

Genetisk variasjon i fjelledelgran – provenienser fra Nord Amerika og Norge

Norsk bestand
med *Abies
lasiocarpa*, ca
900 m o.h. Foto:
Skogfrøverket

Av Jørn Henrik Sønstebo¹⁾, Mari Mette Tollefsrud¹⁾,
Øyvind Meland Edvardsen²⁾ & Ragnar Johnskås²⁾

1) Norsk institutt for skog og landskap 2) Stiftelsen Det norske Skogfrøverk



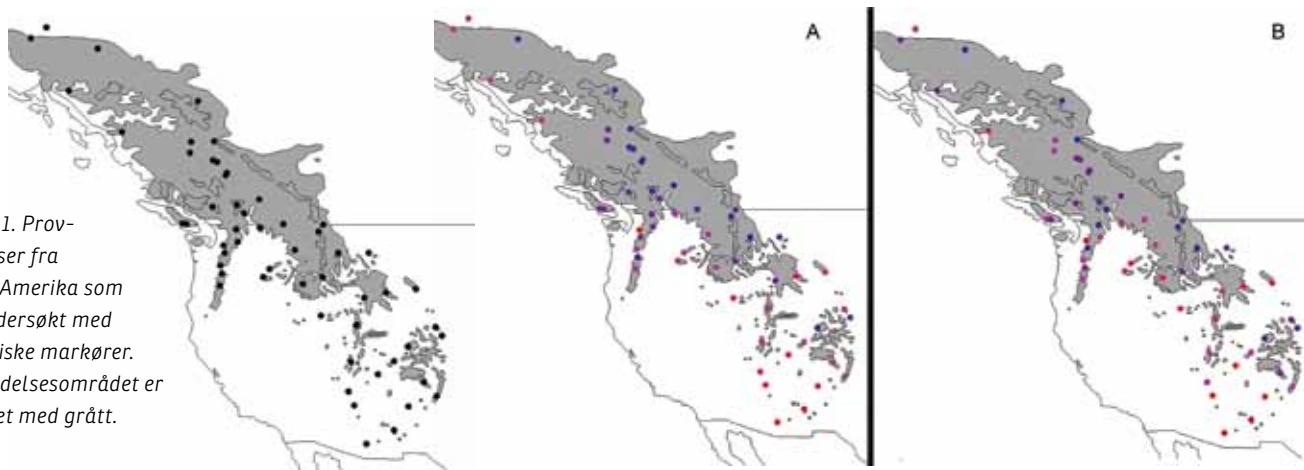
Fjelledelgran (*Abies lasiocarpa*) er opprinnelig en nord-amerikansk art med et stort utbredelsesområde som strekker seg fra Alaska i nord til Arizona og New Mexico i sør. I Arizona, New Mexico og sørlige Colorado finnes korkedelgran (*Abies lasiocarpa* var. *arizonica*) som er en variant av fjelledelgran. I Norge er fjelledelgran et viktig tre for juletreproduksjonen. Arten har både gode juletreegenskaper og er godt tilpasset dyrking i det norske klimaet. Juletreproduksjon er en voksende bransje i Norge og det er viktig å sikre god tilgang til frø som er tilpasset ulike klimasoner i Norge. For øyeblikket benyttes mest frø fra British Columbia i Canada eller frø av norske provenienser kjent for å gi godt juletreutbytte. For på sikt å kunne bidra til en sikrere tilgang til frø med gode egenskaper har Skogfrøverket startet et foredlingsprosjekt på fjelledelgran basert på systematisk utvalg og testing av materialer

fra de beste proveniensene i forsøk. Disse forsøkene har vist at det er til dels stor variasjon i juletreutbytte og at det generelt var best juletreutbytte i provenienser fra British Columbia og den nordlige delen av USA (se Nyeggen *et al.* 2010 i Nåledryss 74/10).

Det historiske slektskapet mellom provenienser og genetisk variasjon innen naturlige bestand er viktig å kjenne til når man skal evaluere både eksisterende og potensielle nye provenienser for juletre dyrking. Det er også interessant å undersøke mulighetene for å identifisere opphavet av norske provenienser basert på genetisk identifisering.

På oppdrag fra Skogfrøverket har Skog og Landskap undersøkt molekylærgenetiske variasjon i 56 nordamerikanske provenienser (figur 1) samlet fra hele utbredelsesområdet. Disse er samlet fra ulike feltforsøk i Norge. Tre norske provenienser (Stange prestegård, Skjellingshovde og Kråkhuggu) som er kjent for å gi gode juletrær er tatt med for å undersøke den genetiske variasjonen samt undersøke mulighetene for å identifisere den geografiske opprinnelsen til disse proveniensene.

Figur 1. Provenienser fra Nord Amerika som er undersøkt med genetiske markører. Utbredelsesområdet er merket med grått.



