

# Dyrenes stamtre

## Del 1: Hva er et stamtre?

*Livets stamtre har fascinert både biologer og legfolk i lang tid, og å rekonstruere evolusjonære slektskapsforhold mellom dyr er fortsatt et mål mange biologer beskjeftiger seg med. I en artikkelserie på fire deler skal vi se nærmere på dyrets stamtre, som utgjør størsteparten av livets tre. I denne første delen av serien får vi svaret på et spørsmål som kanskje virker trivielt: Hva er i det hele tatt et stamtre?*

### **Hanno Sandvik**

(f. 1970) har studert biologi med hovedvekt på økologi, zoologi og evolusjon ved Freie Universität Berlin, Universität Braunschweig og Universitetet i Tromsø. Han tok hovedfag (1997) og doktorgrad (2004) ved Universitetet i Tromsø på sjøfuglenes evolusjonære økologi. Hovedinteressene hans ligger i skjæringsrommet mellom økologi, samfunn, evolusjon og filosofi.

Det biologiske mangfoldet omfatter flerfoldige millioner av forskjellige arter, som lever i alle tenkelige samt noen utenkelige miljøer over hele kloden. Hvis vi bare teller de artene som er kjente for vitenskapen, det vil si at de har blitt formelt beskrevet og fått sitt eget navn, er det snakk om cirka 1,5 millioner arter, hvorav dyr utgjør mesteparten, rundt 80 prosent. Men dette er kun en brøkdel av de artene som faktisk finnes der ute. Sannsynligvis kjenner vi ikke mer enn fem til ti prosent.

Prosesen som har gitt opphav til dette mylderet av forskjellige livsformer, er evolusjonen. Utgangspunktet for denne prosessen hvis resultat vi ser rundt oss i dag, var én enkelt art som levde for mer enn tre milliarder år siden. Denne arten har – ved å dele seg i nye arter, som så igjen har delt seg, og så videre – gitt opphav til dagens millioner av arter. Dette betyr i sin tur at alle nå-

levende arter er i slekt med hverandre. Vi er ikke bare i slekt med (mari)høne og kråke(bolle), men også med reddiken og influensaviruset.

Biologer har i lang tid vært interessert i å rekonstruere slektskapsforholdene mellom arter, eller, for å si det på den annen måte, rekonstruere livets stamtre. I en artikkelserie på fire deler skal jeg ta for meg den største biten av «livets tre», dyrenes stamtre, og fortelle hva biologer per i dag har funnet ut om slektskapsforholdene oss og våre medskapninger imellom. Men før vi kan begynne, må jeg stille et spørsmål som kanskje kan virke litt for selvfølgelig til at man tenker stort over det: Hva er i det hele tatt et stamtre?

De fleste vil nok ha en viss følelse av hva som ligger i ordet. Ikke minst vil mange tenke på familiestamtrær eller *etterslektstavler*, slike som pleier å sirkulere på slektsstevner: Tippoldeforeldrene er tegnet inn nederst, så følger barna deres i «etasjen» over osv., helt til den siste generasjonen, som er tegnet inn øverst og vanligvis har flest representanter.

Hvis det er noe slikt man har i bakhodet når man tenker på dyrenes stamtre, har man egentlig et relativt korrekt bilde. Dessverre tenker mange, deriblant – uheldigvis – også altfor mange lærebokforfattere, ikke på et familiestamtre når de tegner evolusjonære stamtrær, men på et tre av typen eiketree. Det klassiske eksempelet, den tyske zoologen Ernst Haeckels *Stammbaum des Menschen* (menneskets stamtre), er gjengitt i figur 1. Selv om dette godt kan være den mest estetiske måten å fremstille et stamtre på, har den flere svakheter og feil. Heller ikke dette hadde vært så ille, hvis ikke disse feilene hadde hatt en tendens til å gå over i underbevisstheden og påvirke evolusjonsforståelsen i gal retning. Disse tenkefeilene når det gjelder evolusjonens virkemåte, er ingenting å skamme seg over for legfolk – man finner

dem på alle akademiske nivåer også hos biologer.

I de følgende seks punktene vil jeg bruke Haeckels *Stammbaum* for å illustrere feilene, og for å forklare hvordan eiketree-fremstillingen avviker fra den måten evolusjon i realiteten foregår på. Til sammenligning kan man betrakte figur 2, som er en vanlig måte å fremstille stamtrær på i dag. Stamtretegninger av typen som er gjengitt i figur 2 betegnes i fagkretser som *kladogram*, et ord jeg også skal bruke her.

## 1. Grenenes tykkelse

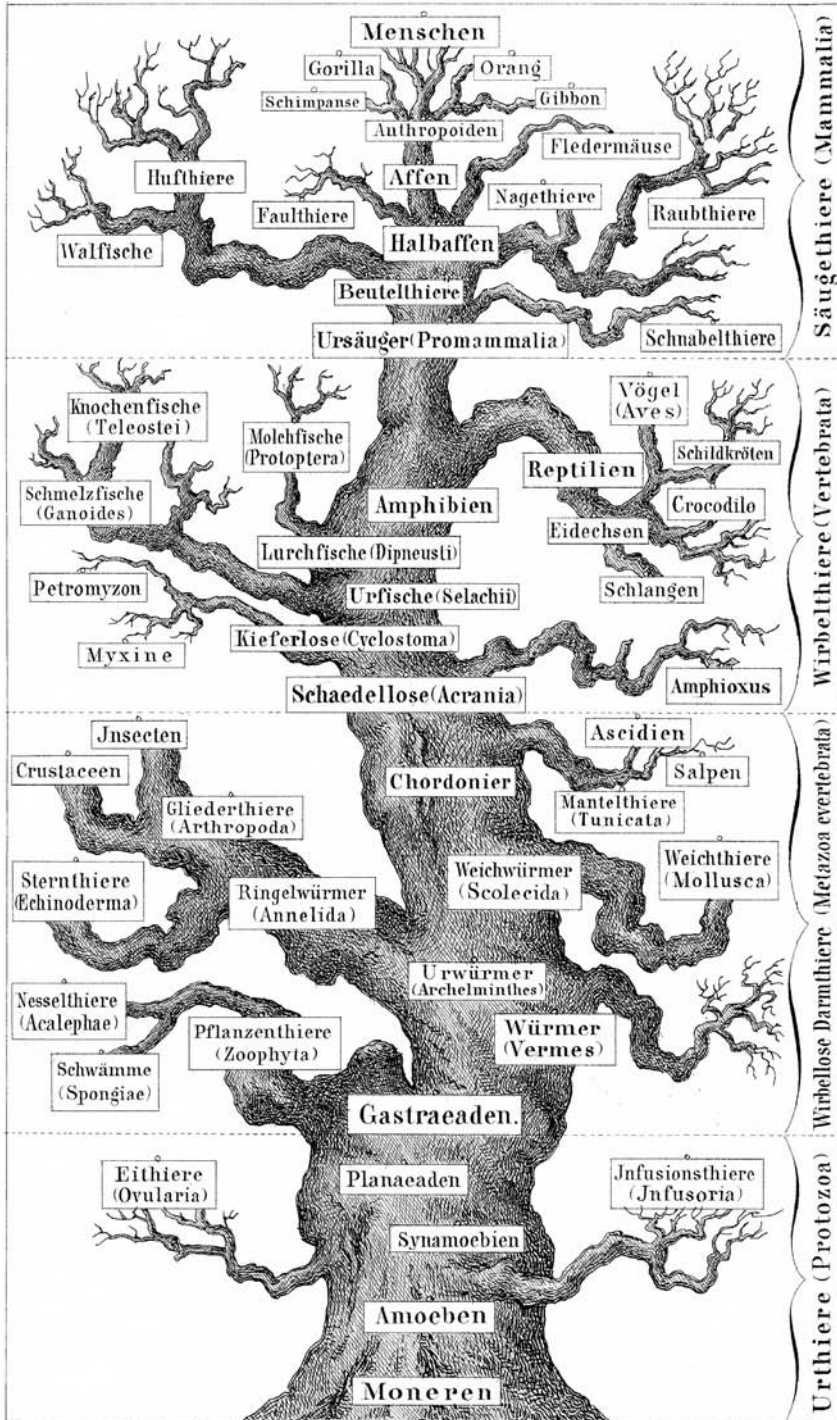
Et eiketree har en kraftig stamme, knudrete grener, så mindre og mindre kvister og til slutt grønne blader. Oversetter man denne analogien til dyrenes stamtre, blir bladene til de artene som vi ser rundt oss i dag, mens grenene og stammen er stamformene for disse.

