Vårt ursprung

DNA från fynd av för länge sedan döda människor, som för flera tusen år sedan levde i det som är nuvarande Sverige eller som för ännu mycket längre sedan levde under en tidsperiod när vi – de moderna människorna – utvecklades i Afrika, analyseras nu av forskare. Kunskaperna om vårt ursprung och hur populationer förflyttat sig över kontinenterna ökar snabbt.

Om vi följer vår egen släktlinje tillbaka, så vet vi oftast vilka våra föräldrar och far- och morföräldrar är, men ännu äldre släktingar känner vi kanske inte till så väl. Sedan 1600-talet finns noggranna noteringar om bland annat födelseår, dödsår och bostadsort för befolkningen i Sverige. Om det finns präster och adel i släkten finns ofta ännu äldre uppgifter. Till slut upphör ändå de skriftliga källorna och historien förlorar sig i ett dimmigt förflutet.

Det är fascinerande att i tanken följa den egna släktlinjen tillbaka i tiden och fundera över hur människor levde för många tusen år sedan och varifrån de härstammade. Grupper av människor vandrade över kontinenterna, levde i sammanhang där förhållandena i naturen hade avgörande betydelse för överlevnaden och där risken att drabbas av olyckshändelser och sjukdomar var stor. Ändå föddes barn, som så småningom fick egna barn och så följde generation på generation i en obruten släktlinje som slingrade sig fram genom tusentals år tills just vi föddes.

Forskare berättar

I artikeln beskrivs forskning för att kartlägga folkvandringar i Europa och hur olika grupper koloniserade Skandinavien sedan inlandsisens avsmältning.

Forskare analyserar även flera hundratusen år gamla DNA-fynd från Afrika och resultaten förändrar tidigare uppfattningar om vårt ursprung. De visar att tidsperioden för när den moderna mäniskan utvecklades får flyttas betydligt längre tillbaka i tiden och att grupper av nu levande människor i södra Afrika härstammar från den släktlinje som var den första att skiljas ut på den moderna människans släktträd.

Bilden till vänster visar en ovanlig grottbegravningen i Spanien av den 6-årige pojken ''Matojo'' från kopparåldern. Kroppen skyddades av stora stenblock och graven var full av gravgåvor som tyder på att pojken haft en särskild status. Förändringar av skalle och ben indikerar att pojken led av rakit och/eller skörbjugg vid olika tidpunkter i livet.

Foto: Eneko Iriarte

DNA från Matojo analyseras i en vetenskaplig artikel i PNAS skriven av Mattias Jakobsson med flera, som bland annat behandlar mysteriet med baskernas genetiska ursprung (Gunther et al. 2015).

Undervisa om människans evolution

Förståelse för evolutionen – mekanismerna och utvecklingen av organismerna – är grundläggande och centralt inom biologiämnet. Evolutionen ska därför inte ses som en isolerad del av biologiundervisningen. För alla delar av biologin, som cellbiologi, molekylärbiologi, ekologi och etologi, samt växters och djurs anatomi och fysiologi, är en grundläggande förståelse för evolutionen avgörande för att förstå samband, likheter och skillnader. Det som gör det extra intressant är att man nu förstår allt mer av de molekylära mekanismerna bakom evolutionen.

Man kan exempelvis se att många gener i människans genom liknar varandra vilket beror på att gener har dubblerats, en eller flera gånger. Därefter har genkopiorna differentierats och fått olika uppgifter vilket ger möjlighet till evolution. Exempel på två sådana genfamiljer är generna som ger upphov till de olika hemoglobinvarianterna respektive HOX-generna som styr den tidiga utvecklingen av ett embryo. Man finner också gener som skadats och har förlorat den ursprungliga funktionen, så kallade pseudogener. Sådana gener visar släktskap mellan organismer och avslöjar viktiga förändringar under evolutionen.

Inte minst ger molekylärgenetiken nya möjligheter att följa människans utveckling och förstå mer av hur vår art och närstående arter har spridits över jorden. Hur grupper av människor med olika ursprung har smält samman, medan andra grupper har levt isolerade från varandra. Nedan ges exempel på några frågor som aktualiseras i den här delen:

- Vad vet man om människans äldsta ursprung?
- Hur spred sig grupper av människor över världen under olika perioder?
- Hur koloniserades Europa och Skandinavien? Vilket ursprung hade befolkningsgrupperna och till vilka områden kom de?
- Vilka säkerhetsåtgärder krävs vid arbete med gammalt DNA?
- Hur kan man skilja gammalt DNA från föroreningar av DNA från nu levande människor eller andra organismer?

