



Aqua reports 2014:9

Återetablering av vandrande storöring i övre Österdalälven

En genetisk utvärdering av utsättningar
av Siljansöring i biflödet Fjätälven

Johan Dannewitz, Stefan Palm, Tore Prestegaard,
Evert Spånberg och Johan Östergren



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser

Återetablering av vandrande storöring i övre Österdalälven En genetisk utvärdering av utsättningar av Siljansöring i biflödet Fjätälven

Johan Dannewitz¹, Stefan Palm¹, Tore Prestegaard¹,
Evert Spånberg² och Johan Östergren¹

¹ Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser,
Sötvattenslaboratoriet, Stångholmsvägen 2, 178 93 Drottningholm

² Särna-Idre Fiskevårdsområdesförening, Box 26, 790 90 Särna

Oktober 2014

SLU, Institutionen för akvatiska resurser

Aqua reports 2014:9

ISBN: 978-91-576-9240-5 (elektronisk version)

ISBN: 978-91-576-9245-0 (tryckt version)

Vid citering uppge:

Dannewitz, J., Palm, S., Prestegaard, T., Spånberg, E. och Östergren, J. (2014).

Återetablering av vandrande storöring i övre Österdalälven. En genetisk utvärdering
av utsättningar av Siljansöring i biflödet Fjätälven. Aqua reports 2014:9.

Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm. 33 s.

Nyckelord

öring, genetik, bestånd, population, bevarande, utsättning, uppföljning

Rapporten kan laddas ned från

<http://epsilon.slu.se/>

E-post

Johan.Dannewitz@slu.se

Rapportens innehåll har granskats av:

Erik Degerman, Institutionen för akvatiska resurser, SLU

Carl-Gustaf Thulin, Centrum för vilt- och fiskforskning (CFW), SLU

Finansiärer

Länsstyrelsen Dalarnas län

Särna-Idre Fiskevårdsområdesförening

Framsida: Flugfiske i Storån nedströms Hällsjön. Foto: Evert Spånberg.

Baksida: Lekområden för öring i Fjätälven. Foto: Evert Spånberg.

Sammanfattning

Syftet med denna studie var att göra en genetisk kartläggning av öringen i Österdalälven, samt att utvärdera ett projekt med målsättningen att återintroducera Siljansöring i de övre delarna av Österdalälven genom utsättningar av främst befruktad rom i biflödet Fjätälven. Resultaten är baserade på DNA-analyser av s.k. mikrosatellitmarkörer och visar på en påtaglig populationsstruktur i området. Mer eller mindre tydliga genetiska skillnader observerades mellan i princip samtliga analyserade stickprov av naturligt förekommande öring från området. Sammanfattningsvis bildar öringen i Storån (en av Österdalälvens huvudsakliga tillflöden) en genetiskt distinkt grupp, likaså den i biflödet Grövlan, medan öringen i biflöden längre nedströms i Österdalälven, som Sörälven, Fjätälven och Krypån, bildar en tredje grupp med mindre tydliga genetiska skillnader sinsemellan.

Den storvuxna, vandrande öring som hålls på odlingen i Särna och som benämns Siljansöring avvek genetiskt från samtliga stickprov av naturligt förekommande öring i övre Österdalälven med biflöden. Detta gjorde det möjligt att utvärdera utsättningarna i biflödet Fjätälven med hjälp av genetiska analyser. Förekomst av återvändande vuxna individer med genuppsättningar typiska för Siljansöring visar att den utsatta fisken överlevt i området och att andelen storvuxen, vandrande öring successivt har ökat i Fjätälven sedan utsättningarna påbörjades. Den utsatta öringen nyttjar sannolikt Trängslets regleringsmagasin som uppväxtområde. Analyser av datorsimulerade individer av olika ursprung visar vidare att det i framtiden finns möjlighet att studera den utsatta Siljanöringens reproduktiva framgång i Fjätälven, samt utreda i vilken grad stammarna hybridiserar.

Analys av storvuxna öringar från andra delar av Österdalälven visar att det även finns en annan storvuxen, vandrande öring naturligt i området, som sannolikt nyttjar främst biflödena Sörälven och Krypån som lekområden. Denna öring påminner genetiskt om den odlade Siljansöring som satts ut i Fjätälven, även om vissa skillnader finns. Det är osäkert om denna stam är att betrakta som en rest av den öring i Österdalälven som innan vattenkraftsutbyggnaden nyttjade Siljan som uppväxtområde, eller om den utgör en storvuxen öringstam som hela tiden nyttjat andra områden längre uppströms under uppväxtfasen (som t.ex. Idresjön och Särnasjön).

