



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser



2024-06-04

Genetisk analys av öring från Storån, Åtvidaberg

Stefan Palm

stefan.palm@slu.se

Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser, Sötvattenslaboratoriet
Stångholmsvägen 2, 178 93 Drottningholm

Bakgrund

Storån är ett mindre vattendrag (ca 2 m³/s) i Åtvidabergs kommun, Östergötland. Ån tillhör ett vattensystem som via sjöar och rinnande avsnitt mynnar i Östersjön norr om Västervik. I den del av Storån som flyter från Båtsjön till Åkervristen (totalt ca 8 km, 18 m fallhöjd) förekommer öring (*Salmo trutta*) på ett antal kortare strömsträckor samt i ett mindre biflöde (Hammarån) i anslutning till tätorten Falerum (figur 1). Eftersom Båtsjön är grund och olämplig för öring medan den djupare Åkervristen är varm och syrefattig sommartid bedöms öringen vid Falerum vara strömstationär, även om en enstaka större individ har fångats ute i Åkervristen vintertid (Ola Helmerson, Hushållningssällskapet, muntligen).

I dagsläget saknas öring i övriga delar av Storåns vattensystem, undantaget dess allra nedersta del nedströms Edsbruk (Edsån), där ett vattenkraftverk (byggt 1952, fallhöjd 13,3 m; Sweco 2016) omkring fem kilometer från havet utgör definitivt vandringshinder. Nedströms kraftverket har enstaka lekande öringar observerats. I ett närliggande biflöde som avvattnar Hållertorps göl förekommer också uppväxande öring i glesa tätheter, vilket troligen utgör avkomma till havsvandrande föräldrar. Tidigare (t.o.m. 1980/90-talet) var Edsån kraftigt förorenad p.g.a. utsläpp från pappers- och impregneringsindustri. Det lokala öringbeståndet i vattensystemets nedersta del var då möjligen helt utslaget (Ola Helmerson, muntligen). Det har även bedömts osannolikt att uppströmsvandrande fisk tidigare klarade att passera det branta forsområdet vid Edsbruk, innan detta modifierades och dämades (Sweco 2016).

Tidigare fanns en mindre avelsanläggning strax uppströms Falerum där man producerade odlad öring baserad på lokalt fångad avelsfisk. Den odlade avkomman sattes ut i isolerade gölar längre

uppströms i vattensystemet för ett "put-and-take" fiske. Däremot saknas uppgifter om att odlad öring ska ha satts ut direkt i Storån (Ola Helmerson, Hushållningssällskapet, muntligen). Således är det möjligt att öringbeståndet vid Falerum kan utgöra en ursprunglig (relikt) population som varit reproduktivt isolerad under en längre tid, och som är opåverkat av utsättningar.

I denna studie har öring från Storån DNA-analyserats. Syften har varit att kartlägga populationens genetiska variationsgrad samt undersöka i vilken omfattning det finns likheter och skillnader gentemot öringar från andra delar i Sverige. En huvudsaklig frågeställning har varit om det, baserat på befintlig information, går att bedöma om Storåns öring kan tänkas vara "genetiskt ursprunglig". I så fall kan populationen eventuellt nyttjas som utsättningsmaterial i samband med framtida återintroduktioner av öring i närliggande vattendrag där öring idag saknas trots bedömt goda förutsättningar. Arbetet har skett på uppdrag av Åtvidabergs kommun.

Material och metoder

Totalt 41 öringar från Storån infångades med elfiske på tre närliggande lokaler strax uppströms Falerum (figur 1), och provtogs för genetisk analys. Insamling skedde i september 2022 (27 st.) samt 2023 (14 st.). Vänadsprov utgjordes av en mindre fenbit lagrad i sprit. Efter provtagning återutsattes fisken levande. Baserat på individernas längdfördelning bestod materialet sannolikt av en blandning av årsungar (ålder 0+; 5-10 cm) och äldre ($\geq 1+$) individer från minst två årsklasser (figur 2).

Molekylära analyser (DNA-extraktion, PCR, fragmentanalys) genomfördes vid Sötvattenslaboratoriets fiskgenetiska laboratorium (SLU Aqua). Individerna genotypbestämde med avseende på 16 så kallade mikrosatelliter (Söderberg m.fl. 2019), vilket utgör högvariabla DNA-markörer utan kända kopplingar till funktionella (selektade) gener i arvsmassan.

