



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser

2014-06-13

Genetisk analys av öring från Emån

Stefan Palm, Johan Dannewitz & Tore Prestegaard

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

Sammanfattning

Sedan 2008 har fettfeneklippta (odlade) öringar fångats årligen vid sportfiske i Emån. Omkring 3% av den fångade öringen har rapporterats sakna fettfena, men den sanna andelen bedöms vara högre (närmare 10%). Eftersom ingen odlad öring sätts ut i Emån måste de fenclippta individerna härstamma från utsättningar i andra områden. En majoritet av den odlade öringen har fångats under vårfiske och tycks ha lekt föregående höst. Om odlad öring med främmande ursprung reproducerar sig i ån kan detta resultera i avkomma som överlever sämre, eftersom denna fisk av genetiska skäl kan avvika i olika avseenden från den ursprungliga Emåöringen.

En studie med hjälp av genetiska markörer (s.k. mikrosatelliter) har genomförts i syfte att (1) kartlägga dagens öringbestånd i Emån, (2) undersöka i vilken omfattning genetiska förändringar har skett sedan 1960-talet (DNA-analys av arkiverade fjäll) samt (3) för att genetiskt ursprungsbestämma ett mindre antal fenclippta öringar fångade i Emån 2013.

Relativt små men säkra genetiska skillnader kunde observeras mellan uppväxande öring från olika delar av ån (elfiske 2013). Det fanns även en trend med en gradvis sjunkande genetisk variationsgrad ju längre uppströms fisken var insamlad. Resultaten indikerar att öringen tycks återvända i hög grad till sitt födelseområde även inom Emån. Samtidigt kan olika stora inslag av strömstationär öring (som aldrig lämnar ån) vara en ytterligare förklaring. Insamling och analys av fler individer och årsklasser skulle behövas för mer säkra slutsatser.

Öringen från tidigt 1960-tal (mestadels smolt) skilde sig genetiskt från samtliga nutida öringar oavsett var dessa var fångade, men skillnaden var mindre gentemot den öring som 2013 samlades in i de nedre delarna av ån nära mynningen i havet. Dessa genetiska skillnader tyder på att en förändring ägt rum under de senaste 50-åren. Samtidigt är resultaten svårtolkade eftersom de temporala skillnader som kunnat konstateras mot öringen från 1960-talet är av samma storleksordning som skillnaderna mellan nutida öringar från olika delar av ån. Information saknas också om var i ån som individerna i det äldre provet hade vuxit upp.

Genetisk ursprungsanalys av sammanlagt nio fettfeneklippta öringar från 2013 visade att dessa hade blandat ursprung. Tre av individerna härstammade med hög sannolikhet från den odlade stam (med ursprung från Åvaån) som sätts ut i Stockholmsområdet, och ytterligare två av fiskarna knöts med något lägre säkerhet till samma stam. Två individer var högst sannolikt från Mörrumsån. En fettfeneklippt öring var möjlig Dalälvsöring, men kunde nästan lika sannolikt komma från Mörrumsån eller Åvaån. Den sista individen passade inte med någon av de genetiskt kända stammar som ingick i denna analys, och kom härstammade sannolikt från någon av de övriga fettfeneklippta havsöringsstammar som används vid utsättning i Östersjöområdet. Fortsatt insamling och analys av odlad öring fångad i Emån behövs för att kunna dra några säkrare slutsatser om var denna fisk har sitt ursprung.

Bakgrund

Den havsvandrande öringen (*Salmo trutta*) i Emån anses vara av riksintresse för naturvården och sportfisket, och tillhör en av de mest storvuxna öringstammarna i världen (Svärdson 1967). Under 2003 infördes krav på att all odlad lax och havsöring som sätts ut i Sverige måste vara fettfeneklippt för att kunna skiljas från vildfödd fisk. Även i andra länder kring Östersjön sätts det sedan flera år ut fettfeneklippt lax och öring (ICES 2013). Under våren 2008 ökade andelen odlad (fettfeneklippt) öring fångad vid sportfiske i Emån, och sedan dess har i genomsnitt 3% av de inrapporterade öringfångsterna saknat fettfena (årsvariation: 2,5 - 3,5%). Samtidigt tyder mycket på att all fettfeneklippt öring som fångas inte noteras eller inrapporteras, vilket innebär att den faktiska andelen förmodligen är högre (uppskattningsvis närmare 10%; Kent Håkansson, Ems Herrgård, pers. komm.). Ingen odlad öring har satts ut i åns nedre delar sedan 1990 och all fettfeneklippt havsöring som påträffats i Emån härstammar därför med säkerhet från utsättningar i andra områden. Merparten av den odlade öringen har fångats under vårfiske, och de flesta av dessa fiskar uppvisar tecken på att ha deltagit vid lek föregående höst; endast en mindre andel av de fettfeneklippta öringarna (ca 10%) som fångats under våren har bedömts vara nystigen fisk (s.k. "blänkare").