Hva er galt med denne forestillingen? Det som er galt er at treet, for å fortsette med denne metaforen, burde bestå av blader hele veien hvis den skal fremstille et stamtre! Det er ikke noen prinsipiell forskjell mellom stam- og andre utdødde arter på den ene og nålevende arter på den andre siden. Alle utdødde arter har – en gang i tiden – vært «nå»levende arter (det som den gang var nå), og alle nålevende arter vil, når vi venter lenge nok, dø ut eller forsvinne ved å gi opphav til nye arter. Derfor er familiestam-treet et bedre bilde enn eiketreet: Det er ingen grunn til å tegne tippoldemor tykkere enn oldemor.

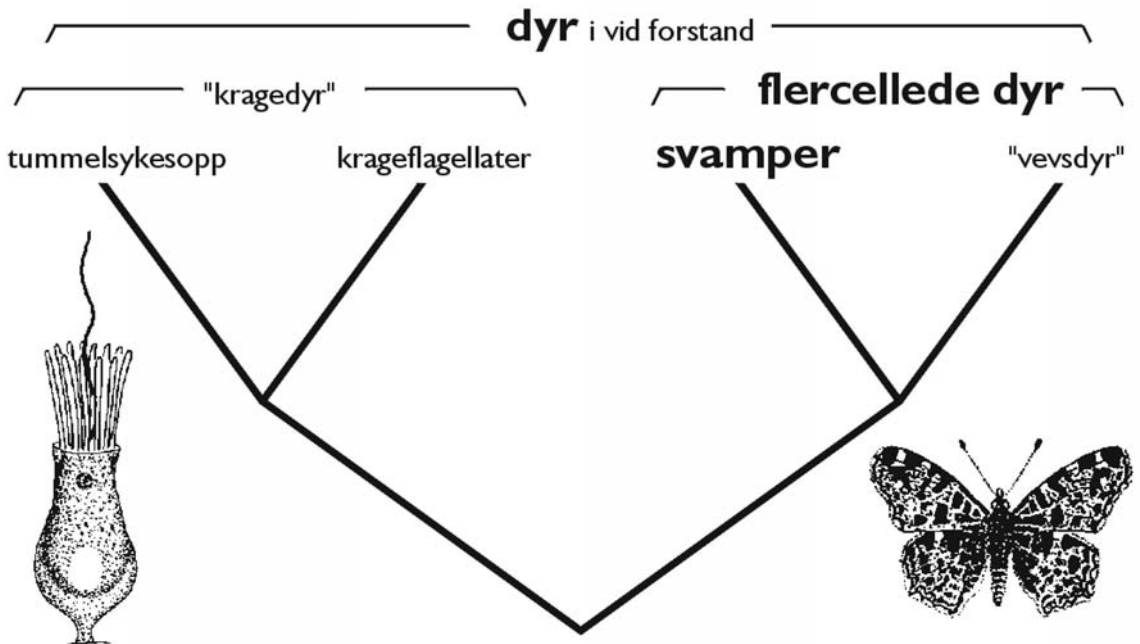
Eiketreet's tykke stamme får oss til å tro at den besto av mange (nå utdødde) arter, som samlet ga opphav til de mindre grenene og til slutt til de nålevende artene. Eller at de mange artene som utgjorde stammen, etterhvert fordelte seg på de forskjellige grenene, som i sin tur er tynnere fordi hver gren bare

Stammbaum des Menschen.

Taf. III.



Figur 1: Ernst Haeckels Stammbaum des Menschen (reproduert fra Haeckel, 1874).



Figur 2: En fremstilling av dyrenes stamtre som er vanlig i dag. Slektskapsforhold går tydelig frem av dette stamtre, som man også kaller kladogram. Derimot prøver ikke kladogrammet å uttrykke verken gruppenes utviklingsgrad, absolutt alder eller antall arter. Den (relative) tidsaksen går oppover, slik at alle grupper som eksisterer i dag, står øverst på samme høyde. Linjene nedenunder er stamartene, som er felles for de respektive gruppene. (Illustrasjonsdyr: krageflagellat og «vevsdyr»)

fikk med seg en del av det opprinnelige antallet arter. Men begge disse forestillingene er altså akkurat like gale som at mormor var dobbelt så mange personer som mor.

