

Banan VS menneske

Formål:

Vi prøver at illustrere udfordringen i at afgøre hvor mange gener mennesket deler andre organismer, i dette eksempel er det så i forhold til en banan.

Baggrundsviden:

Det bliver tit sagt at mennesket har 50% af DNA tilfælles med bananer, og det er nok ikke forkert, men det præcise tal afhænger af hvordan man opgør andelen. Det afhænger af hvad man vælger at inkludere, og hvordan man forholder sig til dele af DNA som er kopier, eller fjernet, eller flyttet og spejlvendt. En problematik som diskuteres i videoen "[Are We Really 99% Chimp](#)" af MinuteEarth.

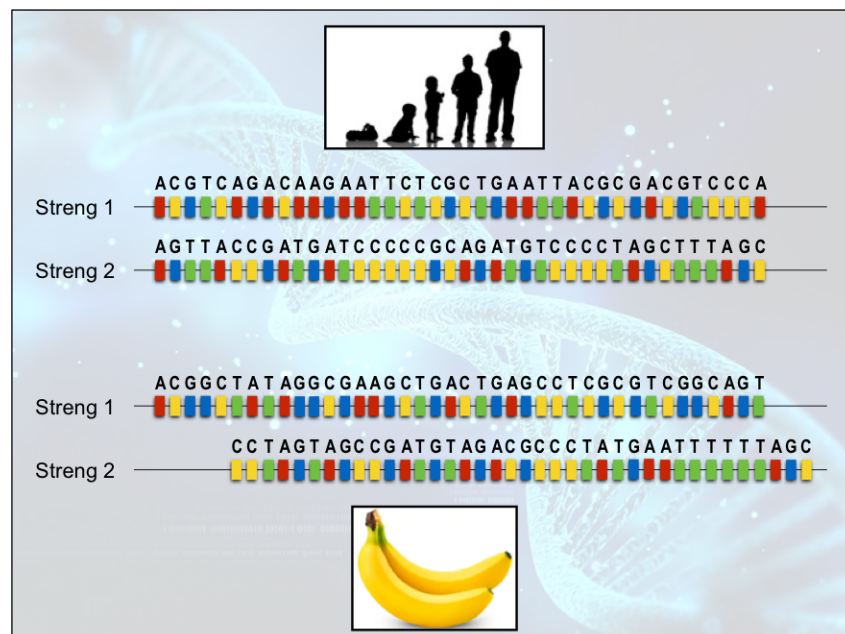
Menneskets DNA består af tre milliarder basepar, kombinationer af de 4 nucleobaser: Cytosin (C), guanin (G), adenin (A) og Thymin (T). Disse er fordelt på 23 kromosomer i mennesker, hvorimod bananer har 33 kromosomer. Hvilket allerede giver en udfordring i forhold til hvad der skal tælles med. I denne øvelse skal vi dog se på en stærkt forsimplet illustration.

Fremgangsmåde:

Illustrationen nedenfor er en stærkt simplificeret sammenligning af to (opfundne) strenge af DNA fra mennesket og fra en banan. Hver af menneskets strenge har her blot 42 baser, og bananen har en streng med 42 baser og en streng med 40 baser.

(Illustrationen er også vedhæftet i fuld størrelse sidst i dokumentet)

De to strenge kan begge forestilles at være blevet udsat for mutationer og ændringer i forhold til deres fælles forfader, men her i eksemplet er det på forskellig vis.



Streng 1 (simpel):

På streng 1 er der kun sket simple mutationer af enkelt baserne mellem mennesket og bananen, og disse kan tælles, for at estimerer hvor ens de to strenge er.

Svar: 24 baser er ændret.

Streng 2 (avanceret):

På streng 2 er der udover enkelt udskiftninger også fjernet dele af genomet, nogle sekvenser er byttet rundt, mens andre er kopieret, i forhold til at se bananen i forhold til mennesket.

Hvordan man tæller antallet af variationer afhænger af hvad man tæller for en variation.

Eksempelvis er 5 baser i starten væk, sekvensen GATGAT (menneske) er spejlvendt til TAGTAG (banan) og CGCAGATGT (menneske) er rokeret til TGTAGACGC (banan) og TTT (menneske) er duplikeret til TTTTTT (banan).

Hvis disse blot ignoreres så efterlader det 20 sammenlignelige baser hvoraf 7 er ændret.

Så hvor stor andel af de sammenlignelige baser er udskiftet?

Refleksionsspørgsmål:

- Hvilket svar får man hvis man ikke ignorerer de større, mere 'systematiske' variationer, men tæller dem som forandringer? Eller hvis man blot tæller forandringerne af de enkelte baser?
- 'Målingen af slægtskab' er altså stærkt afhængig af hvordan man behandler genet, før man tæller. Kunne andre mål være bedre? Eller skal man bare være enig om hvad man mener?

Ekstra opgaver

Statens Naturhistoriske Museum har designet en mere avanceret udgave af denne opgave (henvendt til gymnasier). Med deres [online værktøj 'Livets Træ'](#), kan man sammenligne ægte DNA sekvenser fra flere forskellige planter. Dette bruges så til at opbygge fylogentræer der afspejler planternes slægtskab. Dette er materiale der tager udgangspunkt i forskning ny medicin, som man fte har fundet hos dyr og planter i naturen, og ved hjælp af DNA information er dette blevet gjort endnu nemmere.



Streng 1
ACGTCAGACAAGAAAT TCTCGCTGAATTACGGGACGTCCTA
Streng 2
AGTTACCGGATGATCCCGCCAGATGTCCTTCCCTAGCTTAGC

Streng 1
ACGGCTATAGGGCGAAGCTGACTGAGCCTCGCGTCGGCAGT
Streng 2
CCTAGTAGCCGATGTAGACGCCCTATGAATTTTAGC

© 2008 Pearson Education, Inc. All rights reserved.

