu.se/skolprojektlinne.

Behövs sex?

Sex uppfanns av eukaryoterna, men vad är sex bra för? Vid sexuell förökning bildar föräldragenerationen haploida hon- och hanceller som smälter samman och en ny individ börjar utvecklas. Sexuell fortplantning innebär att en omkombination av gener sker och avkomman kommer att skilja sig genetiskt från föräldrarna. Vid asexuell fortplantning får föräldraindividen och avkomman samma genetiska uppsättning. Asexuell förökning ger i vissa avseenden en större säkerhet och kräver mindre resurser, men trots det förekommer sexuell förökning hos flertalet eukaryoter.

I varje generation begränsar antalet honor hur stor

avkomman kan bli. Hos exempelvis bladlöss sker tidvis enbart en asexuell fortplantning då enbart honor bildas. Populationstillväxten blir då betydligt snabbare än vid sexuell fortplantningen då både hanar och honor bildas. Man brukar ibland hävda att fördelen med sexuell fortplantning är att avkomman får en stor genetisk variation och därmed varierande egenskaper och att detta är fördelaktigt vid framtida miljöförändringar. Men det naturliga urvalet verkar här och nu och gynnar de individer som har sådana egenskaper att de får flest avkomma.

När under evolutionen av de levande organismerna uppstod sex? Bakterier har asexuell fortplantning. När bakterier förökar sig kopieras den cirkulära bakteriekromosomen och sedan delas själva cellen så att två nya celler uppstår. Det är viktigt för alla levande organismer att kunna förändras genetiskt för att nya egenskaper ska uppstå. Mutationer inträffar hos bakterier liksom hos andra organismer, men bakterier kan även ta upp främmande DNA på olika sätt. Fritt DNA kan tas upp från omgivningen (transformation), DNA kan överföras med virus som infekterar bakterier (transduktion), men det som mest liknar sex är konjugation då DNA överförs från en bakterie till en annan via en kanal som kallas sexpili.

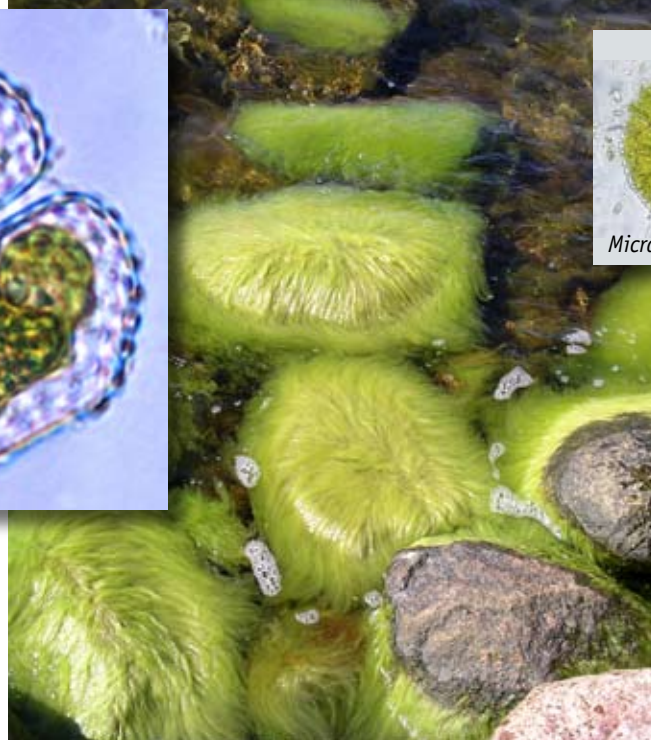
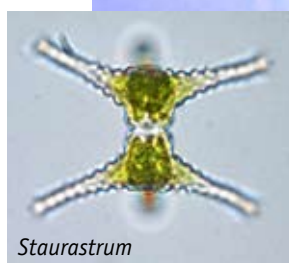
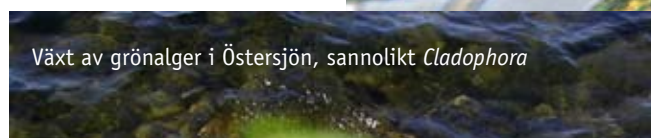
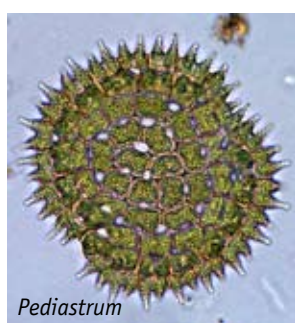
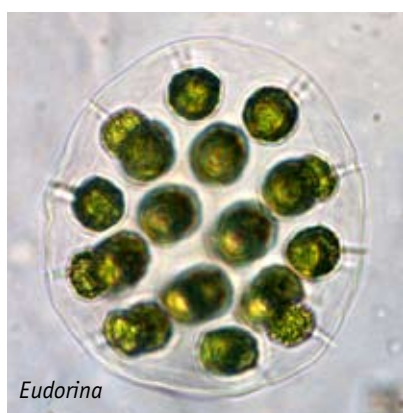
Hos eukaryoter kan fortplantningen gå till på mycket olika sätt. Asexuell fortplantning förekommer likväl som sexuell. Könsceller kan vara lika stora eller också ha mycket olika storlek. En definition på kön är att en hane bildar små, rörliga könsceller och en hona stora, orörliga könsceller. Generationsväxlingar mellan stadier som har enkel kromosomuppsättning (haploida) och stadier som har dubbel kromosomuppsättning (diploida) kan ske på olika sätt. En eukaryot cell har sitt *genom* skyddat av ett kärnmembran vilket gör att regleringen av generna och replikationen av DNA kan genomföras på ett säkrare sätt. När och hur uppstod meios, som innebär att kromosomtalet halveras i könscellerna, och processen när två haploida könsceller smälter samman till ett embryo som utvecklas till en ny individ? Ja, det kan vi inte säkert veta, men helt klart är det en smart metod för fortplantning.

Mikroskopet hjälper dig sortera

Grönalger

Grönalger, så väl som landväxter, har klorofyll a och b, cellulosa i cellväggarna och stärkelse som huvudsakligt upplagringsämne. Inom gruppen grönalger finns goda möjligheter att studera evolutionen av flercelliga organismer. Bilderna visar encelliga, kolonbildande och

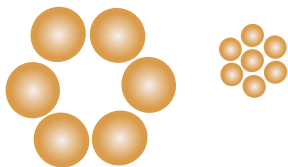
flercelliga grönalger hämtade från saltvatten så väl som från olika typer av sötvatten. De flercelliga grönalgerna kan vara trådformiga (grenade eller ogrenade) eller ha celler som bildar ett skikt. Sök efter bilder som visar olika typer av grönalger.