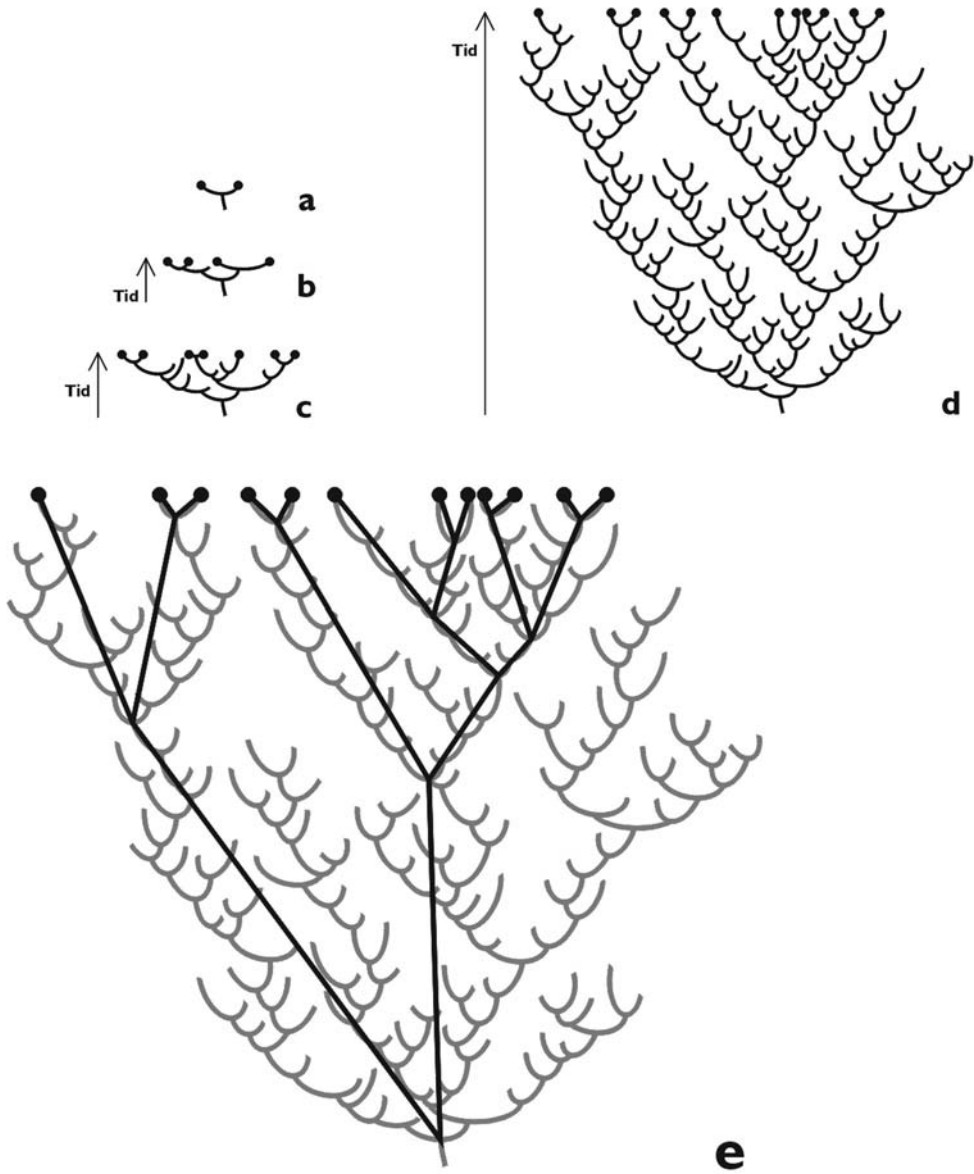
Her er det på sin plass å forklare hvordan biologer forestiller seg prosessen som resulterer i stamtre. For å ta med fagordene i samme slengen: Stamtreet kalles også for *fylogeni*, mens prosessen som ligger bak dannelsen av stamtreet av og til omtales som *fylogenes*. Begge ordene kommer av de greske ordene *phylos* (stamme) og *génésis* (dannelse). Hvordan foregår altså fylogenesen? Svaret kan uttrykkes i forholdsvis enkle vendinger:

Stamtreet viser slektskapsforholdene mellom arter (tilsvarende personene i familjestamtre). Arter kan i sin tur sammenfattes som *grupper (taxa)* i fagspråket). Pattedyr, virveldyr, dyr eller alt liv på jorden i sin helhet,

er eksempler på grupper av arter av forskjellig omfang.

Når man forestiller seg begynnelsen av en gruppe, så var denne til å begynne med kun representert ved en eneste art. At det i det hele tatt kan bli noe slikt som et stamtre ut av én art, er fordi arter kan gi opphav til nye arter. Dette kalles *artsdannelse* (i fagspråket også *spesiasjon* – av latin *species* = art). Hvordan artsdannelse i detalj foregår, er egentlig ikke så nøye for vårt formål. Det fins mange forskjellige artsdannelsesmekanismer (Sandvik, 2001, s. 24–27), og hvor stor betydning de enkelte mekanismene har, er til dels omstridt, slik at vi glatt hopper over dette. Det som er viktig, er: *Arter gir opphav til nye arter ved å dele seg i to* (figur 3).

Dette er en viktig forskjell mellom arter og grupper av arter: Grupper av arter kan ikke gjøre noen verdens ting. De kan selv-



Figur 3: Grupper av dyr oppstår ved at arter deler seg. En gang i tiden fantes det kun én dyreart. Denne stamarten gjennomgikk en artsdannelse (spesiasjon), som resulterte i to datterarter (3a). Disse var i sin tur stamarter for nye datterarter (3b). Sirklene symboliserer artene som eksisterer på et gitt tidspunkt, mens linjene symboliserer deres historie. Etter hvert som tiden går, blir det flere arter (3b og 3c). Noen har delt seg flere ganger i løpet av relativt kort tid, i andre tilfeller går det lenger tid. Vi ser også at enkelte arter dør ut før de får delt seg i to datterarter. Figur 3d viser hvordan stamtreet kan se ut etter flere millioner år. Vi ser at den ene stamarten som det hele begynte med, har gitt opphav til flere store grupper. Disse kunne tilsvare tummelsykesopp (første sirkel), krageflagellater (de neste to sirklene), svamper (sirklene 4 og 5) og «vevsdyr» (de resterende sju sirklene). Det har ikke skjedd noe annet enn at arter har delt seg i to. Faktisk har vi imidlertid aldri så komplett kjennskap til nålevende arters evolusjonære historie som det er fremstilt i figur 3d. Ofte er de nålevende artene det eneste vi har tilgjengelig. Figur 3e viser (i svart) kladogrammet vi kan rekonstruere ut ifra de tolv nålevende artene. Det samme stamtreet (de grå grenene) har vi derimot kun ytterst ufullstendig kjennskap til.



følgelig dø ut eller endre seg, men dette skjer i så fall ved at *hver av gruppens arter* dør ut eller endrer seg. Det fins ingen kjente mekanismer som kunne medføre at en gruppe *som helhet* gjennomgår en *felles* prosess. Arter har en felles skjebne, bl.a. fordi genflyt mellom alle artens individer binder dem sammen. Men mellom artene i en gruppe finner man ikke noen tilsvarende mulighet. Dermed er det også sagt at grupper ikke kan dele seg. At *vi* kan *innde*le en gruppe i mindre delgrupper er et annet spørsmål, men gruppen kan ikke selv dele seg. *Dermed kan heller ikke grupper av arter gi opphav til noe som helst.*

Selv om man f.eks. i *Det store norske leksikon* kan lese at krypdyr «stammer fra amfibier og har selv gitt opphav til både fugler og pattedyr» (!), er dette en evolusjonær umulighet. Verken amfibier eller krypdyr kan gi opphav til andre grupper. Nye grupper oppstår kun ved at arter deler seg i nye arter, som igjen kan dele seg osv. (figur 3a–d). Også store grupper, dvs. grupper som består av mange arter, har blitt til på denne måten, bare at det naturlig nok trengs flere artsdannelser for en stor gruppe enn for en liten en. Det som burde stått er altså: Krypdyr har hatt en felles stamart med pattedyr og, enda lenger tilbake i tid, med amfibier.

## 2. Stamgrupper

I en direkte fortsettelse av det forrige punktet kan vi se at Haeckel bruker navn av *dyregrupper* når han betegner deler av tre-stammen. Men vi kan altså like lite stamme fra «urpattedyr» (*Ursäuger*) som fra «urmark» (*Urwürmer*) når disse forstås som *grupper av dyrearter*. (Og flertallsendingene i de «vitenskapelige» navnene mer enn antyder at Haeckel så på disse navnene som *gruppe*-navn). Man kan selvfølgelig velge å kalle de første artene som hadde tydelige pattedyr-trekk, «urpattedyr». De fleste artene i denne

gruppen vil etter hvert ha dødd ut, mens kun én eller få senere ga opphav til enten alle eller noen av de nålevende pattedyrene. Men uansett hvordan vi velger å definere «urpattedyr», kan vi ikke stamme fra denne gruppen.