Öringens naturliga beteende är att i hög grad återvända till sitt födelseområde för lek. Detta s.k. "homing-beteende" är en huvudanledning till de genetiska skillnader som kan observeras mellan lokala öringstammar från olika vattendrag runt Östersjön och i andra områden (t.ex.

Laikre *m.fl.* 1999). En ökad andel främmande öring av odlat ursprung är problematisk då omfattande felvandring kan resultera i ökad risk för smittspridning, ökad konkurrens och genetisk påverkan via hybridisering (inkorsning). Det sistnämnda kan riskera att ge minskad naturlig produktion i populationen genom att hybridavkomman inte är genetiskt anpassad till de lokala miljöförhållandena och därför uppvisar lägre överlevnad under livscykeln – en effekt som kan förstärkas när den felvandrade föräldrafisken har odlingsbakgrund (t.ex. McGinnity *m.fl.* 2003; Rogell *m.fl.* 2012).

I denna rapport presenteras resultat från en genetisk undersökning som genomförts vid Sötvattenslaboratoriet, Drottningholm (SLU-Aqua) för att belysa följande huvudfrågor:

- 1) Vad har havsöringen i Emån för genetisk sammansättning idag, och hur är beståndet besläktat med andra öringpopulationer?
- 2) Finns genetiska skillnader mellan öring från uppväxtområden i olika delar av Emån (som i olika grad kan nås av återvandrande havsöring)?
- 3) I vilken omfattning kan genetiska förändringar i Emåns havsöringbestånd beläggas genom jämförelser med DNA från öring fångad i ån under 1960-talet (arkiverade fjäll vid Sötvattenslaboratoriet)?
- 4) Varifrån härstammar ett mindre antal fettfeneklippta öringar som fångats och provtagits i Emån under 2013?

Material och metoder

Det nutida materialet bestod av DNA extraherat via fenprov från 103 öringungar (stirr) fångade vid elfiske i Emån under juni och september 2013 (tabell 1, figur 1). Ungarnas ålder (0+ eller 1+) och årsklasstillhörighet (2012 eller 2013) bestämdes med hjälp av uppgifter om fiskens kroppslängd samt kompletterande information från Svenskt ElfiskeRegiSter (SERS; Degerman *m.fl.* 2010). I studien ingick också fenprov från nio stycken vuxna fettfeneklippta öringar fångade 2013 vid sportfiske i Emån (tabell 4). För en historisk genetisk jämförelse med öring från Emån under 1960-talet analyserades DNA från arkiverade fjällprov av 43 vildfödda öringsmolt samt tre större individer (fångade i ån och individmärkta 1961-1965; Svärdson 1967).

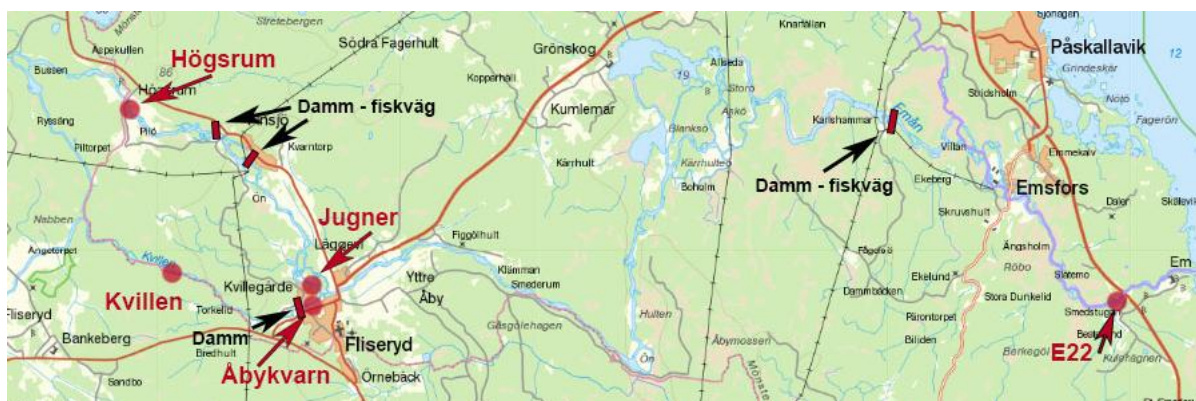
Genetisk variation studerades med hjälp av tio högvariabla genetiska markörer (s.k. mikrosatelliter). För detaljer om de aktuella markörerna och de laborativa metoder som använts hänvisas till Dannewitz *m.fl.* (2004). Utöver ovanstående material insamlade från

Emån har även genetiska data för andra populationer som ingått i tidigare studier av öring vid Sötvattenslaboratoriet använts för vissa analyser.

