

MODERNE BEVARINGSGENETIK I EN FORANDERLIG VERDEN

Hvis en art skal kunne tilpasse sig, når miljøet ændrer sig, skal der være tilstrækkelig genetisk variation i populationen. Moderne genetiske metoder kan hjælpe med at identificere de populationer af truede dyr og planter, der har størst chance for at klare sig på den lange bane.

Om forfatterne:



Michael Ørsted er post-doc og forsker i hvordan arter tilpasses og økosystemer ændres i takt med miljøændringer moer@bio.aau.dk



Torsten Nygaard Kristensen er professor og arbejder med evolutionsbiologi med fokus på at forstå den genetiske baggrund for komplekse træk og organismers tilpasninger til ekstreme miljøer. tnk@bio.aau.dk

Begge er ved Institut for Kemi og Biodiversitet, Aalborg Universitet

Menneskelig aktivitet har i nyere tid bidraget til en meget hurtig ændring i miljøet for verdens dyre- og plantearter. Det sker primært på grund af tab af levesteder, forurening, jagt og fiskeri, spredning af sygdomme og invasive arter og globale klimaforandringer. Det har bidraget til, at mange arter uddør. Men der er faktisk flere eksempler på arter, som hurtigt tilpasser sig evolutionært til drastiske forandringer i deres levesteder og som derfor overlever. Det kræver dog én meget vigtig forudsætning, nemlig at der er genetisk variation til stede, da det populært sagt er evolutionens råstof. Det er dog ikke altid tilfældet, at der er tilstrækkelig genetisk variation mellem individer indenfor en art. Problemet for mange arter er, at de på grund af menneskets tilstedeværelse, lever i færre og mindre områder. Disse levesteder er ofte også fragmenterede på grund af naturlige eller menneskeskabte barrierer i landskabet i form af skovrydning, veje, byer m.m. Det gør det vanskeligt for individer at migrere mellem populationerne, hvilket hindrer udveksling af gener populationerne imellem. I

populationer bestående af relativt få individer med begrænset input af nyt genetisk materiale vil der hyppigt foregå indavl – parring mellem nært beslægtede individer – hvilket kan føre til såkaldt indavlsdepression i form af for eksempel nedsat overlevelses- og forplantningsevne. Et andet problem er, at der i små populationer hurtigt mistes genetisk variation i en proces kaldet genetisk drift, som er tilfældige ændringer i gensammensætningen i populationen fra generation til generation.

Mange små og truede populationer af dyr og planter har af en eller flere omgange gennemgået en kraftig reduktion i antal individer for eksempel som en konsekvens af jagt eller ødelæggelse og fragmentering af levesteder. I sådanne tilfælde siger man, at de har været igennem en genetisk flaskehals, hvilket reducerer den samlede genetiske variation i populationen. Uanset hvor stor populationen efterfølgende har vokset sig, hvis for eksempel jagten er ophørt, er der stadig kun den oprindelige genetiske variation at arbejde med, da alle individer stammer fra den oprindelige lille population.

Den genetiske variation kan dog øges igen, enten som et resultat af mutationer, hvilket er en proces, der sker i begrænset omfang og over lang tid, eller ved, at nye genvarianter introduceres fra nabopopulationer. Det sidste er ofte vanskeligt i fragmenterede landskaber.

Evolutionært potentiale

Man har i lang tid antaget, at der er en sammenhæng mellem, hvor mange individer en population har været nede på i løbet af en sådan genetisk flaskehals, hvor lang tid populationen har været lille i antal og den generelle demografiske udvikling for populationen. Det kan udtrykkes ved den såkaldte effektive populationsstørrelse, og desto lavere, den er, desto mindre genetisk variation indenfor og mellem individer vil man forvente i en population. Vi ved, at genetiske flaskehalse er hyppigt forekommet i dyr og planter, der har etableret en ny population, som er startet op fra meget få individer langt fra deres primære levested. Det er for eksempel sket med de populationer af moskusoksen, som lever i det østlige Grønland. Den oprindelige population af moskusoksen lever

