

WIKIMEDIA



Biogeografin – ett argument för evolution?

Av Göran Schmidt

INLEDNING

Biogeografi brukar i våra läroböcker lyftas fram som ett av "bevisen" för evolutionen. Det är den del av biologin där man studerar utbredningen av växter, djur och andra organismer och lägger fram hypoteser om hur denna förändrats över tid.

Ett återkommande exempel är de berömda Galapagosöarna som Charles Darwin besökte under sin jorden-runt-seglats 1831-36. Denna ögrupp hyser en mängd så kallade *endemiska arter* som bara kan påträffas på en enda plats på jorden. I förrförra numret av Genesis (nr 3-2020) berättade vi bland annat om de så kallade Darwinfinkarna och vad de kan säga oss om hur arter bildas. I den här artikeln breddar vi perspektivet och speglar även andra resultat från biogeografin i det bibliska perspektivet på artbildningsfrågan. ►



PIXABAY

BIOGEOGRAFIN OCH EVOLUTIONEN

Du har säkert lagt märke till att djur finns på olika ställen. I Afrika finns flodhästar, giraffer, lejon, zebbor och noshörningar, i Sydamerika jaguarer, bältdjur, sengångare och myrslokar, i Australien koalabjörnar, känguruer och så vidare.

När evolutionsbiologer svarar på frågan varför djurlivet ser så olika ut i olika världsdelar är deras svar att kontinenterna varit åtskilda under 200 miljoner år alltsedan urkontinenten Pangaeas tid och att de olika arterna av organismer sedan dess utvecklats åt olika håll oberoende av varandra, exempelvis alla olika pungdjur i Australien.

Finns det något som talar emot en sådan förklaring? Ja. En av invändningarna har med det evolutionära begreppet "konvergent evolution"¹ att göra. Snarlika strukturer hos organismer som *inte* anses evolutionärt nära besläktade (med ett fint ord *homoplasier*) är nämligen vanligt förekommande i den levande världen, som exempelvis fladdermössens och delfinernas inbyggda system för ekolokalisation ("ekolodning") med 200 nästan identiska gener,² eller de häpnadsväckande likheterna mellan olika slag av pungdjur och placentala däggdjur (t ex möss, mullvadar, flygande ekorrar etc inom båda kategorierna).³ Evolutionsbiologernas förklaring till sådana likheter är att det "selektionstryck" (påverkan från miljön) djuren utsatts för under årmiljoner har varit liknande och därför har det naturliga urvalet lett utvecklingen fram till snarlika lösningar.⁴ Mot denna bakgrund måste man betrakta det märkligt att lejon, noshörningar, hyenor och zebbor bara utvecklats i Afrika och ingen annanstans eftersom savanner inte bara förekom-

mer i Afrika, utan även i Indien, Australien och Brasilien. På liknande sätt förekommer orangutanger och gibbonapor bara i Sydasiens regnskogar, men inte i regnskogarna i Afrika eller Syd- och Centralamerika. Stämmer evolutionshypotesen borde ju sådana här snarlika miljöer forma snarlika organismer. För det är uppenbart inkonsekvent att åberopa evolutionens planlösa utveckling som argument för *olikheter* (mellan kontinenterna) när man samtidigt åberopar samma mekanism som argument för *likheter* (homoplasier).

En annan invändning är att den fossila fördelningen av arter ofta stämmer mycket dåligt överens med ett evolutionärt scenario. Som ett exempel lever pungdjur idag huvudsakligen i Australien, men lyser nästintill med sin frånvaro i Australiens bergslager; det finns mer av dem på alla andra kontinenter än där de tros ha levat och utvecklats under miljontals år.

EN ALTERNATIV FÖRKLARING

Finns det andra tänkbara förklaringar till biogeografins mönster? Ja, det gör det.

Låt oss betrakta detta ur två perspektiv – ett "framåt" och ett "bakåt". Med framåt menar jag vad vi skulle förvänta oss av ett scenario likt det Bibeln beskriver, där en stor del av jordens djurliv härstammar från en spridning i historisk tid med centrum i Mellanöstern (Araratregionen⁵ där Noas ark en gång strandade). Bakåtperspektivet är hur kan vi rekonstruera historien genom att studera växters, djurs och människors nuvarande egenskaper och utbredningar.

