

# Värna våra vackra vresalmar!

## Genetik som ett redskap i bevarandebiologin

Vresalm är ett mycket ovanligt träd i Sverige, det växer naturligt bara på Öland. Här beskriver två skogsgenetiker hur de med olika tekniker undersökt artens genetiska variation. Genetisk kunskap är viktig för att vi på bästa sätt ska kunna bevara våra sällsynta arter.

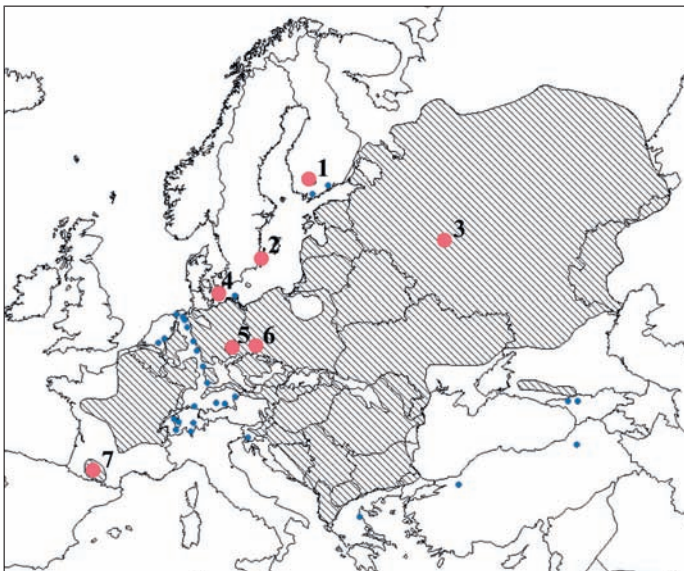
SANNA BLACK-SAMUELSSON & RACHEL E. WHITELEY

**G**enetisk kunskap är ett värdefullt redskap för att kunna bevara sällsynta arter. Den genetiska mångfalden (variationen) är viktig för att populationer ska kunna anpassa sig till exempelvis växlingar i klimat eller till sjukdomar som orsakats av svamp- eller insektsangrepp. Den genetiska variationen är alltså en slags buffert som populationerna av olika arter behöver för att kunna möta förändringar i miljön. Genetisk variation fungerar också som "byggstenar" för att i man framtiden ska ha möjlighet att bevara och förädla växtmaterial med olika gener.

### Vresalmen som exempel

Vresalm *Ulmus laevis* är ett av de mest sällsynta träden i Sverige. Den är klassificerad som sårbar (VU) på den svenska rödlistan, en förteckning över arter som långsiktigt inte bedöms ha livskraftiga populationer i landet (Gärdenfors 2005). I Sverige finns de enda naturliga lokalerna i och runt Mittlandsskogen på Öland. Vresalm är, liksom många andra sällsynta växter, betydligt vanligare i andra, mer centrala delar av sitt utbredningsområde. Arten har en kontinental utbredning i Europa och lokalerna på Öland ligger i utkanten av den nordvästliga delen av utbredningen (figur 1).

Vresalm var troligtvis vanligare i Sverige under 1800-talet men höggs bort. Det största hotet i Sverige liksom i Västeuropa idag är att många växtplatser försvinner till följd av avverkning och omföring till mer produktiv skogsmark (Dunn 2000). Almsjukan är ytterligare ett hot, framförallt i de östra delarna av utbredningsområdet. Ännu har inte almsjukan nått Öland och i Väst-



Figur 1. Sju populationer av vresalm ingick i våra genetiska studier: 1) Hattula – strandzon vid skogsvattendrag, 2) Öland – blandskog, 3) Moskva – blandskog, 4) Lolland – blandskog, 5) Mulde – strandnära skog, 6) Elbe – strandnära skog, 7) Garonne – strandnära skog. Det streckade fältet visar vresalmens hela utbredningsområde. De små blå cirklarna visar var det finns fragment av populationer.

Seven populations of the European white elm *Ulmus laevis* were included in our genetic studies. The shaded area shows the species' geographic distribution. The small blue circles show where fragments of populations exist.

Tabell 1. Översiktlig beskrivning av några metoder att mäta genetisk variation, deras användningsområde och för- och nackdelar. Samtliga metoder användes på vresalm.