Hurtige evolutionære tilpasninger

Amerikanske stensvaler udgør et eksempel på, hvor hurtigt evolution kan foregå som reaktion på menneskelig aktivitet. For denne art har man set en stigende dødelighed på grund af kollisioner med køretøjer over en 30 årig periode. I samme periode har man observeret, at svalernes vinger er blevet gradvist kortere. Dette menes at øge deres manøvreduktighed i luften. Det har resulteret i, at der sammenlignet med tidligere er færre stensvaler, der oplever fatale sammenstød med trafikken, og de overlevende svaler giver dermed de gener, der bidrager til korte vinger og dermed højere chance for overlevelse, videre til nye generationer.

Et andet eksempel er, at krybskytteri på afrikanske elefanter i nogle af de mest plagede områder har medført, at stødtænder hos elefanter født efter 1995 i gennemsnit er 30 % mindre sammenlignet med nulevende elefanter født i 1970'erne. Andre steder fødes nogle elefanter endda helt uden stødtænder. Dette sker naturligt på grund af en mutation i 4 % af alle afrikanske elefanter, men selektiv krybskytteri har medført en kraftig stigning i forekomsten af denne mutation, og i nogle områder fødes nu op mod 33 % af elefanterne uden stødtænder. Jagten kan siges at have skabt en målrettet selektion, som favoriserer elefanter med mindre eller slet ingen stødtænder.

Stensvaler og Afrikanske elefanter udgør eksempler på arter, som på meget kort tid har tilpasset sig evolutionært som respons til selektion forårsaget af menneskelig aktivitet.
Foto: stensvale: Foto: Don deBold/CC BY-SA 2.0
Foto: elefanter - shutterstock



på det canadiske fastland, men små udbrydergrupper har skilt sig ud herfra og har gradvist bevæget sig længere mod nordøst, indtil de nåede Østgrønland, og har derfor gennemgået gentagne flaskehalse. I den proces er genpuljen så at sige blevet fortyndet, hver gang en lille gruppe individer har bevæget sig videre. Det har den konsekvens, at de østgrønlandske moskusokser har en meget lav genetisk diversitet – så lav, at nogle forskere mener, at de allerede burde være uddøde. I Arktis sker klimaforandringerne med en højere hastighed end noget andet sted på kloden, så man kan frygte, at moskusoksen – med dens lave genetiske diversitet – ikke vil kunne nå at tilpasse sig forandringerne i miljøet hurtigt nok til, at den kan overleve i længden.

Eksperimentel evolution

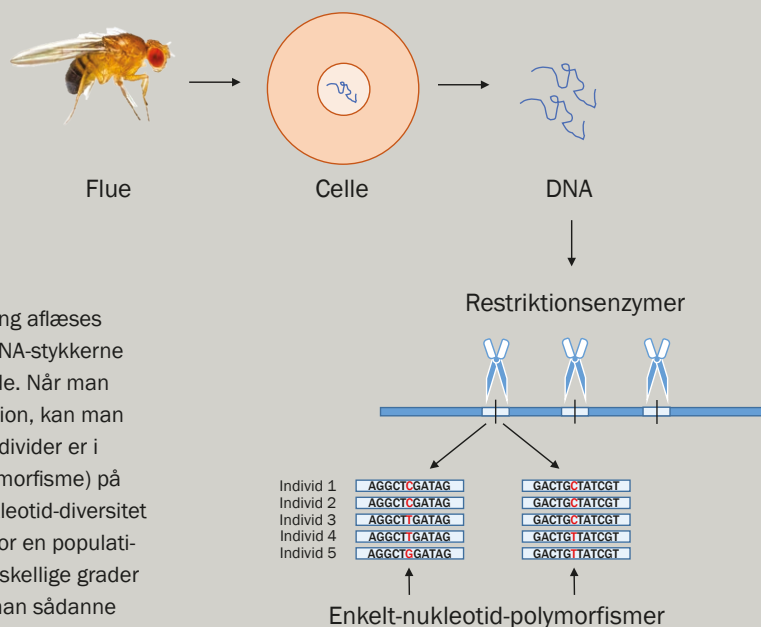
Ofte kender vi meget lidt til populationers demografiske udvikling, og selv når vi gør, kan vi ikke bestemme populationers genetiske variation ud fra teoretiske forventninger. Det skyldes blandt andet, at konsekvenser af genetiske flaskehalse er tilfældige. Det betyder, at vi fra teori ret præcist kan udtale os om tabet af genetisk variation som konsekvens af en flaskehals på tværs af mange populationer, men ikke for den enkelte population. Derudover er sammenhængen mellem genetisk variation i en population og hastigheden, hvormed evolution foregår, ikke særlig godt undersøgt eksperimentelt. Derfor er der et stort behov for studier, der undersøger denne sammenhæng, og for værktøjer, der kan benyttes til

