



Bild: pixabay.com

# Varför kan hundar äta stärkelsesrik mat men inte vargar?

Text: Britt-Marie Lidesten

Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik

*Det finns en mängd olika hundraser med stora variationer i utseende. Alla hundar härstammar från vargar, men exakt när och var vargar anpassades till att leva tillsammans med människor vet man inte.*

Man har funnit 11 000 – 12 000 år gamla fossil i Israel av hundar som begravts tillsammans med människor. Genetiska studier visar att hunden domesticerades för åtminstone 10 000 år sedan. Troligen var hunden det första djuret som anpassade sig till att leva tillsammans med människor. Människor hade säkert ett behov av jakt- och vakthundar och tog kanske vara på vargvalpar som man tämjde. Det kan också ha varit så att vargar sökte sig till boplatser där det fanns lättillgänglig föda på avfallshögarna och anpassade sig på så sätt till att leva tillsammans med människor.

Vilka genetiska förändringar inträffade när vargen blev hund? Några generella förändringar av utseendet medförde att hunden fick mindre skalle, tänder och hjärnstorlek än vargen, men de viktigaste förändringarna har med beteendet att göra. Minskad aggressivitet och förmåga att knyta an till hundägaren är viktiga egenskaper. Ett successivt urval av önskade egenskaper i generation efter generation kan efterhand ge stora förändringar. Något förvånansvärt är att man anser att de moderna hundraserna inte är äldre än 200-100 år. Svenska kennelklubben listar 10 grupper av hundraser, där det ingår 12 svenska raser som är godkända av Svenska kennelklubben.

Förutom förändringar i beteende och yttre karaktärer, har hundar bättre förmåga att bryta ner stärkelse än vargar. Människorna som blev bofasta levde av jordbruk och åt därmed en mer stärkelsesrikföda. Det var säkert en urvalsfördel för de vargar som började leva tillsammans med människor om de kunde leva på rester från människornas stärkelsesrika mat.

Stärkelse består av kedjor av glukosmolekyler, som kan vara mer eller mindre förgrenade. Amylas bryter ner stärkelse varvid olika mindre enheter av glukosmolekyler bildas. Hos människan, men inte hos hundar, bildas amylas i saliven. Människans förmåga att bilda amylas i saliven har uppstått genom en dubbling av bukspottkörtelns amylasgen, som inträffade för mycket länge sedan. Både människor och hundar bildar amylas i bukspottskörteln som utsöndras i tunntarmen. Hos hundar börjar därför nedbrytningen av stärkelse först i tunntarmen.

Hos hundar finns *AMY2B*-genen som bildar alpha-2B-amylase på kromosom 6. När man jämför vargar och hundar finner man att hundar har betydligt mer amylas i serum än vargar.

---

Övningen har utarbetats av forskare vid SciLifeLab, Uppsala, i samarbete med Nationellt resurscentrum för biologi och bioteknik och Biotopia

Övning under Bioresursdagarna 2014



## Övning: Varför kan hundar äta stärkelsesrik mat men inte vargar?

*I den här övningen ska du ta reda på hur hundar har anpassat sig till att äta sådan mat som gör det lättare att leva tillsammans med människor. Ett område i hundens genom är särskilt intressant och det ska du studera extra noga.*

Följ den generella instruktionen och ladda provfilerna som ligger i mappen **prover - AMY2B**. Ladda följande filer från denna mapp (om du håller in kontroll på tangentbordet kan du markera flera filer samtidigt):

**hund\_01.fq.bam**

**hund\_02.fq.bam**

**hund\_03.fq.bam**

**varg\_01.fq.bam**

**varg\_02.fq.bam**

**varg\_03.fq.bam**

Zooma sedan in till det intressanta området genom att skriva in adressen **chr6:49,993,299-50,016,701** i sökfältet högst upp i programmet och trycka på **Go**.

Nu har du zoomat in på kromosom 6, på regionen som ligger mellan baspar 49 993 299 och 50 016 701, alltså en sträcka på 23 402 stycken baspar.

Någonstans på denna sträcka finns genen för amylasproduktion (AMY2B). Studera DNA-sekvenserna från de tre hundarna och motsvarande sekvenser från tre vargar och jämför graferna för de kartlagda sekvenserna.

1. Vilken genetisk förändring har inträffat hos hundarna i förhållande till vargarna? (Se introduktionen till övningen där två typer av genetiska förändringar beskrivs som kan förekomma i övningarna.
2. Vilken effekt på matsmältningen kan man anta att den genetiska förändringen ger hos hundarna? Vilken skillnad blir det för hundar jämfört med vargar när det gäller den föda som de kan äta?
3. Beräkna utifrån den graf som visas i programmet ett genomsnittligt värde på hur många extra kopior av amylasgenen som hundarna har jämfört med vargarna.
4. Den typ av genetisk förändring som du har studerat är en principiellt viktig mekanism som kan förklara evolutionära förändringar. På vilka olika sätt kan den typ av förändring du studerat ha betydelse för evolutionen?

## Till läraren

Fler kopior av den gen som tillverkar proteinet amylas ger bättre förmåga att bryta ner stärkelse. Om en gen producerar en viss mängd av proteinet så kommer två kopior av genen att producera dubbel så mycket protein, ju fler kopior man har desto mer amylas produceras och ju mer stärkelse kan brytas ner.

Antalet kopior av AMY2Bgenen varierar kraftigt, dels mellan olika hundraser, men även mellan individer inom samma ras. För att se hur just de hundar vi har sekvenserat ligger till så kan vi zooma in på området med AMY2Bgenen. Man vet tyvärr inte exakt var i genomet genen ligger. Det intressanta området når man genom att skriva in adressen **chr6:49,993,299 - 50,016,701** i sökfältet högst upp i programmet och trycka på **Go**. Nu har vi zoomat in på kromosom 6, på regionen som ligger mellan baspar 49 993 299 och 50 016 701, alltså en sträcka på 23 402 baspar.

För att se hur mycket DNA som sekvenserats från de olika platserna längs referensgenomet så visar programmet en så kallad **coverage graph**. Ju högre nivå grafen har på en viss sträcka desto mer DNA har sekvenserats från just den delen i genomet. Alla grå streck nedanför grafen utgörs av de 150-bokstäver långa bitarna med DNA som har sekvenserats. De staplas på varandra på de platser i referensgenomet som stämmer bäst överens. Ju fler DNA-bitar som täcker en position, ju högre coverage har positionen, och det är det som visas av en coverage graph.

Vi ser här att den region vi är intresserad av har högre coverage än sin omgivning. Genom att uppskatta hur stor skillnaden är mellan medelcoveragenivån i hela provet och coverage i den intressanta regionen så vet vi hur mycket extra genetiskt material från den intressanta regionen som finns i vårt prov. Här är det runt 4x högre coverage (~30 vs ~120), vilket skulle indikera 8 kopior av regionen.

De färgade strecken man ser här och var i coverage graphen är positioner där hunden vi har sekvenserat skiljer sig från referensgenomet. Alla individer är något olika, så det är inte konstigt att dessa skillnader finns. Hade referensgenomet också haft 8 kopior hade alla dessa DNA-bitar smetats ut över en längre sträcka och coverage hade varit på samma nivå som områdena i närheten.

## Referens

The genomic signature of dog domestication reveals adaptation to a starch-rich diet.  
Erik Axelsson, Abhirami Ratnakumar, Maja-Louise Arendt, Khurram Maqbool, Matthew T. Webster, Michele Perloski, Olof Liberg, Jon M. Arnemo, Åke Hedhammar & Kerstin Lindblad-Toh. NATURE. VOL 000. 2013