Resultaten pekar på en påtaglig populationsstruktur i övre Österdalälven, och det kan inte uteslutas att öring från olika populationer anpassats genetiskt till lokala miljöbetingelser. Öringen i området bör därför förvaltas lokalt, vilket bl.a. innebär att utsättningar av främmande öringstammar inte bör ske, och eventuella förflyttningar av öring inom området bör genomföras med hänsyn till den populationsgenetiska struktur som föreligger.

Abstract

The aim of this genetic study was to identify genetic variation within and between trout populations in the river Österdalälven. Another aim was to evaluate a restoration project with the goal of reintroducing a large, migratory trout from Siljan in the upper reaches of Österdalälven by releases of fertilized eggs in the tributary Fjätälven. This migratory strain has historically utilized the upper parts of Österdalälven for reproduction but disappeared from the area when the river was exploited with hydropower stations and dams in the 1960's. The strain has since then been kept as a hatchery strain and managed through lake-ranching in lake Siljan.

Results are based on analysis of microsatellite genetic markers and show a substantial population structure in the area. More or less clear genetic differences were observed between virtually all analyzed samples of naturally occurring trout. In summary, the trout in Storån (one of the main tributaries situated far upstream in Österdalälven) form a genetically distinct group, as well as trout from the closely situated tributary Grövlan, while the trout in tributaries further downstream in Österdalälven, including the rivers Sörälven, Fjätälven and Krypån, form a third group.

The migratory Siljan trout of hatchery origin diverged genetically from all samples of naturally occurring trout in the upper parts of Österdalälven. This made it possible to evaluate the success of the reintroduction program in Fjätälven by means of genetic analysis. Presence of returning adult individuals with genetic characteristics typical for the Siljan strain indicates that the stocked fish have the ability to survive in the area, and the results show that the proportion of large, migratory adults has increased gradually in Fjätälven since the stocking program was initiated. Analyses of computer simulated individuals of different origins show that it is possible to study reproductive success of the released Siljan trout in the future, and to investigate the extent of hybridization between introduced and naturally occurring trout.

Analysis of large adult trout from other parts of Österdalälven indicates that there is also a native, large migratory trout strain present in the area, which probably uses mainly the tributaries Sörälven and Krypån for reproduction. This trout shows genetic similarities with the Siljan strain stocked in Fjätälven, although some differences exist. It is uncertain whether this native strain is a remnant of the trout in Österdalälven that utilized Siljan for feeding migrations before the river was exploited by hydropower, or if it represents a separate strain that used other areas further upstream in the system during the migratory growth phase (e.g. Idresjön and/or Särnasjön).

The results revealed a clear population genetic structure in the upper parts of Österdalälven, and it cannot be excluded that trout from different areas/populations have become genetically adapted to local environmental conditions. Trout in the

area should therefore be managed locally, and it is recommended that releases of foreign trout strains should not occur, and any movements of trout within the area should be carried out taking into account the population genetic structure that exists.

Innehållsförteckning

1	Inledning	1
2	Material och metoder	5
2.1	Öringutsättningar i Fjätälven och andra vattendrag	5
2.2	Genetisk analys	7
3	Resultat och diskussion	11
3.1	Genetisk variation	11
3.2	Populationsstruktur i övre Österdalälven och Storån med biflöden	11
3.3	Utvärdering av romutsättningarna i Fjätälven	16
3.4	Siljansöringens reproduktiva framgång i Fjätälven	20
4	Slutsatser	23
5	Erkännanden	26
	Referenslista	27
	Bilaga 1	29
	Bilaga 2	30

1 Inledning

Svenska bestånd av sjövandrande öring har på många ställen uppvisat en negativ utvecklingstrend under de senaste decennierna (Degerman m.fl. 2006, Dellefors & Dannewitz 2007, Dannewitz m.fl. 2012). Anläggande av kraftverksdammar, andra typer av vattenregleringar samt försurningseffekter antas vara viktiga orsaker, men även mer storskaliga förändringar i klimatet har sannolikt påverkat öringbeståndens utveckling negativt. Analyser baserade på elfiskedata visar t.ex. att tätheter av öringungar i både strömlevande och insjövandrande bestånd i södra Sverige har minskat över tid, och att denna minskning sammanfaller med ökande temperaturer i vattendragen (Degerman m.fl. 2006).

Den vandrande öring som fortplantar sig i Österdalälven och nyttjar Siljan som uppväxtområde har historiskt vandrat långt upp i övre Österdalälven för att fortplanta sig. Det finns uppgifter om att storvuxen öring vandrade så långt som 170 km upp i systemet (Bjernulf 1989). När Österdalälven exploaterades genom att Trängseldammen togs i drift 1961, blockerades emellertid öringens vandringsvägar. Senare tillkom fler kraftverk och Siljansöringen kan idag inte vandra längre än till Spjutmo kraftverk knappt 20 km från mynningen. Den successiva minskningen av tillgängliga lek- och uppväxtområden i Österdalälven resulterade i att älvens produktion av vandrande öring minskade radikalt (Bjernulf 1989).