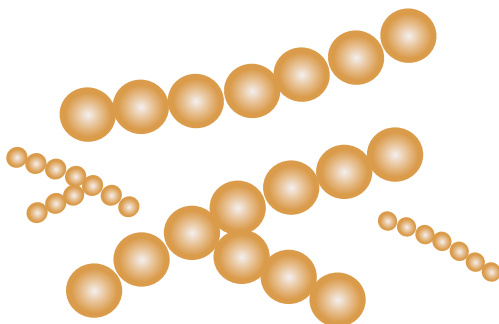
Encelliga grönalger



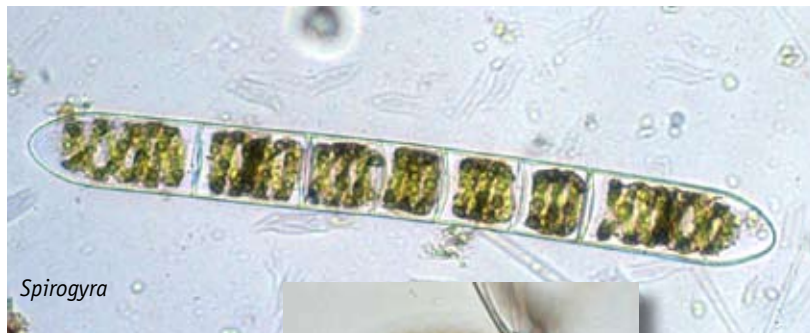
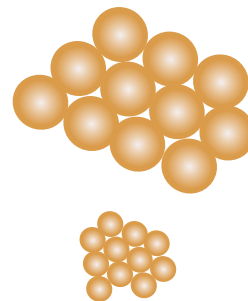
Kolonbildande grönalger



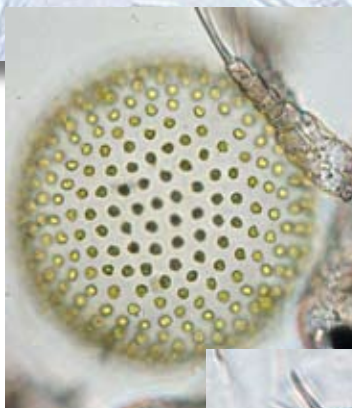
Flercelliga grönalger – trådformiga, greniga eller ogenade



Flercelliga grönalger – cellerna bildar en yta



Spirogyra



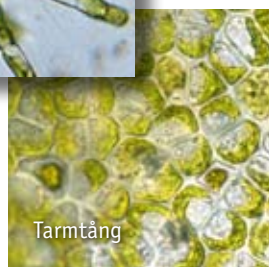
Micrasterias



Xanthidium



Staurastrum



Tarmtång



Closterium

Utveckling till landlevande växter

Den cellinje som etablerat samarbete med cyanobakterier och bildat eukaryota celler med förmåga till fotosyntes, utvecklades vidare till rödalger och grönalger.

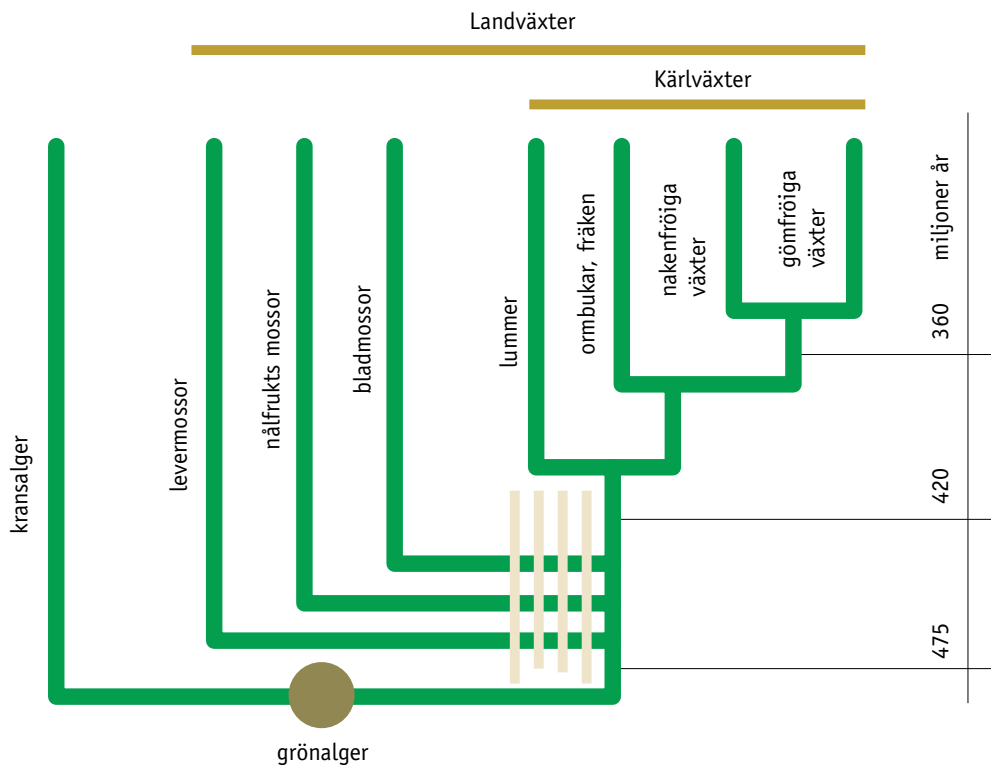
Grönalgerna, närmare bestämt den grupp inom grönalger som kallas kransalger, är de närmaste föregångarna till landväxterna. Det betyder inte att landväxterna härstammar från de kransalger som finns idag, dessa har ju också hunnit utvecklas vidare, men man kan få en uppfattning om utvecklingshistorien genom att studera nu levande organismer. Man räknar med att landväxterna bildades från grönalger för åtminstone 475 miljoner år sedan.

Del av kransalg



Uppgifter

1. I vattenprov från exempelvis en sjö eller damm finns ofta en mängd olika grönalger. Använd mikroskop och planktonprov eller bilderna på föregående uppslag för att söka rätt på encelliga, kolonibildande och flercelliga grönalger.
2. Vilka generella funktioner måste finnas hos både encelliga och flercelliga organismer?
3. Vilka är fördelarna för en organism att ha många celler jämfört med att bara ha en cell?
4. På vilka sätt kan cellerna i en koloni eller en flercellig organism organiseras för att kontakterna med omgivningen (exempelvis näringsförsörjning och avfallshantering) ska bli så effektiva som möjligt?
5. Vissa organismer är radiärsymmetriska, till exempel maneter och sjöstjärnor, medan andra organismer är bilaterala med en långsmal struktur och en fram- och en bakända. Vilka fördelar och nackdelar finns med respektive organisation?



Släkträdets visar de olika grupperna inom växterna som alla har sitt ursprung i grönalger.

Mossor

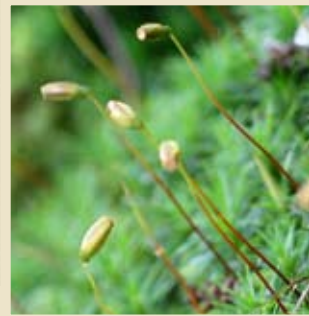
Tänk en disig höstdag, några plusgrader och alldeles vindstill. En liten utflykt till den närmaste skogen väntar. Ha inte för bråttom – det gäller att ge sig tid att upptäcka variationen i former och färger. Mossorna på marken i granskogen är inte bara ett grönt täcke utan fullt av nyanser från lysande blågrönt till mörkt brungrönt. Växtsättet varierar. Mossor kan ha grenade eller ogrenade skott och mycket variabla bladformer. En del arter har en platt bål utan stam och blad. I mikroskop framträder detaljer i celler och strukturer som skiljer arter som annars kan vara svåra att identifiera.

