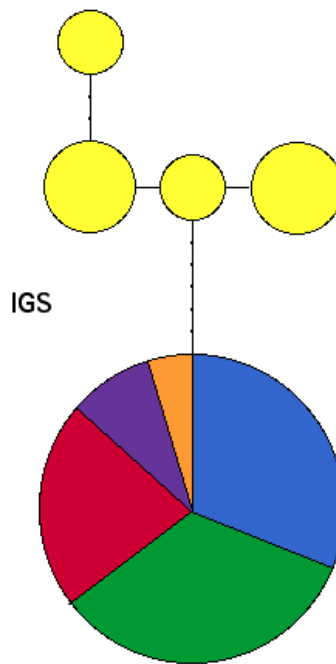


Genetisk variation hos skorpdagglav (*Diploicia canescens*) i Sverige, Danmark och Tyskland



Titel: Genetisk variation hos skorpdagglav (*Diploicia canescens*) i Sverige, Danmark och Tyskland.

Utgiven av: Länsstyrelsen i Skåne län

Författare: Ulf Arup, AREK Biokonsult HB

Beställningsadress: Länsstyrelsen i Skåne län
Naturskyddsenheten
205 15 MALMÖ
Tfn: 040-25 20 00
skane@lansstyrelse.se

ISSN: 978-91-86533-35-9

Diarienummer 511-92668-09

Rapportnr 2011:14

Grafisk form: Länsstyrelsen i Skåne län.

Tryckt: Länsstyrelsen i Skåne län, 2011.

Upplaga: 50 ex

Omslagsbild: Haplotypnätverk för skorpdagglav *Diploicia canescens*, ur rapporten.

Förord

Åtgärdsprogram för bevarande av skorpdagglav ingår i en storsatsning för hotade arter och biotoper som Naturvårdsverket och länsstyrelserna genomför med syfte att till år 2015 minska andelen hotade arter med 30 %. Genom åtgärdsprogrammen kan riktade åtgärder sättas in för de arter som har behov av sådana för sin överlevnad och dessa åtgärder förväntas även gynna många fler arter. Arbetet med åtgärdsprogrammen är ett led i arbetet med att uppnå nationella och regionala miljömål.

Skorpdagglav är en av Sveriges mest hotade lavar och växer framförallt på lövträd såsom alm och ask, som i sin tur också är utsatta. Före 2008 var laven endast känd från tre svenska lokaler spridda i Skåne och dessa förekomster har genom tidigare analyser av den genetiska variationen visat sig vara homogena. Under vintern 2009 samlades material från den nyligen upptäckta förekomsten av skorpdagglav vid Fide kyrka på Gotland in för genetiska analyser. Materialet analyserades med avseende på genetisk variation och geografiska mönster av Ulf Arup på Lunds universitet. Resultaten visade på att även det gotländska materialet är identiskt med övriga svenska förekomster, medan tyskt och danskt material har förutom de svenska haplotyperna (genuppsättningarna) även andra haplotyper. Detta tyder på en gemensam invandring till Sverige och att skorpdagglaven då troligen genomgick en founder effekt, dvs vissa gener gick förlorade under artens spridning norrut i Europa.

Malmö maj 2011

Per-Magnus Åhren

Enhetschef

Naturskyddsenheten

Länsstyrelsen i Skåne län

Innehållsförteckning

FÖRORD	3
SAMMANFATTNING	7
BAKGRUND.....	8
MATERIAL OCH METODER.....	8
RESULTAT	9
VIDARE SPRIDNING.....	10
REFERENSER	12

Sammanfattning

Den genetiska variationen hos två av de tre kända svenska populationerna av skorpdagglav (*Diploicia canescens*) undersöktes tillsammans med en dansk och två tyska populationer 2007. Resultaten visade att det inte fanns någon variation hos de svenska populationerna, medan det fanns relativt stor variation hos de danska och tyska populationerna och att de huvudsakligen skilde sig från de svenska.