at vurdere det evolutionære potentiale for en given population, som vi ønsker at bevare.

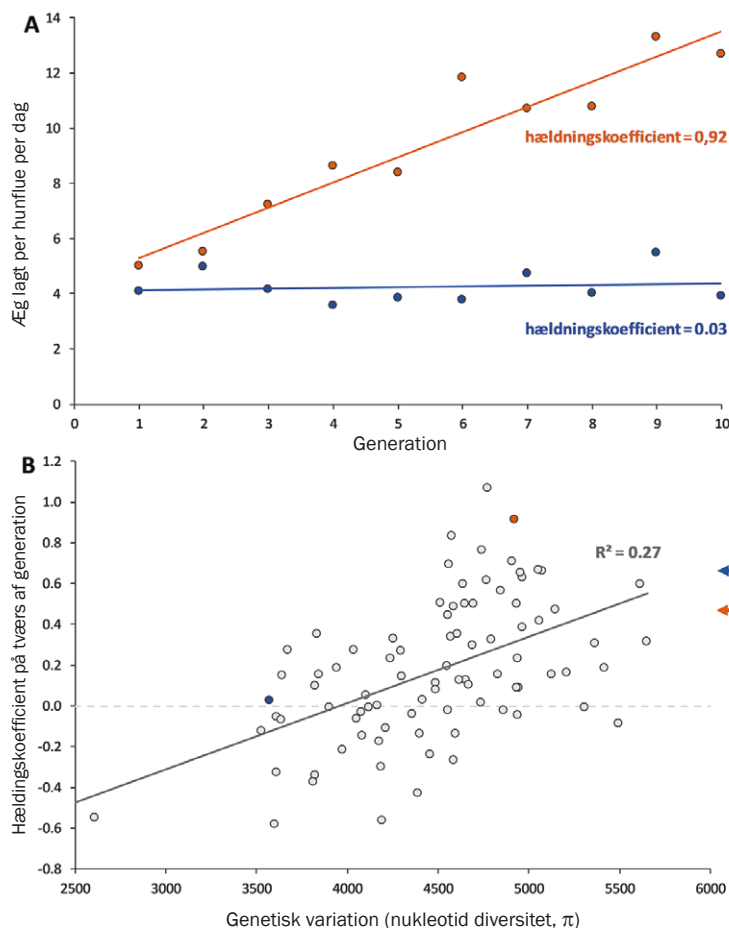
Sammen med australske forskere satte vi os ved Institut for Kemi og Biovidenskab ved Aalborg Universitet for at undersøge netop dette ved hjælp af bananfluen *Drosophila melanogaster*. Denne såkaldte modelorganisme er nyttig at bruge til denne type studie, fordi dens generationstid kun er to uger, og samtidig er de små og nemme at holde i laboratoriet, så vi kan kontrollere størrelsen af populationerne og dermed manipulere genetiske flaskehalse. Vi udsatte 120 populationer af fluer for forskellige grader af genetiske flaskehalse, hvorefter vi sekventerede hver populations genom, det vil sige aflæste rækkefølgen af baser i deres DNA.