Mossorna delas in i tre grupper med totalt cirka tusen arter i Sverige. Flest arter har gruppen bladmossor (ca 75%), därefter följer levermossor (ca 25%) medan nålfruktsmossor bara representeras av två arter i Sverige. Det råder för närvarande osäkerhet om ursprunget till de tre grupperna. Vissa forskare anser att grupperna utvecklats var för sig.

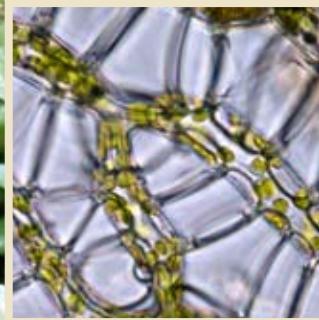
Mossorna utgör ett utvecklingsstadium mellan vissa grönalger och kärlväxterna. Även om mossor som lever idag har förändrats så är de intressanta att studera eftersom de visar olika egenskaper som har betydelse för anpassningen till landlev. De är överlag mycket tåliga mot uttorkning. Fossil av mossor är sällsynta, de äldsta fynden är cirka 375 miljoner år gamla.

Mossorna liknar både grönalger och kärlväxter genom att de bildar klorofyll a och b, men skiljer sig från kärlväxterna eftersom de saknar egentliga kärl och klyvöppningar på bladen. Många mossor har tunna trådar, rhizoider, som fäster mossplantan vid underlaget, men några rötter finns inte som kan ta upp vatten och närsalter. Bladen är tunna och består ofta av endast ett cellager. Vatten och närsalter tas upp direkt av alla växtdelar.

Han- och honorganen kan finnas på samma mossplanta eller också finns de på skilda individer. Mossorna är beroende av vatten vid sin fortplantning då hancellerna simmar över till honcellerna och en befruktning sker. Det förekommer även att hoppstjärter sprider köns-celler. Efter befruktningen växer sporofyten med sporkapsel upp från honorganet på gametofyten. Mossorna förökas med sporer som bildas i sporkapseln. Det är gametofytgenerationen med enkel kromosomuppsättning som dominerar och bildar mossplantan. Endast sporofyten (sporkapsel med skaft) har dubbel kromosomuppsättning. Mossorna är de enda nu levande landväxterna där gametofytgenerationen dominerar.



Björnmossa (Polytrichum commune) växer i fuktiga miljöer. Mossan har ett enkelt kärlsystem i stammen. T.h. sporkapslar.



Bilderna visar praktvitmossa (Sphagnum magellanicum). Vitmossans blad har celler som kan fyllas med vatten, men som också klarar uttorkning.



Smala blad hos mossor hindrar uttorkning och ett kuddformat växtsätt bevarar fukten. De stora tuvorna består av bl.a. kvastmossa (Dicranum)



Bilden ovan: Regnskog från Australien. De flera meter höga trädorbunkarna ger en föreställning om hur det kan ha sett ut under tidsperioden karbon då högväxta skogar av ormbunkar, fräken och lummer var vanliga.



Ginkgo biloba - ett levande fossil. Släktet fanns redan för 200 miljoner år sedan.



Revlumner



Skavfräken

Kärlväxter

Kärlväxterna delas in i tre grupper: lummerväxter, ormbunksväxter och fröväxter. Hos kärlväxterna dominerar det stadium som har dubbel kromosomuppsättning (sporofyten). Denna skillnad jämfört med mossorna innebär att kärlväxterna kan bli betydligt större. Ett annat viktigt steg i utvecklingen är att kärlväxterna har kärl och rötter för upptag och transport av vatten och närsalter. Det innebär att kärlväxter kan växa sig större eftersom de har en bättre vatten- och näringstillförsel. Man har nu funnit de gener som kontrollerar utvecklingen av de encelliga rothår som bildas på rötter hos kärlväxter och som är viktiga för upptag av vatten och närsalter. Dessa gener finns också hos mossor och styr bildningen av bland annat rhizoider. Kärlväxterna har blad med klyvöppningar till skillnad mot mossorna. Klyvöppningarna kan stängas och kan ibland vara insänkta i bladet – allt för att minska avdunstningen. I torra miljöer har växterna utvecklat särskilt tjockt ytskikt (kutikula med vaxlager) som skydd mot uttorkning.

De första fossilen av föregångarna till dagens kärlväxter är cirka 420 miljoner år gamla. Lummerväxterna är den mest primitiva av de tre grupperna av nu levande kärlväxter och de arter som finns idag kan betraktas som relikter från landväxternas tidigaste historia. Under tidsperioden karbon (363-290 miljoner år) var sumpmarker med högväxta skogar av ormbunkar, lummer och fräken vanliga. De stora skogarna band mycket av luftens koldioxid och forskare anser att jordens klimat under denna period blev kallare och glaciärerna större. Växtrester från de stora skogarna bevarades i sumpmarkerna, täcktes över av sediment utan att fullständigt brytas ner, och under årmiljoners lopp har växtmaterialet omvandlats till kol. Det är paradoxalt att de växter som under sin livstid orsakade en temperatursänkning nu bidrar till en höjning av jordens temperatur beroende på att vi alltför snabbt frigör den bundna energin.

Fröväxter

De nakenfröiga växterna, dit bland annat barrträden hör, är äldst bland fröväxterna och har funnits i cirka 360 miljoner år. De dominerade växtvärlden under dinosauriernas tidsålder (250-65 miljoner år). Blomväxterna uppstod för cirka 130-140 miljoner år sedan, men det var först efter dinosauriernas tid som de blev dominerande. De två grupperna av blomväxter: enhjärtbladiga och tvåhjärtbladiga växter utvecklades parallellt. De tvåhjärtbladiga växterna är nu den mest artrika gruppen.

Ett blommornas ABC

Blommornas värld rymmer en enorm mångfald; kanske en kvarts miljon arter. Likväl, om man tittar närmare, är alla blommor uppbyggda enligt samma princip. De allra flesta har, i vid mening, fyra kransar med blomorgan. Ytterst i blomman finns en krans med foderblad som ofta är gröna och skyddar blomman under utvecklingen. Innanför foderbladen bildas kronblad, ofta färggranna med funktion att locka pollinatörer till blomman. Innanför kronbladen finns de sexuella organen, med pollenbildande ståndare ytterst och fröämnesbildande karpeller i mitten. Karpellerna kan vara en eller flera och bildar tillsammans pistillen, som utvecklas till en frukt där det befruktade fröämnet blir till ett frö.



ABC-modellen

Nyckeln till att förstå hur blomans utveckling kontrolleras är att studera blommor som avviker från det normala. En vild ros har normalt fem foder- och fem kronblad som omger ståndare och pistill, men i blomsterhandeln finner du säkert muterade rosor som är fyllda av kronblad och som saknar både ståndare och pistill. Vad beror det på att det bildas blommor som är fyllda av kronblad i stället för ståndare och pistill?

I slutet av 80-talet företog två forskargrupper systematiska sökningar efter mutanter med avvikande blommor hos backtrav (*Arabidopsis thaliana*) och lejongap (*Antirrhinum majus*). Båda grupperna fann mutanter som de delade in i tre klasser: A, B och C.