Under 2008 upptäcktes ytterligare en svenska population på södra Gotland, som nu undersöktes genetiskt. Denna population är identisk med övriga svenska populationer och saknar variation. I populationen på Bornholm finns denna "svenska" haplotyp och den kan vara källan till de svenska populationer som bör ha kommit in i Sverige vid ett tillfälle och sedan spridit sig vidare i Sverige.

Bakgrund

På uppdrag av Länsstyrelsen i Skåne län, och inom åtgärdsprogrammet för bevarande av skorpdagglav (*Diploicia canescens*), genomfördes vintern 2006/07 en genetisk studie av arten (Arneng 2006). Med hjälp av DNA-sekvensering undersöktes variationen i de genetiska markörerna ITS och IGS hos de svenska populationerna vid Haga och Trolle-Ljungby, en population från Bornholm samt de tyska populationerna vid Sengwarden och Accum. Syftet med studien var att undersöka om det finns någon genetisk variation hos de svenska populationerna, hur mycket dessa skiljer sig från de utländska samt om det är möjligt att spåra ursprunget till de svenska populationerna. Resultaten visade att det inte finns någon genetisk variation vare sig inom eller mellan populationerna vid Trolle-Ljungby och Haga. I de svenska populationerna förekommer alltså endast en haplotyp medan populationerna vid Sengwarden och Bornholm är desto mer genetiskt diversa med fyra respektive tre olika haplotyper. I Accum återfinns endast en haplotyp eftersom bara ett prov analyserats därifrån. Den obefintliga genetiska variationen hos svenska populationer av skorpdagglav är sannolikt ett resultat av att arten har vandrat in i landet vid ett tillfälle. Alltför få utländska populationer ingår i studien för att man säkert ska kunna dra några slutsatser om ursprunget till de svenska förekomsterna. Det kan dock konstateras att den svenska haplotypen även förekommer på Bornholm. Under 2008 upptäcktes ytterligare en population på södra Gotland (Hagström 2008), där arten uppträder både på en gammal stenmur och på träd som står i anslutning till muren. På uppdrag av länsstyrelsen har nu även denna population undersökts genetiskt.