Tabell 1. Antal DNA-analyserade öringstirr (elfiske 2013) per lokal och årsklass. Lokalernas position framgår av figur 1. Kolumnen "Område" anger lokaler som slagits samman inför statistisk analys (se texten).

Område	Lokalnamn	Ålder 1+ (årsklass 2012)	Ålder 0+ (årsklass 2013)	Totalt
Nedre	E22	1	47	48
Mellan	Jugner	5	12	17
-"	Åby kvarn	6	8	14
Övre	Högsrum	3	2	5
-"	Kvillen	3	16	19
Totalt		18	85	103

De statistiska metoder och program som använts för att analysera och utvärdera data är i korthet följande: skattningar av genetisk variation samt F -statistik (Weir & Cockerham 1984) har beräknats med hjälp av FSTAT (Goudet 1995). Samma program har även använts för att testa för avvikelser från Hardy-Weinberg-proportioner. Programmet GENETIX (Belkhir *m.fl.* 2001) har använts för att beräkna parvisa skattningar av genetiska avstånd enligt Nei (1978). Likheter och skillnader mellan stickprov har även illustrerats grafiskt med hjälp av ett s.k. neighbor-joining dendrogram (PHYLIP, Felsenstein 2004) baserat på parvisa genetiska avstånd (Cavalli-Sforza & Edwards 1967). För genetisk ursprungsbestämning användes ONCOR (Kalinowski *m.fl.* 2007) i kombination med GENECLASS 2.0 (Piry *m.fl.* 2004).



Figur 1. Emåns nedre del med sex elfiskade lokaler (röda punkter) där öringstirr provtagits för genetisk analys. Samtliga lokaler är sannolikt möjliga att nå för uppvandrande lekfisk, om än i varierande omfattning (se texten).

Resultat och diskussion

Genetisk struktur inom Emån

Eftersom antalet individer var lågt i de flesta elfiskelokaler indelades det nutida materialet i tre grupper inför de statistiska analyserna - "Nedre", "Mellan" och "Övre" - där hänsyn togs vid indelningen till antalet vandringshinder som måste passeras och lokalernas inbördes avstånd (tabell 1, figur 1). I samtliga stickprov utom "Nedre" observerades något fler heterozygoter än förväntat enligt Hardy-Weinbergs lag sett över samtliga 10 markörer, men ingen av dessa genomsnittliga avvikelser var statistiskt signifikant (tabell 2). Bland den elfiskade öringen från 2013 var mängden genetisk variation högst nära mynningen för att därefter bli lägre ju längre uppströms fisken insamlats (tabell 2). Öringen från 1960-talet uppvisade en hög genetisk variationsgrad, t.o.m. aningen högre än i det totala materialet från 2013. Då uppgift saknas om var i ån denna fisk från 60-talet (mestadels smolt) vuxit upp, är det dock svårt att avgöra i vilken grad mängden genetisk variation eventuellt har förändrats under de ca 50 år som passerat mellan provtagningstillfällena.

Tabell 2. Genetisk variation hos öring från Emån (genomsnitt över tio mikrosatelliter): n=antal fiskar; H_E : förväntad heterozygositet; AR: allelic richness baserat på $n=24$; F_{IS} : procentuell avvikelse från Hardy-Weinberg-proportioner ($F_{IS}<0$ indikerar heterozygotöverskott, $F_{IS}>0$ heterozygotunderskott; ingen av de genomsnittliga skattningarna avviker signifikant från $F_{IS}=0$).

Stickprov	n	H_E	AR	F_{IS}
<i>1960-talet (smolt + 3 större)</i>				
Totalt	46	0,68	6,5	-0,04
<i>2013 (elfiskad stirr)</i>				
Nedre	48	0,67	6,0	0,00
Mellan	31	0,64	5,7	-0,05
Övre	24	0,61	5,4	-0,05
Totalt	103	0,66	6,2	-0,01

Resultat av parvisa genetiska jämförelser av historiska och nutida prover av öring från Emån ges i tabell 3. Statistiskt säkra allelfrekvensskillnader kunde beläggas mellan samtliga prov av nutida öring från olika delar av ån, även om den genetiska skillnaden var mycket liten mellan de båda övre områdena (Mellan och Övre). Det historiska provet från 1960-talet skiljde sig signifikant från samtliga tre nutida stickprov, men med en tydlig tendens att vara mest likt den öring som under 2013 samlades in nära åns mynning (elfiskelokalen E22, här benämnd "Nedre").