A brief description of some techniques used to analyse genetic variation: applications, pros and cons. All methods were used to analyse genetic variation in the European white elm, *Ulmus laevis*.

Typ av genetisk variation	Beskrivning	Fördelar och användningsområde	Nackdelar
Kvantitativa egenskaper (t.ex. höjd, frosthårdighet, antal blommor, knoppbristning)	Synliga och mätbara egenskaper. Styrs ofta av många gener. Uttrycket påverkas av miljön. Studeras i fält, växthus, fytotron.	Visar anpassning till växtplats och svarar på ural. Viktigt för förädling och genbevarande. Visar ofta hög variation.	Kräver stort försöksmaterial. Svårt skilja effekten av gener respektive miljö.
Mikrosatellit-DNA	Korta fragment av DNA på vissa platser i arvsmassan. Förändras (muterar) ofta. Studeras på labb.	Identifierar individer, hybrider och populationer. Visar t.ex. mängd inavel och genflöde. Har ofta hög variation	Metoden ofta svår att etablera och måste utvecklas för enskilda arter.
Kloroplast-DNA	Speciell arvs massa hos växter. Ärvs på moderns sida, sprids med frö. Studeras på labb.	Ger information om artens invandringshistoriska efter istiden. Förklarar befintlig variation. Varierar lite.	Få andra användningsområden

europa är skadorna generellt sett måttliga. Orsaken är att skalbaggar av släktet *Scolytus* som överför svampsjukdomen, verkar föredra andra almarter framför vresalm (Collin m.fl. 2000).

Under epidemierna av almsjukan 1919 och 1972 dog stora mängder almar över hela Europa och Nordamerika. Detta resulterade i internationella forskningsförsök för att bland annat förädla fram motståndskraftiga kloner av alm som kunde stå emot almsjukan. Även ekonomiska och ekologiska faktorer förklarar forskarnas intresse för almarna: Träet är ett kvalitetsvirke som kan användas för golv och möbler. Alm fungerar även som landskapsträd. Dessutom är almbarken ett viktigt habitat för många insekts- och svamparter.

### Flera olika metoder avslöjar variationen

För att kartlägga det genetiska mönstret hos vresalm mätte vi variationen i bland annat trädens höjdtillväxt och tidpunkten på året när de satte knopp. De här egenskaperna är viktiga för att träden ska kunna anpassa sig till sin växt-

plats både på kort och lång sikt. Vi studerade också variationen på DNA-nivå med två olika tekniker. Orsaken till att vi kombinerade flera metoder är att arvs massan hos de flesta organismer är gigantiskt stor. Dessutom förändras (muterar) DNA:t olika snabbt i sina olika delar. Att kartera variationen på flera sätt ger därför kunskap om större delar av arvs massan än vad enbart en metod erbjuder. Metoderna vi valde var beprövade, men att kombinera dem för att studera genetisk variation av sällsynta arter är ännu förhållandevis ovanligt. I tabell 1 beskrivs översiktligt de metoder vi valde för att studera den genetiska variationen.

### Variation viktig för trädens anpassning

Vi karterade den genetiska variationen i en mängd karaktärer på träd i en plantskola. Under tre år registrerades bland annat trädens höjd, stamdiameter och frosthårdighet. Även tidpunkten för knoppbristningen på våren liksom lövens höstfärger och tidpunkten för lövfällningen noterades. De här egenskaperna



Figur 2. En ståtlig vresalm vid Elbe i Tyskland. Foto: Gordon Mackenthun.

A European white elm *Ulmus laevis* on the river Elbe in Germany.

kallas för kvantitativa och styrs oftast av många gener, men påverkas också av miljön. Träden i plantskolan kom från 20 vresalmar från vardera fem europeiska populationer. Varje träd representerades av 24 frön (avkommor). Totalt hade vi alltså 2 400 träd i plantskolan, en hel liten skog!

Att odla i plantskolor tar lång tid. För att förkorta växtsäsongen gjorde vi även ett försök i ett ”datoriserat växthus” (fytotron), där man kan odla under noggrant kontrollerade förhållanden. Vi ville titta närmare på hur mycket av en viss egenskap, till exempel höjden, som berodde på plantans gener och hur stor påverkan miljön hade. Vi valde att undersöka hur en begränsad tillgång på vatten påverkade bland annat tillväxt och bladform. Vi lät hälften av försöksplantorna växa i obegränsad (80–100 %) tillgång på vatten, medan den andra hälften bara fick 40 % vatten.