Material och metoder

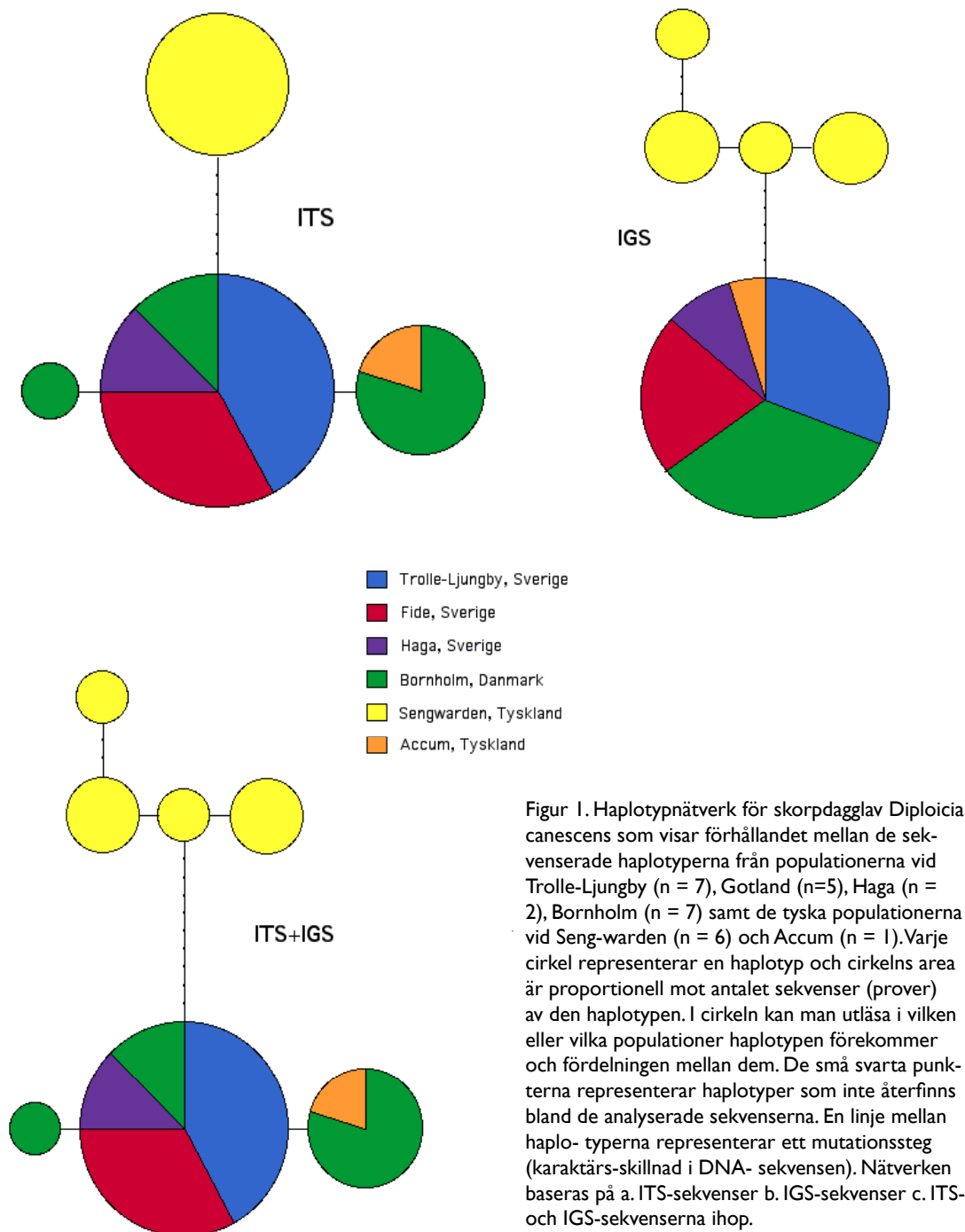
Under vintern 2009 insamlades sex exemplar av skorpdagglav på den gotländska lokalen, Fide kyrkogård. Tre exemplar samlades från en stenmur och tre exemplar samlades från bark. Ett av bark-exemplaren visade sig dock vara i så dåligt skick att det inte gick att få ut något DNA ur det och det uteslöts ur studien. Metoderna för DNA-amplifiering, sekvensering, dataanalys följer helt Arneng (2006) med den lilla skillnaden att de amplifierade DNA-proverna skickades till Korea för analys istället för till Dalby. I tabellen anges varifrån prover tagits hittills.

Tabell 1. De fem populationerna av skorpdagglav *Diploicia canescens*, från vilka prover samlats in för att ingå i studien av den genetiska variationen, antal prover (*n*) och substrat.

Population	<i>n</i>	Substrat
A. Haga, Sverige	2	Bark
B. Trolle-Ljungby, Sverige	7	Bark
C. Fide, Sverige	5	Bark, sten
D. Bornholm, Danmark	7	Sten
E. Sengwarden, Tyskland	6	Bark, sten, tegelsten
F. Accum, Tyskland	1	Bark

Resultat

Trots att ytterligare fem exemplar analyserats har inga nya haplotyper från Sverige framkommit, de är fortfarande sju stycken. De fem nya kollektorna uppvisar exakt samma haplotyp som de från Haga och Trolle-Ljungby i Skåne, både för ITS- och IGS-genen. Det nya haplotypnätverket påminner om det gamla men antalet prover med samma haplotyp har utökats för den ”svenska” haplotypen, som dock förekommer även på Bornholm och (Fig. 1). Om man istället gör en fylogenetisk analys av haplotyperna ser släktträdet ut som i figur 2.



