

Dvärglummerns utbredningsmönster – ett virrvarr av sekvenser och nätverk

Anneli Svanholm

Dvärglumner, *Selaginella selaginoides*, är en växt som hör till familjen mosslumrar (Selaginellaceae). Trots namnet är mosslumrar varken mossor eller särskilt nära släkt med dem, utan hör till gruppen lummerväxter. Lummerväxter är istället närmare släkt med ormbunkeväxter och fröväxter. Till skillnad från fröväxterna som sprids med frön, så sprids mosslumrar med sporer. Mosslumrar har två sorters sporer, megasporer och mikrosporer. Inuti sporena utvecklas gametofyter som producerar könsceller (ägg och spermier). För att en ny växt ska bildas behövs vatten så att spermier kan simma till ägget. Megasporen är den spridningsbegränsande enheten, då den är relativt stor, vilket har setts som ett hinder för mosslumrar att kunna sprida sig långa sträckor. De flesta mosslumrar förekommer i de varma och fuktiga tropikerna men några arter finns i mer tempererade områden. En av dem är dvärglumner, som är den enda mosslumnerarten som växer i Sverige. Den är mycket liten, upp till en decimeter hög, och växer främst i mellersta och norra delarna av landet. Arten har en stor geografisk spridning jämfört med många andra mosslumrar och finns runt hela norra halvklotet. Hur kommer det sig att dvärglumner finns där den finns? Har den spridit sig över stora områden med hjälp av t.ex. vatten, vind eller fåglar? Eller har den tagit sig dit genom många små ”steg”? Detta är frågor som har varit grunden till mitt projekt.

I mitt examensarbete har jag undersökt dvärglummerns utbredning. Jag har tittat på den genetiska variationen inom arten för att kunna säga något om dess utbredningsmönster. Med hjälp av DNA-sekvenser har jag försökt ta reda på hur individer förhåller sig till varandra. Ju mer av individernas DNA-sekvenser som delas via en gemensam förfader, desto närmare släkt är de. En stor del av mitt projekt har gått ut på att hitta en DNA-sekvens i dvärglummerns genom som skiljer sig tillräckligt mycket åt mellan individer för att kunna använda den i molekylärgenetiska analyser. Många av de regioner som jag undersökte visade ingen genetisk variation och jag kunde därför inte fortsätta med dem. Men två regioner uppvisade variation så de fortsatte jag med. Ett sätt att undersöka den genetiska variationen mellan individer, och se hur de förhåller sig till varandra, är att visualisera dem i ett haplotypnätverk. En haplotyp är en unik DNA-sekvens för en specifik del av en organisms genom, t.ex. en gen. I ett haplotypnätverk hamnar alla individer som delar en haplotyp i samma punkt. Punkterna (haplotyperna) kopplas samman av linjer som representerar deras relation till varandra och bildar ett nätverk.

Genom mina studier har jag kommit fram till att individer av dvärglumner från Nordamerika och Japan är närmare släkt med varandra än vad de är med individer från Europa. Men mer information, både i form av fler DNA-sekvenser och fler individer från artens stora geografiska område, behövs för att kunna ta reda på mer om artens utbredning och evolutionära historia.

Degree project in Biology, Master of Science (2 years), 2017

Examensarbete i biologi 45 hp till masterexamen, 2017

Biology Education Centre and Department of Organismal Biology, Uppsala University

Supervisors: Petra Korall and Stina Weststrand

External Opponent: Julia Ferm