

Immungener hos orre: variation och genetisk rekombination

Patrik Rödin Mörch

En viktig del av alla ryggradsdjurs immunförsvar utgörs av det större histokompatibilitetskomplexet. Det är en grupp gener som ofta är lokaliserade i närheten av varandra. Generna är involverade i att initiera ett svar från immunförsvaret vid infektion av exempelvis virus och bakterier. Om man jämför gensekvensen i dessa gener mellan olika individer i en population så skiljer de sig ofta väldigt mycket från varandra. Genetisk variation är absolut nödvändigt för att evolutionen ska kunna fortgå och är direkt kopplad till populationers överlevnad och anpassning. På grund av den ständiga evolutionära kapprustningen mellan patogen och värd så är variation i gener som ansvarar för immunförsvaret speciellt viktig. Det gör att en population har möjligheten att kunna stå emot nya och förändrade patogener. Det har visat sig att små och hotade populationer ofta har lägre nivåer av genetisk variation vilket ökar risken för utdöende. Genetisk variation uppstår genom DNA-mutationer som sedan genom en process kallad rekombination sorteras runt, och sprids vidare inom populationen. Från ett evolutionärt perspektiv så är rekombinationen som sker vid sexuell reproduktion väldigt viktig. En avkomma får en kopia av vardera förälderns uppsättning av gener i form av en kromosom. Kromosomerna paras sedan ihop och byter genetiskt material med varandra, vilket skapar nya kombinationer av genvarianter från en generation till nästa.

I mitt arbete undersökte jag genetisk rekombination och variation inom två immungener samt 13 stycken variabla genetiska markörer, så kallade mikrosatelliter som också är lokaliserade i histokompatibilitetskomplexet. Jag studerade två europeiska populationer av orre, där den ena populationen är stor och kommer från centrala Finland. Den andra är den sista kvarlevande populationen från Nederländerna, som uppskattningsvis består av 35-50 individer. Med hjälp av genetiska markörer vars position ligger utanför immunregionerna så har tidigare studier visat att den nederländska populationen har förlorat genetisk variation. Mina resultat visar att orrar från Nederländerna har lägre genetisk variation jämfört med orrar från Finland och att de två populationerna skiljer sig från varandra genetiskt. Det betyder att migration mellan dessa två populationer har historiskt varit näst intill obefintlig, samt att de lägre nivåerna av genetisk variation i den isolerade nederländska populationen är ett resultat av sjunkande antal individer. Inom de två generna jag har studerat så finns även en tydlig historisk signatur från det naturliga urvalet, vilket tyder på att de inte har utvecklats under slumpmässiga förhållanden utan istället som ett resultat av kapprustningen mellan värd och patogen. Mängden genetisk rekombination är inom populationsgenetiken direkt kopplad till populationens historia. Med andra ord så har händelser så som migration och drastiskt sjunkande populationsstorlek en betydelse för resultatet när man uppskattar hur mycket rekombination som har skett i det data man analyserar. Med det i åtanke så var resultatet från analysen av rekombination inte allt för överraskande när det visade sig att den nederländska populationen har lägre nivåer jämfört med den finska. Lägre rekombination i den nederländska populationen har en negativ inverkan på den framtida återhämtningen av genetisk variation.

Resultaten från den här studien har betydelse för förståelsen av hur dessa immungener utvecklas inom den gruppen av fåglar som orrar tillhör. De har även betydelse för framtida hantering av den högst utsatta populationen från Nederländerna.