Den gradvis lägre variationsgraden ju högre upp i ån proverna samlats in, tillsammans med de allelfrekvensskillnader som kan iakttas mellan nutida öringar insamlade från olika uppväxtområden indikerar förekomst av en lokal genetisk populationsstruktur. Eftersom de jämförda materialen är av begränsad storlek, och de flesta individer hör till samma årsklass, rekommenderas dock upprepad provtagning och analys för att med hjälp av ett större material i högre grad än hittills kunna ta hänsyn till "störande faktorer" som i regel föreligger i form av årsklasskillnader och familjeeffekter (Palm *m.fl.* 2003). Innan en sådan utökad analys är det alltför tidigt att säkert kunna slå fast att det finns en genetisk "inomå-struktur", även om mycket tyder på att så kan vara fallet.

Oavsett dessa återstående statistiska osäkerheter kan förekomst av havsöring som vandrar olika långt upp i ån för att nå sitt lokala uppväxtområde kombinerat med olika andelar av strömstationär fisk förklara genetiska skillnader mellan öringar från olika delar av Emån. Idag finns ett antal vandringshinder som den havsvandrande fisken måste passera (Figur 1). Vid det nedersta kraftverket (Karlshammar), ca 8 km från mynningen, finns en äldre kammartrappa med tveksam funktion som är flödesberoende. Enligt vattendom ska en ny fiskväg byggas på platsen med krav på fingaller och sluss för utvandring (Anders Eklöv, pers. komm). Längre uppströms i ån vid Åbykvarn (ca 25 km från mynningen) finns en äldre damm med dåligt fungerande fiskväg. Hittills har ingen lax fångats uppströms Åbykvarn i den s.k. Kvillen (Figur 1) vilket kan indikera att även havsöringen har svårt att nå denna del av ån och att fisken i denna del av ån är huvudsakligen strömstationär (Anders Eklöv, pers. komm). I Emåns andra gren vid Finsjö (ca 30 km från mynningen) finns dock två dammar med fiskvägar (s.k. omlöp) där uppströmsvandrande laxfisk har visat sig kunna komma förbi i hög grad (Calles & Greenberg 2009).

Tabell 3. Parvisa jämförelser av allelfrekvenser (tio mikrosatelliter) mellan stickprov av öring från Emån (60-talet, tre områden 2013) samt Mörrumsån och Åvaån (stammar med odlad fisk från vilka fenklippta individer identifierats, se texten). Ovan diagonalen ges parvisa skattningar av F_{ST} (Weir & Cockerham 1984) medan värdena under diagonalen utgör genetiska avstånd beräknade enligt Nei (1978). Samtliga jämförelser är statistiskt signifikanta (med permutationstest) även efter Bonferroni-korrektion för multipla jämförelser, förutom de två fetstilade värdena (understrukna värdet var inte signifikant innan korrektion).

	Emån 60-tal	Emån Nedre	Emån Mellan	Emån Övre	Mörrumsån	Åvaån
Emån 60-tal		0,015	0,028	0,034	0,011	0,052
Emån Nedre (2013)	0,032		0,029	0,031	0,009	0,041
Emån Mellan (2013)	0,056	0,058		0,006	0,024	0,048
Emån Övre (2013)	0,063	0,057	0,009		0,023	0,057
Mörrumsån	0,024	0,018	0,047	0,041		0,034
Åvaån	0,129	0,096	0,106	0,119	0,082	

Temporal genetisk variation

Av jämförelserna i tabell 3 framgår att det finns genetiska skillnader mellan de analyserade öringarna från Emån under 1960-talet och de från dagens bestånd. Samtidigt varierar storleken av dessa skillnader beroende på var i ån den nutida öringen insamlats. Av samma tabell framgår även att samtliga öringar från Emån är påfallande genetiskt lika de från Mörrumsån medan de är mer olika de från Åvaån, vilket även framgår av ett släktskapsträd över vilda och odlade havsöringstammar (samt odlad Gullspångsöring) från olika delar av Sverige (figur 2). Den genetiska skillnaden gentemot Mörrumsåns öring är minst för det nutida provet från nedersta delen av Emån samt för det äldre provet från 60-talet (tabell 3, figur 2).