Som kompensation för bortfallet av naturlig öringproduktion blev kraftbolagen skyldiga att sätta ut odlad öring. En odlad öringstam ("Siljansöring") skapades 1969 baserad på avelsfisk fångad vid centralfisket i Säs, beläget omkring 15 km från Österdalälvens mynning i Siljan. Denna Siljansöring betraktades som relativt långsamväxande, både i naturen och i fiskodling, men stora individer på 7,6–8,2 kg har fångats i centralfisket (Bergman m.fl. 1989). För produktion av sättfisk har avelsfisk fångats årligen när den återvänder till Säs från vandringen i Siljan. Antalet fångade öringar i Säs har varierat mellan 59 och 355 individer per år, där andelen honor varit omkring 60–70 %. Efter att fällan i Säs blev permanent i början av 1970-talet sker den årliga fångsten av avelsfisk under hela uppvandningsperioden. En del öring har släppts förbi fällan för lek närmast uppströms och

1973 transporterades ett par hundra fiskar längre upp i älven, förbi kraftverken. Annars har merparten av den fångade öringen från Säsfallan använts i aveln (Bruks m.fl. 2000). Den odlade avkomman sätts sedan ut på smoltstadiet i en experiment- och tillvänjningsanläggning i anslutning till centralfisket. Utsättningsmängderna har varierat över tid och ökat från ca 25 000 smolt under 1980-talet till som mest drygt 45 000 smolt år 2006. Smolten fettfeneklipps numera, och studier visar att återvandringen av odlad öring minskat sedan början av 2000-talet. Sedan 2007 pågår även utsättningar av yngel av Siljansöring i Österdalälvens vattensystem. Omfattningen på dessa utsättningar har ökat från omkring 20 000 yngel år 2007 till ca 2 miljoner yngel år 2014.

Det kan ha funnits flera lokala öringpopulationer som nyttjade Siljan som uppväxtområde innan sjöns olika tillflöden exploaterades. I Österdalälven kan det t.ex. ha funnits flera delpopulationer som vandrade olika långt upp i systemet och som kanske nyttjade olika biflöden för lek. Det är oklart i vad mån den odlade stam som idag benämns Siljansöring representerar den population/de populationer som tidigare fanns i området.

Trots att uppförandet av bl.a. Trängslets regleringsmagasin gjorde det omöjligt för öringen att vandra mellan Siljan och lek- och uppväxtområdena i övre Österdalälven har storvuxen, vandrande öring funnits kvar i en mindre mängd i de övre delarna av Österdalälven. Sannolikt nyttjar dagens vandrande öring Idresjön, Särnasjön och/eller Trängsletmagasinet som uppväxtområde. Det är dock oklart om dagens storöring utgör ett separat bestånd som en gång existerade parallellt med den öring som vandrade upp från Siljan innan Österdalälven exploaterades, eller om den helt enkelt utgör en ”rest” av den vilda Siljansöring som tidigare fanns i dessa områden. Det kan dessutom inte uteslutas att den vandrande öring som finns idag kan vara påverkad av tidigare utsättningar av odlad öring av främmande stam (t.ex. Granboöring, som härstammar från Indalsälven nedom Storsjön).

Eftersom storöring fortfarande förekommer arbetar Särna-Idre fiskevårdsområdesförening (SIFVOF) aktivt med olika åtgärder för att främja beståndet. Bl.a. har utsättningar av Siljansöring skett åren 2000-2008 i Fjätälven strax söder om Särna (Figur 1) inom projektet ”Storöring i Fjätälven” i syfte att bygga upp ett självreproducerande bestånd av stor sjövandrande öring. Siljansöring har under senare år även satts ut i mindre mängd i Sörälven och Grövlan. För att tillgängliggöra Fjätälven för i området förekommande storöring, anlades redan 1960 två fisktrappor i fallen söder om Särna i enlighet med domen för Trängslets kraftverk. Trappornas funktion utvärderades 1999-2003 av SIFVOF som kunde konstatera att omfattande restaureringsåtgärder behövdes. Båda trapporna åtgärdades under sommaren 2004 genom ett samarbete mellan Vattenregleringsföretagen och SIFVOF. En fälla i form av en stor mjärde installerades längst upp i övre trappan för att möjliggöra kontroll av passerande fisk. Vid ett kraftigt högvatten försommaren 2011 havere-

rade övre trappan i Fjätälven och fällan fångade inte längre någon fisk. Under 2012 och 2013 renoverades trappan. Den första lekvandrande öringen efter renoveringen konstaterades i fällan den 7 oktober 2013.