For å illustrere dette, er igjen familiestam-treet en god hjelp. Å snakke om en gruppe «urpattedyr» er som å sammenfatte våre tipp-oldeforeldre med deres søsken til en gruppe som vi kaller «våre forfedre». Vi kan selvfølgelig kalle dem for hva vi ønsker, men hvis vi definerer «forfedre» på denne måten, blir det feil å si at vi stammer fra dem! Vi stammer bare fra én av dem (kun tippoldemoren, ikke hennes søsken), nettopp fordi en gruppe ikke kan gi opphav til noe som helst.

Men det fins enda et problem her, som kanskje er verre: Blant «stamgruppene» i Haeckels kladogram finner vi også amøber (*Amoeben*), leddormer (*Ringelwürmer*), amfibier (*Amphibien*) og pungdyr (*Beuteltiere*). Til forskjell fra «urmark» er dette grupper som så avgjort fortsatt eksisterer. Hvis noen av disse gruppene skulle ha vært våre stamformer (og vi prøver å se bort ifra at grupper ikke kan være det), måtte det bety at disse gruppene ikke lenger fins fordi de ble «omvandlet» til andre grupper: leddormer til leddy, amfibier til krypdyr og urpattedyr, og så videre.

Noe slikt har med sikkerhet ikke skjedd. Det eneste man kunne bli med på, er at leddyrenes stamart lignet en del på dagens leddormer, eller at krypdyrenes stamart lignet på dagens amfibier. Men det korrekte slektskapsforholdet er ikke et avstammings-, men et søskenforhold: Amfibier er ikke stamformen for krypdyr, pattedyr og fugler, men søstergruppen. *Søstergruppe* betyr at amfibier er kryp- og pattedyrenes nærmeste slektninger, eller at de en gang i tiden har hatt en felles stamart. Da denne arten gjennomgikk

en artsdannelse, dvs. delte seg i to, ga den ene av disse to *datterartene* opphav til amfibiene, den andre til kryp- og pattedyr samt fugler.

Det vi i hvert fall kan merke oss er at grupper ikke kan være stamformer, og at det blir *dobbelt feil* når man betegner nålevende grupper som stamformer.

En tredje kategori av grupper som man finner blant Haeckels «stamgrupper» er overordnede begreper: Leddyr (*Gliedertiere*) er et overbegrep over insekter (*Insecten*) og krepsdyr (*Crustaceen*); menneskeaper (*Anthropoiden*) er et overbegrep over sjimpanse, gorilla, mennesket, orangutang og gibboner. Alle dyrearter kan sammenfattes til grupper, som igjen kan sammenfattes til større grupper osv.

Å nevne disse overgruppene i kladogrammet er helt korrekt og hjelper å få oversikt over virvaret. Problemet oppstår i det øyeblikket disse overbegrepene blandes sammen med «stamgrupper» og med nålevende grupper. Dette er tre fullstendig forskjellige ting, og å presentere et sammensurium av disse tre i ett og samme kladogram, kan bare føre til forvirring. I og med at et lignende sammensurium som i Haeckels kladogram også finnes i hodene selv til enkelte av dagens biologiprofessorer, er det kanskje ikke så rart at vordende biologer strever med å få evolusjonsforståelsen sin på plass...

### 3. Kunstige grupper

Videre nevner Haeckel noen kunstige grupper. En gruppe kan kalles *naturlig* eller *fullstendig* (eller *monofyletisk* i fagspråket), hvis den inneholder alle arter som stammer fra gruppens siste felles stamart. Dette gjelder f.eks. pattedyr, fugler, virveldyr, leddyr osv. Disse grupper kan sies å eksistere som grener av stamtreet, uavhengig av om vi oppdager dem eller ikke.

Hvis man derimot vilkårlig velger å eks-

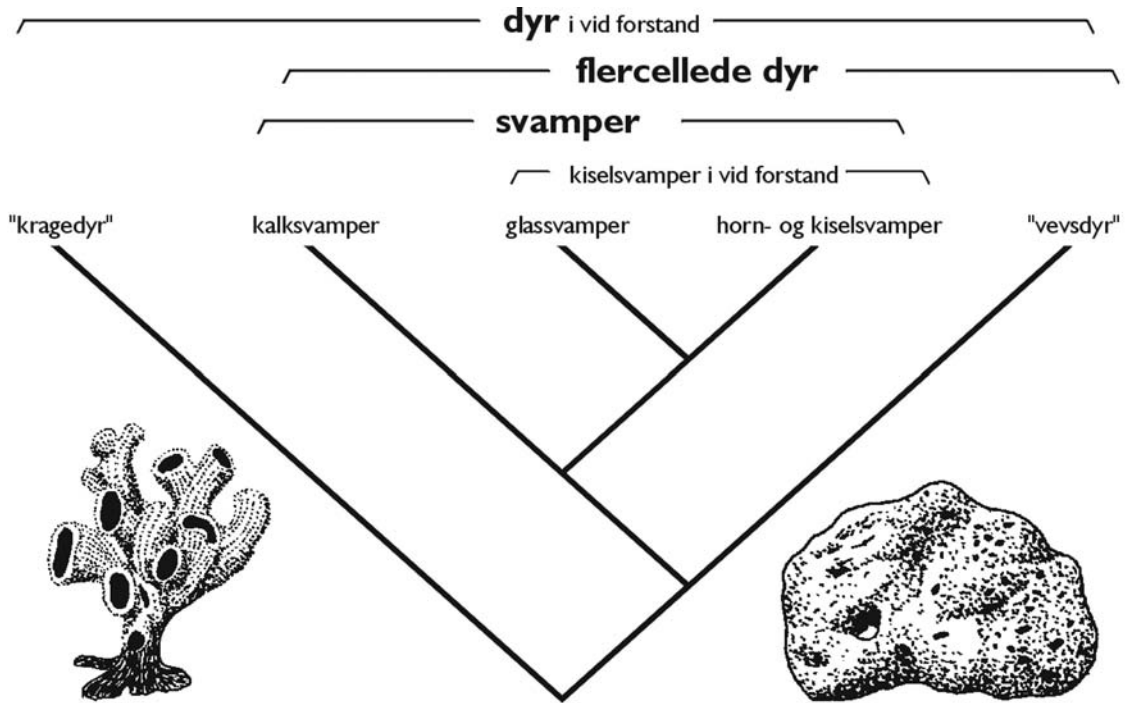
kludere enkelte dyrearter selv om de deler en felles stamart med arter i denne gruppen, så kan en slik gruppe kalles *kunstig* (eller *parafyletisk* i fagspråket). En slik gruppe er ikke noen fullstendig gren i stamtreet – den er en gren minus noen blader eller kvister. Eksempler på slike kunstige grupper i Haeckels kladogram er krypdyr (*Reptilien*) og beinfisk (*Knochenfische*). Grunnen til at krypdyr er en kunstig gruppe, vil bli klarere i Del 3 av denne artikkelserien, men kort fortalt er krokodiller i nærmere slekt med fugler (en gruppe som ikke regnes som krypdyr) enn med andre krypdyr. Dermed hadde «fugler + krokodiller» vært en naturlig gruppe, men krypdyr er ikke det. På samme måte, dvs. fordi noen beinfisk er i nærmere slekt med f.eks. oss enn med andre beinfisk, er også beinfisk en kunstig gruppe.

