

Matematik og evolution

Bidrag til evolution.dk (red Peter C. Kjærgaard m.fl., 2009)

Skrevet af Esbén Sloth Andersen

Darwins universitetsmatematik bestod ikke mindst af Euklids geometriske beviser, men det hjalp ham ikke ved udviklingen af evolutionsteorien. Faktisk kan Darwins evolutionære verdensbillede siges at være i diametral modsætning til det euklidske verdensbillede. Selv om en retvinklet trekant tegnes sjusket på tavlen, så er det det euklidske begreb der tæller og ikke en dårlig repræsentation. For Darwin var det anderledes med biologiske karakteristika. Vi kan for eksempel starte med en art med en temmelig retvinklet næse, men det er de afvigende næser der er afgørende for evolutionen. Den naturlige selektion kan fjerne afvigerne og fastholde den retvinklede næse. Men en afvigende næse kan også blive fremmet af den naturlige selektion, og en meget lang række af små modifikationer kan frembringe en snabel. På intet tidspunkt kan man sige at springet var stort nok til at definere en ny art. Der er dog ingen tvivl om forskellen hvis vi fjerner mellemliddene.

Selv om evolutionære processer ikke passer til traditionel matematisk logik, så har evolutionsbiologerne fået stor hjælp fra matematiske begreber der umiddelbart kun kan repræsentere uforanderlige arter. Det var faktisk sådan Darwin startede. I hans hovedværk anvendte han kun én matematisk formel, og den repræsenterede væksten i en ensartet befolkning med uforanderlige egenskaber. Alligevel var den afgørende for formuleringen af evolutionsteorien. Senere evolutionsbiologer har kunnet drage mere omfattende nytte af matematikken. En vigtig fornyelse er kommet med datalogien og den hertil knyttede matematik og logik. Vi kan lave computersimulationer af evolutionsprocesserne og analysere resultaterne. Og datalogerne kan bruge algoritmerne fra disse simulationer til at løse ellers uløselige designopgaver. For eksempel bliver vingerne på flyvemaskiner nu ofte designede ved hjælp af evolutionære algoritmer.

Malthus' model over befolkningstilvækst

Selv om populærvidenskabelige fremstillinger af evolutionsbiologien undgår matematiske modeller, så spiller modellerne en afgørende rolle for forskerne. Det første og måske bedste eksempel er Darwins egen udvikling af teorien om naturlig selektion efter at han var vendt hjem fra sin verdensomsejling. Hos Thomas Malthus fandt han den simplest mulige matematiske

model for ubegrænset befolkningsvækst. Malthus havde brugt modellen på menneskelige befolkninger, men Darwin indså straks at den også kunne bruges på enhver anden biologisk art.

Et af hans regnestykker handlede om den ubegrænsede vækst af en befolkning af elefanter. Hvis befolkningen fortsætter med at vokse med et fast procenttal, så vil der forbløffende hurtigt stå elefanter side ved side over hele jorden. Selv om størrelsen af elefantbefolkningen stabiliserer sig i forhold til de naturlige resurser, så kan en mutant med overlegne egenskaber sprede sig på samme måde blandt de ikke-muterede elefanter. Hermed havde Darwin nået frem til kernen i sin teori om naturlig selektion.

Økologiske modeller

Darwin var ikke god til matematisk modellering, og det samme kan siges om mange af hans efterfølgere. Men de kunne som ham bruge givne matematiske modeller på en kreativ måde. Specielt to typer af modeller har spillet en stor rolle for evolutionsbiologiens udvikling. Det drejer sig om de økologiske modeller og de statistiske modeller.

De klassiske økologiske modeller er den logistiske vækstmodel og Lotka-Volterramodellen. Den logistiske model udvider Malthusmodellen ved at tilføje en begrænsning af befolkningstilvæksten. Denne begrænsning vokser efterhånden som befolkningen nærmer sig den maksimale størrelse, der er mulig med de givne resurser. Den nye empiriske opgave er derfor at studere hvordan fødsler og dødsfald er afhængige af elefantbefolkningens tæthed. Men befolkningens maksimale størrelse er i høj grad bestemt af størrelsen af befolkningerne af andre biologiske arter, og det er formaliseret i Lotka-Volterramodellen.