Lekvandrande storöring fångad i fisktrappan i Fjätälven. Efter provtagning återutsattes öringen uppströms trappan. Foto: Idre Nord AB.

Parallellt med arbetet med att introducera vandrande öring i Fjätälven har anpassningar av regelverket kring fisket gjorts i flera omgångar. Elfiske har varit en viktig del av arbetet med att följa upp genomförda åtgärder samt för att samla referensmaterial för genetiska analyser (se nedan). Inom projektet har även en utvärdering av storöringens möjligheter att fullfölja livscykeln i området gjorts, baserad på inventeringar av bottenfauna och siklöjetillgång (Särna-Idre FVOF:s rapporter, del av fiskevårdsplan 2001-2004: Fiskeriundersökningar i Trängselsjön).

Som en del av arbetet med att utveckla öringförvaltningen i Österdalälven och Storån har Sötvattenslaboratoriet (tidigare Fiskeriverket, nu tillhörande Sveriges lantbruksuniversitet, institutionen för akvatiska resurser), på uppdrag av SIFVOF och länsstyrelsen i Dalarna, gjort en genetisk kartläggning av den naturligt förekommande öringen i de övre delarna av Österdalälven (inklusive viktiga till- och biflöden), samt på uppdrag av SIFVOF även utvärderat utsättningarna av Siljansöring i biflödet Fjätälven. Huvudsyftet har varit att kartlägga de kvarvarande öring-

populationerna i området samt studera om den utsatta Siljansöringen överlever i området efter utsättning. Resultat från detta arbete har successivt publicerats i kortfattade PM från sötvattenslaboratoriet (t.ex. Dannewitz m.fl. 2004). I dessa tidigare analyser användes endast sex genetiska markörer, vilket inte är tillräckligt för att med hög precision bedöma ursprunget på vandrande öring som fångas i systemet.

Det övergripande syftet med den studie som presenteras i denna rapport var att göra en utökad, mer detaljerad analys av det material som tidigare samlats in genom att utöka antalet genetiska markörer och använda ytterligare statistiska metoder för att utvärdera genetiska data. Mer i detalj var syftet att:

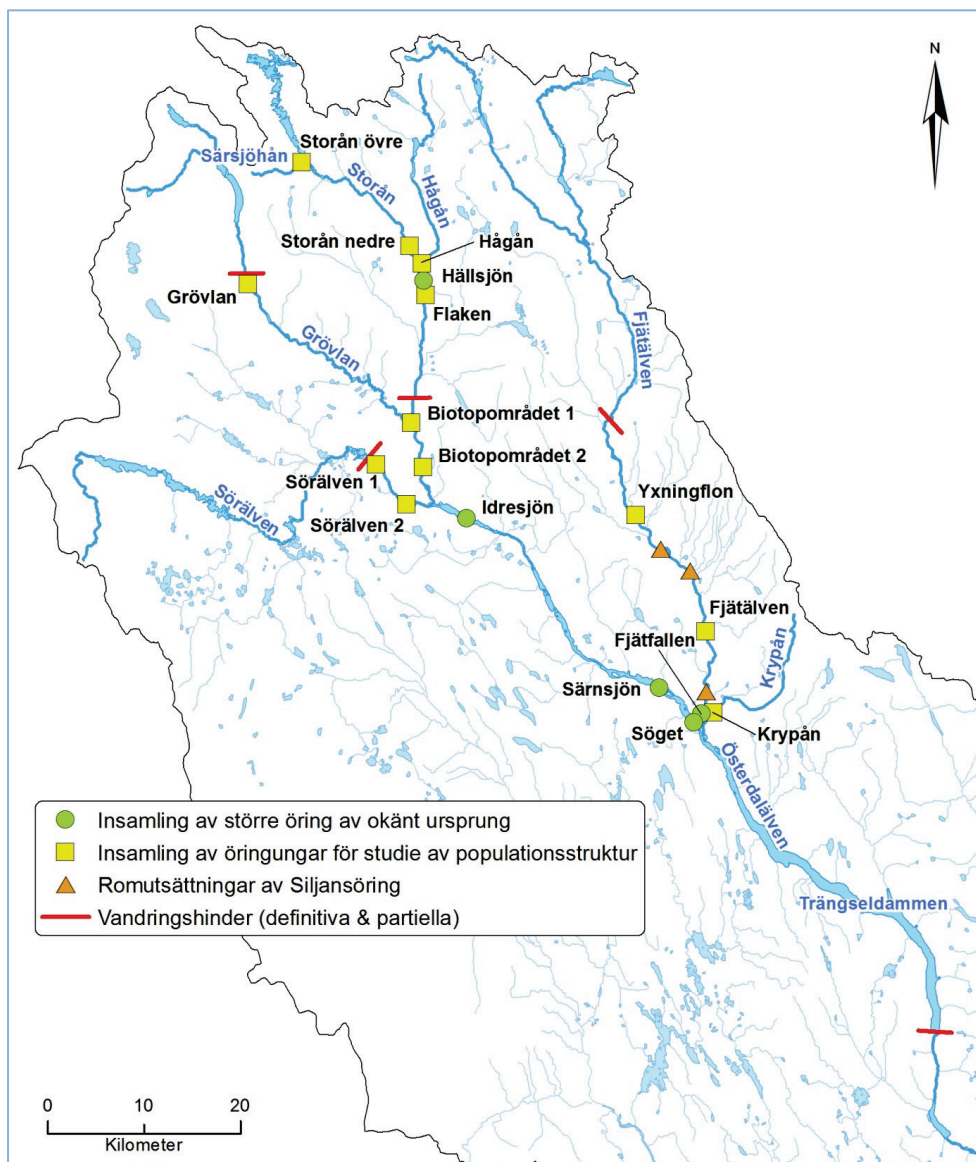
- 1) genomföra en genetisk kartläggning av de naturligt förekommande öringpopulationerna i Storån och de övre delarna av Österdalälven, dvs. identifiera genetiskt distinkta populationer och kvantifiera graden av genetisk variation mellan och inom dessa – kunskap som är nödvändig för att i nästa steg kunna besvara frågeställningarna under punkterna 2 och 3 nedan,
- 2) utvärdera utsättningarna av Siljansöring i biflödet Fjätälven genom genetisk analys,
- 3) undersöka förekomsten av ytterligare storöringbestånd genom att analysera storöring fångad i andra områden, samt
- 4) utreda framtida möjligheter att med olika metoder och material studera den utsatta Siljansöringens reproduktiva framgång i Fjätälven.