Grupper av sannolika helsyskon i de analyserade materialen identifierades med hjälp av programmet COLONY 2.0.6.3 (Jones & Wang 2010). För att erhålla en mer rättvisande bild av populationens genetiska sammansättning reducerades antalet helsyskon per identifierad helsyskongrupp till två stycken inför vissa statistiska analyser (slumpmässigt valda överskjutande helsyskon plockades undan).

Skattningar av mängden genetisk variation i termer av förväntad heterozygositet (H_E) samt antal anlagsvarianter (allelic richness, A_R) beräknades med FSTAT (Goudet 1995). Samma program användes även för att skatta storleken av avvikelser från s.k. Hardy-Weinberg-proportioner i form av över- respektive underskott av heterozygota genotyper ($F_{IS} < 0$), vilket kan indikera populationsblandning, få lekfishar och/eller tekniska problem för enskilda markörer (t.ex. så kallade noll-alleler). Med POPTREE2 (Takezaki m.fl. 2010) framställdes dendrogram ("släktskapsträd") baserade på parvisa genetiska avstånd (D_A ; Nei m.fl. 1983) och neighbor-joining-metoden.

Antalet genetiskt effektiva föräldrar (N_B) beräknades med NEESTIMATOR (Do m.fl. 2014) utifrån avvikelser från s.k. kopplingsjämvikt (ju större avvikelse desto lägre N_B och *vice versa*). I analysen ingick endast de individer som, baserat på längdanalys, kläcktes våren 2022 (årsungar från elfisket 2022 och bedömt ettåriga från fisket 2023). För att medge en N_B -skattning för denna årsklass ingick samtliga individer, inklusive de "extra" helsyskon som slumpmässigt plockats undan inför övriga statistiska analyser.

Resultat och diskussion

Tre av öringarna – samtliga från lokalen ”Nedstr. Båtsjön” – kunde inte genotypbestämmas p.g.a. bristande DNA-kvalitet (proverna hade förvarats i en defekt frys innan överföring till sprit). Övriga 38 individer erhöll en fullständig genotypbestämning för samtliga 16 mikrosatelliter. I några fall krävdes dock upprepade fragmentanalys.

Fem sannolika helsyskongrupper kunde identifieras bland de genotypbestämda individerna (figur 2). Inför statistisk analys avlägsnades totalt fem slumpmässigt valda individer bland dessa helsyskon (individ 2, 12, 22 samt 24 från familj ”a” och individ 15 från familj ”b”). I tre fall identifierades sannolika helsyskonpar som fångats på olika elfiskelokaler under olika år (se familj ”c”, ”d” och ”e” i figur 2). Detta framstår dock som rimligt då det geografiska avståndet mellan lokalerna Teknorama och Viaholm endast är ca 150 m (figur 1) samtidigt som det finns tydliga och realistiska storleksskillnader mellan individerna i de syskonparen provtagna 2022 (84-95 mm, sannolika 0+) respektive 2023 (139-155 mm, sannolika 1+).

I det totala materialet ($n=33$, efter helsyskonreduktion) fanns ingen statistiskt signifikant avvikelse från de genotypproportioner som förväntas i en genetiskt homogen population ($F_{IS} = -0,031$; $P=0,26$). Totalt observerades 39 anlagsvarianter för de 16 mikrosatelliterna (i medeltal 2,4 per markör) med en genomsnittlig förväntad heterozygositet (H_E) uppgående till 0,35 – en jämförelsevis låg genetisk variationsgrad jämfört med andra öringbestånd. I figur 3 har den skattade mängden förväntad heterozygositet (H_E) i Storån jämförts med motsvarande värden för öringar från andra svenska inlandsvatten och havsvandrande bestånd. Av figuren framgår att den genetiska variationsgraden hos öringen i Storån representerar den näst lägsta nivå som hittills observerats bland svenska öringpopulationer studerade med 16 mikrosatelliter vid SLU Aqua.

Det genetiskt effektiva antalet föräldrar (N_B) till avkomman kläckt 2022 ($n=30$) skattades till 9 (95% konfidensintervall: 4 - 18). Som nämns ovan inkluderade analysen endast årsungar (0+) kläckta 2022, vilka särskildes från äldre individer via längdfördelningsanalys (figur 2). Hur många lekfiskar (N_T) som motsvaras av $N_B=9$ är oklart, men andra studier anger att N_B kan utgöra 20-40 % av N_T hos öring och regnbågslax (Dannewitz m.fl. 2004, Araki m.fl. 2007). Baserat på dessa tidigare studier kan antalet öringar (båda könen) som reproducerade sig hösten 2021 (föräldrarna till årsklassen kläckt 2022) ha varit av storleksordningen 20 till 45 individer.