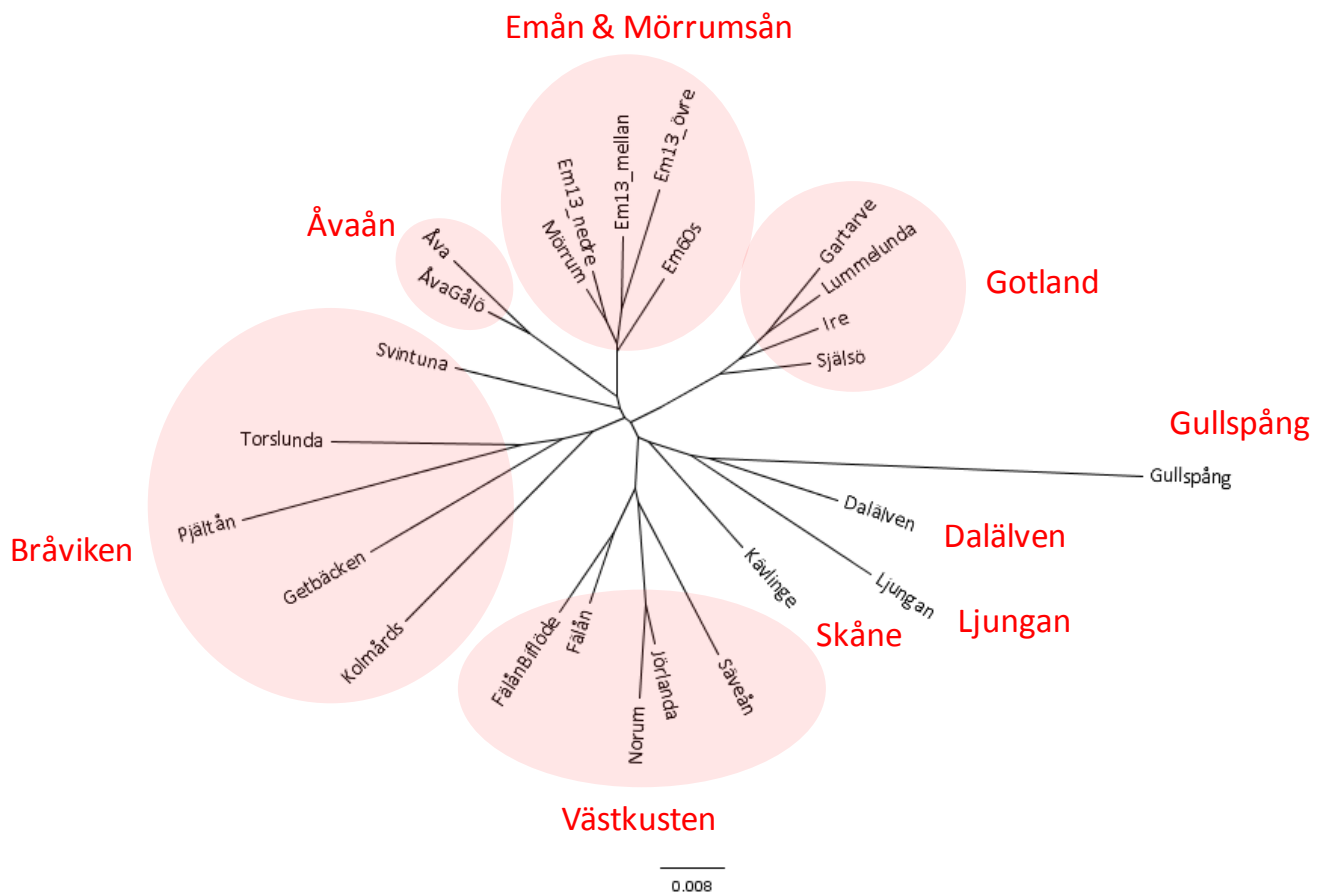
Att öringen i nedersta delen av Emån, nära mynningen, är mer lik öringen från Mörrumsån än den högre upp i vattendraget, kan återspegla att de flesta felvandrarar (oavsett om dessa är odlade eller vildfödda) mestadels leker på områden nära havet och sällan tar sig längre sträckor upp i ån förbi de olika vandringshindren. Det kan noteras att en motsvarande genetisk påfallande likhet även finns mellan lax från Emån samt nutida och äldre prov av samma art från Mörrumsån (Palm *m.fl.* 2013).