2 Material och metoder

2.1 Öringutsättningar i Fjätälven och andra vattendrag

Större delen av utsättningarna av Siljansöring inom ”Storöring i Fjätälven” (det projekt som utvärderas i denna studie) har gjorts med ögonpunktad rom som genom isen placerats ut i bottengruset med hjälp av en romutsättare. Utsättningar av Siljansöring i Fjätälven skedde årligen under åren 2000-2008. Utsättningslokaler-
nas geografiska läge framgår av Figur 1 och omfattningen i antal individer per år ges i Tabell 1. Öring av varierande ursprung har även tidigare satts ut i Fjätälven, men dessa utsättningar var sporadiska och mindre omfattande, och det är oklart om de haft någon effekt på det lokala öringbeståndet i älven.

Utsättningar av öring har även skett i andra vattendrag i området. Innan den nya fiskevårdsplanen för Särna-Idre Fiskevårdsområde antogs 2001 gjordes under perioden 1960-2000 utsättningar av öring av äldre stadier på strömmande sträckor av vattendragen Grövlan, Sörälven och Storån. Ursprunget på utsättningsmaterialet varierade och det är oklart vilken effekt, om någon, dessa utsättningar haft (se diskussion under slutsatser nedan). Under åren 2003-2008 sattes det vidare ut öring i mindre omfattning (16 000–46 000 romkorn per år) i de nedre delarna av Storån. Denna öring härstammade från uppströms belägna lokaler i samma vattendrag. Genetiska analyser (Dannewitz m.fl. 2004) visade emellertid att öringen uppströms Hällsjön i Storån avviker genetiskt från öringen längre nedströms i systemet och utsättningarna (förflyttningarna) av Storåöring upphörde därför. Under 2011 och 2012 sattes i stället en mindre mängd yngel av Siljansöring ut i nedre Storån samt i Grövlan och Sörälven.



Figur 1. Karta över övre Österdalälven med viktiga till- och biflöden och som visar insamlingslokalerens läge.

Tabell 1. Utsättningar av Siljansöring i Fjätälven inom projektet "Storöring i Fjätälven". Lokaler-
nas geografiska läge framgår i Figur 1.