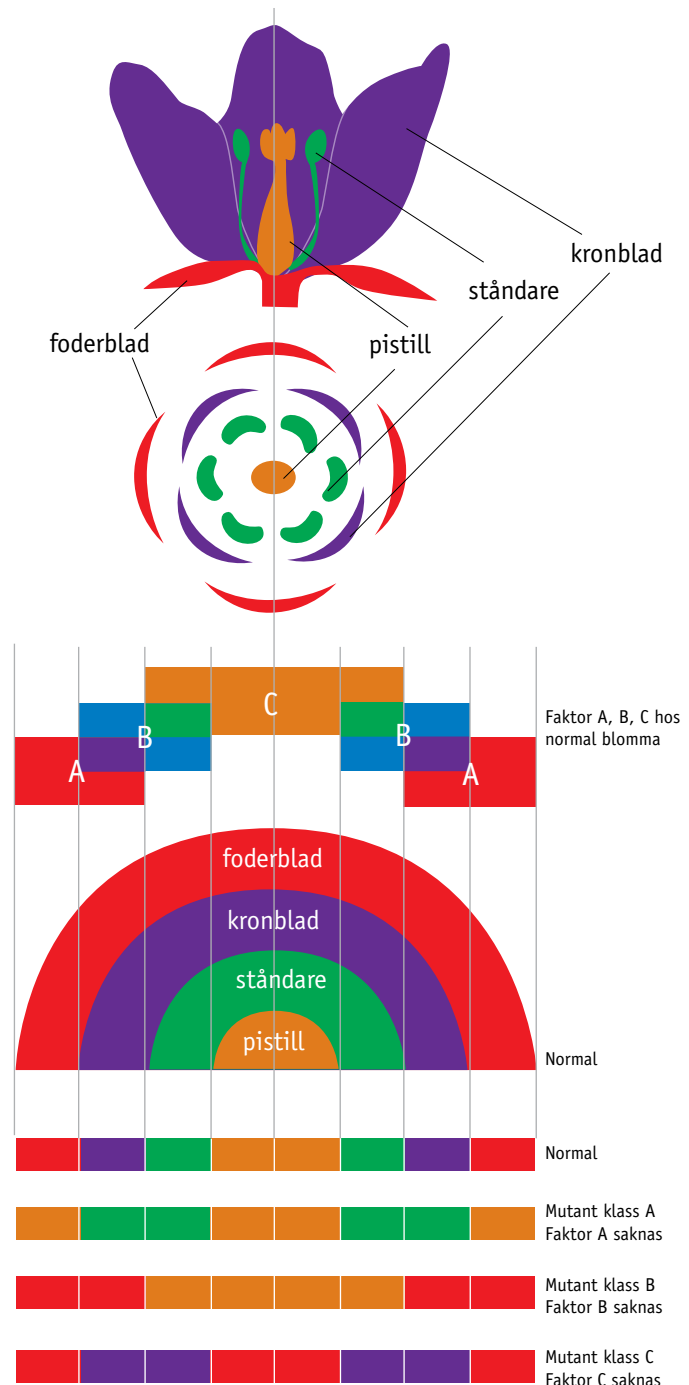
Mutanterna i klass A hade karpeller i stället för foderblad och ståndare i stället för kronblad. Normala ståndare och karpeller bildades i mitten. Ordningen blev utifrån och in: karpeller, ståndare, ståndare, karpeller. De yttre organen bildades alltså med ändrad identitet.

I klass B fanns mutanter som i stället för kronblad och ståndare bildade foderblad och karpeller, alltså utifrån och in: foderblad, foderblad, karpeller, karpeller. Klass C innehöll mutanter med kronblad istället för ståndare och foderblad istället för karpeller, dvs. i ordning utifrån och in: foderblad, kronblad, kronblad, foderblad. Observera att det alltid var två närliggande kransar som påverkades hos de tre olika mutantklasserna.

De två forskargrupperna kom oberoende av varan-

dra fram till en enkel modell för att beskriva hur de tre klasserna av mutanter kunnat uppstå. Modellen förutsäger att tre faktorer, A, B och C verkar tillsammans för att bestämma identiteten av de fyra olika blomorganen. Där foderblad bildas är faktor A ensam aktiv, där kronblad bildas är A aktiv tillsammans med B, där ståndare bildas är B aktiv tillsammans med C, och där karpeller bildas är enbart C aktiv (se figur).

Modellen förutsäger vad som händer om man tar bort någon av faktorerna: ta bort B och du har kvar två yttre



kransar med A-aktivitet och två inre med C-aktivitet. Resultatet blir utifrån och in: foderblad, foderblad, karpeller, karpeller (klass B-mutant). För A och C behövs man göra antagandet att de två faktorerna på något sätt motverkar varandra. Ta bort A, och C expanderar och du får utifrån och in C, BC, BC, C = karpeller, ståndare, ståndare, karpeller (klass A-mutant). Med C borta får vi på motsvarande sätt A, AB, AB, A = foderblad, kronblad, kronblad, foderblad (klass C-mutant). Modellen förutsäger också att om du tar bort *både* B och C får du kvar bara A, och alla organ bildas som foderblad.

Regulatoriska gener kontrollerar organidentitet

ABC-modellen förutsade alltså att tre faktorer, A, B och C, skulle finnas. Nästa steg blev då att identifiera de gener som var muterade hos A, B och C-mutanterna. Både hos lejongap och backtrav visade det sig att generna var mycket lika varandra och hörde till gruppen MADS-

boxgener. MADS är en förkortning av namnen av de fyra först identifierade medlemmarna av den här genfamiljen: M= MCM1 från jäst, A= *AGAMOUS* (C-klassgen från backtrav), D=*DEFICIENS* (B-klassgen från lejongap) och S= SRF, *serum response factor*, från människa. Alla generna har en sekvens gemensamt som kodar för en proteindomän som kan binda till DNA och därigenom kontrollera uttrycket av andra gener. MADS-box gener kodar alltså för så kallade transkriptionsfaktorer som bestämmer när och var andra gener ska vara aktiva.

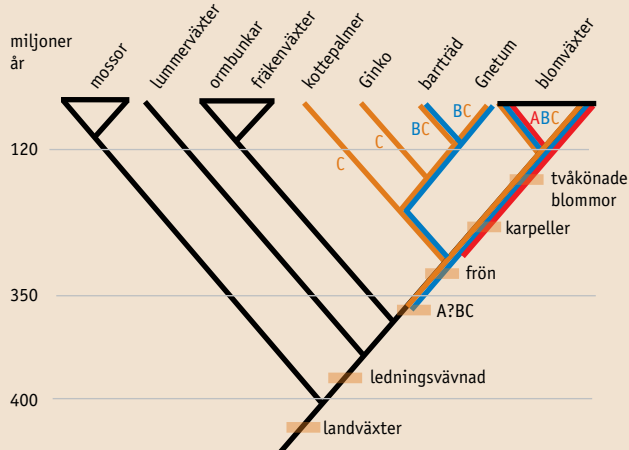
När man känner till en gens sekvens kan man också ta reda på var genen är aktiv. ABC-modellen förutsade i vilka delar av blomman som de olika faktorerna skulle vara aktiva, och man kunde också visa att modellen stämde. Frågan är om alla växter har gener besläktade med A, B och C-generna. Frågan är viktig eftersom det kanske var förändringar i dessa gener som möjliggjorde blommans evolution, någon gång för 130 miljoner år sedan. Se faktaruta.