I figur 4 har dendrogram (”släktskapsträd”) används för att beskriva genetiska likheter och skillnader mellan lokala öringpopulationer från olika delar av Sverige. Av resultatet framgår att öringen i Storån inte är påtagligt lik någon tidigare studerad population. Storån sitter visserligen placerad närmast tre populationer från vattendrag i Lagans avrinningsområde, Kronobergs län, men graden av statistiskt stöd för denna association är svag (endast 22%). Ett motsvarande resultat erhöles även vid analys med en betydligt större databas som även inkluderade populationer som endast analyserats med avseende på 10 av de 16 DNA-markörerna. Det kan även noteras att öringen från Storån inte liknar de populationer av vild och odlad havsöring från Östersjön (från Mörrumsån till Torne älv) som ingår i dendrogrammet (figur 4). Trots att analys av havsöring från Storåns nedersta del eller annat vattendrag i dess närområde saknas, förväntas dessa populationer hamna i samma del av trädet som övriga tidigare analyserade havsöringsbestånd.

Avslutande kommentarer

Denna analys har visat att öringen i Storån är genetiskt distinkt och inte lik någon annan vild eller odlad svensk population som tidigare DNA-analyserats vid SLU Aqua. Exempelvis finns ingen genetisk likhet med svenska havsöringsbestånd från olika delar av Östersjön, trots förekomst av havsvandrande öring i vattensystemets nedersta del. Även om genetiska referensdata ännu saknas för ett antal öringstammar som är, eller har varit, populära för utsättning i olika delar av Sverige, bedöms populationen kunna vara "genetiskt ursprunglig" för området, särskilt givet att uppgift saknas om tidigare utsättningar i ån. Samtidigt uppvisar populationen en jämförelsevis låg grad av genetisk variation, vilket kan förklaras av att den varit reproduktivt isolerad och numerärt svag under en längre tid. En bidragande orsak kan här vara att Storån är kraftigt reglerad och periodvis haft nolltappning, vilket kan ha orsakat s.k. "genetiska flaskhalsar" (episoder med särskilt få lekfiskar) i populationen. Sammantaget indikerar ovanstående resultat, tillsammans med den låga erhållna skattningen av N_B (och N_T), att den lokala populationen i Storån är genetiskt värdefull men sårbar.

I bevarandesammanhang finns en tumregel som anger att en reproduktivt isolerad population bör ha en genetiskt effektiv populationsstorlek *per generation* (N_E) som uppgår till minst 50 individer (vissa hävdar 100) för att kortsiktigt minska risken för inavelsrelaterade problem, medan det behövs en betydligt större populationsstorlek ($N_E > 500$ eller högre) för att populationen långsiktigt ska bibehålla sin anpassningsförmåga och evolutionära potential (se t.ex. Frankham m.fl. 2014). Vad öringen i Storån har för N_E är oklart, men baserat på litteraturuppgifter kan kvoten N_B/N_E tänkas vara av storleksordningen $\approx 0,5$ (Palm 2021). Om så är fallet befinner sig N_E för öringen i Storån troligen långt under tumregeln för genetiskt korttidsbevarande, givet den tillgängliga N_B -skattningen för årsklassen 2022.

Fler analyserade prover, vilka omfattar fler årsklasser och insamlingslokaler i Storån (inkl. dess biflöde Hammarån), kan ge mer precis information om populationens genetiska status. Det är även möjligt att analys av öring från fler lokaler kan ge en något högre skattning av N_B . Utifrån befintliga data och den konstaterat låga genetiska variationsgraden och populationsstorleken rekommenderas ändå åtgärder för att skydda/förbättra öringen och dess habitat och, om möjligt, öka antalet reproducerande individer. Utan en ökad populationsstorlek förväntas ytterligare förlust av genetisk variation samtidigt som risken för inavelsrelaterade problem ökar. En större populationsstorlek väntas även medföra att populationen blir mindre känslig för annan negativ påverkan som låg lekframgång och förhöjd dödlighet under vissa år (t.ex. i samband med torra/varma somrar).