DNA berättar vår historia

När utvecklades den moderna människan, hur har vårt DNA förändrats och hur spreds jordbruket över Europa? Dessa och många andra frågor håller nu på att få sina svar, mycket tack vare DNA-studier som möjliggjorts av de senaste årens enorma teknikutveckling.

Texten bygger på en intervju med

Mattias Jakobsson

Professor i genetik vid Institutionen för organismbiologi vid Uppsala universitet

Mattias Jakobssons forskargrupp studerar människans evolution via bland annat populationsgenetik, humangenomik, beräkningsbiologi och arkeogenetik.

Hur spreds jordbruket i Europa? Var det jordbrukare som rörde på sig och tog med sitt sätt att leva till nya platser eller var det bara själva idén som spred sig och fick jägare och samlare att ändra sitt levnadssätt? Detta har länge debatterats av forskare, som har hävdat den ena eller den andra hypotesen. Genetiska studier av nu levande människor i Europa har inte gett tydligt stöd för någon av sidorna.

Men för några år sedan lyckades en forskargrupp ledd av Mattias Jakobsson få fram och analysera DNA från människor som levde i Sverige för 5 000 år sedan: en individ från en jordbrukskultur och tre individer från en jägare-samlarekultur. Resultaten publicerades i den vetenskapliga tidskriften Science 2012.

– Det var tydligt att de var extremt olika genetiskt sett, jordbrukaren jämfört med jägarna-samlarna, och att individen som levde i en bondekultur genetiskt liknade dem som idag lever i medelhavsområdet i Europa. Så detta var den första studien som med analys av genomiska data kunde visa att det är sannolikt att jordbruket spred sig genom att människor flyttade på sig. Sedan dess har det kommit hundratals studier från olika delar av Europa som visar på samma sak, säger Mattias Jakobsson.

Migration ligger inte bara bakom spridningen av jordbruket utan är även ofta orsak till andra former av teknologisk utveckling under människans historia.

– Standardsynen på människans utveckling har varit att varje enskild geografisk plats har gått från stenålder, till bronsålder, till järnålder och så vidare. Och det stämmer. Men utvecklingen beror på att det kommer nya människor med ny kunskap till platsen. Det är inte så att människorna på varje plats uppfinner allt på egen hand.

I övergången från stenåldern till bronsåldern har forskare till exempel upptäckt att det skedde en större migration till Europa från öster, från någonstans norr om Svarta havet.

– När jordbrukarna migrerade till Europa för mellan 6 000 och 10 000 år sedan var det lika många kvinnor och män som kom men i den här andra migrationsvågen för 4 000–4 500 år sedan är det främst män som flyttar. De sprider bronsåldersteknik, det vill säga metallhanteringteknik, men även andra nya teknologier, som användandet av häst och vagn.

Den moderna människan

Men när började då allt, när uppstod den moderna människan? Tidigare uppskattade forskare att det skedde för 180 000 år sedan, en siffra som bland annat är baserad på fossila fynd. Mattias Jakobssons grupp har genom DNA-analys kunnat visa att det troligtvis skedde mycket tidigare.

– Vi jämförde DNA från människor som levde i södra Afrika för 2 000 år sedan med människor över hela världen idag och såg att den första förgreningen på den moderna människans utvecklingslinje inträffade för cirka 300 000 år sedan. Den ena grenen leder till dagens ursprungsbefolkning i södra Afrika och den andra grenen, som delar sig upprepade gånger, leder till resten av jordens befolkning. (Se figur 1)

Sedan denna genetiska studie gjordes har forskare även funnit fossila fynd som pekar på att människans ursprung ligger längre tillbaka i tiden än vad man tidigare trodde.

Mattias Jakobsson och hans kollegor studerar nu vilka genetiska förändringar som skedde för cirka 300 000–600 000 år sedan på den linje som leder fram till moderna människor.

– Vi har hittat en del förändringar i gener som har med kognitiva funktioner att

göra, vilket var väntat, men det finns även förändringar i gener kopplade till morfologi, till exempel en gen som påverkar fontanellernas morfologi. Kanske har den förändringen gjort det möjligt för oss att föda barn med större hjärnor? Om skallen vid födseln är mjuk och flexibel kan den vara större än en som är hård och stabil.

Forskargruppen arbetar nu med att försöka ta reda på hur olika människogrupper har rört sig i Afrika under de senaste årtusendena men också hur det genetiska landskapet såg ut för 5 000–10 000 år sedan.

– Vi vet ganska lite om detta. Dels har det inte gjorts lika många arkeologiska undersökningar i Afrika som i resten av världen, dels har det där skett flera stora och dramatiska befolkningsförflyttningar under de senaste 4 000–5 000 åren som kan ha lett till att vissa grupper har försvunnit helt. Vi vet inte vad vi kommer att hitta och det är väldigt spännande. Det är så pass outforskat att vi inte kan gå in med en tydlig hypotes utan vi måste börja med att få fram data och sedan se vad den kan berätta.