A. FRAMÅTPERSPEKTIVET

När det gäller jordens växtlighet kan vi förvänta oss en avsevärt artfattigare flora efter den globala översvämningen, eftersom de klimatiska förhållandena sannolikt var mer gynnsamma dessförinnan, närmare jordens optimala ursprungstillstånd. En sådan förväntan stöds av att de stora mängder av före detta växtbiomassa som idag ligger bundna i marken omvandlade till brun- och stenkol visar på en forntida flora som var mycket rikare än den nuvarande både till mångfald och kvantitet.⁶ Även det faktum att Gud först efter floden tillät Noa och hans efterlevande att äta animalisk föda (jfr 1 Mos 1:29 med 9:3) pekar i samma riktning; att näringsstatusen hos jordens växtlighet begränsats på grund av floden. Flytande växtmaterial som inte begravdes i sedimenten och omvandlades till fossilt kol (se Genesis nr 4-20:20) blev lokala miljöer som möjliggjorde överlevnad för stora mängder av mindre djur, framför allt ryggradslösa sådana som insekter och spindeldjur av olika slag, och kanske även insjöfisk.⁷ Frukter och frön skulle ha flutit, och de som tålde den långa vattenvistelsen skulle gro på land i takt



Göran Schmidt civ.ing. (kemiteknik), biolog, lärare, skolledare, numera föreläsare och ordförande i Genesis. Webbplats: gschmidt.se Mail: ordforande@genesis.nu

PIXABAY



med att vattenmassorna drog sig undan under översvämningens slutskede och växterna skulle därefter spridas med vind, vatten och djur på samma sätt som idag. Flytande växtmattor kan efter översvämningen ha varit en bidragande orsak till att vissa av de ryggradsdjur som parvis lämnade arken spreds med oceanströmmarna och nådde avlägsna trakter. Mer om detta nedan.

Den dominerande spridningsmekanismen för större djur som däggdjur bör emellertid ha varit landvägen. Det är högst troligt att havsnivån stod betydligt lägre under ett antal århundraden efter översvämningen. Anledningen var att stora mängder vatten låstes fast i inlandsisar på jordens högsta och lägsta breddgrader på grund av de globala klimatstörningar som floden innebar (se artikeln av Michael Oard på s. 14). Som en följd av det fanns då landbryggor mellan öar och kontinenter som idag är åtskilda av hav, som t ex Berings sund mellan Alaska och Sibirien, liksom Sydostasien med Australien.

HUR HAMNADE KÄNGURUERN I AUSTRALIEN?

Tanken på ett par känguruer som omväxlande hoppar och

simmar från Ararat till Australien och bosätter sig där förefaller naturligtvis långsökt. Det är betydligt lättare att tänka sig djur som begav sig iväg och bildade populationer som i sin tur inom några hundra år via landbryggor etablerade sig i Australien.⁸ Att en djurart snabbt kan etablera sig över stora områden kan illustreras med de kaniner som introducerades i Australien 1859 och som inom loppet av 100 år spritt sig över hela den australiska kontinenten. I det sistnämnda fallet handlade det om en djurart som introducerades av människor. Det finns skäl att förvänta sig att detsamma gällde när människorna spreds ut över jorden efter översvämningen; man tog med sig boskapsdjur och säkert även andra husdjur till de platser dit man begav sig.

Harvardbiologen Nathaniel Jeanson skriver i sin bok *Replacing Darwin – The New Origin of Species*⁹ att återetableringen av jordens djurliv efter översvämningen troligen beror på en kombination av flera olika faktorer. Den mest uppenbara är att de små grupperna av djur som lämnade arken oftast höll samman under ett antal generationer medan de avlägsnade sig från trakten av Ararat. De olika grundformerna ("slagen") av större landlevande djur (det var bara dessa som fanns ►

