

Nya avhandlingar – *New dissertations*

<https://doi.org/10.34080/os.v23.23139>

Biao Wang, 2012: **Development and Application of Genomic Resources in Non-model Bird Species.**

Doktorsavhandling vid Uppsala universitet, Teknisk-naturvetenskapliga vetenskapsområdet, Biologiska sektionen, Institutionen för ekologi och genetik, Populationsbiologi. Permanent länk: <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:uu:diva-183645>. ISBN: 978-91-554-8540-5.

Många har nog hört talas om HUGO projektet. Det gigantiska projekt där man kring millennieskiftet kartlade hela den mänskliga arvsmassan (genomet). Det tog hundratals forskare över hela världen dryga tio år att slutföra och beräknas ha kostat, i runda slängar, tre miljarder dollar. Förra vintern försvarade en doktorand vid namn Biao Wang vid Uppsala universitet en avhandling där han bland annat kartlagt orrens genom. Det som för bara tio år sedan krävde ett enormt internationellt samarbete kan idag alltså klaras av en enskild doktorand på betydligt kortare tid och till bara en bråkdel av kostnaden. Nu haltar jämförelsen något eftersom fåglars genom bara är ungefär en tredjedel så stort som däggdjurs, men ändå...

Vad menar man då med att kartlägga (eller sekvensera) ett genom? Alla organismers arvs massa är uppbyggda av det kemiska ämnet DNA. Dess struktur är en väldigt lång kedja i den välbekanta formen av en dubbelspiral (som beskrevs av Watson och Crick för 60 år sedan). I kedjan sitter så kallade baspar på rad och ordningen på dessa baspar är vad som kallas för genomets sekvens. Varje DNA molekyl är en väldigt lång sådan kedja som bildar en kromosom i cellkärnan. Man brukar, lite förenklat, likna basparen vid bokstäver som genom att sättas ihop, på ett för varje organism specifikt sätt, bildar den långa text som arvsmassan alltså består av. När man nu sekvenserat orrrogenomet betyder det alltså att man bestämt ordningen på (eller

läst) de enskilda basparen i texten. Det genetiska alfabetet består av endast fyra olika bokstäver (A, T, G och C) men texten är väldigt lång. En roman på 400 sidor innehåller ca en miljon tecken. En fågels hela genom är ungefär tusen gånger så stort (ca en miljard baspar).

Att man numera kan läsa genomets text så mycket snabbare än för bara något decennium sedan beror framför allt på enorm teknikutveckling inom DNA sekvensering. Men kruxet är att det inte går att (som när man läser en roman) starta läsningen i ena änden av kromosomen och sluta när man kommer till den andra änden. Vad man i stället gör är att klippa sönder allt DNA i små fragment som inte är längre än ca 100 baspar och sedan läsa sekvensen för varje fragment för sig. Tänk dig att ta de tusen tegelstensromanerna och köra dem genom en dokumentförstörare, läsa varje strimla separat och sedan försöka pussla ihop all text i rätt ordning igen. Detta är inget som låter sig göras för hand, utan här behöver man ta hjälp av extremt kraftfulla datorer, smarta program och hårt arbetande forskare. Detta behov har lett till att ett helt nytt vetenskapsfält har växt fram under de senaste åren, bioinformatik.

Bioinformatiker arbetar med att sortera och förstå oerhörda mängder information. För att kunna lägga det otroligt stora genetiska bokstavspusslet krävs att man skaffar ordentligt överlappande sekvensbitar. Därför sekvenseras varje bokstav i genomet i genomsnitt uppåt hundra gånger. De datamängder som genereras på bara några veckors sekvensering är svidnande. Datafilerna brukar ofta komma upp i storlekar av flera terabyte (miljoner megabyte). Skulle man skriva ut filerna på vanligt A4-papper (för att exempelvis kontrollläsa eller arkivera datat) skulle papperstapeln bli flera mil hög (en bra bit högre än man flyger med vanliga flygplan).

Det Biao har bidragit till är alltså att använda sig av denna typ av bioinformatiska tekniker för att kartlägga orrens arvs massa, men genomsekvenseringsprojekt är faktiskt i bara ett av de totalt

fem ingående arbetena i doktorsavhandlingen. I de övriga artiklarna och manuskripten specialstuderas bland annat en viss region av genomet (MHC) där många gener som är viktiga för immunförsvaret är lokaliserade. Han har också studerat det så kallade ”transkriptomet”, det vill säga den del av arvsmassan som består av aktiva gener (som innehåller ritningar till de proteiner och enzymer som bygger upp vår kropp och ser till att den fungerar som den ska).

Varför valdes då just orre som föremål för denna detaljerade genetiska kartläggning? Förutom att det är en utomordentligt intressant art att studera, tack vare sitt ovanliga parningssystem (leken), har den en egenskap som är väldigt praktisk i sammanhanget. Den är nämligen evolutionärt väldigt nära besläktad med tamhönan (de två evolutionära linjerna delades för ”bara” ca 30 miljoner år sedan). Hönans genom var det första fågelgenomet som kartlades (delvis parallellt med HUGO projektet) och det är fortfarande det mest noggrant studerade genomet i fågelvärlden. Tack vare denna släktskap har man kunnat ta en del genvägar (ursäktas ordvitsen) i kartläggningen av orrens arvs massa, genom att använda sig av information från tamhönan. Detta gäller bland annat att lokalisera olika genregioner och att bygga ihop färdiga kromosomer från sekvenseringsfragmenten.