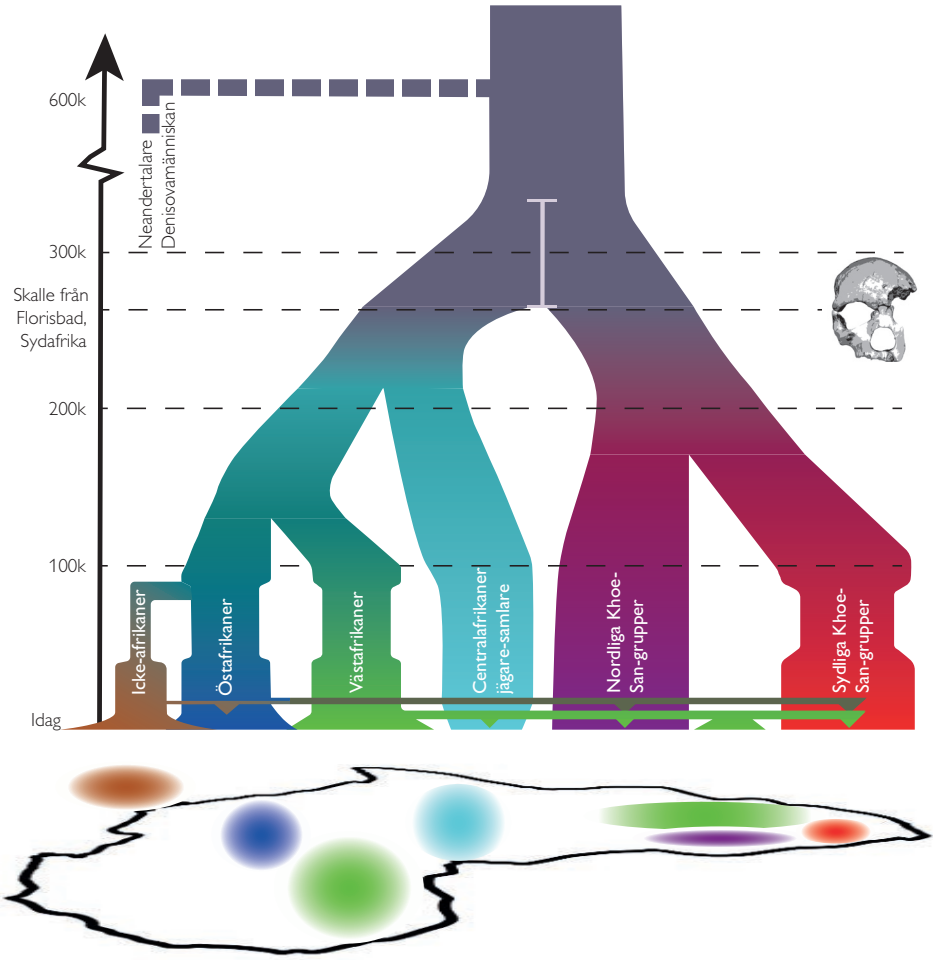
Men om man bara hittar DNA från en enda människa på en viss plats, vad säger det egentligen om alla andra människor som levde där men vars skelett inte finns bevarade?

– Genom att analysera en individs DNA får man inte bara information om individen själv utan om personens föräldrar, mor- och farföräldrar, och så vidare. Har man bara tillräckligt mycket genetisk information från en individ kan man fånga många människor bakåt i tiden, som inte är nära släkt med varandra.

Tusen gamla genom

Ett annat projekt som Mattias Jakobsson driver kallas "1 000 Ancient Genomes" och går ut på att analysera genomen hos tusen människor som levde i Europa och Asien för 1 000–50 000 år sedan, i syfte att upptäcka likheter och skillnader jämfört med dagens människor.

– Vi vill till exempel ta reda på vilka genetiska varianter som var mycket vanliga för länge sedan som är extremt ovanliga idag och vice versa och vad dessa mönster



Figur 1. Figuren visar bland annat den äldsta förgreningen på den moderna människans linje, som ägde rum i Afrika för omkring 300 000 år sedan. Bilden är hämtad från en vetenskaplig artikel där Mattias Jakobsson och hans kollegor beskriver forskningen som ligger bakom denna upptäckt. I diagrammet betyder k tusen och den nedre delen av figuren visar en liggande Afrika-karta. De horisontella linjerna visar migration och de nedåtriktade trianglarna visar blandning med andra grupper.
Källa: Schlebusch et al. 2017

ARVET FRÅN DE ANDRA

För snart tio år sedan presenterades den första kartläggningen av neandertalmänniskans genom. Den genomfördes av ett internationellt forskarlag lett av Svante Pääbo, professor vid Max Planck-institutets avdelning för evolutionär antropologi i Leipzig i Tyskland. En stor överraskning var att moderna människor utanför Afrika har 1,5–2 procent genetiskt material som kommer från neandertalare, vilket visar att neandertalare och moderna människor träffade på varandra och fick barn tillsammans, antagligen flera gånger. Det genetiska material som härstammar från neandertalmänniskan har senare visat sig bidra bland annat till vårt starka immunförsvar.