ABC – ett gemensamt språk för fröväxter?

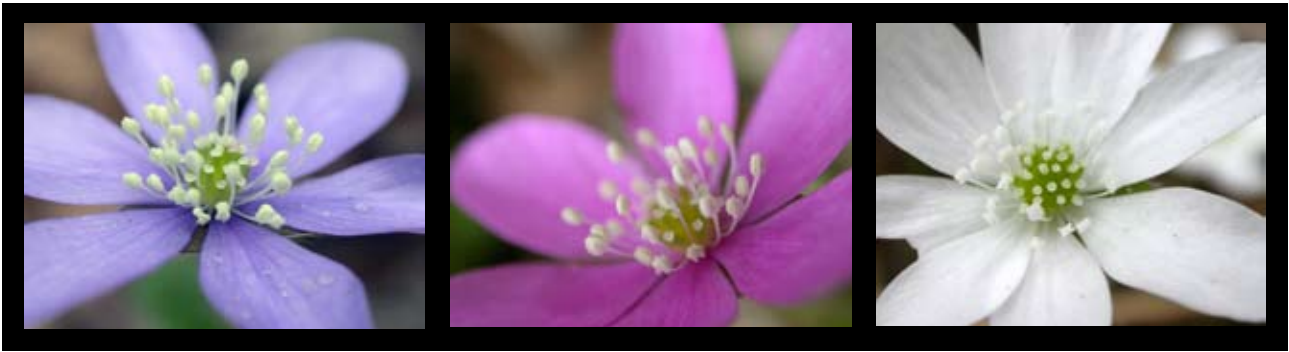
Genom att sekvenserna för A, B och C-generna från backtrav är kända kan man söka efter gener med liknande sekvenser hos andra blomväxter och andra grupper som inte har blommor, som barrträd, ormbunkar och mossor. Alla undersökta blomväxter har gener besläktade med A-, B- och C-generna, men under evolutionens gång har dessa förändrats något. Generna kan till exempel ha duplicerats och de två kopiorna kan ha delat upp den ursprungliga genens uppgifter mellan sig eller så kan genernas uttryck ha förändrats.

Ta tulpanen som exempel: den saknar foderblad och har i stället sex kronblad ordnade i två kransar. Här har man visat att tulpanens B-klassgener uttrycks i både första och andra kransen. Ett expanderat uttryck av B-klassgenen är alltså en trolig förklaring till varför tulpanen har kronblad i de båda yttre kransarna.

Intressant nog hittar man MADS-boxgener i både ormbunkar och mossor men de är inte nära släkt med A, B eller C-klassgenerna från blomväxter. Hos barrträd och andra nakenfröiga växter finns däremot släktingar till både B- och C-klassgenerna, men däremot troligen inte till A. Eftersom blomväxterna och de nakenfröiga nulevande växterna tros ha en gemensam anfader någon gång för 300 miljoner år sedan betyder det att denne anfader också hade gener besläktade med B- och C-klassgenerna. Det faktum att sporbärande ormbunkar saknar B- och C-klassgener betyder att dessa gener utvecklades någon gång för mer än 300 miljoner år sedan i den utvecklingslinje som skulle leda till fröväxterna, eller kanske i de tidiga fröväxterna.



Så var är då dessa B- och C-gener aktiva i en nakenfröig växt som inte har blommor? Barrträd har han- och honkottar i stället för blommor. Gener besläktade med B-gener uttrycks i hankottar medan C-klass-besläktade gener uttrycks i både hankottar och honkottar. Trots att barrträd och andra nakenfröiga växter saknar ståndare och karpeller så uttrycks de här generna alltså i både blomväxter och nakenfröiga i reproduktiva organ, B-gener i hanliga, pollen-producerande, och C-gener i honliga, fröbildande. Utvecklingen av dessa gener sammanfaller alltså troligen i tid med utvecklingen från spörväxter till fröväxter. Det är därför möjligt att det rent av var evolutionen av dessa gener som beredde vägen för fröväxternas evolution.



Färgvarianterna på blåsippa beror på olika arvsanlag.

Variation i naturen

Det naturliga urvalet av organismer pågår ständigt. Grunden för urvalet och förutsättningen för evolutionen är att organismernas egenskaper varierar. Detta avsnitt är tänkt att ge inspiration till att iaktta och fundera över urval och evolution med utgångspunkt i de blomväxter som finns i närmiljön.

Hos blomväxterna finns det en nästan oändlig variation i färg och form. Blåsippa har en enkel blomma uppbyggd av kronblad, ståndare och pistiller. Gulsporre har en liknande uppbyggnad men en mer komplicerad form där kronbladen innesluter ståndare och pistill så att endast stora insekter (humlor) är starka nog att komma åt nektar inne i blomman.

Undersökningar av blomväxters DNA har visat att både blåsippa och gulsporre och alla andra blomväxter har ett gemensamt ursprung. Blomman är ett fantastiskt organ som har en uppgift: att säkerställa reproduktionen för växten. Hos de flesta blomväxter finns både ståndare (hanligt könsorgan) och pistill (honligt) i samma blomma. Men vilken är förklaringen till att blomman hos blåsippa och gulsporre ser så olika ut? För att förstå det måste vi studera hur evolutionen fungerar och hur ny variation uppstår.

Ny ärftlig variation hos en växt uppstår genom mutationer. En mutation är en förändring i en DNA-sekvens. Om mutationen förändrar vilka aminosyror eller hur många aminosyror som ingår i ett protein påverkas ofta också växtens utseende. När utseendet väl är förändrat kan mutationens spridning mellan växter av samma art påverkas av det naturliga urvalet.

Nya mutationer uppstår hela tiden. Om det inte vore för det naturliga urvalet skulle alla arter förlora sina speciella karaktärer. Många mutationer är ofördelaktiga, men de maskeras ofta genom att vara recessiva.

Det betyder att om en individ, som bär mutationen i den ena av de homologa kromosomerna, korsar sig med en individ som inte bär på mutationen så kommer hälften av avkomman att vara bärare av mutationen utan att uttrycka den. Men om en individ i stället befruktar sig själv kan en andel av avkomman börja uttrycka den skadliga mutationen. Förändringar i blommans utseende kan påverka hur många frön en växt kan producera och därmed hur stor avkomman blir. Därför är blommors utseende bra exempel när man vill åskådliggöra hur det naturliga urvalet påverkar växters evolution. Den variation som finns i blommors form och funktion handlar i stor utsträckning om att underlätta befruktning mellan olika individer av samma art.