Litt om den genetiske metoden

For å undersøke den molekylærgenetiske variasjonen har vi benyttet mikrosatellitter som er kjent for å gi mye variasjon mellom selv beslektede individer og bestander. En utfordring når vi bruker mikrosatellitter er at disse måtte først identifiseres i genomet til fjelledelgran siden ingen har brukt denne metoden på arten før. Ved hjelp av testing av mikrosatellitter utviklet for andre arter i slekten *Abies* klarte vi å finne åtte mikrosatellitter som kunne brukes. Variasjonen i disse ble undersøkt i totalt 1208 trær, ca. 20 individer fra hver proveniens.

Genetisk variasjon i fjelledelgranprovenienser

Den genetiske variasjonen i en proveniens er en viktig parameter i foredlingen siden dette kan gi en indikasjon på hvor stor foredlingsgevinst det er mulig å hente ut. Genetisk variasjon kan studeres ved å sammenligne hvor mange ulike varianter som finnes av hver mikrosatellitt (antall alleler) og hvor stor andel av individene som har to forskjellige varianter (heterozygositet). Hvis disse målene i en proveniens er høye vil det si at man har høy genetisk variasjon. Figur 2 viser en oversikt over den genetiske variasjonen i proveniensene fra Nord Amerika (antall alleler (figur 2A) og heterozygositet (figur 2B); blå farge betyr høye verdier mens rød farge betyr lave verdier i figur 2). Generelt kan man si at det er relativt høy genetisk variasjon i store deler av utbredelsesområdet, men det er en tendens til at både heterozygositet og antall alleler er høyere i de sentrale delene og i nord enn i sør. Spesielt de isolerte forekomstene i Arizona og New Mexico har redusert genetisk variasjon. De norske proveniensene har like høy genetisk variasjon, både i antall alleler og heterozygositet, som de proveniensene med høyest genetisk variasjon i Nord Amerika.

Slektskap mellom provenienser

For å undersøke slektskapet mellom nordamerikanske provenienser har vi brukt en metode som grupperer proveniensene basert på hvor like de er genetisk. Ulike antall grupper blir testet og grupperingen med høyest sannsynlighet blir valgt. De 56 proveniensene ble gruppert med høyest sannsynlighet i 11 grupper og disse er plottet på kartet med ulike farger i figur 3. Resultatene viser at de fleste av de nordlige proveniensene tilhører en gruppe (mørk blå, figur 3). De sørlige proveniensene er derimot delt i flere grupper. Her er utbredelsen mer fragmentert og det er sannsynlig at det er mindre bevegelse av ge-

Figur 2. Genetisk variasjon (antall alleler i A og andel heterozygositet i B) i nordamerikanske provenienser. Fargen varierer med mengden genetisk variasjon fra blå (stor genetisk variasjon) til rød (liten genetisk variasjon).

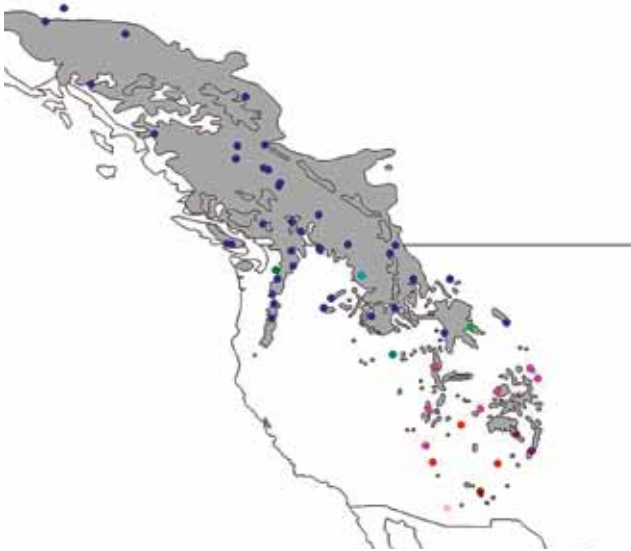
ner mellom provenienser her enn i nord der utbredelsen er mer kontinuerlig. Slektskapet mellom provenienser avhenger i stor grad av hvordan fjelledelgran har kolonisert det nåværende utbredelsesområdet etter siste istid. Det er sannsynlig at de nordlige gruppene har overlevd istiden i refugier langs kysten og spredt seg østover når isen trakk seg tilbake. De sørlige proveniensene kan derimot være rester etter sørlige refugier som muligens har hatt større utbredelse under siste istid og som har blitt fragmentert når klimaet ble varmere. Dette har sannsynligvis ført til en reduksjon i populasjonsstørrelsen i disse proveniensene noe som kan forklare den lavere genetiske variasjonen i de sørlige proveniensene.

Hvor kommer de norske proveniensene fra?