Sekventering af flue-DNA

I vores eksperiment har vi undersøgt den genetiske variation ved brug af en sekventeringsmetode kaldet Genotyping-by-sequencing (GBS). Først ekstraheres DNA fra flueres celler, så klippes det i stykker af enzymer (restriktionsenzymer) for at opdele kromosomerne i mindre stykker. Ved hjælp af sekventering aflæses rækkefølgen af basepar (nukleotider) i DNA-stykkerne på hver side af det sted, enzymet klippede. Når man sekventerer flere individer fra en population, kan man bestemme, hvor forskellige de enkelte individer er i bestemte basepar (enkelt-nukleotid-polymorfisme) på tværs af hele genomet. Dette kaldes nukleotid-diversitet og er et mål for genetisk variation indenfor en population. Forskellige populationer kan have forskellige grader af nukleotid-diversitet. Tidligere lavede man sådanne undersøgelser ved at undersøge for genetisk variation i få områder af genomet – ofte blot 10-20 nedslag. Nu kan vi undersøge variation i hele eller store dele af genomet. Egenskaber af betydning for overlevelse og reproduktion påvirkes typisk af rigtig mange gener, som hver især kun har en lille indflydelse på disse egenskaber. Med moderne sekventeringsmetoder får vi informa-



tion om den genetiske variation i rigtig mange gener, og vi er derfor bedre i stand til at benytte denne enorme mængde information til for eksempel at sammenligne forskellige populationers evolutionære potentiale. Dette er udnyttet i vores undersøgelse med bananfluer.



A. Eksempler på to bananflue-populationer, som har udviklet sig i et stressende miljø i 10 generationer (x-akse), med deres reproduktion målt hver generation som gennemsnitlig antal æg lagt per hunflue per dag (y-akse). For hver population laves en lineær tendenslinje, som beskriver hældningen og skæringen med y-aksen. Hældningskoefficienten betragtes i dette tilfælde som et udtryk for den evolutionære respons for den givne population. Den orange population har i høj grad tilpasset sig i løbet af de 10 generationer, hvilket ses ved en øget reproduktion, mens den blå næsten er uændret over de 10 generationer og har en hældning tæt på 0.

B. Ved at tage hældningskoefficienter for alle 120 populationer (y-akse) kan man sammenholde den evolutionære respons med hver populations genetiske variation målt som nukleotid diversitet (x-akse). Den sorte linje angiver den lineære sammenhæng mellem nukleotid diversitet og evolutionær respons, og R^2 værdien er forklaringsgraden. Den orange og blå population fra panel A er vist i blandt de i alt 120 populationer i panel B.

Med disse metoder kunne vi bestemme genetisk variation for hver population med et mål, der kaldes nukleotid-diversitet, altså den gennemsnitlige parvise forskel mellem DNA-sekvenser i en given population. Disse 120 populationer af fluer lod vi derefter opvokse i et stressende miljø, der er drastisk anderledes end det, bananfluer normalt lever i, for at simulere et miljøskifte, som de måtte tilpasse sig til for ikke at uddø. I dette nye miljø levede de i 10 generationer, mens vi, i hver generation, målte fitness-relaterede træk som størrelse og hvor mange æg hver hunflue lægger per dag. En evolutionær tilpasning til miljøet betragtes som en stigning i "fitness" for hver generation, og vi kunne således sammenholde populationernes evne til tilpasning med deres genetiske variation. Ved at lave en lineær model for eksempelvis antal æg lagt per hunflue (y-variabel) imod generation (x-variabel), vil hældningskoefficienten være et udtryk for den evolutionære respons. For hver population får vi således én hældningskoefficient (120 i alt), som kan sammenlignes med populationens genetiske diversitet i form af nukleotid-diversitet.

Genetisk variation bestemmer evolutionær respons

Vores resultater viser en stærk positiv sammenhæng mellem genetisk variation og den evolutionære respons til det stressende miljø, målt som hældningskoefficienten. Det vil sige, at populationer, som har relativt høj genetisk variation, også er dem, som er bedst i stand til at tilpasse sig miljøet. Omvendt udviser populationer med lav genetisk diversitet ikke meget tilpasning i og med deres hældning er tæt på 0. I løbet af de 10 generationer så vi desuden, at flere af populationerne uddøde. Det er værd at bemærke, at nogle populationer har en negativ hældningskoefficient, hvilket betyder at de producerede gradvist færre og færre afkom, indtil populationen uddøde. De populationer, som uddøde, var typisk dem, som fra start havde den laveste genetiske diversitet.