Variation inom arter

Blåsippor är inte alltid blå. Ofta går det att hitta plantor med röda eller vita kronblad. Skillnaden i blomfärg är genetisk och påverkas inte av platsen där plantan växer. Blomfärgen kan påverka det naturliga urvalet. Blåsippor besöks av honungsbin och humlelik svävfluga. Om dessa insekter föredrar blå framför vita blommor kommer de senare att ta emot och sprida mindre pollen. Anlaget för blå blommor kommer då att spridas mer än anlaget för vita. *Varför inte gå ut och leta efter vita, röda och blå blåsippor i vår? Hur många finns av varje färg?*

För både människor och blommor kan det medföra sämre överlevnad för avkomman att fortplanta sig med nära släktingar. Majoriteten av blomväxterna i den svenska naturen är hermafroditer och har både ståndare och pistill i samma blomma. Många blommor kan därför potentiellt korsa sig med sig själva. Det kan leda till negativa inavelseffekter som ibland gör att fröna inte ens klarar av att gro. Många blommor är därför utformade

så att självbefruktning undviks. *Sök efter blommor där ståndare och pistill inte är mogna samtidigt!*

Hos midsommarblomster (skogsnäva) är de flesta blommor hermafroditer. Men det finns också blommor som saknar ståndare och har lite mindre kronblad. Dessa kan man kalla honor eftersom de är beroende av pollen från hermafroditer för att kunna bilda frön. Det finns inga hanar hos midsommarblomster, bara hermafroditerna kan sprida pollen. Midsommarblomster finns över hela Sverige och blommar på försommaren. *Leta efter honor hos midsommarblomster, hur många kan ni hitta?*

Variation inom ett släkte

Närbesläktade arter har ofta blommor som är lika varandra till uppbyggnad, men skiljer sig beträffande storlek. Inom släktet *Geranium* (nävor) eller *Veronica* (veronikor) finns en stor variation. Likheterna kan bero på deras nära släktskap, men skillnaderna måste tillskrivas något annat.

Midsommarblomster och blodnäva har blommor som är betydligt större än andra arter inom släktet *Geranium*. Blommorna hos teveronika är större än hos flera andra veronikor. De stora blommorna är skyltfönster för att locka insekter till blomman. Arterna sparvnäva och mjuknäva har betydligt mindre blommor än midsommarblomster och blodnäva. På samma sätt har fältveronika och vårveronika mindre blommor än teveronika.

Ståndarna hos vissa arter kan utvecklas tidigare eller senare än pistillen. Gå ut och undersök blommor av midsommarblomster. En del har mogna ståndare, hos andra blommor har ståndarna vissnat ner när pistillen är mogen. Dessa anpassningar förhindrar självbefruktning som kan leda till skadliga inavelseffekter. Jämför midsommarblomster med någon småblommig näva, som sparvnäva och mjuknäva, hos dessa arter är ståndare och pistill mogna samtidigt.

Självbefruktning leder till en drastiskt minskad genetisk variation och kan göra växten mer känslig för förändringar i den yttre miljön. Men genom att växter är självbefruktande har de också undsluppit beroendet av pollinatörer. Ståndarna sitter nära pistillen så att pollen bara behöver falla från ståndarknappar till pistill för att blomman ska befruktas. *När kan självbefruktning vara en fördel för en växt?*

Variation inom familjer

Ända sedan Linnés tid har växternas yttre utseende använts för att avslöja deras släktskap, men efter det att Charles Darwin presenterade evolutionsteorin har tan-



Hermafrodit (till vänster) och hona hos midsommarblomster.



Midsommarblomster



Mjuknäva



Blodnäva



Gulsporre, fingerborgsblomma, axveronika och rödkämpar hör alla till familjen grobladsväxter.

kar framförts om att släktskapet ska bygga på växternas gemensamma evolutionshistoria. På senare tid har det blivit allmänt accepterat att alla växter inom en systematisk grupp ska ha ett gemensamt ursprung som de inte delar med andra grupper (monofyletisk grupp). Det är inte alltid som det yttre utseendet avslöjar vilka växter som är närmast släkt med varandra och DNA-analyser kan visa på nära släktskap mellan växter som man tidigare inte varit medvetens om.

De fyra arterna gulsporre, fingerborgsblomma, axveronika och rödkämpar har varit placerade i grupper som visat sig vara en utmaning för forskarna. I dagens svenska floror hittar man familjerna lejongapsväxter och grobladsväxter. Ett utmärkande drag hos många lejongapsväxter är de vackra blommorna. Ofta är de stora och specialiserade för pollinering av olika humlor och vildbin. Grobladsväxterna har små reducerade blommor där ståndarna hänger långt ut. Pollen sprids i vinden och fångas upp av fjäderlika pistiller. Gulsporre, fingerborgsblomma och axveronika har tidigare ingått i lejongapsväxterna. DNA-analyser har visat att dessa växter i själva verket är närmare släkt med grobladsväxter än med många andra arter i lejongapsfamiljen. Därför bör de föras till familjen grobladsväxter där exempelvis rödkämpar ingår.

Det här exemplet visar att det yttre utseendet inte alltid återspeglar nära släktskap. Men det visar också att mutationer som förändrar blommans utseende kan leda till en ny pollinationsstrategi. Föregångarna till rödkämpar pollinerades av insekter. När mutationer förändrade blommorna så att vindpollinering blev en mer effektiv strategi öppnades nya möjligheter. Vindpollinerade växter kan leva där det inte finns några insekter.

De nya möjligheterna ledde till att nya arter utvecklades. På ungefär sex miljoner år bildades 250 olika arter i släktet *Plantago*, där rödkämpar ingår. Det var ungefär lika länge sedan som människa och schimpans hade en gemensam släkting.

Mutationer i naturen

Carl von Linné hade som ung en väldigt bestämd uppfattning om hur arterna kommit till. Han menade att Gud skapade alla arter i tidernas begynnelse och sedan dess har inga nya arter bildats. 1742 fick han se en muterad blomma som ändrade hans uppfattning.

Vanliga gulsporrar har blommor som är bilateralsymmetriska. Det betyder att om man drar en linje mellan toppen av blomman till basen så får man två delar, där den ena är en spegelbild av den andra. Den här symmetrin styrs av en gen som kallas *cykloidea* och som bildar en transkriptionsfaktor. Genen uttrycks tidigt när blomknoppen bildas och aktiverar i sin tur andra gener som ger gulsporrans blomma det speciella utseendet. Blommans grundstruktur bildas av fem delar som alla har olika form.

Den muterade gulsporren som Linné såg var radiärsymmetrisk. Om man delar blomman uppifrån så får man två likadana halvor, oavsett var linjen dras. Linné kallade den muterade blomman för *Peloria* efter det grekiska ordet för monstrum eller vidunder. Även om Linné insåg att det var en gulsporre, eller en nära släkting till gulsporre, så hamnade *Peloria* i en helt annan klass i Linnés sexualsystem. Fyndet fick Linné att fundera på om inte nya arter kunde bildas i naturen.

Hos *Peloria* är genen *cykloidea* avstängd beroende på att delar av DNA-sekvensen har metylgrupper fästade

på nukleotiderna. Det gör att *cykloidea* inte uttrycks och därför aktiveras inte de gener som ger gulsporrrens blomma det speciella utseendet. Istället bildas en blomma som består av fem likvärdiga bitar.