## Variationen i DNA

I laboratoriet arbetade vi med så kallad mikrosatellit-teknik för att undersöka delar av trädens arvsmassa. De här fragmenten av DNA förändras snabbare än många andra delar av arvsmassan. Därför lämpar de sig väl för att studera genetiska skillnader som har uppstått under senare tid mellan individer och mellan populationer.

Hos mellan 15 och 50 träd från sju populationer (cirka 180 träd totalt, figur 1) analyserade vi variationen i mikrosatellit-DNA. Vi fick ett mått på variationen genom att beräkna antalet varianter av en viss gen på en viss plats (locus) i arvsmassan. Exempelvis kan en gen kallas ”A” och ha varianterna A1, A2, A3 etc. Vi beräknade också andelen träd som var heterozygota. En heterozygot individ har två olika varianter av en gen vid ett visst locus, till exempel A1A2 eller A1A3. En homozygot individ har endast en variant av A-genen, till exempel A1A1 eller A2A2.

Ju fler sådana här varianter av gener som finns och ju högre andelen av heterozygoter är, desto större är den genetiska variationen bland de individer man analyserar. Med hjälp av bland annat dessa beräkningar kunde vi uppskatta hur mycket korsningar som har skett mellan närbesläktade individer (graden av inavel). Ju högre inavel, desto lägre är den genetiska variationen.

Vi ville också studera vresalmens invandringshistoria efter istiden. Kunskap om vilka vägar en art har vandrat in i ett område hjälper oss att förklara mängden genetisk variation som finns där idag. En sådan analys måste göras med en typ av DNA som förändras mycket sakta. I växternas kloroplaster (där fotosyntesen sker) finns sådant DNA. Hos blomväxterna ärvs kloroplasterna enbart på ”mammans” sida, generna sprids alltså med frö och inte med pollen. De här egenskaperna gör kloroplasterna särskilt lämpade för historiska studier. Med hjälp av kollegor i Frankrike lät vi analysera samma träd som ingick i undersökningen av mikrosatellit-DNA. För att få en tydligare bild av invandringshistorien kompletterades analysen med ytterligare 150 träd från 26 populationer från vresalmens hela utbredningsområde.

Tabell 2. Ett urval av våra resultat på genetisk variation inom sju populationer av vresalm. Variationen betecknas som låg, medelhög eller hög. De franska träden är minst variabla, medan Elbe träden är mest olika varandra.

A selection of our results from studies of genetic variation within seven populations of *Ulmus laevis*. Variation is classified as low (låg), intermediate (medel) or high (hög). Elms originating from France are the least variable, whereas trees from Elbe are the most differentiated.

	Hattula Finland	Öland Sverige	Moskva Ryssland	Lolland Danmark	Mulde Tyskland	Elbe Tyskland	Garonne Frankrike
Tillväxt (growth)	–	medel	låg	–	låg	hög	låg
Knoppsprickning (bud burst)	–	–	hög	–	låg	hög	låg
Knoppsättning (bud set)	–	medel	låg	–	medel	hög	låg
Bladfall (leaf fall)	–	hög	låg	–	medel	medel	låg
Mikrosatellit-DNA	medel	hög	medel	medel	medel	hög	låg
Kloroplast-DNA	låg	låg	låg	låg	låg	låg	låg

### Olika vresalmar i plantskola och fytotron

Försöket i plantskolan visade att det fanns en stor genetisk variation, främst mellan vresalmar som härstammat från olika områden: De sydliga (tyska och franska) populationerna drabbades mest av frostsador. Nordliga populationer (svenska och ryska) ”svarade” på längre nätter och svalare temperaturer med att sätta knopp och sluta växa för att på så sätt undkomma tidiga höstfroster. Men även inom populationerna var träden genetiskt olika (tabell 2).

I fytotronen fann vi att plantorna var olika varandra både inom och mellan populationer, bland annat i storlek och bladform. Däremot påverkades inte plantorna nämnvärt av en begränsad tillgång på vatten. Populationerna i försöket kommer ursprungligen från marker som ofta översvämmas och variationen i markvattennivån är stor under ett år. Trots att vresalm är en art som trivs bäst på fuktig ängs- och skogsmark och i strandnära skogar, är den sannolikt anpassad till att klara skiftande vattennivåer.