I de flesta fall tenderar de genetiska stamskillnaderna över ett givet geografiskt avstånd att vara tydligare hos lax, vilket indikerar att denna art felvandrar mindre ofta än havsöring. En möjlig förklaring kan dock i detta fall vara att man i Emån under 1950- och 60-talen satte ut en hel del odlad laxyngel från Mörrumsån (och andra laxvattendrag). Som nämnts ovan har det tidigare även satts ut odlad öring i Emån. Denna öring har dock med något undantag varit av lokalt ursprung (med reservation för att uppgift om ursprung saknas för en del år) och vi känner inte till någon uppgift om att öring härstammande från Mörrumsån skulle ha satts ut.

Medan det ännu är oklart i vilken omfattning tidigare utsättningar kan ha medverkat till en ökad grad av genetisk likhet mellan lax från Emån och Mörrumsån, verkar det därför sannolikt att det hos öringen kan äga rum ett relativt stort naturligt genetiskt utbyte (genflöde) mellan de båda vattendragen, trots att det inbördes geografiska avståndet inte är försumbart (ca 190 km längs kusten).

Felvandrad odlad öring

För att utreda det mest sannolika ursprunget hos de totalt nio fettfeneklippta öringar som provtagits i Emån i samband med sportfiske under 2013 gjordes två kompletterande statistiska analyser. I ett första steg användes programmet ONCOR för att uppskatta det mest sannolika ursprunget för respektive fisk bland sammanlagt fem odlade svenska havsöringstammar som regelbundet används för utsättning i Östersjön, och där tidigare insamlade genetiska data fanns att tillgå (Mörrumsån, Åvaån/Gålö, Dalälven, Ljungan och Gullspångsälven).



Figur 2. Genetiskt "släkträd" för bestånd av vild och odlad havsöring från Östersjön och svenska västkusten (orotat s.k. neighbor-joining dendrogram baserat på 10 mikrosatelliter och parvisa chord-distanser). Även odlad Gullspångsöring (Vänern) är medtagen, då denna stam används för utsättning i Motala ström vid Norrköping/Bråviken. Materialet från Emån är uppdelat på fisk från 1960-talet (Em_60s) samt nutida elfiskad stirr (2013) från tre områden på olika avstånd från havet (Em13_nedre, Em13_mellan, Em13_övre).

Ett problem med den metod som används av ONCOR är att om några av individerna med okänt ursprung härstammar från någon annan stam än de som ingår bland de kända referenserna, kommer dessa fiskar ändå att "klassas" till någon av de kända referenspopulationerna (den där de är mest sannolika). Eftersom genetiska data inte fanns att tillgå från samtliga odlade öringstammar som kan utgöra ursprung genomfördes en kompletterande analys med programmet GENECLASS. Med en simuleringsbaserad metod undersöktes med vilken sannolikhet respektive fenklippt individs genuppsättning kan ha sitt ursprung i ("passar") de olika referenspopulationerna. Om dessa sannolikheter genomgående visar sig vara låga (t.ex. <0.01) är det mest troliga alternativet att individen i fråga kommer från någon annan population än de som ingår i den genetiska referensdatabasen.

Resultat från genetiska ursprungsanalyser för de fenklippta öringarna presenteras i tabell 4. Tre av de nio fiskarna härstammade enligt ONCOR med hög sannolikhet från Åvaån/Gålö (E2, E5, E9), den stam som sedan mitten av 1990-talet används för omfattande utsättningar i Stockholmsområdet - till största delen genom s.k. fördröjd utsättning direkt i havet. Ytterligare två av fiskarna identifierades till samma stam (E8, E3) men med lägre grad av säkerhet. Två av fiskarna härstammade högst sannolikt från Mörrumsån (E4, E7). En av de två kvarvarande fiskarna kom mest sannolikt från Dalälven (E1), men denna klassning var osäker och individen kan nästan lika sannolikt komma från Mörrumsån eller (något mindre troligt) Åvaån/Gålö. Den sista fisken (E6) härstammade enligt ONCOR mest sannolikt från Åvaån/Gålö, men enligt simuleringsanalysen med GENECLASS var denna fisk inte sannolik i någon av de totalt fem odlade/fettfeneklipppta stammar av öring som ingick som referensmaterial (se "Sannolikhet 2"; tabell 4). Denna individ härstammar därför antagligen från någon annan av de odlade och fettfeneklipppta öringstammar som sätts ut runt Östersjön.