Det går att hitta peloriska blommor i naturen. Det är väldigt ovanligt att hitta blomställningar med bara peloriska blommor, även om de förekommer. Det är vanligare att hitta enstaka blomställningar med en pelorisk blomma. Gulsporre blommar i slutet av sommaren. *Hur många peloriska blommor kan ni hitta?*

Hybridisering

Linné framförde idén att korsningar mellan arter kunde ge upphov till nya arter. Kanske var det så att *Peloria* bildats genom en korsning mellan gulsporre och en för vetenskapen okänd växt? Idag vet vi att det inte är fallet, men vi vet också att det finns växthybrider i naturen. Det finns faktiskt en växt som är en korsning mellan gulsporre och – en för vetenskapen känd växt – strimsporre. Denna hybrid brukar kallas för mellansporre och är inte ovanlig där de två växterna möts. Leta efter den till exempel vid järnvägsstationer. Mellansporre verkar vara en hybrid som inte klarar sig så bra och tycks inte ha förmåga att sprida sig från de platser där den växer. Många hybrider kan inte bilda frön, men mellansporren bildar grobara frön, både genom korsningar med andra mellansporrar, men också genom återkorsningar med föräldraarterna. Att mellansporren inte sprider sig visar att den missgynnas av det naturliga urvalet.



Linnés monsterväxt, en variant av gulsporre.

Från vänster strimsporre, tre hybrider mellan strimsporre och gulsporre (mellansporre). Längst till höger gulsporre.



Tolka naturen

Hur kan organismer i närmiljön ge en uppfattning om hur evolutionen har gått till?

1. Välj representanter för huvudgrupper av organismer och studera deras anpassning till miljön. Vilka abiotiska faktorer är betydelsefulla i den aktuella miljön?
2. Välj organismer från närmiljön som visar anpassningar till landliv. Hur skiljer sig organismer åt som

är anpassade till torr respektive fuktig miljö? Studera växter som finns på solbelysta berghällar respektive skuggiga och fuktiga klippor.

Mossor finns i solbelysta miljöer, som är utsatta för torka, såväl som i skuggiga, fuktiga miljöer. Jämför anpassningarna hos mossor som lever i olika miljöer.

Jämför anpassningar hos t.ex. lövträd och barrträd, samt blåbärsris och lingonris.

Träd från olika miljöer

Vid Sveriges lantbruksuniversitet i Uppsala finns en allé av björkar där plantorna hämtats från olika delar av landet, från söder till norr. Nu växer de på samma plats och under samma miljöförhållanden, trots det utvecklas de väldigt olika. Växter har möjlighet att anpassa viktiga steg i sin utveckling som tillväxt, groning och blomning beroende på miljöförhållanden

och klimatfaktorer. Växthormonet gibberellin är involverat i styrningen.

Bilden nedan är tagen i oktober och visar att träden gulnar och fäller sina löv vid olika tidpunkt. Kommer träden i högra delen av bilden från södra eller norra Sverige? Diskutera vilka egenskaper hos träd som har betydelse för överlevnaden i olika klimat.



Referenser

Texter

CARLSBECKER, ANNELIE. FD, forskarass. Inst. f. Evolution, genomik och systematik, fysiologisk botanik, Uppsala universitet s 33-34
LÄNGSTRÖM, ELISABETH. FD, botaniker, informatör, Inst. f. Evolution, genomik och systematisk botanik, Uppsala universitet s 13-14
NILSSON, EMIL. FD, pedagog vid Biotopia, Uppsala s (6-7), 35-38
BRITT-MARIE LIDESTEN, Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik, s 2-5, (6-7), 8-12, 15-32, 39-40

Illustrationer

OMSLAGSBILD: Bakgrund "Människans Cousins" ur Carl von Linné, "Anthropomorpha," i *Amoenitates academicae* (Stockholm: Laurentius Salvius, 1763). Förgrund en nutida biologisk fantasi – Lego Bionicle™. Foto och montage: Jonas Pertoft
Carl von Linné var först med att placera människan i samma grupp som aporna, vilket var kontroversiellt på Linnés tid. Han trodde dock felaktigt att det fanns flera andra arter av människor som levde på avlägsna platser på jorden, se bakgrundsbilden på omslaget. Många fossila fynd av utdöda människotyper har påträffats under senare år och bidrar till att förklara hur människans evolution gått till.

AXÉN, ANNETTE s 26 (nederst)
JOHANNESON, HENRIK s 12 (höger)
Kornhall, Per s 30 (kransalg)
LAGERKRANTZ, ULF s 12 (vänster)
LIDESTEN, BRITT-MARIE s 3, 10, 11, 19 (nederst), 20-23, 25-26 (överst), 27-32, 33 (ros), 39
LUNDSTRÖM, OLA. Inst. f. evolution, genomik och systematik, Molekylär evolution, Uppsala universitet s 2, 8, 13 (överst), 16
NILSSON, EMIL s 35-38
PLANTING, MALIN s 15
SÖDRA TORNET KOMMUNIKATION, grafik s 4, 5 (foto Stefan Gunnarsson), 10, 18, 30, 33
WWW.TOLWEBB.ORG s 19 (överst)

Litteratur

BJÖRKLUND, M. Evolutionsbiologi. Studentlitteratur 2005
CAMPBELL, N., REECE, J. Biology. Pearson Education, Inc. 2005
LINNÉ, CARL VON. *Mundus invisibilis*. 1767
MADIGAN, M., Martinko, J. Brook. Biology of Microorganisms. Pearson Prentice Hall. 2006
NATIONALNYCKELN TILL SVERIGES FLORA OCH FAUNA. Bladmossor. 2006. ArtDatabanken, SLU, Uppsala
UDDENBERG, NILS. *Idéer om livet*. Natur och kultur. 2003

Webbsidor

CONSORTIUM FOR THE BARCODE OF LIFE och The Barcode of Life Data Systems, www.barcoding.si.edu, www.barcodinglife.org
COX, P m.fl. Biomagnification of cyanobacterial neurotoxins and neurodegenerative disease among the Chamorro people of Guam. pp 13380–13383 PNAS November 11, 2003 vol. 100 no. 23
DUVAL, B. MARGULIS, L. The microbial community of Ophrydium versatilis colonies: endosymbionts, residents, and tenants. PubMed. www.ncbi.nlm.nih.gov

EUROPEAN BIOINFORMATICS INSTITUTE, www.ebi.ac.uk
FORSKNING.SE, www.forskning.se (Bioinformatik: övningar och teoretisk bakgrund)
HAVET 2007, www.havet.nu
J.CRAIG VENTER INSTITUTE. www.jcvi.org
INTERNATIONAL HAPMAP PROJECT, www.hapmap.org
NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION, NCBI, www.ncbi.nlm.nih.gov
NATIONELLT RESURSCENTRUM FÖR BIOLOGI OCH BIOTEKNIK, www.bioresurs.uu.se

- Bi-lagan nr 1 2006, Euglena
- Bi-lagan nr 3 2003. Brickan som resurs i undervisningen.
- Bioteknik i skolan
- Biogilänkar. Douglas J. Futuyamas. Evolution. Kap 22: Evolutionsvetenskapen, kreationismen och samhället. 2005
- Säkerhet (Mikrobiologi)
- Skolprojekt Linné (bl.a. fullständiga laborationsbeskrivningar)

HARRISON, A. M.FL. Undersökning av växternas evolution. *Bioscience explained* vol 3, nr 2.
NILSSON, A.I., ANDERSSON, D.I. M.FL. Bacterial genome size reduction by experimental evolution och Ochman, H. Genomes on the shrink. PNAS August 23, 2005 vol. 102 no. 34, www.pnas.org
NOBELPRIS I MEDICIN ELLER FYSIOLOGI 2006 m.fl, <http://nobelprize.org>
DEEP BIOSPHERE LABORATORY, prof. Karsten Pedersen
SCIENCE IN SCHOOL, www.scienceinschool.org