Miljön i en fytotron är artificiell och kan därför endast med stor försiktighet jämföras

med naturliga miljöer. Vi tolkar dock resultaten så att plantornas goda förmåga att tåla torka i fytotronen tyder på att de förhoppningsvis även kan anpassa sig till stora variationer i markvattennivåer i naturen.

### På DNA-nivå är träden mer lika

Analyserna i DNA-laboratoriet visade att träden till viss del var olika varandra. Störst variation inom populationerna fann vi på Öland och på lokalen vid Elbe. Minst var skillnaderna mellan franska träd, som trots detta saknade tecken på inavel. Däremot visade ryska träd en hög inavelsnivå. Detta var förvånande eftersom den ryska populationen är mycket stor och ligger mitt i utbredningsområdet. Trots detta har alltså pollen- och fröflödet uppenbarligen inte varit tillräckligt stort för att resultera i ordentliga genetiska skillnader.

Hur vandrade vresalmen norrut i Europa efter istiden? Variationen i kloroplasternas DNA var ovanligt låg trots att vi undersökte ett stort antal populationer från hela Europa. Resultaten är fortfarande preliminära men tyder på att vresalmen kan ha haft en tillflyktsort under istiden i

Ryssland. För att testa hypotesen krävs att vi har ett större försöksmaterial, främst från Ryssland. Även pollenanalyser kan ge oss en tydligare bild av vresalmens invandringshistoria.

### Värna våra vackra vresalmar!

Hur tillämpar vi resultaten för att på bästa sätt bevara vresalmen? Populationen från Finland, där vresalmen är mycket sällsynt, visade sig vara den med störst genetisk särprägel. Den lilla franska populationen, som ju är helt geografiskt skild från övriga vresalmar, hade den lägsta genetiska variationen. De finska och franska populationerna framstår som särskilt angelägna att bevara. Det gäller även den svenska förekomsten som ju både är rödlistad och förekommer i den norra utkanten av artens utbredningsområde. Dessutom är vresalmarna på Öland ganska variabla, både i egenskaper som är viktiga för deras anpassningsförmåga, liksom i arvsmassan i mikrosatellit-DNA. Variationen på Öland förklaras delvis med att fröna är insamlade från träd över ett ganska stort område i Mittlandsskogen. Kanske har korsningar mellan träden inte skett slumpmässigt utan främst inom mindre bestånd? I så fall ökar de genetiska skillnaderna mellan olika trädbestånd. Dessutom skiljer sig markförhållandena åt mellan växtplatserna, och bidrar till att träden anpassar sig till sin lokala miljö.

Träden som ingick i vår studie är överlag genetiskt olika varandra, såväl inom som mellan de flesta populationer. Därför föreslår vi att så många som möjligt av dem bör bevaras. I första hand direkt på växtplatsen samtidigt som de strandnära ekosystemen skyddas. Dessutom bör markägarna få information om att de bör skydda sina sällsynta vresalmar. Bevarande utanför växtplatserna skulle kunna ske i form av plantager eller fröbanker (Collin m.fl. 2000).

### Prioritera bland de sällsynta arterna

Våra resultat tog många år att få fram, de satsade en doktorand på heltid under fem år (Whiteley 2004). Är det möjligt att spendera så mycket tid och pengar på att i detalj lära känna alla sällsynta arter? Svaret är förstås nej. Vi måste

prioritera: Fokus kan läggas på inhemska arter vars populationer har minskat kraftigt i antal och storlek under en kort tidsperiod. Alternativt kan man studera populationer som liksom vresalm finns vid kanten av artens utbredningsområde.

### Ljus framtid för bevarandegenetiken

Det finns idag flera DNA-tekniker som är lämpliga för bevarandegenetiska studier. Det finns företag som hjälper forskarna att utveckla teknikerna till att fungera på enskilda arter. Det finns också en mer utvecklad statistisk teoribildning om faktorer som påverkar populationers överlevnad. Det finns en vilja att samarbeta över disciplinränserna, genetiker och ekologer gör gemensam sak för att bevara arter.