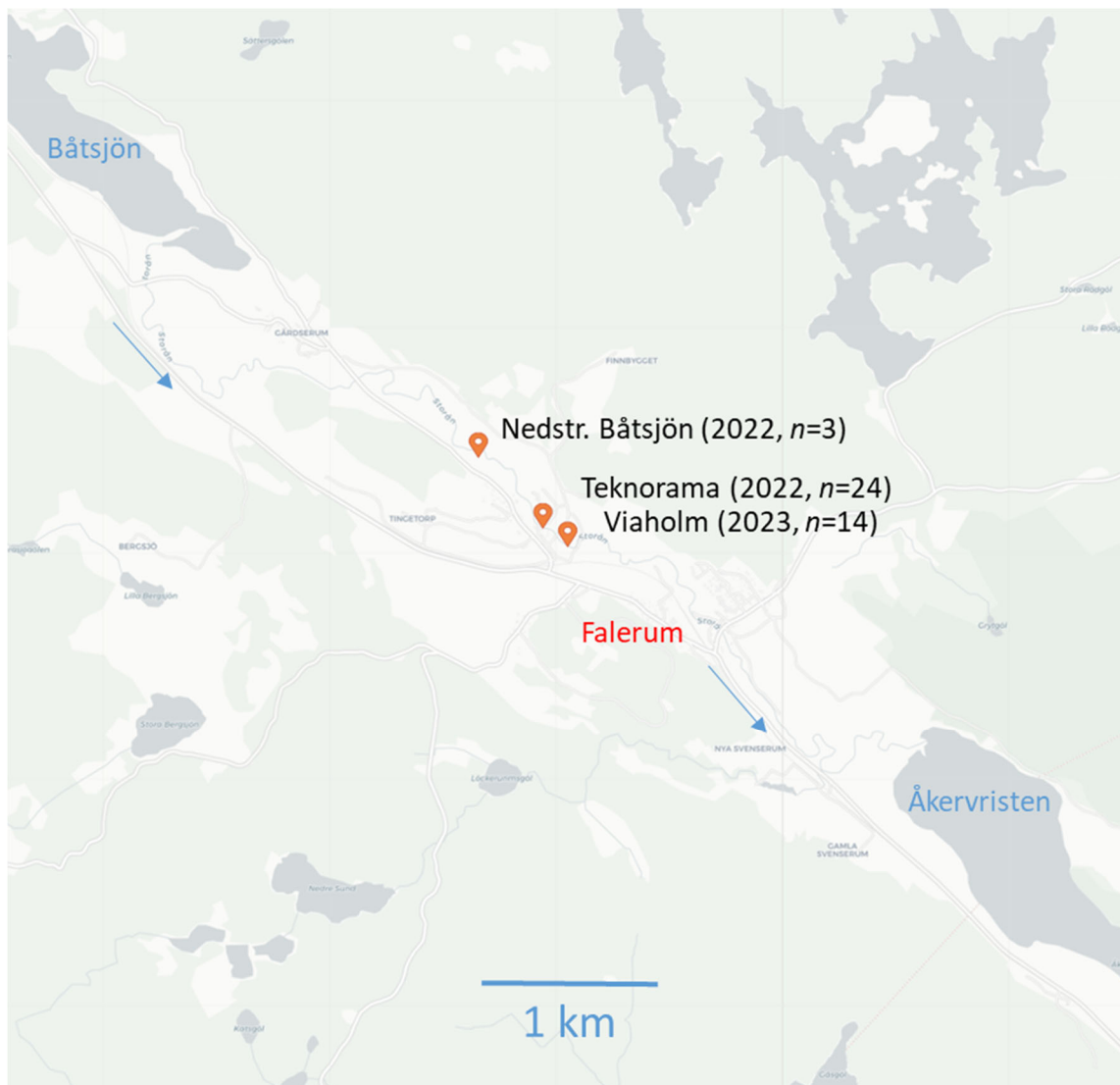
Att baserat på öring från Storån återskapa ytterligare lokala populationer i området kan också motverka en fortsatt genetisk utarmning och inavelsökning. Saknas naturliga förutsättningar för genetiskt effektiv migration (genflöde) mellan vattendrag och strömsträckor med lämpliga habitat för öring i närområdet, kan ett ökat antal lokala populationer ändå vara gynnsamt för artens långsiktiga chanser till överlevnad i området genom att man skapar ett antal "levande genbanker". I så fall kan man i framtiden behöva överväga att ibland flytta enstaka individer mellan lokaler enligt ett genomtänkt och planerat system, för att på så vis minska de genetiska och demografiska risker som är förknippade med numerärt svaga och reproduktivt isolerade populationer.