År 2012 hade Svante Pääbo och hans forskarlag även kartlagt denisovamänniskans genom. Denisovamänniskan är nära släkt med neandertalarna, levde längre österut i Asien och har också bidragit med genetiskt material till moderna människor vid flera tillfällen. Men dessa genetiska spår ses endast hos människor med ursprung i Asien och Osianien. Till exempel återfinns en viss genvariant från denisovamänniskan, som underlättar för anpassning till att leva på hög höjd, hos människor som idag bor i Tibet.

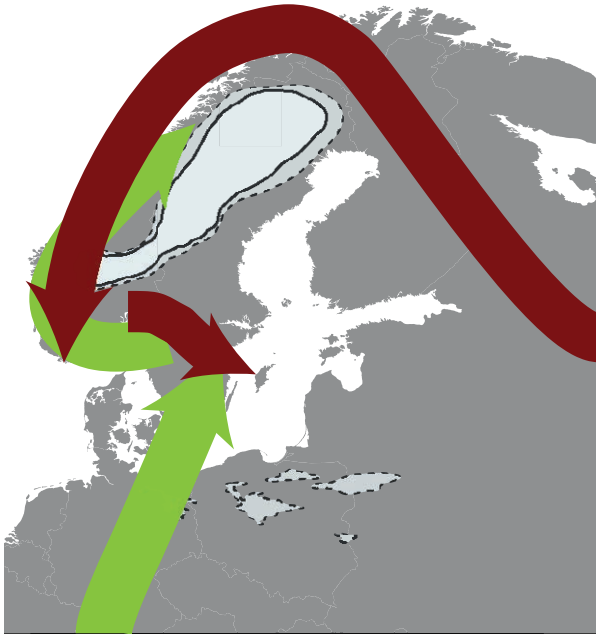
beror på. Kan de förklaras av variation eller är de ett resultat av anpassning?

Några av resultaten hittills kommer från Skandinavien och bygger på analys av människor som levde här för 8 000–9 000 år sedan.

– Vi har funnit spår efter människor som flyttade hit, både söderifrån och österifrån, i samband med att den senaste inlandsisen började smälta undan. Grupperna var båda jägare-samlare och genetiskt lika varandra men inte på alla punkter – utseendemässigt skiljde de sig åt. Individerna i den södra gruppen hade mörk hy och blå ögon medan individerna i den östra gruppen hade ljusare hy och varierande ögonfärg.

Den östra gruppen tog sig fram till atlantkusten och levde på marina resurser, vilket analys av deras skelett visar. När de fortsatte mot södra Norge mötte de den andra gruppen. Dessa blandades och kom tillsammans att utgöra den första befolkningen i Skandinavien.

När jordbrukarna migrerade in i Skandinavien söderifrån för 6 000 år sedan levde de sedan sida vid sida med jägarna-samlarna under ungefär 1 000 år.



Figur 2. Kartan visar hur Skandinavien befolkades av två grupper av människor i samband med inlandsisens avsmältning. En från söder och en från öster. Kartan är hämtad från en vetenskaplig artikel författad av Mattias Jakobsson och hans kollegor.
Källa: Günther et al. 2018

– Sedan vet vi inte riktigt vad som händer med jägarna-samlarna. Vi finner mycket mer genetiskt material från jordbrukarna, än från jägarna-samlarna, när vi studerar de människor som levde i Skandinavien för mindre än 5 000 år sedan. Detta skulle kunna tyda på att jägarna-samlarna konkurrerades ut men det skulle också kunna bero på en utspädningseffekt, att jägarna-samlarna blev en del av jordbruksbefolkningen men att jordbrukarna var många fler och att deras genetiska avtryck därför blev större.

Men vissa genetiska varianter från jägar-samlargrupperna har överlevt ända fram till idag. I 1 000 Ancient Genomes-projektet har man funnit en av dessa som är kopplad till fysisk uthållighet. Den innebar förmodligen en fördel då den återfinns i en högre frekvens än man kan förvänta sig av slumpen i dagens befolkning.

Tekniken avgörande

Den tidiga tekniken för sekvensering av DNA var anpassad för längre DNA-sekvenser men de senaste teknikerna bygger på att det DNA man vill studera först klipps sönder i små bitar som därefter analyseras parallellt.