Parallellt sker ständigt nya genombrott i gen-tekniken. Hela eller stora delar av arvsmassan hos exempelvis backtrav *Arabidopsis thaliana* och några poppelarter är redan karterad och många fler arter är på väg (Boerjan 2005). Omfattande genetisk kunskap finns om vissa viktiga egenskaper, till exempel frosthärdighet. Landvinningarna har idag betydelse framförallt inom förädlingen av nyttoväxter och skogsträd. Men resultaten är på sikt också viktiga inom bevarandebiologin.

Förutsättningarna verkar lovande för att bevarandegenetiska studier framöver kommer att bli allt mindre resurskrävande. Detta är positivt med tanke på att Sverige 1992 undertecknade konventionen om biologisk mångfald vid Rio-konferensen. Vi förband oss då att långsiktigt bevara och hållbart nyttja vår biologiska mångfald – på både art-, ekosystem- och genetisk nivå.

Nyligen gavs en kunskapsöversikt ut om tillståndet hos den biologiska mångfalden i Sverige (Formas 2006). Den visade att kunskapen om den genetiska variationen är bristfällig för majoriteten av arterna. En satsning på bevarandegenetik är alltså viktig för att den genetiska variationen ska kunna karteras och förvaltas hos fler arter. Låt oss hoppas att resultaten på vresalm snart bara utgör *en* bit i ett framtida omfattande pussel över den genetiska variationen hos ett stort antal sällsynta arter.



### Citerad litteratur

- Boerjan, W. 2005. Biotechnology and the domestication of forest trees. - *Curr. Opin. Biotechnol.* 16: 159–166.
- Collin, E., Bilger, I., Eriksson, G. & Turok, J. 2000. The conservation of elm genetic resources in Europe. – I: Dunn, C. P. (red.), *The elms – breeding, conservation and disease management*. Chapman and Hall, New York, sid. 281–293.
- Dunn, C. P. (red.) 2000. *The elms: breeding, conservation, and disease management*. – Kluwer Academic, Boston.
- Formas 2006. *Biologisk mångfald – en kunskapsöversikt över befintlig forskning och kunskapsbehov i miljömålsarbetet*. – Formas, Rapport 2:2006.
- Gärdenfors, U. (red.) 2005. *Rödlistade arter i Sverige 2005*. – ArtDatabanken, SLU, Uppsala.
- Whiteley R. E. 2004. *Quantitative and molecular genetic variation in *Ulmus laevis* Pall.* – Doktorsavhandling, SLU, Uppsala. *Silvestria* 313.

### ABSTRACT

**Black-Samuelsson, S. & Whiteley, R. E. 2006.** Värna våra vackra vresalmar! Genetik som ett redskap i bevarandebiologin. [Genetics as a tool in conservation biology – the European white elm as a case study.] – *Svensk Bot. Tidskr.* 100: 418–423. Uppsala. ISSN 0039-646X.

Genetic variation is a prerequisite for a species to survive in a long-term perspective. In order to use genetic data as a basis to preserve endangered species, knowledge is needed on the variation within and between populations. The European white elm, *Ulmus laevis*, is one of the most endangered tree species in Sweden. It is classified as Vulnerable (VU) on the Swedish Red List of endangered species. In Sweden it occurs with natural populations on the Baltic island of Öland.

We used several techniques to study genetic variation in the European white elm. A field trial demonstrated high genetic variation in, e.g., growth and bud set – traits of importance for individual adaptation to the local environment. DNA analyses revealed relatively large variation both within and between several of the study populations. The results suggest that a number of the populations, including the Swedish one, are of interest to preserve.

Today several techniques exist that are suitable in conservation genetic studies. In parallel, breakthroughs occur in the field of biotechnology. This brings hope that genetic variation will be investigated and managed for a great number of the endangered plant species occurring in Sweden.



E-post: [sanna.black@vbsg.slu.se](mailto:sanna.black@vbsg.slu.se)

Sanna Black-Samuelsson är docent i skogsgenetik. Hon undervisar i genetik och forskar om genetisk variation hos lövträd.

Adress: Institutionen för växtbiologi och skogsgenetik, SLU, Box 7080, 750 07 Uppsala



Wigan, Lancashire WN6 8AD, UK  
E-post: [rachel@rachelwhiteley.org](mailto:rachel@rachelwhiteley.org)

Rachel E. Whiteley disputerade 2004 på genetisk variation hos vresalm på SLU i Uppsala. Hennes forskningsintressen är populations- och bevarandegenetik.

Adress: 123 A, Shevington Lane, Shevington,