Förhoppningsvis kommer all information som nu sammanställts av Biao om orrens genetik att kunna leda till många spännande upptäckter i framtiden. Bland annat hoppas forskarna kunna studera vilka genetiska mekanismer som ligger bakom att vissa tuppår får mycket fler parningar på spelen medan vissa blir helt utan honor.

ROBERT EKBLOM

Katarzyna Kulma, 2013. **Avian malaria, life-history trade-offs and interspecific competition in *Ficedula flycatchers*.**

Doktorsavhandling vid Uppsala universitet, Teknisk-naturvetenskapliga vetenskapsområdet, Biologiska sektionen, Institutionen för ekologi och genetik, Zooekologi. Permanent länk: <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:uu:diva-204349>. ISBN: 978-91-554-8708-9.

Flugsnapparna på Gotland och Öland har förmodligen varit föremål för fler vetenskapliga studier än någon annan svensk fågelpopulation. Bortåt tjugo doktorsavhandlingar har producerats vid Uppsala universitet om svartvit- och halsbandflugsnappare

under de senaste trettio åren. Ett grymt imponerande facit. Senast i raden av flugsnappardoktorer är Katarzyna Kulma som disputerade i höstas. Fokus denna gång var hur fåglarnas liv påverkas av de malariaparasiter som är relativt vanliga i dessa och många andra fågelpopulationer. Efter att halsbandsflugsnapparen koloniserade Öland i mitten av förra århundradet har den gradvis trängt undan sin svartvita kusin från delar av ön. Tidigare studier har konstaterat att detta delvis beror på att halsbandsflugsnapparna är bättre på att konkurrera om de riktigt bra territorierna (de i löv- och blandskog) medan de svartvita flugsnapparna har fått nöja sig med sämre revir i barrskogsområden. Detta har lett till en snabbare reproduktionstakt hos halsbandflugsnapparna. Katarzyna har lagt ytterligare en bit av kunskaps pusslet genom upptäckten att honor av svartvit flugsnappare oftare dör när de blir infekterade med fågel malaria jämfört med honor av halsbandflugsnappare, som oftare överlever malariainfektionen. Intressant nog kan skillnaden mellan arterna eventuellt förklaras av att halsbandsflugsnapparna är utsatta för en större variation av malariaparasiter och därför har utvecklat ett effektivare immunförsvaret. I avhandlingen studerades denna aspekt genom jämförelse av MHC (major histocompatibility complex)-generna. Dessa gener är centrala i immunförsvarets funktion att kunna skilja själv från icke-själv.

Med hjälp av genetiska analysmetoder har Katarzyna också kunnat undersöka vilka olika varianter av fågelmalariaparasiter som drabbar de öländska flugsnapparna. Det visade sig att fåglarna kan vara infekterade både med malariavarianter som sprids lokalt på häckningslokalen och med tropiska varianter som sprids i vinterkvarteren i Afrika. Den vanligaste parasitvarianten (*Haemoproteus majoris*, hPHSIB1), som ca hälften av alla studerade flugsnappare var infekterade med, verkar exempelvis främst spridas inom häckningsområdet. Det fanns också skillnader i fördelningen av olika malariavarianter mellan de två flugsnappararterna.

En av anledningarna till att just flugsnappare är så välstuderade inom ekologisk forskning är att de gärna häckar i holkar. Man kan därför enkelt, inte bara observera häckningsutfallet för enstaka individer, utan även manipulera och experimentera med häckningarna (exempelvis genom att flytta ägg mellan kullar och därigenom öka eller minska kullstorleken). Genom denna typ av manipulation har forskarna länge kunnat studera vilka avvägningar (eng. ”trade-offs”) som enskilda individer tvingas göra under sin livstid. Eftersom varje fågelindivid bara har en begränsad mängd resurser att tillgå, kan

den exempelvis inte satsa maximal energi både på att överleva och att reproducera sig. Katarzyna har i sin avhandling undersökt hur sådana avvägningar påverkas av malariainfektioner. I ett av de ingående arbetena manipulerade hon kullstorlekar hos halsbandsflugsnappare samtidigt som hon mätte hur mycket malariaparasiter honorna hade i blodet. För att få ett mått på hur stark immunreaktion honorna mobiliserade, mätte hon samtidigt också antikropps nivåer i blodet hos fåglarna. Hon kom fram till att malariainfekterade honor hade svårare att klara av att föda upp experimentellt förstorade

kullar (sett genom att mäta ungarnas viktökning, och honornas matningsfrekvens) jämfört med icke-infekterade honor. Det fanns dock stor individuell variation mellan olika honor och framförallt visade det sig att honor med höga antikropps nivåer klarade manipulationen utan några mätbara problem. Ett väl fungerande immunförsvar ger således dessa honor en klar fördel i den kamp för överlevnad och reproduktion som vi evolutionsforskare brukar benämna ”det naturliga urvalet”.

ROBERT EKBLOM