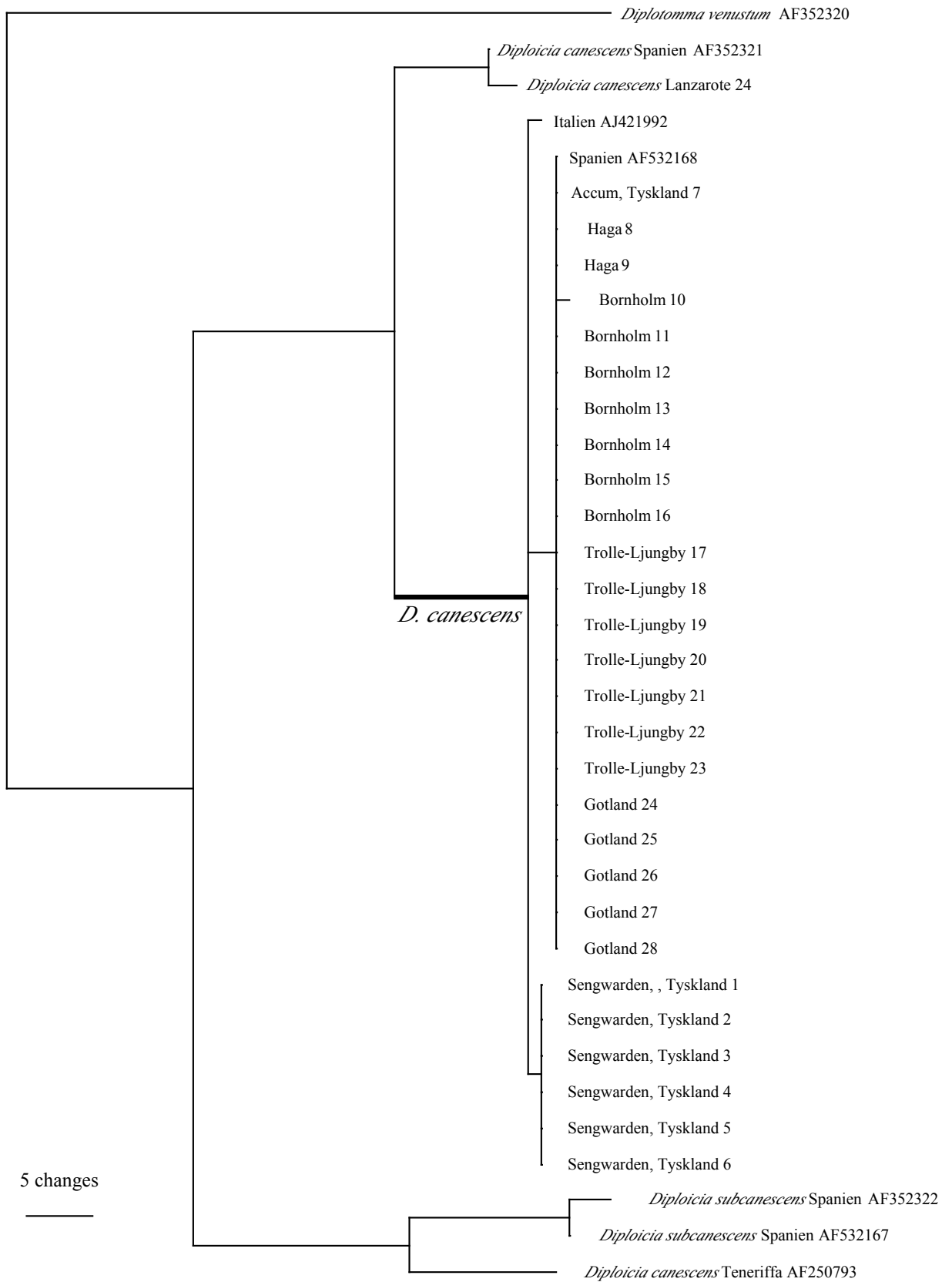
Figur 1. Haplotypnätverk för skorpdagglav *Diploicia canescens* som visar förhållandet mellan de sekvenserade haplotyperna från populationerna vid Trolle-Ljungby (n = 7), Gotland (n=5), Haga (n = 2), Bornholm (n = 7) samt de tyska populationerna vid Sengwarden (n = 6) och Accum (n = 1). Varje cirkel representerar en haplotyp och cirkelns area är proportionell mot antalet sekvenser (prover) av den haplotypen. I cirkeln kan man utläsa i vilken eller vilka populationer haplotypen förekommer och fördelningen mellan dem. De små svarta punkterna representerar haplotyper som inte återfinns bland de analyserade sekvenserna. En linje mellan haplotyperna representerar ett mutationssteg (karaktärs-skillnad i DNA-sekvensen). Nätverken baseras på a. ITS-sekvenser b. IGS-sekvenser c. ITS- och IGS-sekvenserna ihop.