Muskusokserne i det østlige Grønland kan være i stor risiko for at uddø pga. lav genetisk variation. Foto: Colourbox.

Samlet set giver vores undersøgelse de klare svar, at der er en stærk positiv sammenhæng mellem mængden af genetisk variation og evolutionært potentiale, og at populationer med lille genetisk variation har større risiko for at uddø. For at vende tilbage til muskusokserne i det østlige Grønland bekræfter vores data desværre, at disse vil få meget svært ved at tilpasse sig og dermed er i stor risiko for at uddø, hvis deres omgivelser ændres markant.

Så længe der er genetisk variation er der håb

Den positive side af vores resultater er, at det altså kan lade sig gøre for nogle populationer at tilpasse sig hurtige og til tider drastiske ændringer af miljøet. Det kræver dog, at man forsøger at opretholde en tilstrækkelig stor populationsstørrelse, så der ikke tabes genetisk variation. Samtidig er det også vigtigt at nedbryde menneskeskabte barrierer i landskabet og genetable korridorer mellem fragmenterede populationer af samme art, så de kan udveksle gener og reducere hastigheden, hvormed indavlen stiger i populationen. Flytning af dyr eller planter mellem populationer foranstaltet af mennesker kan også bidrage til at øge den genetiske variation indenfor en population.

Denne metode kaldes "genetisk redning" og har med stor succes været benyttet flere steder i verden. Der er således masser af muligheder for at bidrage til at bevare populationer for eftertiden. Hvor der hidtil været meget fokus på at bevare små populationer af dyr og planter uden at skele meget til, hvilke der ud fra et genetisk synspunkt har størst sandsynlighed for at overleve på sigt, skal vi til at tænke genetisk mere ind i det moderne bevaringsarbejde. Man ser ofte, at en truet art optræder i et antal små isolerede populationer, og vi har derfor brug for en relativ nem måde at evaluere populationernes genetiske "sundhed" på. Man kunne forestille sig, at man tager en prøve fra et antal individer fra hver af de populationer, man er interesseret i, sekventerer deres DNA og bestemmer genetisk diversitet – for eksempel som nukleotid-diversitet. Denne information vil bidrage til at få et overblik over, hvilke populationer der er mest genetisk sunde og dermed vil have størst chance for at klare sig under for eksempel klimaforandringer. Den hurtige udvikling indenfor molekylærbiologiske teknikker muliggør dermed en helt ny måde at tænke aktiv naturforvaltning på, og det vil uden tvivl komme til at spille en stor rolle i fremtidens bevaring af truede dyr og planter. ■

Videre læsning

Ørsted, M., Hoffmann, A.A., Sverrisdóttir, E., Nielsen, K.L., og Kristensen, T.N. (2019) *Genomic variation predicts adaptive evolutionary responses better than population bottleneck history*. PLOS Genet. 15, e1008205.

Heller, R., og Siegmund, H.R. (2019). *Muskusoksen: Dyret, der ikke burde eksistere*. Artikel på Videnskab.dk, 19. februar 2019.

Otto S.P. (2018). *Adaptation, speciation and extinction in the Anthropocene*. Proc. R. Soc. B. 285, 20182047.

Frankham, R., Lees, K., Montgomery, M.E., England, P.R., Lowe, E.H., og Briscoe, D.A. (1999). *Do population size bottlenecks reduce evolutionary potential?* Anim. Conserv. 2, 255–260.

Kristensen, T.N., Noer, N.K., og Pertoldi, C. (2019). *Genetikken giver os nye muligheder for at redde truede arter*. Artikel på Videnskab.dk, 10. april 2019.

Schou, M. og Bechsgaard, J. (2017): *Flaskehalse – når genetisk variation går tabt*. Aktuell Naturvidenskab, nr. 4-2017.