- Hodge, R. A new tree of life. Nr 2 2006 s 17-19
- Hodge, R. The yeast proteome: retooling the factory floor. Nr 3 2006 s 31-34
- Leveau, J. Fun with genomes: the Mycomuncher DNA puzzle. Nr 5 2007 s 28-31
- McVittie, B. Epigenetics. Nr 2 2006 s 62-64

THE COMPLETE WORK OF CHARLES DARWIN ONLINE, <http://darwin-online.org.uk/>
TREE OF LIFE WEB PROJECT, www.tolweb.org
UPPSALA UNIVERSITET: Tek.-nat. fakulteten: Forskning: Energi: Vätgas från sol och vatten – artificiell fotosyntes, www.teknat.uu.se

Synpunkter och faktagranskning

CARLSSON, KARIN. univ. lekt. Inst. f. cell- och molekylärbiologi, Mikrobiologi, Uppsala universitet s 17-24
GUDASZ, CRISTIAN. Inst. f. ekologi och evolution, Limnologi, Uppsala University s 25, 28-29 (arter)
HALLBECK, LOTTA. FD, mikrobiolog s 17-18
KRABBE, MARGARETA. FD, univ.adj. Inst. f. biologisk grundutbildning, Uppsala universitet
LÄNGSTRÖM, ELISABETH. som ovan
OTTOSSON, SUSANNE, lektor, Hvitfeldtska gymnasiet, Göteborg s 15
Släta och skrynkliga ärtor, s 25 Separation av plastidfärgämnen
SCHNÜRER, ANNA, forskare. Institutionen för mikrobiologi, SLU s 20
Biogasreaktor

Inspireras av omslagsbilden och bilderna av Ola Lundström på sidorna 2, 8 och 16 till att skriva egna texter om evolution och om organismerna i relation till den miljö de lever i.

Linnélektioner

Linnélektioner – inspiration för kunskap



Inspirationshäftet inbjuder till att, med utgångspunkt i Linnés liv och verksamhet och den tid han levde i, fundera över vår egen tid och framtiden – och i likhet med Linné göra egna iakttagelser. Linné möter oss i en berättande del i början av varje kapitel. Därefter följer fördjupande, korta faktatexter.

1. Berättarteknik

Hur kan torra fakta förvandlas till spännande berättelser? I häftet beskrivs en konkret metod för hur elever kan skapa berättelser med ett naturvetenskapligt innehåll genom att skriva, dramatisera och filma. Fakta och begrepp blir medveten kunskap när de fogas in i ett intresseväckande sammanhang.

2. Uteklassrummet

Hur kan skolans närmiljö utvecklas och användas för att bli en del i undervisningen? I den första delen av häftet beskrivs hur olika skolor har förändrat skolmiljön för att den ska bli en resurs i undervisningen. Ofta finns det små naturmiljöer i närheten av skolan, till exempel en skogsdunge, en bäck, en damm eller en naturlig gräsmark där elever kan upptäcka och lära sig mer om de levande organismerna. I denna andra del av häftet beskrivs hur naturmiljöer kan användas i undervisningen.

3. Upplev 1700-talet

Syftet med häftet är att ge idéer till hur 1700-talets landskap, natur, samhälle och kultur kan vara en utgångspunkt vid undervisning i tema eller i enskilda ämnen. Genom

att göra en tidsresa kan eleverna få ökad förståelse för hur det var att leva på 1700-talet i jämförelse med i dag. I häftet beskrivs också hur praktiskt arbete med metoder från det äldre jordbrukssamhället kan genomföras.

4. Livsviktiga läkemedel

I häftet behandlas olika frågeställningar med anknytning till läkemedel som till exempel: Vad är läkemedel, naturläkemedel och naturmedel? Hur tas mediciner upp i kroppen? Hur sprids läkemedel i kroppen och hur omvandlas och utsöndras de? Frågeställningarna kan vara utgångspunkt för att söka kunskap om hur kroppen fungerar på molekylär-, cell- och organnivå. Kopplingar mellan dagens läkemedel och läkemedel på Linnés tid görs.

5. I Linnés spår

Linnés passion var att ordna de levande organismerna i system – ”Gud skapade och Linné ordnade”. När man lär känna växter eller djur, lär sig hur de ser ut, var de lever och vilka egenskaper de har, får man en relation till det levande. Detta leder till förståelse och engagemang för de levande organismerna och för den miljö de finns i. Häftet innehåller idéer för att iaktta, samla, sortera och beskriva de levande organismerna – allt i Linnés anda!

6. Efter Linné

Linné var en vetenskaplig kändis på sin tid. Han reflekterade över egna iakttagelser och resonerade oftast logiskt utifrån dåtidens kunskap. Mycket har hänt inom naturvetenskapen under 300 år. Vad vet vi idag som förklarar organismvärldens utveckling? I häftet beskrivs metoder för att studera organismernas evolution på cell- och molekylärnivå.

Upptäckternas tid är just nu! Häftet ”Efter Linné” vill väcka fascination inför den nya biologin. Syftet är att inspirera till att söka fördjupade kunskaper inom evolution och molekylärbiologi.

Biologiämnets expansion är närmast explosionsartad och nya forskningsrön inom molekylärbiologi och miljö är dagliga nyheter i massmedia. Molekylärbiologiska metoder förenar idag många olika områden inom biologin och öppnar nya möjligheter till förståelse av komplexa biologiska sammanhang. På 1700-talet, Carl von Linnés tid, låg fokus på att beskriva, namnge och systematisera organismvärlden. De nya metoderna har medfört att systematiken, beskrivningen av organismernas släktskap, återfått en stark ställning inom biologin.

Häftet ”Efter Linné” fokuserar på evolution samtidigt som ett ekologiskt perspektiv genomsyrar innehållet. Den första delen av häftet visar exempel på den molekylärbiologiska bakgrunden till evolutionen, medan den andra delen handlar om organismerna och miljön. Exempelen i häftet visar på utvecklingen från de enklaste bakteriecellerna till de gröna växterna.

Det idéhäfte som du håller i din hand hör till serien Linnélektioner som tagits fram inom ramen för Skolprojekt Linné. I serien ingår ett större inspirationshäfte och flera idéhäften med olika ämnesinriktning avsedda för skilda målgrupper i skolan.

Serien Linnélektioner finns att beställa på Skolprojekt Linnés webbsida, som är en del av webbsidan för Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik, se www.bioresurs.uu.se/skolprojektlinne. Linnélektioner, tillsammans med kompletterande material, finns också att ladda ner från samma webbsida.

Skolprojekt Linné är en av de fem satsningar som initierats av nationella Linnédelegationen inför 300-årsjubileet 2007 av Carl von Linnés födelse. Projektet är riktat mot hela skolan för att inspirera och bidra med goda idéer som kan användas till ett tvärvetenskapligt arbete där naturvetenskap ingår i ett brett sammanhang. Bakom projektet står den nationella Linnédelegationen, Myndigheten för skolutveckling och Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik.