Vi kan fortfarande inte säkert avgöra varifrån de svenska populationerna kommer, men vi kan konstatera att de alla är identiska i sin genetiska uppsättning, åtminstone i de två gener som undersökts. De två skånska lokalerna som undersökts ligger i västra respektive östra Skåne 11 mil ifrån varandra och Trolle-Ljungby ligger ca 25 mil ifrån lokalen på södra Gotland. Trots detta är alla populationerna identiska. På Bornholm finns också den haplotyp som är spridd i Sverige och detta kan vara källan till våra förekomster. Eftersom den ”svenska” haplotypen inte verkar vara den vanligaste typen på de lokaler som ligger inom rimligt avstånd från den svenska gränsen är det mest sannolikt att skorpdagglav först kommit in i Sverige, t.ex. från Bornholm, och sedan spridit sig vidare.

Vidare spridning

Fördelen med att de svenska populationerna är helt genetiskt identiska är att vi kan använda vilket material som helst från de svenska lokalerna för vidare spridning. Upptäckten på Gotland, som gjordes av Mikael Hagström, innebär dessutom att det geografiska område inom vilket arten kan förekomma är betydligt större än vad vi tidigare känt till. Det leder också till slutsatsen att spridning till nya lokaler kan göras inom ett större område än vad vi tidigare tillåtit.

Figur 2. Fylogenetiskt träd för skorpdagglav *Diploicia canescens* och *D. subcanescens*, baserat på parsimonianalys av ITS-sekvenser. Den genetiskt närbesläktade arten *Diploium venustum* användes som utgrupp. Värdena ovan grenarna i trädet anger antalet förändringar (karaktärsskillnader i DNA-sekvenserna).



Referenser

Arneng, E. 2009. Inventering, genetisk studie och artificiell spridning av skorpdagglav (*Diploicia canscens*). Länsstyrelsen i Skåne län. Åtgärdsprogram för hotade arter.

Hagström, M. 2008. Gamla kyrkor – kan det va nåt? *Lavbulletinen 2008*: 64.

Hela fem procent av våra djur, växter och svampar löper stor risk att dö ut och försvinna från landet. En satsning för att bevara dessa arter och deras livsmiljöer ingår i Naturvårdsverkets och länsstyrelsernas uppdrag. Denna satsning är ett led i det arbete som pågår för att klara riksdagens miljö kvalitetsmål för den biologiska mångfalden.

Som en del i arbetet med åtgärdsprogrammet för bevarande av skorpdagglav (*Diploicia canescens*) undersöktes den genetiska variationen inom och mellan Gotland, Skåne, Bornholm och Tyskland under 2010. Trots genetisk variation i Tyskland och på Bornholm var de svenska förekomsterna identiska och saknade genetisk variation baserat på de haplotypiska nätverk som presenteras i denna rapport.