En annen måte å forklare det på, er at en gruppe er kunstig hvis man må klippe minst to ganger for å plukke den av treet: For å «få tak» i krypdyr, må vi først «sage av» grenen som det står *Reptilien* på, men så må vi i tillegg «klippe bort» kvisten som det står *Vögel* (fugler) på. En naturlig gruppe trenger derimot kun at man sager én gang, fordi naturlighet som sagt innebærer at gruppen er en fullstendig gren på stamtreet. For å få tak i den naturlige gruppen pattedyr, trenger vi f.eks. kun å kappe av treet der det står *Ur-säuger*.

Interessant nok var Haeckel åpenbart klar over krypdyrenes kunstighet. Den går i hvert fall frem av tegningen hans. Likevel valgte han altså å navngi denne kunstige gruppen.

Grunnen til at man i dag har valgt å unngå kunstige grupper i fremstillinger av stamtrær, er at kunstige grupper blir definert av oss (biologer, dvs. mennesker). Naturlige grupper eksisterer derimot uavhengig av oss. De kan altså strengt tatt ikke defineres, men må oppdages.

Her er det viktig å huske på skillet mellom



Figur 4: En annen fremstilling av dyrenes stamtre, som vektlegger andre sider enn figur 2, men som er like korrekt. Her får kisel-svampene mest oppmerksomhet (svampenes gren er vist med høyest «opplosning»), mens alle grener i figur 2 var gjengitt med den samme opplosningen. (Illustrasjonsdyr: glass- og hornsøve)

stamtreet som sådant på den ene siden og en gitt stamtrefremstilling på den andre siden: *Det fins kun ett sant stamtre*, eller én sann fylogeni. Livets evolusjon har bare foregått på én måte, men i og med at vi ikke var til stede, kjenner vi ikke til dette sanne stamtreet i detalj; vi kan bare håpe på å rekonstruere mest mulig av livets tre (figur 3e). En gitt stamtretegnning, et kladogram, vil derfor bare være mer eller mindre sammenfallende med dette sanne stamtreet. Hvor mye, vet vi ikke, men vi får håpe at vi kommer nærmere og nærmere det sanne stamtreet etter hvert som forskningen skrider frem. Sannsynligvis vil vi heller aldri få klarhet i hver minste forgrening av dyrenes stamtre, eller av livets tre som helhet. Men hvis vi vil håpe å avsløre mest mulig om stamtreet, må vi nettopp lete etter de grenene som er der, dvs. etter natur-

lige grupper, heller enn å definere kunstige grupper etter eget forogdtbefinnende. Å lete etter – og forhåpentligvis oppdage – mønstre i naturen er en vitenskapelig (og objektiv) aktivitet, mens definisjoner er (i beste fall intersubjektive) overenskomster.

#### 4. Uskarphet

Meningen med et kladogram er at det skal illustrere slektskapsforholdene mellom arter og grupper av arter. To kvister i stamtreet som har sitt utspring i den samme tvegreningen, uttrykker at de respektive gruppene er søstergrupper, dvs. hverandres nærmeste slektninger. For at et kladogram best mulig skal oppfylle sin oppgave, må altså forgreningenes rekkefølge være synlig. I Haeckels kladogram er det imidlertid ofte umulig å se



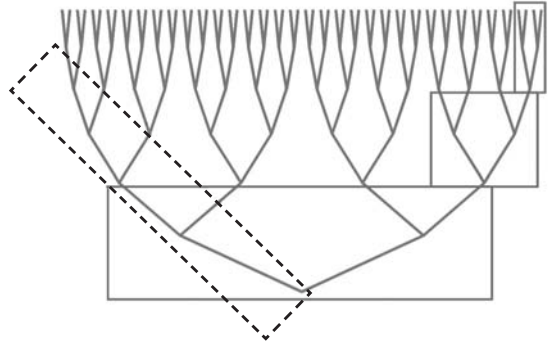
i hvilken rekkefølge oppgrevningene skal ha skjedd.

Nå er det selvfølgelig aldeles urettferdig å henge ut Ernst Haeckel på denne måten. Han var i sin tid en av de mest ivrige forsvarerne av Darwins evolusjonstanke. Kladogrammet hans ble publisert i 1874, og dette tatt i betraktning, er kladogrammet hans faktisk forbausende korrekt.

I tillegg til at han ikke hadde den kunnskapen om dyrenes stamtre som vi i dag sitter med, brukte han heller ikke den samme vitenskapelige metodikken. Her sikter jeg til at dagens biologer er ute etter å sette frem så testbare hypoteser som mulig. (Dette er en følge av Karl Poppers filosofi, som Haeckel vanskelig kan ha hørt om, siden han døde 15 år før publikasjonen av Poppers *Logik der Forschung*.) Dette innebærer at man, når man tegner et kladogram, ikke bør kamufflere eventuelle hull i kunnskapen ved å tegne litt uskarpe og tykke streker. Det skal gå klart frem av kladogrammet hva slektskapshypotesen er. Man skal også tore å feile: Er man usikker, tegner man forgreningene i den rekkefølgen som man tror er mest sannsynlig. Da oppmuntrer man i hvert fall andre forskere til å si ifra hvis de er uenige. Når alle bare tegner uskarpe busker, vil eventuelle uenigheter ikke bli oppdaget, og kunnskapstilveksten stagnerer.

## 5. Høyde

Kladogrammet «blader» symboliserer nålevende arter. Som i et vanlig tre ser man i Haeckels kladogram at det fins blader ikke bare øverst på treet, men i mange forskjellige høyder, nesten helt fra bakken og opp til treet topp. Gjenspeiler dette noe faktisk om artene? Haeckel prøvde å uttrykke en eller annen form for utviklingsgrad ved å plassere grupper i ulike høyder: encellede dyr nederst («Protozoa»), etterfulgt av virvelløse

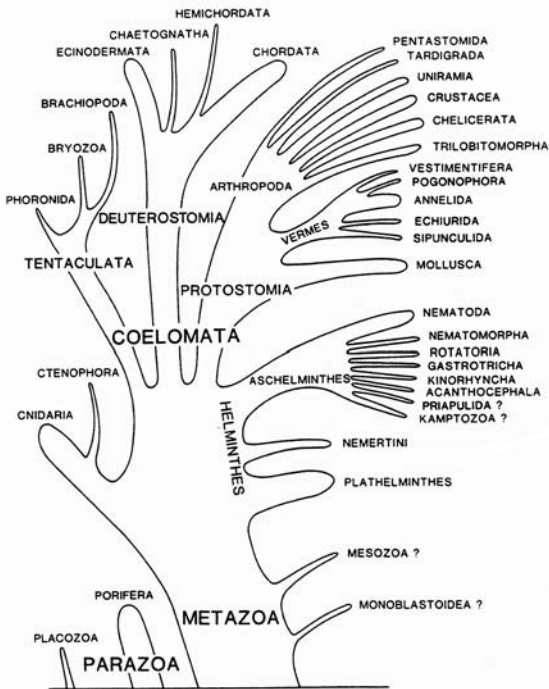


Figur 5: Det sanne stamtre (grått) har altfor mange grener (over én million) til å kunne bli gjengitt i en enkelt figur, man må altså nødvendigvis begrense «oppløsningen». Firkantene viser forskjellige muligheter å velge på hvilke deler av stamtre som skal vises i et kladogram. Haeckels løsning (den tynne, stiplede firkanten til venstre), er å konsentrere fremstillingen om én gren, og vise alle «sidegrener» som uoppløste stumper. En alternativ mulighet (de tykke firkantene til høyre) er å gjengi alle grener med lik oppløsning, og heller fordele informasjonen over flere kladogrammer. Det er viktig å huske på at forskjellen mellom disse to mulighetene ikke ligger i faktisk uenighet (dvs. uenighet om hvordan det grå stamtre ser ut), men avhenger av hva man ønsker å formidle med stamtre-fremstillingen.

dyr («Evertebrata»), og til slutt virveldyr med, aller øverst, pattedyr.