Erkännanden

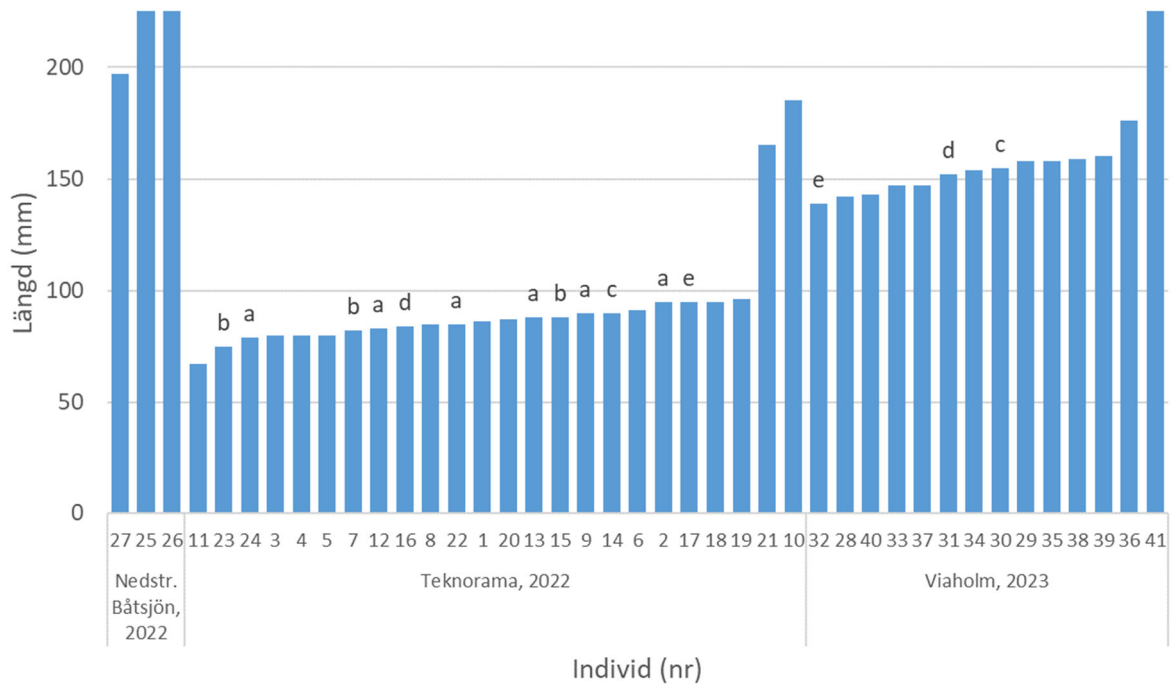
Studien har genomförts på uppdrag av Åtvidabergs kommun. Tack till Linda Söderberg och Birgitta Jacobson (SLU Aqua) som utförde de laborativa analyserna samt till Ola Helmerson (Hushållningssällskapet) för hjälp med bakgrundsuppgifter. Mathias Ibbe (Länsstyrelsen Östergötland) och Kenneth Winroth (Åtvidabergs kommun) har läst och kommenterat en tidigare version. Innehållet har faktagranskats av Johan Dannewitz (SLU Aqua).