– När man dör bryts vårt DNA ner i kor-

MILSTOLPARNA

Avgörande händelser som lett fram till att vi idag vet så mycket om människor som levde för tusentals år sedan.

1. Kartläggningen av det mänskliga genomet, bestående av cirka tre miljarder baspar. Den första versionen presenterades 2001. Varje gång forskarna idag sekvenserar en bit humant DNA är det möjligt att ”mappa” den mot ett referensgenom, det vill säga ta reda på var i människans genom den DNA-bit man har hittat hör hemma.
2. Utvecklingen av SNP-arrayteknik, för analys av hur enstaka nukleotider, så kallade SNPs (single nucleotide polymorphisms), varierar i genomen från olika individer av samma art. Från att bara ha kunnat jämföra en viss markör (SNP) i tio individer i början av 2000-talet kan man idag jämföra hundra tusentals, kanske miljontals, markörer i hundratals eller till och med tusen individer, på samma tid och för samma kostnad. Tekniken kan till exempel användas för att avgöra hur genetiskt lika två människor är varandra.
3. Utvecklingen av sekvenseringstekniker. Idag kostar det drygt 10 000 kronor att sekvensera en individs hela genom, jämfört med flera miljarder dollar för bara 17 år sedan. Det innebär bland annat att man istället för att endast titta på de positioner i DNA:t som man vet är variabla (vilket görs med SNP-arrayer) kan studera hela genom och upptäcka variation på platser som inte varit kända tidigare.

tare fragment, 50–80 baspar långa. Så den typ av DNA som hittas hos förhistoriska människor har en längd som passar otroligt bra för analys med de modernaste sekvenseringsteknikerna.

Dessa tekniker kräver också endast en mycket liten mängd DNA för att få fram en individs hela genom, vilket är avgörande när lite DNA är allt som finns att tillgå, vilket ofta är fallet vid analys av äldre prover. Tidigare användes PCR-teknik för att amplifiera en enda DNA-sekvens från ett prov, som därefter sekvenserades. I provröret fanns sannolikt DNA från hela genomet från den individ som studerades, men endast den förutbestämda sekvensen, som det skapats många kopior av via PCR, kunde analyseras och resten av innehållet i provröret kasserades. För att analysera en ny DNA-sekvens i individens genom behövdes ett nytt prov.

– Det var ett otroligt slöseri med material. För att till exempel ta reda på hela DNA-sekvensen i ett genom från en neandertalare hade det med dessa tekniker krävts flera ton skelettben, en mängd som inte existerar. Idag kan det räcka med ett prov på några hundra milligram för att få reda på en individs hela genom.

Med de moderna sekvenseringsteknikerna är det möjligt att få reda på samtliga DNA-sekvenser som finns i ett och samma provrör. Men det innebär också att DNA från exempelvis bakterier och svampar kan behöva sorteras bort från det DNA som tillhör den individ man är intresserad av att undersöka.

– Kanske kommer endast en procent av allt DNA i provet från människa. Men med hjälp av bioinformatiska verktyg, då man mappar DNA-sekvenserna mot det humana referensgenomet, kan de resterande 99 procenten från andra organismer sorteras bort.

Men hur vet man att det DNA man fått fram kommer från en förhistorisk människa och inte från en nu levande som varit i kontakt med provet?

– Vårt labb i Uppsala är ett så kallat fjärde generationens ancient DNA-labb, vilket innebär att det är en mycket kontrollerad och extremt ren miljö. Vi arbetar i helkroppsdräkter med tredubbla handskar och ansiktsskydd. Ett standardlabb med hög säkerhet syftar ofta till att skydda miljön utanför labbet från något farligt, kanske en patogen bakterie, men här är det precis tvärtom, här vill vi skydda det som finns inne i labbet från allt farligt utanför.

Figur 3. Helena Malmström tar ett prov från ett skelettmaterial med hjälp av ett portabelt ancient DNA-labb.
Foto: Mattias Jakobsson

Problemet blev en tillgång

Men risken finns ändå att prover är kontaminerade redan när de kommer in till labbet, till exempel av arkeologer som tagit i dem med sina händer.

– Det mesta av kontaminationen sitter dock vanligtvis på ytan och de inre delarna av materialet är renare. Men det går aldrig att komma helt bort från kontaminationsrisken. För tio år sedan var det ett jätteproblem och det finns till exempel vetenskapliga artiklar från den tiden som säger att moderna människor har 30 procent neandertal-DNA i sig, eftersom man tolkade

MATERIAL?