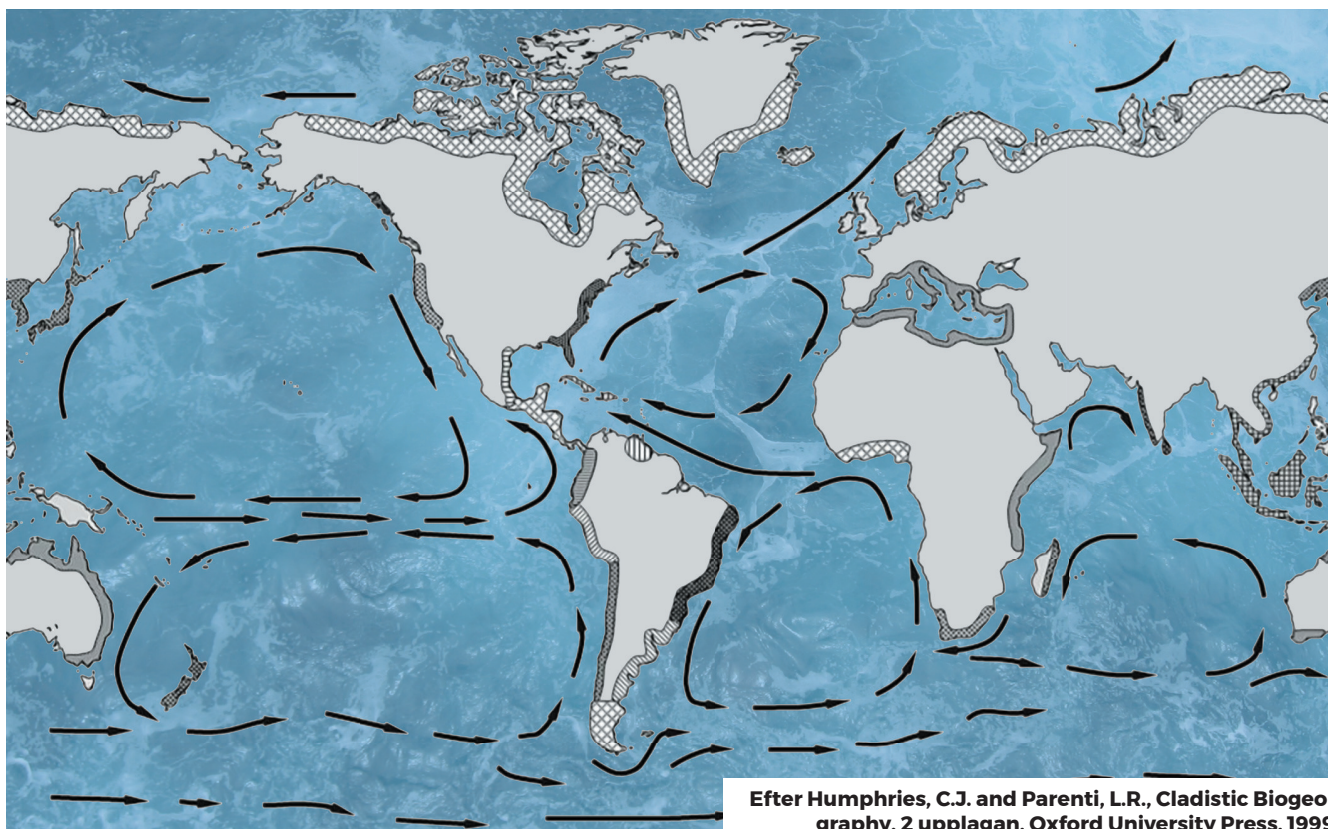
ombord i arken) vandrade av naturliga skäl åt olika håll. Vissa på "egen hand", andra så småningom (efter Babel) tillsammans med människor (som t ex boskapsdjur och husdjur av olika slag). När de så småningom hittade en miljö med lämpliga förutsättningarna blev de mer stationära och populationerna ökade i storlek och delpopulationer avknoppades efter hand från moderpopulationen och blev geografiskt isolerade. Genom mikroevolutionära processer (framför allt så kallad genetisk drift¹⁰) bildades så småningom underarter, arter och ibland även släkten inom familjerna. Idag finns till exempel tre arter av zebror och fyra arter av gorillor söder om Sahara, fyra arter av orangutanger på Borneo och Sumatra och så vidare. Potentialen för att bilda nya arter och underarter inom respektive grundform¹¹ var störst i början, och avtog i takt med att inavelseffekter i kombination med genetisk drift gjorde dem alltmer genetiskt utarmade (homozygota).¹² En annan orsak Jeanson tar upp till att grupper av djur isoleras och tenderar att bilda underarter är vandringshinder i form av öknar, bergskedjor och vattenområden. Motsvarande gällde natur-

ligtvis även för människans spridning och bildande av etniska undergrupper efter översvämningen.

