

Att veta vad som är upp och ner i de sociala amöbornas släkträd

Stina Weststrand

Att förstå hur organismer är släkt med varandra är en viktig del av biologiska studier. Genom att skapa evolutionära släkträd, fylogener, kan man få en god förståelse för hur till exempel olika egenskaper kan ha uppstått och hur de har utvecklats till det vi ser idag.

En organismgrupp där fylogenetiska studier spelar en viktig roll är de sociala amöborna, Dictyostelia. Sociala amöbor är eukaryota mikrober med en fascinerande livsstrategi. De lever i jorden och under fördelaktiga förhållanden är de encelliga, livnär sig på bakterier och förökar sig genom celledelning. I brist på föda intar dictyosteliderna en ny fas – flercellighet. Med hjälp av självutsöndrade kemiska signaler klumpar amöbor ihop sig och bildar fruktkroppar som innehåller sporer. Via dessa sporer kan dictyosteliderna sedan spridas till nya områden där förhållandena förhoppningsvis är bättre.

Genom att befinna sig i gränslandet mellan en- och flercellighet utgör de sociala amöborna ett viktigt studieobjekt för att förstå hur komplexitet har uppstått och hur mekanismer såsom cell-cellkommunikation och celdifferentiering fungerar. Alla evolutionära frågor behöver dock ställas med fylogenetisk information som grund, och kunskapen om de evolutionära släktskapen hos dictyosteliderna är långtifrån fullständig. Mitt arbete syftar till att ”rota” de sociala amöbornas släkträd. Detta innebär att jag har undersökt vad som är upp och vad som är ner i trädet, det vill säga vilka arter av dictyosteliderna som kan anses som de ”evolutionärt äldsta”. Att rota evolutionära träd är ett av de största problemen kopplade till fylogenetiska studier. Framför allt kräver det att man har tillgång till en stor mängd molekylär data. I mitt arbete har jag lagt samman information från fyra olika gener. En av dessa gener har aldrig tidigare använts för fylogenetiska studier hos de sociala amöborna, och under större delen av projektet har jag arbetat med att ta fram data för denna gen.

Arbetet med att samla in data från en ”ny” gen består av flera olika steg. Jag började med att söka i databaser för att hitta en gen som lämpade sig för ändamålet. Efter det designade jag ”primrar” som skulle se till att den önskade genen ”klippes ut” korrekt från genomet. Genbiten kopierades sedan upp i ett stort antal med hjälp av PCR (Polymerase Chain Reaction) och kloning med bakterier för att sedan skickas iväg för sekvensering. I fallet med sociala amöbor är det svårt att lyckas få data från den gen man tänkt sig. Primrarna går ofta inte att designa specifikt för dictyostelider och eftersom de lever i jorden är det vanligt att bakterie-DNA kommer med i proverna. Labarbetet innebar därför mycket testande fram och tillbaka, men resulterade trots detta i data från tio arter av sociala amöbor.

Min insamlade data, tillsammans med data från de tre gener som redan fanns tillgänglig, tyder på att roten hos de sociala amöbornas släkträd kan vara en annan än den man hittills har förlitat sig på. Mitt arbete visar också att gruppen dictyostelider i stort är något yngre än vad man tidigare trott. Allt detta bidrar till en klarare bild av hur de sociala amöborna har evoluerat och är ett steg på väg för att skapa en bättre förståelse för uppkomsten av bland annat flercellighet.

Examensarbete i biologi, 30 hp, 2010

Institutionen för biologisk grundutbildning och avdelningen för systematisk biologi,

Uppsala universitet

Handledare: Sandra Baldauf