Dette er faktisk den dag i dag en vanlig måte å tenke evolusjon på: Spesielt biologiske lekfolk ser ut til å oppfatte «evolusjon» som synonym for «menneskets tilblivelse gjennom årmillionene» (*antropogenese*). Dette er imidlertid en svært så forenklet forestilling. Hvorfor skulle det for eksempel fortsatt finnes encellede dyr, hvis de har «gjort jobben sin», nemlig å «gi opphav til» flercellede dyr? Og hvorfor skulle evolusjonen ha frembrakt millioner av virvelløse arter, hvis det var virveldyrene (med noen latterlige titalls tusen arter) som var evolusjonens mål?

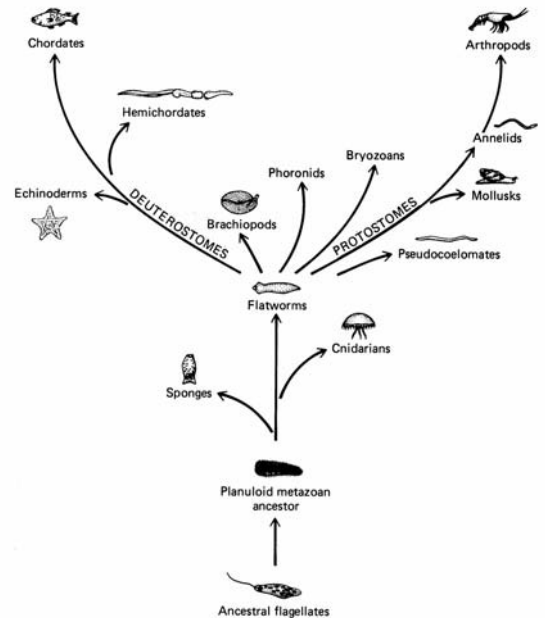
Fagfolk flest er i dag, rettere sagt siden Darwin, enig om at evolusjon ikke har noe mål. Vi mennesker kan godt være evolusjonens (så langt) mest komplekse art, men det er ikke grunnen til at vi ble til, og i hvert fall



Figur 6: Stamtre fremstilling som benytter seg av varierende grentykkelse. Det gir det feilaktige inntrykk at flercellede dyr (Metazoa) hadde mange flere stamarter enn f.eks. ribbe-maneter (Ctenophora). Begge disse gruppene – som alle andre – begynte imidlertid med verken mer eller mindre enn én stamart. (Reprodusert med tillatelse fra Holthe, 1987; © Torleif Holthe.)

ikke grunnen til at alle de andre artene har blitt til. Dessuten er «kompleksitet» et notorisk vanskelig ord. Det er en viss fare for at vi definerer ordet nettopp slik at det er mennesket som er mest komplekst. Men hvis vi f.eks. definerer kompleksitet ved antall ekstremiteter eller ved det elektriske sanseapparatet, er det andre dyr som slår oss med lengder.

Ikke minst derfor prøver man ikke lenger å uttrykke kompleksitets- eller andre former for «utviklingsgrader» i et kladogram. Ikke for å underslå at det fins forskjeller i kompleksitet, men fordi man har innsett at kladogrammer ikke er særlig egnet for å gjengi utviklingsgraden til dyr. Dette fordi tegning-

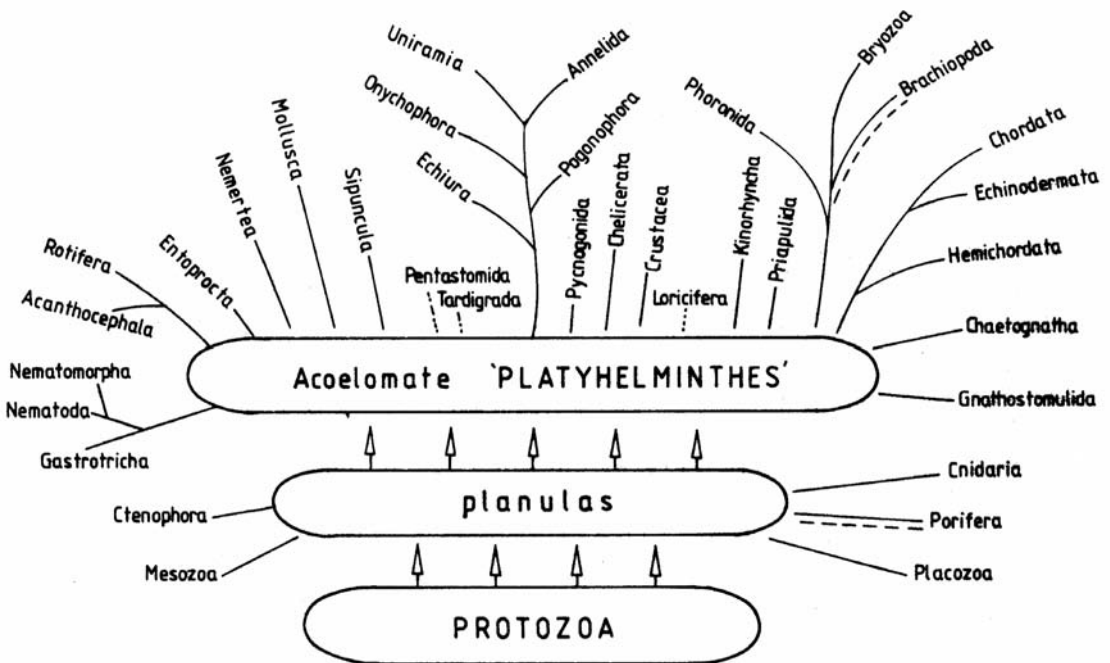


Figur 7: Stamtre fremstilling som ignorerer at nålevende grupper av flere grunner ikke kan være «stamgrupper». Her gir leddormer (annelids) opphav til leddyr (arthropods), og flatormer (flatworms) til hele seks andre grupper. Den korrekte måten å fremstille slektskapsforholdet på, hadde vært å tegne gruppene som hverandres søstergrupper, ikke som «stam-» og «dattergruppe». (Reprodusert med tillatelse fra Villee mfl., 1984; © Brooks/Cole og Thomson Learning, jf. www.thomsonrights.com.)

ens «y-akse», altså kladogrammetts loddrette komponent, i utgangspunkt er ment til å uttrykke tiden. Derfor pleier man i dag å plassere alle «blader» – alle nålevende arter – øverst i kladogrammet.

Man kunne selvfølgelig prøve å bruke kladogrammetts x-akse (den vannrette komponenten) for å uttrykke «utviklingsgrad». Selv dette har man nå gått bort ifra, fordi det forutsetter at man kan uttrykke kompleksitet gjennom ett tall, noe man ikke kan (Sandvik, 2001, s. 37–38).