Referenser

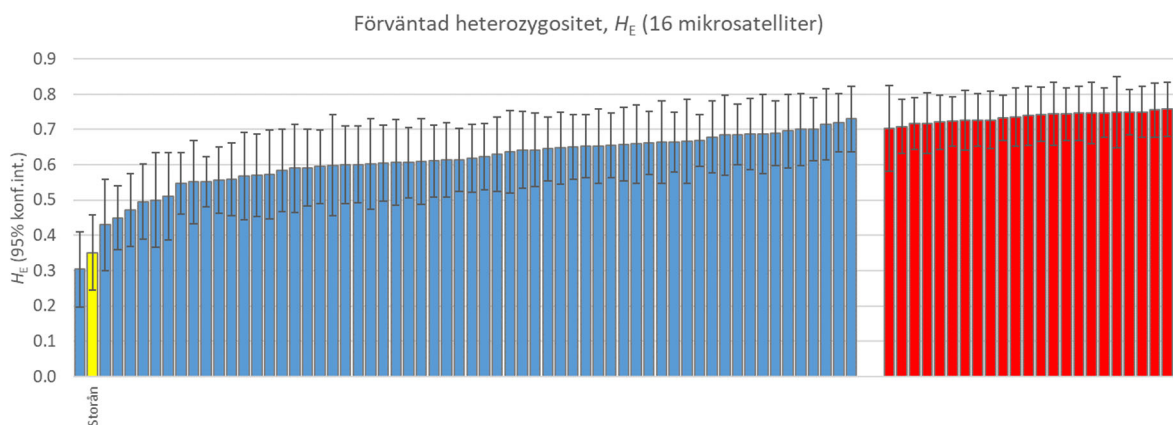
- Araki H, Waples R, Ardren W, Cooper B, Blouin S (2007). Effective population size of steelhead trout: influences of variance in reproductive success, hatchery programs, and genetic compensation between life-history forms. *Molecular Ecology* 16:953–966.
- Dannewitz J, Petersson E, Dahl J, Prestegard T, Löf A-C, Järvi T (2004). Reproductive success of hatchery-produced and wild-born brown trout in an experimental stream. *Journal of Applied Ecology* 41:355–364.
- Frankham R, Bradshaw CJA, Brook BW (2014). Genetics in conservation management: revised recommendations for the 50/500 rules, Red List criteria and population viability analyses. *Biological Conservation* 170:56–63.
- Do C, Waples RS, Peel D, Macbeth GM, Tillett BJ, Ovenden JR (2014). NeEstimator v2: reimplement of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources* 14:209–214.
- Goudet J (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86:485–486.
- Jones O, Wang J (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10:551–555.
- Nei M, Tajima F, Tateno Y (1983). Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19:153–170.
- Palm S (2021). Genetiskt bevarandemål för lax i Gullspångsälven. Utlåtande till Länsstyrelsen i Västra Götaland, 6 s.
- Sweco (2016). Fiskvägar i Stångån och Storån: åtgärdsförslag samt förslag till prioriteringar utifrån ekologisk nytta i relation till kostnader och förlust av förnyelsebar energi av fiskvägar i Motala ström, Svartån, Stångån och Storån. Slutrapport, 148 s.
- Söderberg L, Östergren J, Palm S (2019). Genetisk analys av avelsfisk. Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar. *Aqua reports* 2019:18. 53 s.
- Takezaki N, Nei M, Tamura K (2010). POPTREE2: Software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with windows interface. *Molecular Biology and Evolution* 27:747–752.