Tabell 4. Resultat efter genetisk ursprungsanalys av nio odlade (fettfeneklipppta) öringar fångade i Emån. "Sannolikhet 1" anger Bayesiska konditionella sannolikheter (programmet ONCOR) att härstamma från någon av de fem odlade stammarna med genetiska referensdata (MÖ=Mörrumsån, ÅV=Åvaån/Gålö, DA=Dalälven, LJ=Ljungan, GU=Gullspångsälven; mest sannolika alternativ i grått). "Sannolikhet 2" utgör sannolikheten att påträffa den aktuella öringens genotyp i respektive stam (simulering med programmet GENECLASS; värden mindre än 0,05 i fetstil). i.u. = ingen uppgift.

Ind.	Datum	Längd (cm)	Vikt (kg)	Kön	Sannolikhet 1					Sannolikhet 2				
					MÖ	ÅV	DA	LJ	GU	MÖ	ÅV	DA	LJ	GU
E1	130829	76	4.8	hane	0,37	0,17	0,46	0,00	0,00	0,39	0,27	0,63	0,00	0,00
E2	130319	76	3.9	hona	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,85	0,12	0,01	0,00
E3	130327	45	i.u.	hona	0,30	0,64	0,07	0,00	0,00	0,45	0,47	0,47	0,03	0,00
E4	130406	i.u.	i.u.	hona	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,13	0,00	0,00	0,00	0,00
E5	130406	56	i.u.	hane	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,03	0,65	0,06	0,00	0,00
E6	130422	53	1.3	hona	0,32	0,67	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
E7	130329	i.u.	2.6	hane	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,25	0,00	0,00	0,01	0,00
E8	130428	62	2.4	hona	0,12	0,88	0,00	0,00	0,00	0,06	0,11	0,00	0,00	0,00
E9	130429	63	2.5	hona	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,53	0,01	0,00	0,00

Att odlad havsöring (och även lax) vandrar upp i "fel" vattendrag är väl känt tack vare märkningsstudier. Vid en utvärdering av Carlin-märkningar med odlad öring utsatt i nio norrländska älvar 1998-2007 gjordes exempelvis inte mindre än 16% av återfynden i ett annat vattendrag än där fisken hade släppts ut (Degerman *m.fl.* 2012). Tilläggas ska dock att havsöringen under senvintern och våren ofta vandrar upp i något rinnande vatten för att äta för att senare återvänta ut till havet. Denna form av felvandring utanför lektid utgör knappast ett direkt genetisk problem. Den felvandring som sker senare under säsongen (närmare lektid) behöver heller inte alltid innebära att fisken verkligen reproducerar sig. Risken för att så sker måste dock ändå betecknas som avsevärd, vilket bland annat illustreras av den höga andelen fettfeneklippt öring i Emån som visar tecken på att vara utlekt (se ovan).

Regeln om obligatorisk fettfeneklippning har inneburit att det på ett helt annat sätt än tidigare går att känna igen och studera felvandring av odlad laxfisk till vattendrag där inga utsättningar sker. En direkt följd av denna nya regel var t.ex. att man på Gotland bara några år efter att den införts noterade att en betydande andel av den öring som fångades kring ön var odlad, då inga utsättningar skedde lokalt. I flera fall påträffades också fettfeneklippt fisk på lekrområden uppe i öns små öringförande vattendrag. Vid en tidigare genetisk analys vid Sötvattenslaboratoriet av 16 fenklippta öringar från Gotland befanns en majoritet (ca 80%) av dessa fiskar mest sannolikt härstamma från Åvaån (Palm *m.fl.* 2008).

Även i denna studie visade sig en majoritet av de fenklippta fiskarna härstamma från Åvaån vilket förstärker bilden av att den öring som sätts ut i Stockholmsområdet kan sprida sig över långa avstånd. Dock ska tilläggas att alla jämförelser av andelen individer med olika ursprung (i båda dessa studier) bör tolkas försiktigt – dels därför att antalet felvandrade individer som hittills analyserats är lågt, men också därför att utsättningsmängderna ofta skiljer sig åt mellan år och olika stammar. Fortsatt insamling av vävnadsprov från felvandrad odlad öring i Emån rekommenderas för att erhålla bättre kunskapsunderlag om varifrån denna fisk härstammar. Om en hög andel av fisken inte tycks komma från någon hittills genetiskt kartlagt stam kan även ett utökat referensmaterial behövas.

Avslutande kommentar

Även om denna studie visat att dagens öring i Emån i hög grad genetiskt sett liknar det bestånd som fanns i ån under 60-talet, utesluter detta inte en pågående genetisk påverkan av felvandrad odlad öring. Utan kunskap om hur öringen i Åvaån och Mörrumsån (samt ev. andra odlade stammar) förändrats genetiskt över samma tidsrymd som här studerats är det dock svårt att kvantifiera i vilken grad de förändringar som skett i Emån beror på naturliga orsaker respektive på ökat genflöde från felvandrad odlad fisk.

