

Axel Künstner, 2011: **Birds as a model for comparative genomic studies**. Filosofie doktorsavhandling. Evolutionsbiologi, Uppsala universitet. ISBN 978-91-554-8186-5. <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:uu:diva-159766>.

Grunderna för förståelsen av hur evolutionen påverkar alla levande organismer på jorden genom naturligt urval lades av Darwin för mer än 150 år sedan. Men detaljerna kring hur generna förändras och nya arter bildas genom årmiljoner av selektion på olika nivåer har vi bara nyligen kunnat börja undersöka tack vare upptäckten av DNA och möjligheten att kartlägga arvsmassan genom DNA-sekvensering (båda framsteg som resulterat i Nobelpris till de inblandade forskarna). De senaste fem åren har teknologin tagit ytterligare ett gigantiskt kliv framåt i och med utvecklingen av de s.k. nästa generationens sekvenseringstekniker. Tack vare dessa tekniker kan man idag sekvensera hela genom (all arvsmassa hos en cell, individ eller art) på bara några veckor och till en kostnad som ligger inom räckhåll för ett forskningsanslag till en enskild forskargrupp. Detta kan jämföras med det så kallade HUGO-projektet där hela den mänskliga arvsmassan kartlades för ca tio år sedan. Detta projekt tog femton år och kostade flera miljarder dollar för ett stort antal forskargrupper över hela världen. I en avhandling vid Uppsala universitet använde sig Axel Künstner av denna typ av ny teknologi för att studera olika detaljer av fåglarnas genetik och evolution.

Det kompletta genomet är uppdelat på ett antal kromosomer som i sin tur består av var sin DNA-molekyl. DNA-molekylen kan liknas vid en lång sträng av miljontals så kallade baspar. Basparen fungerar som bokstäver i ett alfabet (men alfabetet består i detta fall bara av fyra bokstäver A, T, C och G) och när man sekvenserar arvsmassan kan man läsa vilken ordning dessa bokstäver kommer. I speciella delar av genomet bildar bokstäverna ”ord” som i sin tur fungerar som ett recept för cellen att tillverka ett visst protein (äggviteämne) som i sin tur styr de biokemiska funktionerna i cellen. De delar av genomet som kodar för dessa proteiner kallas för gener. Axel och hans medarbetare sekvenserade tusentals gener hos tio olika fågelarter (bland andra emu, undulat, kråka och två arter av kolibrier). Genom att jämföra gensekvenserna mellan arterna kunde han identifiera de genetiska regioner som är mest påverkade det naturliga urvalet.

Men det är bara en liten del av genomet som består av gener, mellan generna finns stora regioner

med DNA som man fram till nyligen inte har trott har så mycket till funktion (det har till och med lite slarvigt kallats för ”skräp-DNA”). Numera vet vi att dessa ”icke-kodande” genomiska regioner ofta har andra viktiga funktioner som att se till att DNA-molekylen packas ihop på ett riktigt sätt och att reglera hur olika gener stängs av och på beroende på vilken typ av cell det är fråga om (alla celler i hela kroppen från nervceller, till hudceller och vita blodkroppar har samma genom och den stora skillnaden mellan hur dessa celler ser ut och fungerar beror just på dessa typer av mekanismer). Axel kunde visa att det naturliga urvalet spelar stor roll för utformningen av de icke-kodande regionerna av genomet så väl som i generna. I avhandlingen undersöktes också hur generna är på- och avslagna hos olika fågelarter. Bland annat specialstuderade han svartvit- och halsbandsflugsnappare, ett artpar som ägnats mycket stor uppmärksamhet av flera forskargrupper i Uppsala under många decennier.

ROBERT EKBLOM

Jonathan Barnaby, 2012: **Cooperative breeding in the southern anteater-chat: Sexual disparity, survival and dispersal**. Filosofie doktorsavhandling, Populationsbiologi och Naturvårdsbiologi, Uppsala universitet. ISBN 978-91-554-8426-2. <http://urn.kb.se/resolve?urn=urn:nbn:se:uu:diva-179070>.

Socialitet och samarbete inom djurvärlden är ett hett tema inom den moderna ekologi- och evolutionsforskningen. Generellt är det inte helt enkelt att i evolutionära termer förstå och förklara varför det är så vanligt att individer (eller för den delen celler och gener) ofta agerar på ett osjälviskt vis. Hela evolutionsläran bygger ju på att anlag som får en individ att föra sina egna gener vidare till nästa generation i en större grad än andra individer kommer att öka i frekvens i populationen på bekostnad av mindre lyckade arvsanlag (en mekanism som vi känner under namnet naturligt urval). Om båda inblandade individer tjänar på samarbetet är det förstås lättare att förklara, men i många fall är samarbeten evolutionärt sätt väldigt känsliga för fuskare. Om det dyker upp en individ som har som strategi att själv dra nytta av att den andra individen samarbetar men själv inte samarbetar tillbaka, finns det stor risk att denna plockar ännu fler poäng i det evolutionära spelet och därmed bryter samarbetet så småningom ihop.

Ett av de allra mest extrema fallen av samar-