



Aveln lämnar tassavtryck i den genetiska koden

Text: Mia Olsson

Forskare i hundgruppen har jämfört arvsmassan i 500 hundar från ~ 50 olika raser och fann spår av hundratals år av avel. Områden i arvsmassan som har att göra med olika rasers karaktärsdrag har identifierats. Förutom att tydliggöra skillnaden mellan alla hundraser på ett genetiskt plan så bidrar studien också till framtida medicinsk forskningen.

I en ny studie från hundgruppen har många hundraser studerats för att hitta de gener i hundens arvs massa som gör varje hundras unik. Dessa delar av arvs massa innehåller gener som styr de egenskaper vi gynnat genom avel. En gen som kodar för ett visst anlag förekommer oftast i flera varianter (t.ex. pälsfärg). När en genvariant gynnas generation efter generation så kommer den varianten att öka i frekvens och till slut fixeras. Resultatet blir att alla individer i rasen bär på just den varianten och den genetiska variationen i rasen minskar. Med molekylärgenetiska metoder går detta att se i arvs massan.

Vad gör varje ras unik?

För att hitta gener som styr rasspecifika egenskaper så används i den aktuella studien ett verktyg (ett s.k. SNP chip) som kan undersöka genetisk variation. Fler än femhundra hundar från 47 olika raser analyserades med detta verktyg och genom att gruppera raserna på olika sätt så kan olika egenskaper studeras. Om enbart hundar från samma ras studeras så

kan långa fragment i arvs massan urskiljas där den genetiska variationen mellan hundarna i rasen är låg eller obefintlig. Med hög sannolikhet finns i dessa regioner de genvarianter som gör just den rasen unik. Regionerna är ofta långa eftersom kantande DNA-sekvenser "lifftar" med den genvariant som det ofta avlats på i processen då ett anlag fixeras.

Om istället en ras jämförs mot en grupp innehållande många andra raser så kan resultaten bli tydligare. På detta sätt kunde en region hittas i arvs massan hos rasen Shar-Pei där de helt saknade genetisk variation till skillnad från alla andra raser i studien. Shar-Pei hundar utmärker sig för sin veckade hud och i den region där alla i rasen såg likadana ut finns en gen som producerar ett utfyllnadsmaterial i hud.

I genomsnitt har varje hundras fyra regioner med låg variation och sällan finns så uppenbara kandidatgener som i exemplet med Shar-Pei. I synnerhet gener som har funktioner i hjärnan som kan ligga bakom skillnader i beteenden är svåra att reda ut.

Personlighet & gemensamma drag

Trots att alla hundraser är väldigt olika så delar de också vissa egenskaper. En del raser har rättuppstående öron som sin föregångare vargen medan andra har hängande öron. Vissa är generellt sett mer nyfikna och andra mer misstänksamma. För att finna ett sådant anlag i arvsmassan så räcker det inte med att jämföra en ras som representerar varje egenskap. Cocker spaniel och schäfrar skiljer sig på så många andra sätt än t.ex. just öronen och för många olikheter i arvsmassan skulle hittas mellan dessa två raser. För att komma runt det problemet så grupperades istället 12 olika raser med rättuppstående öron och 15 med hängande öron för att försöka hitta var i arvsmassan dessa två grupper skiljer sig åt. På samma sätt studerades storlek, *curly tail*, olika pälsvarianter och fem specifika personlighetsdrag som hämtats från SKK:s mentalbeskrivningstest och kopplats ihop med medelvärdet för varje ras (socialitet, nyfikenhet, jaktintresse, aggressivitet och lekfullhet). Varje egenskap, både morfologiska och olika beteenden, kunde kopplas ihop med en eller flera regioner i arvsmassan. I regionerna finns flera gener varav vissa är uppenbara kandidater medan andra är mer diffusa. Detta är det första steget, ännu kvarstår i många fall jobbet med att finna den exakta genen och genvarianterna som ligger bakom varje egenskap.

Överraskande många av de gener som hittats i studien och verkar ha utsatts för avel är kända sen tidigare för att styra kroppens grundläggande utveckling och ämnesomsättning.

Om gener som styr elementära funktioner i kroppen förändras eller om den genetiska variationen minskar överlag så ökar risken för att genetiska sjukdomar uppkommer. Det skulle delvis kunna förklara den höga sjukdomsfrekvens som finns i olika hundraser. Förutom att en sjukdomsalstrande genvariant kan "lifra"

med en närliggande gen som är utsatt för avelstryck, så kan genen som kodar för en önskad egenskap även orsaka sjukdom. I exemplet ovan med Shar-Pei hundarna har just detta skett. Samma genvariant som ligger bakom den veckade huden hos rasen ökar också risken för att drabbas av en viss immunologisk sjukdom.

Alla dessa avtryck i arvsmassan som visar hundratals år av hundavel kommer framöver, och med mer forskning, att ge mycket värdefull information. Förutom att de kommer att förklara hur alla hundraser kan vara så olika så lämnar de också sitt bidrag till den medicinska forskningen.



Foto: Snaevar Sigurdsson

Originalartiklarna finns på vår hemsida (www.hunddna.slu.se):

Vaysse et al (2011) Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS Genetics*.

Olsson et al (2011) A Novel Unstable Duplication Upstream of HAS2 Predisposes to a Breed-Defining Skin Phenotype and a Periodic Fever Syndrome in Chinese Shar-Pei Dogs. *PLoS Genetics*