Eftersom de sedimentära berglagren med deras innehåll av fossil framför allt bildades under den globala översvämningen (se Genesis nr 4–2020) är det väntat att djurgrupper uppvisar en mer global utbredning i de geologiska berglagren än deras nutida förekomst. Sannolikheten att djur- och växtarter skulle bevaras som fossil under den period de återetablerade sig på jorden är oerhört liten – det kräver katastrofiska omständigheter. Detta förhållande kan förklara det mönster som nämnts beträffande t ex pungdjuren, men gäller även för andra organismer.

B. BAKÅTPERSPEKTIVET

En intressant fråga är om det går att rekonstruera historien genom att studera växters och djurs och människors nuvarande utbredningar? Faktum är att modern genetik kan ge oss många intressanta ledtrådar. I Genesis nr 1–2020 med temat Människans ursprung berättade vi om hur studier av mito-



Efter Humphries, C.J. and Parenti, L.R., Cladistic Biogeography, 2 upplagan, Oxford University Press, 1999

kondrie-DNA hos kvinnor och Y-kromosom-DNA hos män kan ge en bild av både hur och när människan återbefolkade jorden efter översvämningen. Vi kunde då konstatera att vi genom att använda oss av de tillförlitligaste data som finns att tillgå kan dra slutsatsen att människans urmoder (kallad "mitokondrie-Eva" av evolutionistiska antropologer) levde för storleksordningen 6000 år sedan.¹³

Studier av mitokondrie-DNA har företagits även på mer än 100 000 djurarter, och resultaten visar en lika låg ålder för den absoluta merparten även av dessa – se nästa artikel. Sådant är – eller borde vara – hårdsmält evidens för evolutionsbiologer vars modell förutsätter enorma tidsrymder. Tyvärr leder evolutionära antropologers förutfattade mening om människans långa evolutionära förflutna till att de helt missar det fascinerande mönster om mänsklighetens historia som framför allt framträder vid Y-kromosomstudierna. Läs mer om detta i artikeln Mänsklighetens nya historia på sidan 26. Även lingvistiska studier (t ex språkjämförelser) bidrar till bilden av människans återbefolkning av jorden.¹⁴

Utbredningen av endemiska arter är framför allt kopplad till kontinenternas kusttrakter (se figuren på föregående sida). Det ligger nära till hands att orsaken är en spridning via oceanernas havsströmmar vilket skulle kunna förklaras av de flytande växtmattorna i samband med översvämningen. De strandade organismerna grundade nya populationer utifrån det urval av sin familjs genetiska material som de råkade ha med sig. På det viset kunde nya arter uppkomma mycket snabbt, vilket är precis vad bibeltroende förväntar sig. Inom många djurfamiljer har många nya arter bildats under de senaste årtusendena.¹⁵

AVSLUTNING

Det finns utan tvekan många olösta frågor när det gäller livets utbredning på jorden. Jordens historia är komplex och svår att skapa sig någon säker föreställning om. Även Bibelns dokumentation av vad som hände efter översvämningen är ytterst sparsam. Det vi kan konstatera är att det övergripande mönstret med djur och människor som återetablerar sig på jorden från ett spridningscentrum i Mellanöstern har ett gott stöd i evidensen både från biogeografi och genetik. Den biologiska mångfald vi kan se inom olika djurgrupper kan förklaras även i ett kort tidsperspektiv på några få tusen år. Närmare bestämt är ett kort tidsperspektiv vad genetiken entydigt visar. Biogeografin stöder däremot inte idén om makroevolution – allt levandes gemensamma evolutionära släktskap under årmiljoner.