År	Stadium	Antal	lokal	Ursprung
2000	Rom	43000	Härjedalsvägbron	Siljan
2001	Rom	81900	Härjedalsvägbron	Siljan
2002	Rom	169000	Härjedalsvägbron	Siljan
2003	Rom	291900	Härjedalsvägbron	Siljan
2004	Rom	256000	Härjedalsvägbron	Siljan
2005	Rom	148490	Nedan Fröbergsv.	Siljan
2006	Rom	136500	Nedan Fröbergsv.	Siljan
2007	Yngel	41400	Nedan Fröbergsv.	Siljan
2008	Rom	44000	Flovallen	Siljan

2.2 Genetisk analys

De tidigare genetiska studierna av öringen i området (t.ex. Dannewitz m.fl. 2004) baserades på sex genetiska markörer (s.k. mikrosatelliter, se nedan). I denna studie har antalet genmarkörer utökats till 10. Av de över 600 individer som tidigare samlats in och analyserats fanns vävnadsprover (fenor) förvarade i sprit kvar från totalt 558 individer. Samtliga analyser i denna rapport är baserade på dessa 558 individer (se nedan). Vi valde således att helt utesluta de individer (n=73) som inte kunde uppdateras till 10 genmarkörer (p.g.a. att vävnaden tagit slut vid det första analystillfället).

Insamlingen av prover för genetisk analys gick till på följande sätt. Vävnadsprover samlades in i övre Österdalälven och Storån (samt i vissa viktiga biflöden till dessa) under åren 2000 till 2010. Insamlingen av öring för studier av genetisk populationsstruktur skedde med elfiske. Vävnadsprover från totalt 391 yngre individer (0+ och 1+) från ett flertal lokaler i övre Österdalälven och Storån, samt 81 individer från två årsklasser av odlad Siljansöring insamlade på odlingen i Särna, fanns kvar sedan de tidigare analyserna. Insamlingslokalernas geografiska läge framgår i Figur 1, och mer detaljerad information om stickproven presenteras i Tabell 2. Genetiskt referensmaterial från Fjätälven samlades in från ett område som bedömdes vara opåverkat av den Siljansöring som började sättas ut samma år. Utöver stickprov av yngre öring har även vävnadsprover från större, vandrande öring (av okänt ursprung) samlats in från olika platser i övre Österdalälven med biflöden. Dessa individer provtogs under åren 2002-2010 av sportfiskare, under nätprovfiske samt i fiskvägen (trappan) i Fjätälven, och omfattar totalt 86 individer

(varav 55 från fiskvägen vid Fjätfallet; Tabell 3) som samtliga kunde uppdateras till 10 genmarkörer. De olika fångstplatsernas geografiska läge framgår i Figur 1.



Fisktrappan i Fjätälven. Trappan anlades 1960 och restaurerades 2004 då bl.a. en fälla installerades för att möjliggöra räkning och provtagning av passerande fisk. Foto: Evert Spånberg.

DNA extraherades från de arkiverade vävnadsproven och genotypbestämde med hjälp av mikrosatelliter – en typ av genetiska markörer lämpliga vid studier av populationsstruktur och bestämning av ursprung för enskilda individer. Totalt har 10 mikrosatelliter studerats, vilka ursprungligen utvecklats för öring eller närbesläktade arter: *Str15*, *Str60*, *Str73* (Estoup m.fl. 1993), *Str58* (Poteaux 1995), *Ssa85*, *Ssa197* (O'Reilly m.fl. 1996), *SsOsl417* (Slettan m.fl. 1995), *One9* (Scribner m.fl. 1996), *Bs131* (Estoup m.fl. 1998) samt *Ssa408* (Cairney m.fl. 2000).

Tabell 2. Lokalnamn, årsklass, stickprovstorlek (endast individer som analyserats med 10 markörer), förväntad heterozygositet (H_e), genomsnittligt antal genvarianter per mikrosatellit (Antal alleler), motsvarande antal korrigerat för skillnader i stickprovstorlekar (Allelic richness), samt avvikelser från förväntade genotypproportioner enligt Hardy-Weinbergs lag uttryckt som F_{IS} . Ett positivt F_{IS} indikerar underskott av heterozygoter, medan ett negativt värde indikerar överskott (inga F_{IS} -skattningar var signifikant skilda från $F_{IS} = 0$). Dessa stickprov användes för att studera populationsstrukturen i Österdalälven och Storåns vattensystem, och är i Tabellen listade i ordning med de längst nedströms belägna lokalerna i Österdalälven först och lokalerna längst uppströms i Storån sist.

Lokal	Årsklass	Stickprovstorlek	H_e	Antal alleler	"Allelic richness" ¹⁾	F_{IS}
Siljan	2000	31	0.61	5.6	4.8	0.06
	2001	50	0.63	5.5	4.8	-0.03
Krypån	2006	18	0.66	5.1	4.9	0.05
	2007	15	0.67	4.6	4.6	-0.02
Fjätälven	2000	60	0.64	6.4	4.9	0.03
	2001	30	0.57	4.8	4.0	0.00
Yxningflon	2002	5	0.54	2.7	-	0.01
	2003	15	0.56	3.5	3.5	0.00
Sörälven	2006	10	0.67	4.9	-	0.01
	2007	16	0.63	4.9	4.8	-0.05
Grövlan	2006	23	0.63	5.2	4.7	-0.05
	2007	14	0.56	4.3	-	-0.05
Biotopområdet	2002	15	0.58	4.4	4.3	0.08
	2003	31	0.63	5.5	4.9	0.01
Flaken	2002	21	0.52	3.9	3.6	-0.09
	2003	35	0.44	3.8	3.2	0.04
Hågån	2004	28	0.51	4.2	3.7	0.05
	2005	10	0.52	3.6	-	-0.03
Storån nedre	2002	4	0.60	3.0	-	-0.14
	2003	22	0.48	3.6	3.4	0.08
Storån övre	2001	11	0.44	3.0	-	-0.06
	2002	8	0.46	2.8	-	-0.14