I mange kladogrammer er imidlertid den vertikale tidsaksen ikke noen *absolutt* målestokk. Man kan f.eks. ikke tolke figur 2 dit hen at krageflagellater og «vevdyr» oppsto



Figur 8: Stamtre fremstilling som viser tre «stamgrupper»: éncellede dyr (Protozoa), planula-larver og en flatormgruppe (acoelomate «Platyhelminthes»). Feilene er her (1) at grupper ikke kan gi opphav til noe som helst, (2) at gruppene fortsatt eksisterer og heller ikke av den grunn kunne ha vært stamformer, (3) at det utgår flere enn to piler fra hver stamform, mens arter kun kan dele seg i to, og (4) at et larvestadium ikke er noen dyregruppe. (Reprodusert med tillatelse fra Willmer, 1990; © Cambridge University Press.)

samtidig, bare at begge oppsto etter den siste felles stamarten for dem alle.

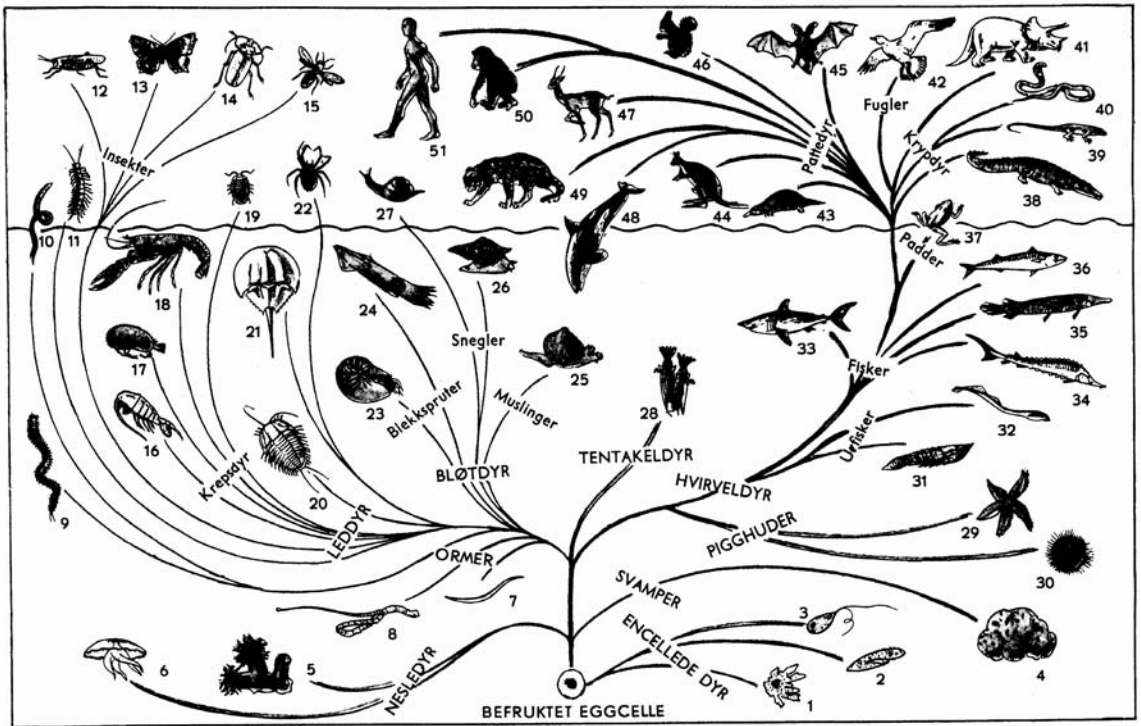
## 6. Oppløsning

Det tar kanskje litt tid før man oppdager at noen grener i Haeckels kladogram har fått mer oppmerksomhet enn andre. Men det blir tydelig hvis du sammenligner det med figur 2: Flercellede dyr og «kragedyr» er søstergrupper, dvs. går tilbake på en felles stamart som de ikke deler med andre grupper. Begge disse grenene får like mye oppmerksomhet i figur 2, begge vises m.a.o. med like mange delgrupper (to hver).

I Haeckels tre (figur 1) er det derimot alltid én gren som får mer oppmerksomhet – eller en gren som blir gjengitt med høyere «oppløsning» – enn søstergrenene sine:

Grenen med høyest oppløsning er alltid den som leder frem til oss. I og med at Haeckel har kalt kladogrammet sitt for «menneskets stamtre», er ikke dette direkte kritikkverdigg. Men man burde være klar over at en slik fremstillingsmåte på ingen måte er nødvendig. Uansett ligger det alltid et vilkårlig valg bak avgjørelsen hvilken oppløsning man ønsker å gjengi stamtrets grener med.

Hva som er søstergruppen til flercellede dyr, er et vitenskapelig spørsmål. Hvis jeg skriver «grønne planter» istedenfor «kragedyr» på denne grenen, er kladogrammet definitivt feil – fordi søstergruppen til flercellede dyr er «kragedyr», ikke grønne planter. Men avgjørelser om oppløsning er vilkårlige, fordi de gjelder stamtrefremstillingen (kladogrammet heller enn selve livets tre): Om jeg velger å gjengi flercellede eller «kragedyr» eller begge



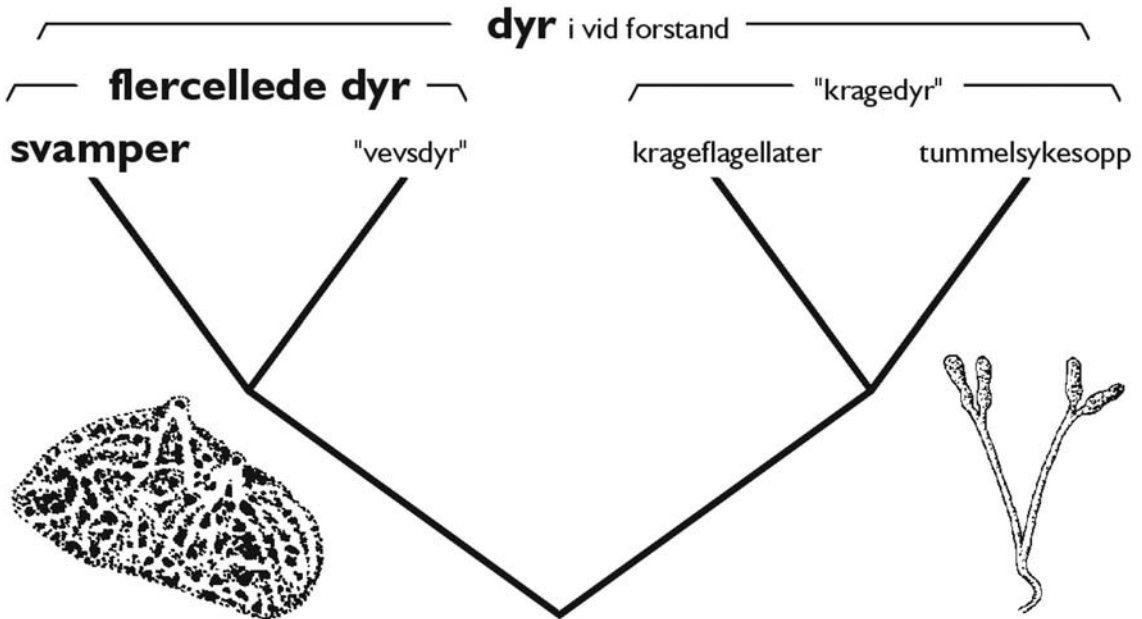
Figur 9: Stamtre fremstilling som er mer busk enn tre, dvs. som skjuler slektskapsforholdene mer enn den avslører dem. Alle forgreninger i et kladogram bør være tvegreninger, fordi (stam)arter kun kan dele seg i to. (Reprodusert med tillatelse fra Aasekjær & Heintz, 1962; original ved Anatol Heintz.)

med én eller to eller flere av gruppens delgrener, er avhengig av hva jeg vil få frem med kladogrammet. Hvis man er interessert i dyrenes stamtre generelt, og ikke bare i tilblivelsen av en enkelt art, kan det derfor være på sin plass å prøve å gi like mye oppmerksomhet til alle grener.