Mattias Jakobssons grupp studerar DNA-prover både från människor som lever idag och från dem som levde för mycket länge sedan. Från stenåldern och ännu längre tillbaka finns det nästan bara skelettdelar kvar men dessa innehåller ofta DNA. Ju hårdare skelettmaterialet är, desto bättre har DNA:t skyddats från kontaminering och nedbrytning. Den hårdaste delen på människokroppen är ett öronben, som forskarna gärna tar prov från, men även tänderna är hårda.

kontaminationer från dagens människor som DNA från neandertalare.

Men sedan dess har det blivit betydligt lättare att skilja förhistoriskt mänskligt DNA från DNA tillhörande nu levande människor. Metoden som används baseras på det faktum att DNA-fragment från döda organismer modifieras kemiskt, mer och mer ju längre tid som går, genom något som kallas deaminering. Det är kvävebasen cytosin (C) som tappar en aminogrupp men det gäller endast för de cytosin-baser som befinner sig i ändarna på DNA-bitarna. Genom modifieringen omvandlas cytosin till uracil (U, den kvävebas som ingår i RNA istället för tymin) men vid sekvenseringen läser man dessa som tymin (T).

– Så om vi ser att ändarna av ett DNA-fragment har alldeles för många T jämfört med vad man förväntar sig, då är det ett tydligt tecken på att DNA-sekvensen inte kommer från en nu levande individ. Från början var upptäckten av deamineringen ett bekymmer, innan man förstod att det bara är ändarna av fragmenten som påverkas. Nu är det istället ett fantastiskt verktyg för att visa att ett DNA-fragment är autentiskt gammalt.

Under de senaste tio åren har de tekniska möjligheterna att studera DNA ökat enormt. Men vad kan vi vänta oss framöver, vilka tekniska framsteg återstår?

– Tekniken för DNA-extraktion, det vill säga att rena fram DNA från exempelvis en skelettdel, har fungerat på ungefär samma sätt i många år. Men mycket forskning pågår inom detta område och det finns indikationer på att vi i framtiden kommer att kunna få ut ännu mer DNA ur de här väldigt små och värdefulla proverna som vi ofta arbetar med.

URSPRUNG?

Idag marknadsförs många DNA-test som säger sig kunna tala om varifrån du kommer. Men det är egentligen en fråga vars svar beror på vilken tidsperiod man syftar på. För hundra tusen år sedan levde i princip alla våra förfäder i Afrika. Ett resultat av ett DNA-test som exempelvis säger att en person är tio procent ”svensk” betyder att tio procent av individens genetiska material uppvisar störst släktskap med det DNA som återfinns hos människor som lever i Sverige idag. Det behöver inte nödvändigtvis betyda att det finns någon koppling till de människor som levde i Sverige för tusen år sedan.

– Det finns någon form av föreställning i många delar av världen att människor har bott på samma plats i urminnes tider. Men kanske handlar det bara om några generationer. Det är absolut inte så att människor har bott på samma plats i 30 generationer. Vad vi har upptäckt under de senaste åren är att människor har rört på sig, vilket verkar vara normen och det avvikande är när man hittar en plats där samma grupp människor levt under lång tid, säger Mattias Jakobsson.

Figur 4. Osteologerna Ove och Evy Persson under utgrävningen vid Ajvide, Eksta socken, Gotland, 1983. Skelettet tillhör en kvinna som var cirka 20 år när hon dog och bedöms vara 4700 år gammalt.
Foto: Göran Burenhult

Uppgifter till Människans evolution

VI OCH VÅRA NÄRA SLÄKTINGAR

- Använd databasen www.ensembl.org, där genomen för ett stort antal arter finns registrerade, och ta reda på antal kromosomer, baspar och kodande gener i genomet för ett urval av arter. Jämför med motsvarande uppgifter för människa.
- Ge exempel på organismer som har särskilt stora genom eller betydligt fler kromosomer än de flesta andra. Hur många gener finns hos människan i jämförelse med några andra arter?
- Använd Ensembl och jämför strukturella förändringar i kromosomerna hos människa och schimpans. Vad beror det på att antalet kromosomer skiljer mellan de båda arterna? Fortsätt att undersöka antalet kromosomer hos de stora aporna. Går det att ange en ungefärlig tidsperiod när skillnaden i antalet kromosomer uppstod?
- Artikeln *Likhet på DNA-nivå* (se Bi-lagan nr 2 2018, novemberuppslaget) handlar om att det är komplicerat att jämföra två arter eller två individer på DNA-nivå. Vad betyder det att två organismer är till en viss procent lika varandra?
- På webbsidan *Interactive Phylogenetic Tree* från *Learn Genetics* visas ett släktträd med 17 organismer. Klicka på två av organismerna och antalet gemensamma gener visas. Till exempel delar schimpans och bakterien *E.coli* 506 gener.
- Jämför kranier av förmänniskor, gorilla och schimpans med nutida människor. Använd antingen fysiska modeller av skallar eller 3D-bilder.