¹⁾ allelic richness skattades ej för stickprov med färre än 15 fullständigt analyserade individer

Tabell 3. Insamlingsuppgifter (lokal, insamlingsår och antal) för större öringar av okänt ursprung som analyserats. Insamlingslokalernas geografiska läge framgår i Figur 1.

Lokal	Insamlingsår	Stickprovstorlek
Söget	2002	8
	2004	1
	2005	2
	2006	1
	2010	5
Fjätället	2005	5
	2006	6
	2007	15
	2008	16
	2009	3
	2010	10
Särnsjön	2010	1
Idresjön	2009	1
Hällsjön	2006	12

Programmen FSTAT (Goudet 1995) och ARLEQUIN (Schneider et al. 2000) har använts för olika grundläggande beräkningar (skattningar av genetisk variation och F -statistik). Övriga statistiska metoder och program som använts för att utvärdera data är namngivna i anslutning till presentationen av resultaten nedan.

3 Resultat och diskussion

3.1 Genetisk variation

Vi fann inga statistiskt säkerställda avvikelser från den fördelning av homozygoter och heterozygoter som förväntas enligt Hardy-Weinbergs lag, sett över samtliga markörer inom respektive stickprov (Tabell 2). Däremot fann vi ett statistiskt signifikant heterozygotunderskott (positivt F_{IS}) för en enskild markör (*One9*) i stickproven från Fjätälven och Krypån. Denna avvikelse återspeglar mest sannolikt ett "tekniskt problem" (förekomst av en s.k. nollallel) eller, mindre sannolikt, att dessa stickprov består av individer från mer än ett genetiskt distinkt bestånd. Vi analyserade effekten av denna avvikelse genom att göra vissa analyser med respektive utan *One9*, men fann inga indikationer på olika resultat eller slutsatser vilket gjorde att vi beslöt oss för att inkludera denna markör i samtliga analyser.

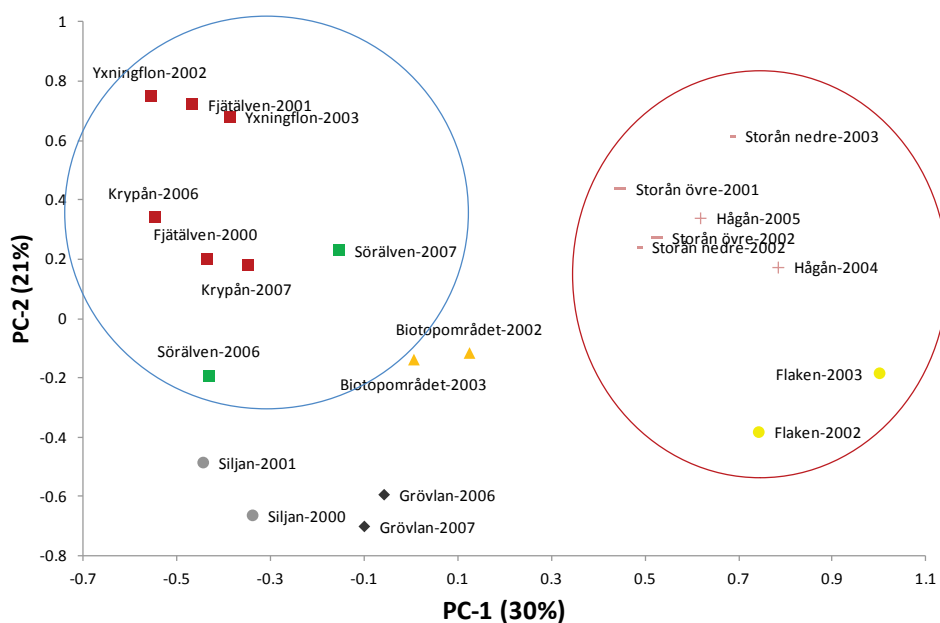
Mängden genetisk variation, uttryckt som förväntad heterozygositet och antal påträffade anlagsvarianter (antal alleler, "allelic richness"), varierade mellan de studerade vattendragen (Tabell 2). Generellt sett uppvisade stickprov från mer uppströms belägna lokaler en lägre grad av genetisk variation jämfört med stickprov från mer centrala delar av vattensystemet. Framförallt tycks öringen uppströms vandringshindret i Storån (Figur 1), dvs. lokalerna Flaken, Hågån samt nedre och övre Storån ha lägre grad av genetisk variation jämfört med öring från områden nedströms detta vandringshinder.