Figur 4 illustrerer poenget med oppløsning ved å fremstille dyrenes stamtre på en annen måte enn figur 2. Igjen tar kladogrammet utgangspunkt i den felles stamarten for «kragedyr» og fercellede dyr, men denne gangen blir ikke delgruppene til verken «krage-» eller «vevdyr» vist. Derimot er det svampene som får all oppmerksomheten. Både figur 2 og figur 4 viser de innbyrdes slektskapsforhold mellom dyrenes delgrupper, og begge er korrekte, men legger vekt på ulike grener av stamtreet.

Med tanke på at det ikke er plass til flere millioner arter i en enkelt figur, må man rett og slett begrense informasjonsmengden ved å slå sammen noen arter til én gren (jf. figur 5). Men hvor eller med hvilke grupper man gjør dette, er vilkårlig – bare man ikke endrer grenenes innbyrdes rekkefølge.

Det ligger selvfølgelig en god porsjon etterpåklokskap i å bruke en 130 år gammel stamtretegnning for å illustrere hvordan man ikke skal forestille seg at fylogenese har foregått. Det forstemmende er at jeg like gjerne kunne ha brukt mye nyere femstilinger. Figur 6 viser at grenens tykkelse fortsatt brukes for å illustrere noe som ikke er tilfellet (jf. avsnitt 1 over). Figur 7 og spesielt figur 8 er eksempler på (avsnitt 2) kladogrammer som usjenert viser frem en evolusjonær umulighet, nemlig stamgrupper. Figur



Figur 10: En fremstilling av dyrenes stamtre som kun avviker fra figur 2 i gruppene plassering. I og med at x-aksen ikke tillegges noen betydning, kan jeg like gjerne sortere søstergrupper alfabetisk (her) som etter artstall (figur 2). Slektskapsforholdene som uttrykkes gjennom tegningen, er upåvirket av dette. (Jeg kunne imidlertid ikke ha sortert gruppene i rekkefølgen krageflagellater–svamper–tummelsykesopp–«vevsdyr», fordi grenene da måtte ha krysset hverandre.)

9 unngår disse to feilene, men er (avsnitt 4) svært uskarp når det gjelder rekkefølgen av forgreningene. Dette gjelder for så vidt også for figurene 6–8. Samtlige av disse figurene er dessuten fullstendig ureflekterte når det gjelder (avsnitt 5) høyden og (avsnitt 6) oppløsningen av dyregruppene.

Kunstige grupper (avsnitt 3) finner man heldigvis sjeldnere og sjeldnere i kladogrammene. Men selv dette var ingen selvfølge: Etter at Darwin hadde grunnlagt dagens evolusjonsforståelse, tok det nesten utrolige 100 år til, før den tyske insektforskeren Willi Hennig i 1950 ble klar over at kunstige grupper i det hele tatt er noe som burde unngås. Og det tok ytterligere omlag 30 år før Hennigs innsikt ble anerkjent i de fleste fagmiljøene. Fortsatt er det – dessverre – spesielt lærebøkene (og f.eks. *Det store norske leksikon*) som ikke er oppdaterte på denne

fronten. Selv om evolusjonsforståelsen som læres bort i tekstene til disse bøkene, stort sett er på høyde med dagens forskning, gjør ofte figurene denne kunnskapen til skamme. Figurene 6–9 er hentet fra lærebøker i biologi, og flere av dem har til og med ukritisk blitt trykt opp i andre bøker.

Jeg vil tro at mange deler min fascinasjon for dyrenes stamtre, men populære fremstillinger som samtidig styrer unna de nevnte feilkildene, er merkelig nok så godt som fraværende. Dette prøver jeg å rette opp med de neste tre delene i denne artikkelserien (og med boken *Dyrenes evolusjon*). Det jeg vil illustrere stamtreet med, er kladogrammer av typen som man ser i figur 2 og 4. Og heller enn å tegne et stort kladogram, vil jeg bare vise mindre utsnitt av stamtreet av gangen for slik å kunne gjengi grenene med mest mulig jevn oppløsning.



Et siste ord om plasseringen av grupper på venstre-høyre-aksen: Som nevnt over uttrykker ikke x-aksen noe som helst. For ikke å gå i fella av å ville plassere den tilsynelatende «mest utviklede» gruppen (hva enn dette måtte bety) lengst til høyre, bruker jeg antall arter som kriterium: Av to grupper i den samme tvegreningen skal jeg tegne den som har flest arter, lenger til høyre. I figur 2 har altså flercellede dyr flere arter enn «kragedyr», og «vevsdyr» flere arter enn svamper. Men dette er som sagt en vilkårlig overenskomst. Hvis man heller vil sortere gruppene alfabetisk, er resultatet figur 10 istedenfor figur 2. Men som man ser: Det det kommer an på, slektskapsforholdene, er ikke påvirket av at noen grupper har byttet plass.

I neste nummer begynner vi klatringen i dyrenes stamtre. Startpunktet skal være nederst, ved den siste felles stamarten for alle flercellede dyr. Derfra følger vi noen av grenene oppover for å se på dyrenes tidlige evolusjon.

### Videre lesning

- Haeckel, E. 1874. *Anthropogenie oder Entwicklungsgeschichte des Menschen. Gemeinverständliche wissenschaftliche Vorträge über die Grundzüge der menschlichen Keimes- und Stammes-Geschichte.* Engelmann, Leipzig.
- Hennig, W. 1950. *Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik.* Deutscher Zentralverlag, Berlin.
- Holthe, T. 1987. *Systematisk zoologi.* Universitetsforlaget, Oslo.
- Popper, K.R. 1934. *Logik der Forschung. Zur Erkenntnistheorie der modernen Naturwissenschaft.* Springer, Wien.
- Sandvik, H. 2001. *Dyrenes evolusjon – en innføring i systematisk zoologi og dyrenes stamtre.* Tapir, Trondheim.
- Villee, C.A., Walker, W.F., jun., og Barnes,

R.D. 1984. *General zoology,* 6. utg. Saunders, Philadelphia.

Willmer, P. 1990. *Invertebrate relationships: patterns in animal evolution.* Cambridge University Press, Cambridge.

Aasekjær, H., og Heintz, A. 1962. *Virveldyr og andre dyregrupper. Zoologi for ungdomsskolen og realskolen,* 9. utg. Gyldendal, Oslo.