En afrikansk elefantbefolkning vil mindskes hvis den har overudnyttet de spiselige resurser i et isoleret område. Det giver savannens træer og buske tid til at vokse op før en ny overudnyttelse finder sted. Denne model kan udvides til at studere gensidig evolution. Uspiselige mutanter af træer og buske vil vinde frem; og det samme er tilfældet for elefanter der kan udnytte flere resurser. Lotka-Volterramodellen kan også udvides til at omfatte et helt økosystem med mange typer af interaktion. Herved formaliserer den Darwins uformaliserede billede af en evolutionsproces med konkurrenter, parasitter, og samarbejdspartnere. Nyheden er at vi systematisk kan analysere evolutionen af hvad Darwin og Linné kaldte naturens økonomiske system.

Statistiske modeller for evolution

De statistiske modeller muliggør et systematisk studium af evolutionens mekanismer. Modellernes udvikling blev påbegyndt af Darwins fætter Francis Galton. Udviklingen blev fortsat af betydningsfulde efterfølgere, ikke mindst af statistikerne og evolutionsbiologen R. A. Fisher.

Faktisk var det Fisher der udviklede mange af vores centrale statistiske begreber og metoder. Han formåede også, sammen med et par andre pionerer, at formulere det matematisk-statistiske grundlag for den neodarwinistiske syntese. Det skete ved at lave noget der ligner de økologiske modeller på det genetiske niveau. I den simpleste model studeres forskellige varianter af et gen der frembringer varianter af en bestemt arvelig egenskab.

Lad os, stærkt forenkende, antage at varianterne af et bestemt gen frembringer girafhalse med forskellig længde. Hvis vi kortlægger en girafbefolkning, så kan vi finde dens statistiske varians med hensyn til genet. Vi kan opfatte variansen som evolutionens motor. Hvis variansen er nul, så er alle giraffer ens og der kan ikke ske nogen naturlig selektion. Jo større varians der er, jo hurtigere kan evolutionen være. Men selektionen af giraffer med en længere hals gør efterhånden girafbefolkningen mere og mere ensartet. Selektionen resulterer i sidste ende i en varians på nul – hvis ikke der opstår nye mutanter.

Selektionen bygger på kovariansen mellem halslængde og formeringssucces. Denne kovarians kan være positiv, negativ, eller nul. Giraffen fik sin lange hals på grund af en positiv sammenhæng mellem individernes længere halse og deres formeringssucces. For øjeblikket er den gennemsnitlige kovarians i Afrikas girafbefolkninger formentlig meget tæt på nul. Det betyder ikke at evolutionen er slut. Det vil blive tydeligt hvis den nuværende opsplitning af girafbefolkningerne i isolerede og forskelligartede reservater opretholdes i nogle tusinde år.

Kortlægningen af gener

Evolutionebiologi kan selvfølgelig ikke reduceres til matematisk-statistiske modeller. Faktisk var det først efter at ledende feltbiologer forstod og anvendte modellerne på en kreativ måde at den neodarwinistiske syntese slog igennem i 1940'erne. For eksempel var det afgørende at de udviklede en feltbiologisk forståelse af dannelsen af nye biologiske arter. Senere har samspillet mellem eksperimenter og modeller været vigtigt for molekylærbiologiens udvikling. For øjeblikket foregår vigtige dele af udforskningen af livets forgrenede evolution på basis af enorme databaser med genetisk information om individer fra et stort antal arter.

Denne udforskning kan ikke foregå uden matematiske, statistiske og datalogiske begreber og metoder. Resultaterne er enorme. Tænk bare på den komplette kortlægning af chimpansegenomet og det humane genom. Og vi vil snart høre om resultaterne af den komplette kortlægning af genomerne for den afrikanske elefant, den indiske elefant og den uddøde mammut (der viser sig at være nært beslægtet med den indiske elefant). Vi er altså kommet meget langt væk fra Darwins tid, hvor anvendelsen af den simpleste mulige matematiske model kunne føre til et gennembrud for evolutionebiologi. Men metoderne kan fortsat i hovedtræk forstås af energiske amatører, og denne forståelse giver en rigere forståelse af de forbløffende effekter af de evolutionære mekanismer.