

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 EKBLÖM

<https://doi.org/10.34080/os.v23.23140>

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.

Flugsnapparena 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 halsbandsflugsnapparena är bättre på att konkurrera om de riktigt bra territorierna (de i löv- och blandskog) medan de svartvita flugsnapparena har fått nöja sig med sämre revir i barrskogsområden. Detta har lett till en snabbare reproduktionstakt hos halsbandflugsnapparena. 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 halsbandsflugsnapparena 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 flugsnapparena. 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