

Tanja Strand, 2011: **European Black Grouse: MHC Genetic Diversity and Population Structure**. Filosofie doktorsavhandling, Populationsbiologi och Naturvårdsbiologi, Uppsala universitet. ISBN 978-91-554-8188-9. <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:uu:diva-160042>.

Förra årets andra doktorsavhandling som handlade om orrens (*Tetrao tetrix*) biologi försvarades vid Uppsala universitet av Tanja Strand i slutet av november. Tanja har specialstuderat en grupp gener vid namn MHC (Major Histocompatibility Complex). MHC-generna är oerhört centrala för alla ryggradsdjur när det gäller att aktivera immunförsvaret så fort kroppen blivit angripen av någon bakterie, parasit eller virus. På grund av detta har de även blivit föremål för detaljerade studier i en lång rad av vilda och tama djur. Sist i raden av dessa är alltså vår egen orre. MHC-molekylernas funktion är att presentera små delar av proteiner (så kallade peptider) från de sjukdomsalstrande organismerna för immunförsvarets celler (vita blodkroppar), så att kroppen kan känna igen dem och oskadliggöra dem. Om en människa eller annat djur har ett stort utbud av olika sorters MHC-molekyler antas hon kunna presentera ett stort urval av bakterier och parasiter för immunförsvaret vilket leder till att hon blir motståndskraftig mot många olika typer av sjukdomar. Tidigare forskning har visat att vissa varianter (alleler) av MHC-molekylerna ger specifikt skydd mot svåra sjukdomar som HIV och malaria. Ur en bevarandebiologisk synvinkel antas det därför vara extra viktigt att populationer har stor genetisk variation just i dessa gener.

I Tanjas avhandling undersöktes den genetiska variationen i orrens MHC på flera geografiska skalar. Eftersom MHC-generna är så väldigt variabla är de extra kluriga att studera genom exempelvis DNA sekvensering. Dessa gener har också hög grad av duplicering, detta innebär att det finns flera olika kopior av dem i genomet som inbördes kan vara väldigt lika varandra vilket utgör ytterligare en komplikation när de skall undersökas. På grund av dessa svårigheter ägnas inte mindre än tre av fem kapitel i avhandlingen åt ganska beskrivande studier av generna och metodutveckling för att kunna studera dem. I detta arbete har Tanja kunnat dra nytta av att orren är nära besläktad med tamhönan, som är den fågelart där MHC-generna studerats i djupast detalj så här långt. Det grundläggande arbete som beskrivs i dessa kapitel kommer att vara

till stor nytta för framtida studier av MHC-variation inte bara hos orrar utan också många andra fågelarter.

Eftersom orren i Europa förekommer dels i stora sammanhängande bestånd (exempelvis norra Skandinavien) och dels i små, fragmenterade och kraftigt hotade populationer (exempelvis Holland, Tyskland och Storbritannien) finns möjligheten att jämföra exempelvis genetisk variation mellan dessa och se hur bevarandestatusen påverkas av eventuell genetisk utarmning. Eftersom orren inte sprider sig särskilt långt från kläckningsområdet och dessutom ogärna flyger över stora öppna ytor som sjöar, städer och berg är den extra utsatt för så kallad fragmentering av landskapet (alltså när sammanhängande skogsområden bryts sönder i mindre isolerade enheter). Tanja studerade MHC-genetik hos flera hundra orrar från ett stort antal platser i Europa, alltifrån stora sammanhängande till isolerade och mycket små och isolerade populationer. Ett av de viktigaste resultaten var att orrarna i isolerade populationer verkade kunna bibehålla en relativt stor variation i MHC generna (jämfört med förväntat utifrån andra genetiska markörer). Detta tros bero på att det naturliga urvalet verkat för att bevara variationen i just dessa gener eftersom detta är så centralt för immunförsvarets funktion. I de mycket små och isolerade populationerna som förekommer i Holland och norra Tyskland har dock även mycket av MHC-variationen gått förlorat. Detta är mycket allvarligt eftersom dessa populationer på grund av detta troligen blir mer sårbara för sjukdomar och parasiter.

I det sista kapitlet av avhandlingen specialstuderades just dessa mycket små och isolerade populationerna i Centraleuropa. Genom att arbeta med både moderna prover och historiska prover insamlade i första halvan av nittonhundratalet kunde man observera att den genetiska variationen utarmats under fragmenteringsprocessen, både för MHC-gener och för andra genetiska markörer. De historiska proverna visade också på en mindre grad av geografisk genetisk strukturering jämfört med situationen i dagsläget. Här kunde man alltså på ett väldigt konkret sätt bevitna resultaten av hur mänsklig verksamhet påverkat den ”genetiska hälsan” i dessa ytterst hotade populationer.

ROBERT EKBLOM