For å finne ut hvor de norske proveniensene kommer fra har vi testet hvilke av de nordamerikanske proveniensene det er sannsynlig at de ulike trærne kommer fra. Sagt på en annen måte, de norske trærne blir tildelt de potensielle amerikanske prove-



Nåler fra fjelledelgran som blir klippet til molekylærgenetiske analyser. Foto: Lars Sandved Dalen, Skog og landskap



Figur 3. Nordamerikanske provenienser gruppert i 11 grupper etter slektskap

niensene vi har i datasettet vårt med en gitt sannsynlighet. Siden de nordamerikanske proveniensenes er nært beslektet over store områder, spesielt i de sentrale og nordlige områdene, vil det ofte være slik at det er flere provenienser fra dette område som kan være det sannsynlige opphavet. I figur 4 er antallet trær fra de tre norske proveniensenes (Stange prestegård (figur 4A), Skjellingshovde (figur 4B) og Kråkhuggu (figur 4C)) som er tildelt til de ulike nord amerikanske proveniensenes vist med farger, der rød til blå farge indikerer en gradient fra færrest til flest trær tildelt. Det vil si at provenienser med blå farge er de mest sannsynlige opphavet for de respektive proveniensenes. For alle de tre norske proveniensenes blir flest trær tildelt provenienser øst i British Colombia i Canada. Provenienser med med mange trær tildelt er: Upper Fraser, Spring Mountain, Barkerville, Duffy Lake, Sicamous og Pine River alle i British Colombia. I tillegg ble mange trær tildelt Whitefish Range i Montana og Still Creek i Oregon. For mer nøyaktig å kunne identifisere den geografiske opprinnelsen vil man trenge å undersøke variasjonen på flere steder i genomet, ved å bruke for eksempel flere mikrosatellitter. Samtidig vil det kanskje også være nødvendig

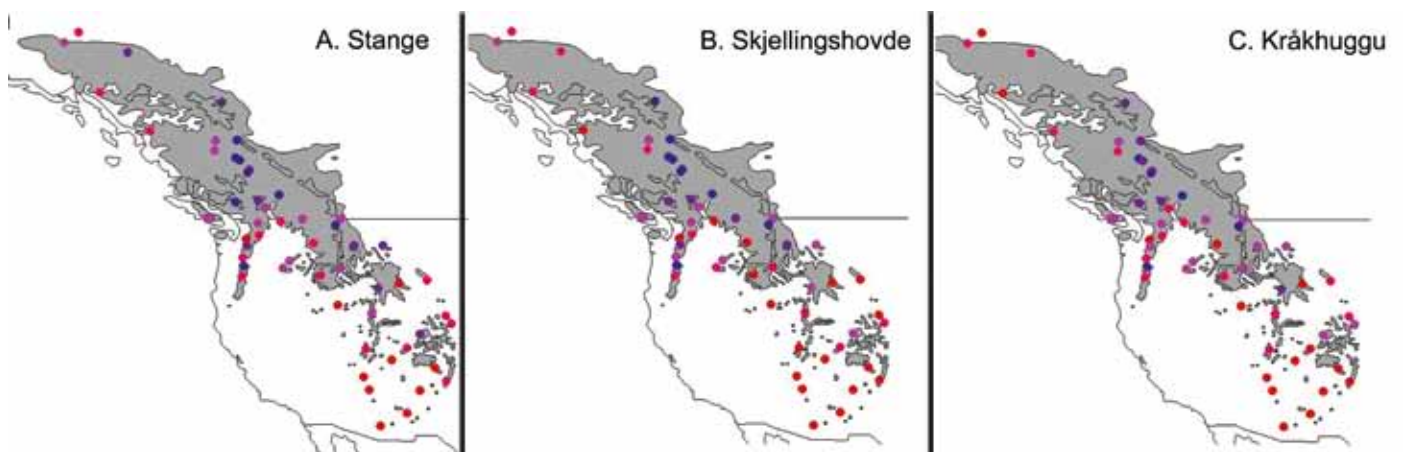


DNA variasjon sjekket på agarosegel. Foto: Lars Sandved Dalen, Skog og landskap

å utvide datasettet av nordamerikanske provenienser. Man vet ikke med sikkerhet at man har kandidatene som de norske proveniensenes stammer fra i dette datasettet.

Arbeidet videre

De molekylærgenetiske undersøkelsene presentert her vil bli sammenlignet med dataene fra kvantitative genetiske data fra proveniensenes som er undersøkt. Vi vil undersøke om juletreegenskapene sammenfaller med de molekylærgenetiske dataene. For eksempel er det interessant å undersøke om andelen genetisk variasjon påvirker juletreegenskaper og om det er enkelte genetiske grupper som kan være bedre egnet enn andre. Sammenligning mellom molekylærgenetiske og kvantitative data kan også gi en indikasjon på om det er lokale tilpasninger som vil påvirke juletreegenskaper, men som ikke sammenfaller med de genetiske gruppene vi har funnet her. Dette vil være egenskaper som er selektert for lokalt og som vil være spesielt interessante i foredlingen. ■



Figur 4. Tildeling av trær fra norske provenienser til nordamerikanske provenienser. Fargen varierer med antallet trær tildelt fra rød (få eller ingen trær) til blå (mange trær).