  Jämför exempelvis formen av skallarna, ansiktenas profiler med käkpartierna, storleken av ansiktena i förhållande till hela skallen, hjärnvolymen, ögonbrynsbågarna och tändernas form.
- 1912 hittades en skalle i södra England av en förhistorisk människa, som kallades Piltdownmannen. Fyndet väckte stor uppmärksamhet, men också skepsis. Studera bilder av Piltdownmannen och ta reda på mer om fyndet.
- I artikeln *Människans evolution* (se Bi-lagan nr 1 2014) beskrivs släktskapet mellan nutida människor respektive neandertal- och denisovamänniskor, som också kan studeras i bioinformatikövningen *Lär känna din släkt*. Övningen visar hur ett släktträd med antingen människan och hennes närmaste släktingar eller med många olika arter byggs med hjälp av DNA-sekvenser.
- I artikeln *Människans päls* (se Bi-lagan nr 2 2017, novemberuppslaget) diskuteras kring frågor om varför människans hårbeklädnad är annorlunda jämfört med våra närmaste släktingar och om hur evolutionen har gått till, samt om senare tiders pigmentförändringar hos befolkningen i norra Europa.

UTVECKLING AV LAKTOSINTOLERANS

Hur kommer det sig att en stor andel av befolkningen i bland annat Sverige tål laktos i vuxen ålder medan de flesta i övriga delar av världen är laktosintoleranta? När och var uppstod denna skillnad? Vilka urvalsfördelar medförde denna förmåga och vilket kulturellt samband finns? Är det samma genetiska förändring i olika delar av världen som ger förmåga att tåla laktos?

- *Vi gör smör, keso och kattmjölk* (se Bi-lagan nr 3 2010). Praktiska försök kring bland annat laktosintolerans beskrivs.
- *Humans: Lactose tolerance*, från DNA to Darwin. Statistiska metoder används i den här övningen för att jämföra andelen laktosintoleranta i olika befolkningsgrupper.
- *Lactase Persistence: Evidence for Selection*. En övning från hhmi. BioInteractive kring människans evolution som innebär analys av genotyp, fenotyp, kultur och geografi.

ISMANNEN ÖTZI

1991 fann ett par vandrare en välbevarad kropp högt uppe i Alperna som man först trodde var nutida, men som senare visade sig vara 5 300 år gammal. Man kallade ismannen Ötzi. Kläder och föremål som han bar med sig, samt skelett, vävnader och maginnehåll har bevarats och lär oss om hur Ötzi levde och hans genetiska bakgrund och egenskaper.

- Vad hade han ätit under de sista måltiderna?
- Vilka kläder hade han på sig och vilka föremål bar han med sig? Hur var de tillverkade?
- Hur dog han?
- Vad vet man om hans ärftliga egenskaper, till exempel sjukdomsanlag?
- Var finns hans närmaste nutida släktingar?

Ta reda på!

Se Bioresurs hemsida för fullständiga beskrivningar och länkar: www.bioresurs.uu.se

LIVETS UTVECKLING

Introduktionsbild: Lokes Slott. Foto: R.B. Pedersen, Senter for geobiologi, Universitetet i Bergen, Norge (Relaterad artikel: Anja Spang, Jimmy H. Saw, Steffen L. Jørgensen, Katarzyna Zaremba-Niedzwiedzka, Joran Martijn, Anders E. Lind, Roel van Eijk, Christa Schleper, Lionel Guy, Thijs J. G. Ettema. Complex archaea that bridge the gap between prokaryotes and eukaryotes. *Nature* volume 521, pages 173–179 (14 May 2015), doi.org/10.1038/nature14447)

Porträttbild Erik Pelve. Foto: Lena Holm

Porträttbild Sandra Baldauf. Foto: Joan Strassmann

Figur 1. The Asgard Archaea, Uppsala university. Illustration: Eva Fernandez-Caceres (Relaterad artikel: Katarzyna Zaremba-Niedzwiedzka, Eva F. Caceres, Jimmy H. Saw, Disa Bäckström, Lina Juzokaite, Emmelien Vancaester, Kiley W. Seitz, Karthik Anantharaman, Piotr Starnawski, Kasper U. Kjeldsen, Matthew B. Stott, Takuro Nunoura, Jillian F. Banfield, Andreas Schramm, Brett J. Baker, Anja Spang, Thijs J. G. Ettema. Asgard archaea illuminate the origin of eukaryotic cellular complexity. *Nature* volume 541, pages 353–358 (19 January 2017). dx.doi.org/10.1038/nature21031)

Figur 2. Övre delen av figuren: Evolution of Earth's atmospheric oxygen content through time. Källa: Timothy W. Lyons, Christopher T. Reinhard, Noah J. Planavsky. The rise of oxygen in Earth's early ocean and atmosphere. *Nature* volume 506, pages 307–315 (20 February 2014). Reprinted by permission from Nature.