De tecken som finns på en genetisk struktur inom Emån komplicerar dessutom frågan, eftersom graden av genetisk påverkan och naturliga förändringar mycket väl kan ha varit olika stora i åns skilda delbestånd (i den mån sådana finns/funnits). Slutligen ska nämnas att de genetiska skillnader som kan ses med mikrosatelliter mellan havsöringar från Emån,

Mörrumsån och Åvaån är jämförelsevis små (figur 2). Detta innebär att även ett ganska omfattande genflöde mellan dessa stammar kan vara svårt att belägga, särskilt om det endast pågått under kortare tid (få generationer).

Erkännanden

Denna studie har genomförts på uppdrag med finansiering från Länsstyrelsen i Kalmar län, Sportfiskarnas Fiskevårdsfond, Göte Borgströms stiftelse och Gustaf Ulfsparrés stiftelse. Elfiske samt genetisk provtagning har utförts av Eklövs Fiske & Fiskevård. Anders Eklöv och Kent Håkansson har bidragit med karta samt annan värdefull bakgrundsinformation. Berit Sers (Sötvattenslaboratoriet) har assisterat med åldersbedömning utifrån längddata.

Referenser

- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2001) Genetix 4.02, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Calles O, Greenberg L (2009) Connectivity is a two-way street – the need for a holistic approach to fish passage problems in regulated rivers. *River Research and Applications* 25:1268-1286.
- Cavalli-Sforza LL, Edwards AWF (1967) Phylogenetic analysis models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics* 19:233-257.
- Degerman E, Sers B, Magnusson K (2010) Hur stora är årsungar och fjolårsungar av öring vid elfiske? Information från Svenskt ElfiskeRegiSter Nr 1. Fiskeriverkets Sötvattenslaboratorium, Dnr 22-2010, 9 sid.
- Degerman E, Leonardsson K, Lundqvist H (2012) Coastal migrations, temporary use of neighbouring rivers, and growth of sea trout (*Salmo trutta*) from nine northern Baltic Sea rivers. *ICES Journal of Marine Science* 69:971-980.
- 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.
- Felsenstein J (2004) PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Fiskeriverket (2009) Fettfeneklippt laxfisk i Emån. Skrivelse till Ems herrgård (2009-01-14), 3 sid.

- Goudet J (1995) FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86:485-486.
- ICES (2013) Report of the Baltic Salmon and Trout Assessment Working Group (WGBAST), 3–12 April 2013, Tallinn, Estonia. ICES CM 2013/ACOM:08. 336 sid.
- Laikre L. ed. (1999) Conservation genetic management of brown trout (*Salmo trutta*) in Europe. EU FAIR project CT97 3882.
- McGinnity P, Prodöhl P, *m.fl.* (2003) Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon *Salmo salar* as a result of interactions with escaped farm salmon. *Proceedings of the Royal Society of London B* 270:2443–2450.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583-590.
- Palm S, Laikre L, Jorde PE, Ryman N (2003) Effective population size and temporal genetic change in stream resident brown trout (*Salmo trutta*, L.). *Conservation Genetics* 4:249-264.
- Palm S, Dannewitz J, Prestegaard T, Petersson E & Järvi T (2008) Genetisk analys av fenklippt havsöring fångad vid Gotland. PM 2008-05-13, Fiskeriverkets Sötvattenslaboratorium, 9 sid .
- Palm S, Dannewitz J, Johansson D, Laursen F, Norrgård J, Prestegaard T, Sandström A (2012) Populationsgenetisk kartläggning av Vänerlax. *Aqua reports* 2012:4. Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm. 64 sid.
- Palm S, Dannewitz J, Prestegaard T, Östergren J (2013) Laxing och felvandrad lax i Mörrumsån. En genetisk analys. *Aqua reports* 2013:20. Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm. 44 sid.
- Rogell B, Dannewitz J, Palm S, Petersson E, Dahl J, Prestegaard T, Järvi T, Laurila A (2012) Strong divergence in trait means but not in plasticity across hatchery and wild populations of sea-run brown trout *Salmo trutta*. *Molecular Ecology* 21:2963–2976.
- Svärdson G (1967) Lax och öring i Em. *Information från Sötvattenslaboratoriet, Drottningholm*, Nr 7 1967, 47 sid.
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38:1358-1370.