NOTER

1. Även om det här begreppet kan du läsa mer om i Genesis nr 3-2020, närmare bestämt på s 22-23: Ikon nr 6: "Likheter på grund av släktskap"
2. Se <https://www.livescience.com/39414-what-bats-dolphins-share.html> (kortare: krymp.nu/2yd)
3. Se artikeln "Homologi på lätt sätt" i Genesis nr 1 mars-2018. (numret finns att läsa eller ladda ner via <https://genesis.nu/tidning/tidigare-nummer/> (kortare: krymp.nu/2v4) Humphries, C.J. and Parenti, L.R., Cladistic Biogeography, 2 upplagan, Oxford University Press, 1999.
4. Ett sådant resonemang tar förstås helt udden av evolutionsbiologernas främsta argument, nämligen att likheter mellan organismer beror på deras inbördes släktskap med varandra. I de här och tusentals andra liknande fall beror alltså likheterna inte alls på att de har någon gemensam urmoder, utan på helt andra orsaker.
5. Exakt var arkens landningsplats låg är osäkert. Se läsarfrågan på sidan 6.
6. Kritiker brukar ibland hävda att det är omöjligt att de mängder av kol som idag ligger bundna i form av fossilt kol skulle kunna ha förekommit i form av växtlighet i världen före syndafloden. Kritikerna kan ha rätt om växtligheten var begränsad endast till jordens kontinenter. Det finns emellertid forskare som åberopar evidens för att en stor del av växtligheten före syndafloden var lokaliserad till flytande skogar. Då visar beräkningar att det är fullt möjligt. Se https://creation.com/images/pdfs/tj/tj11_3/tj11_3_278-282.pdf (kortare: krymp.nu/2KV).
7. Sötvattenlevande fiskarter kan även ha överlevt den globala marina miljön under syndafloden på grund av att sötvatten och bräckt vatten har lägre densitet än saltvatten och tenderar att flyta ovanpå det tyngre, saltare vattnet.
8. Om någon kritiker tycker att detta scenario med landbryggor låter långsökt så är det i princip ingen skillnad mellan evolutionisters och skapelsestroendes modeller i det här avseendet – den enda skillnaden handlar om tidsperspektivet.
9. Jeanson Nathaniel T. Master Books (2017) ISBN-13 : 978-1683440758
10. Med genetisk drift menas att när några få individer isoleras från en större population så kommer slumpfaktorer att avgöra vilket urval av genvarianter dessa bär med sig. Deras avkomlingar kommer då att präglas av just detta urval och på ganska kort tid kan en ny "art" uppkomma bara på grund av att den nya populationen avviker genetiskt från den ursprungliga. Följaktligen helt frikopplat från de klassiska "evolutionsfaktorerna" mutationer och selektion.
11. Skapelsestroende biologer anser att den systematiska nivån familj oftast motsvarar de grundslag som fanns representerade i arken. För ryggradslösa djur brukar man anse att grundslagsnivån motsvarar släkte-nivån.
12. Med största sannolikhet var de varelser Gud skapade heterozygota, d v s bar en rik genetisk mångfald. Inavel och selektion minskar graden av heterozygoti och leder till en utarmad arvsmassa och lägre variationspotential. Vid inavel är risken stor att man får samma anlag från både mamma och pappa. Då blir barnet homozygot med avseende på de anlagen och därmed fattigare på genvarianter än föräldrarna var tillsammans. Det är en rimlig hypotes att dagens djurarter generellt sett är förhållandevis genetiskt utarmade i förhållande till de representanter som fanns med i arken, och i synnerhet till de Gud en gång skapade, och därmed mindre rustade att möta framtida miljöförändringar och med en sämre förmåga att bilda nya underarter. Den här typen av genetiska förändringar är betydligt viktigare för artbildning än mutationer och selektion.
13. Anledningen till att denna tidsangivelse är en faktor 20 gånger lägre än de siffror man brukar nämna i sekulär litteratur är att den faktiskt uppmätta mutationshastigheten i mänskligt mitokondrie-DNA är 20 gånger högre än den man får fram genom att förutsätta att människor och schimpanser har en gemensam urmoder för 6-8 miljoner år sedan, vilket är en obevisad hypotes.
14. Se till exempel jämförelserna mellan baskiska och Ainufolkets språk på https://creation.com/images/pdfs/tj/tj19_1/tj19_1_65-72.pdf (kortare: krymp.nu/2Ke)
15. Är det rimligt undra säkert en eller annan läsare? Vi kan bara hänvisa till de stora utseendemässiga förändringarna som skett med hundarna från en gemensam vargliknande urmoder. På bara några få århundraden har de flesta hundvarianter uppkommit genom mänskligt urval. Deras inbördes skillnader är som regel långt större än vad som skulle ge dem olika art- eller släktbeteckningar inom biologin (t ex gråtrut, silltrut och havstrut).