Figur 3. Livets träd. Illustration: Sandra Baldauf

Figur 4–5 *Acrasis kona*. Foto: Chengjie Fu

Figur 6. Dicty Life Cycle H01 av Tijmen Stam, IIVQ (SVG conversion), Hideshi (original version), Wikimedia Commons, GFDL + CC-BY-SA

MÄNNISKANS EVOLUTION

Introduktionsbild: Den ovanliga grottbegravningen av den 6-årige pojken "Matojo" (ATP12-1420) från kopparåldern. Foto: Eneko Iriarte (Relaterad artikel: Torsten Günthera, Cristina Valdiosera, Helena Malmströma, Irene Ureña, Ricardo Rodriguez-Varelac, Óddny Osk Sverrisdóttir, Evangelia A. Daskalaki, Pontus Skoglund, Thijessen Naidoo, Emma M. Svensson, José María Bermúdez de Castro, Eudald Carbonell, Michael Dunn, Jan Storå, Eneko Iriarte, Juan Luis Arsuaga, José-Miguel Carretero, Anders Götherström, Mattias Jakobsson. Ancient genomes link early farmers from Atapuerca in Spain to modern-day Basques. *PNAS* September 22, 2015 112 (38) 11917-11922. doi.org/10.1073/pnas.1509851112)

Porträttbild Mattias Jakobsson. Foto: Mikael Wallerstedt

Figur 1. Demographic model of African history and estimated divergences. Källa: Schlebusch CM, Malmström H, Günther T, Sjödin P, Coutinho A, Edlund H, Munters AR, Vicente M, Steyn M, Soodyall H, Lombard M, Jakobsson M. Southern African ancient genomes estimate modern human divergence to 350,000 to 260,000 years ago. *Science*. 2017 Nov 3;358(6363):652-655. doi: 10.1126/science.aao6266. Texten i figuren är översatt av Bioresurs.

Figur 2. Migration scenarios into postglacial Scandinavia. Källa: Günther T, Malmström H, Svensson EM, Omrak A, Sánchez-Quinto F, Kılınç GM, Krzewinska M, Eriksson G, Fraser M, Edlund H, Munters AR, Coutinho A, Simões LG, Vicente M, Sjölander A, Jansen Sellevold B, Jørgensen R, Claes P, Shriver MD, Valdiosera C, Netea MG, Apel J, Lidén K, Skar B, Storå J, Götherström A, Jakobsson M. Population genomics of Mesolithic Scandinavia: Investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation. *PLoS Biol.* 2018 Jan 9;16(1):e2003703. doi: 10.1371/journal.pbio.2003703. Figuren är modifierad av Bioresurs.

Figur 3. Portabelt ancient DNA-labb. Foto: Mattias Jakobsson

Figur 4. Utgrävning vid Ajvide, Eksta socken, Gotland. Foto: Göran Burenhult

SMITTSPRIDNING OCH -SPÅRNING

Introduktionsbild: Gräsänder. Foto: Carola Vahldiek, Adobe Stock

Figur 1. Chlamydae Life Cycle av Huckfinne, Wikimedia Commons

Figur 2. Principer för PCR. Källa: Björn Herrmann

Figur 3. Antal fall av klamydiavarianten nvCT i fyra landsting. Källa: Björn Herrmann

Figur 4–5. Kontaktmönster för personer smittade med klamydia. Källa: Björn Herrmann

Figur 6. Diagram över sexuella kontakter i relation till avstånd. Källa: Björn Herrmann

Figur 7. Subtyper av influensavirus. Illustration: Michelle Wille

Figur 8. Gräsand med sändare. Foto: Erik Kleyheeg

MÄNNISKANS MIKROBIOM

Introduktionsbild: Yoghurt och blåbär. Foto: Kaycco, Adobe Stock.

Porträttbild Lars Engstrand. Foto: John Sennett

Figur 1. Mag-tarmkanalen. Eget montage.

Figur 2. Nyttig mat. Foto: Pixelbliss, Adobe Stock.

Figur 3. Människokropp. Foto: 7activestudio, Adobe Stock

Övriga referenser

Inledningstexterna till varje avsnitt är skrivna av Britt-Marie Lidesten. Laborationer och övningar är sammanställda och utformade av Bioresurs. Fullständiga beskrivningar samt länkar finns på hemsidan: www.bioresurs.uu.se. Där finns även referenser till artiklarna i magasinet.