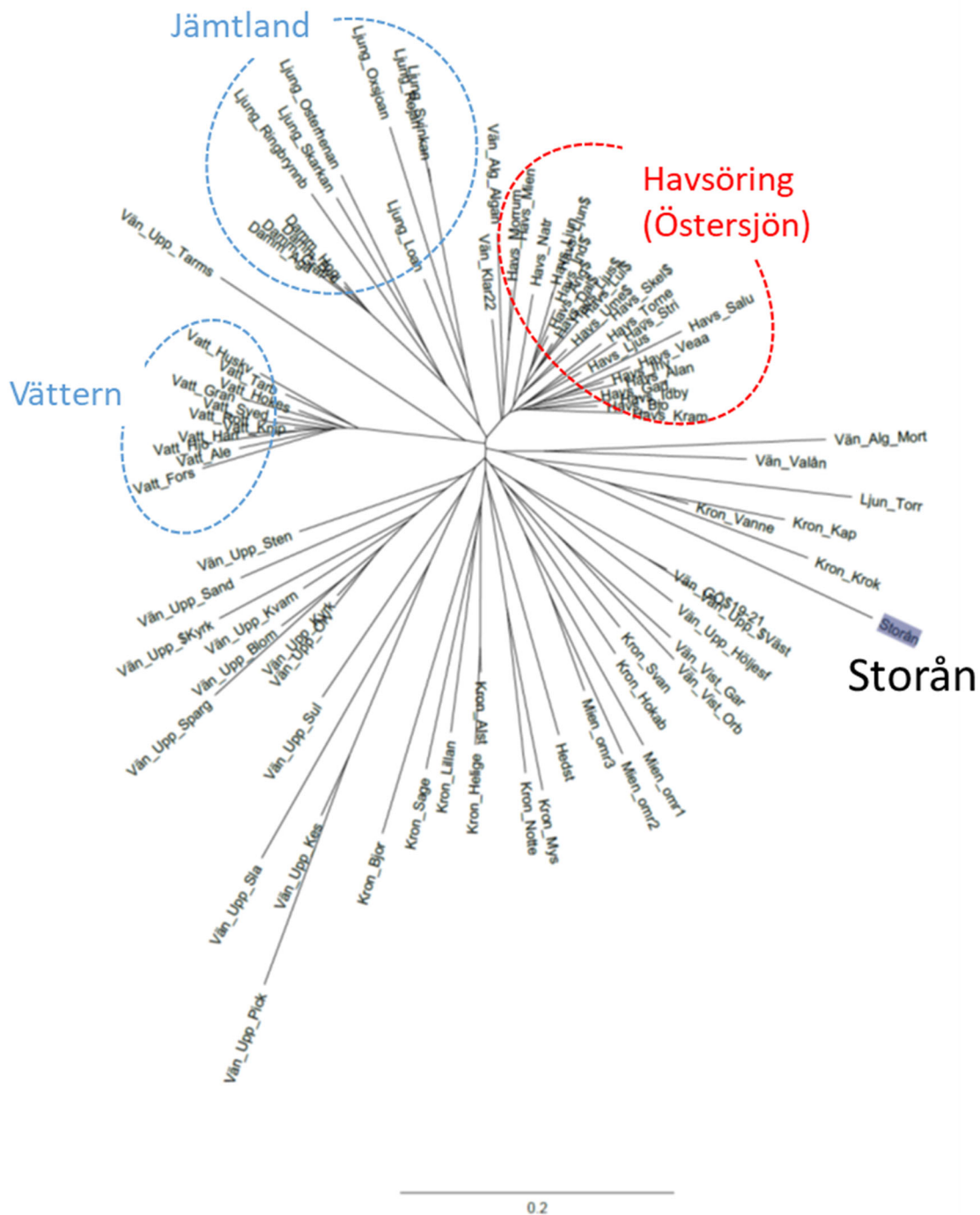
Figur 1. Tre elfiskelokaler i Storån, strax uppströms Falerum (södra Östergötland) där totalt 41 öringar insamlades och provtogs för genetisk analys (2022 och 2023). Pilarna anger flödesriktning.



Figur 2. Uppmått längd (mm) hos öringar från tre lokaler i Storån provtagna 2022-2023 (figur 1). Individerna är sorterade i storleksordning inom respektive lokal. De kortaste individerna (50-100 mm) utgör sannolika årsungar (0+) kläckta 2022, medan övriga/längre fiskar utgör ettåriga (1+) eller äldre ($\geq 2+$) från samma (2022) eller tidigare årsklasser (2021-). Bokstäver markerar fem sannolika helsyskongruenser (a-e) enligt analys med programmet COLONY. De tre individerna från lokalen "Nedstr. Båtsjön" (2022) kunde inte genotypbestämmas p.g.a. bristande DNA-kvalitet.



Figur 3. Skattad genetisk variationsgrad (förväntad heterozygositet, 16 mikrosatelliter, 95 % konfidensintervall) hos öring från Storån (gul stapel) jämfört med motsvarande skattningar för öringar från andra sjö- och strömvattenlevande (blå staplar) respektive havsvandrande populationer (röda staplar) från olika delar av Sverige.



Figur 4. Dendrogram ("släktträd") för öring från Storån och diverse andra populationer från olika delar av Sverige som analyserats med samma 16 mikrosatelliter inom andra projekt. Dendrogrammet är konstruerat med POPTREE2, baserat på parvisa genetiska distanser (Nei's DA) och neighbor-joining metoden. Ju närmare olika stickprov sitter placerade, desto mer genetiskt lika är de och vice versa. Enligt s.k. bootstrap-analys är öringen från Storån inte statistiskt associerad med något annat, tidigare analyserat, stickprov. Utöver de markerade grupperna av (genetiskt lika) populationer ingår bl.a. populationer från Kronobergs län ("Kron") och Vänerområdet ("Vän").



Miljöbilder från Storån vid Falerum (foto: Ola Helmerson).