3.2 Populationsstruktur i övre Österdalälven och Storån med biflöden

Parvisa jämförelser av allelfrekvenser (baserade på F_{ST}) visade på tydliga genetiska skillnader mellan de flesta stickprov (Bilaga 1). Dessa skillnader representerar såväl jämförelser mellan olika lokaler som temporal variation mellan årsklasser inom samma lokal. I vissa fall var de genetiska skillnaderna påtagliga, som t.ex. i

jämförelserna mellan lokaler i övre delarna av Storån med lokaler längre nedströms i Österdalälven. De parvisa jämförelserna visar också att stickproven av Siljansöring (från odlingen) avviker från samtliga stickprov av öring från övre Österdalälven och Storån.

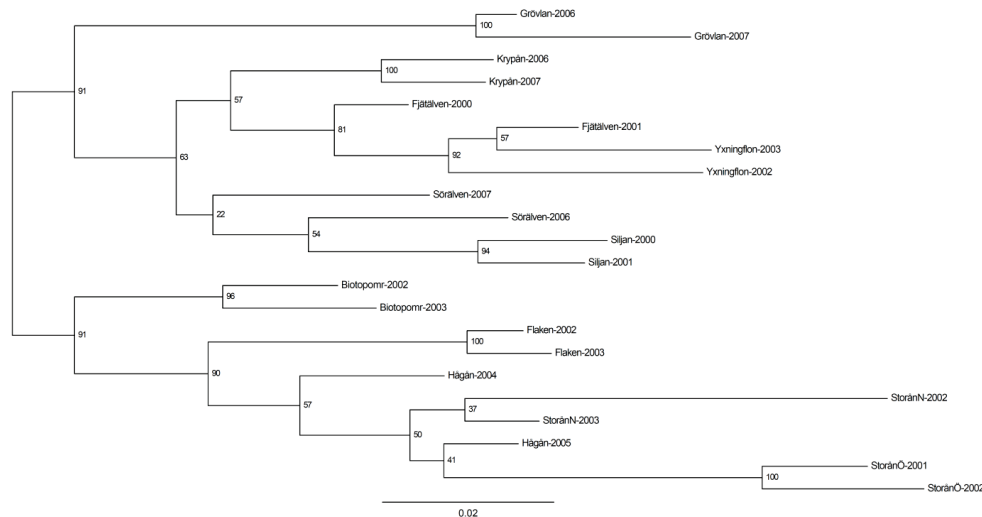
En tydlig genetisk struktur framträdde då denna åskådliggjordes grafiskt med en s.k. PCA (principalkomponentanalys, Goudet 1999). Öring från lokaler uppströms vandringshindret i Storån (lokal Flaken och uppströms) bildade en separat grupp, medan stickproven från Österdalälven en annan, samtidigt som öringen från Biotopområdet (nedre Storån, nedströms vandringshindret) hamnade någonstans mittemellan. Stickproven från Siljan respektive Grövlan bildade två ytterligare grupper (Figur 2).



Figur 2. PCA (principalkomponentanalys) som illustrerar graden av genetiska skillnader/likheter mellan stickprov av öring från övre Österdalälven, Storån och Siljan. Axlarna PC-1 och PC-2 förklarar tillsammans 51 % av den genetiska variationen mellan stickproven. Den blå cirkeln representerar lokaler i övre Österdalälven och den röda cirkeln representerar lokaler i Storån ovan vandringshindret. Se Figur 1 för mer detaljerad information om insamlingslokalernas geografiska läge.

Det är viktigt att notera att resultat från en PCA är relativt svåra att presentera i en tvådimensionell figur, då stickprovets läge i förhållande till varandra egentligen bör utvärderas i ett multidimensionellt plan. Ett släktskapsträd (s.k. dendro-

gram) baserat på genetiska distanser (Figur 3) visar emellertid på samma genetiska populationsstruktur som PCA-analysen. I dendrogrammet grupperar framförallt stickproven från Storån ovan vandringshindret tillsammans, medan öringen från Grövlan bildar en mycket tydlig separat undergrupp. Öringen från Österdalälven bildar en egen grupp i förhållande till både Storån och stickproven från Siljan. Sörälven tycks hamna någonstans mittemellan Siljan och de övriga lokalerna i Österdalälven och Storån.

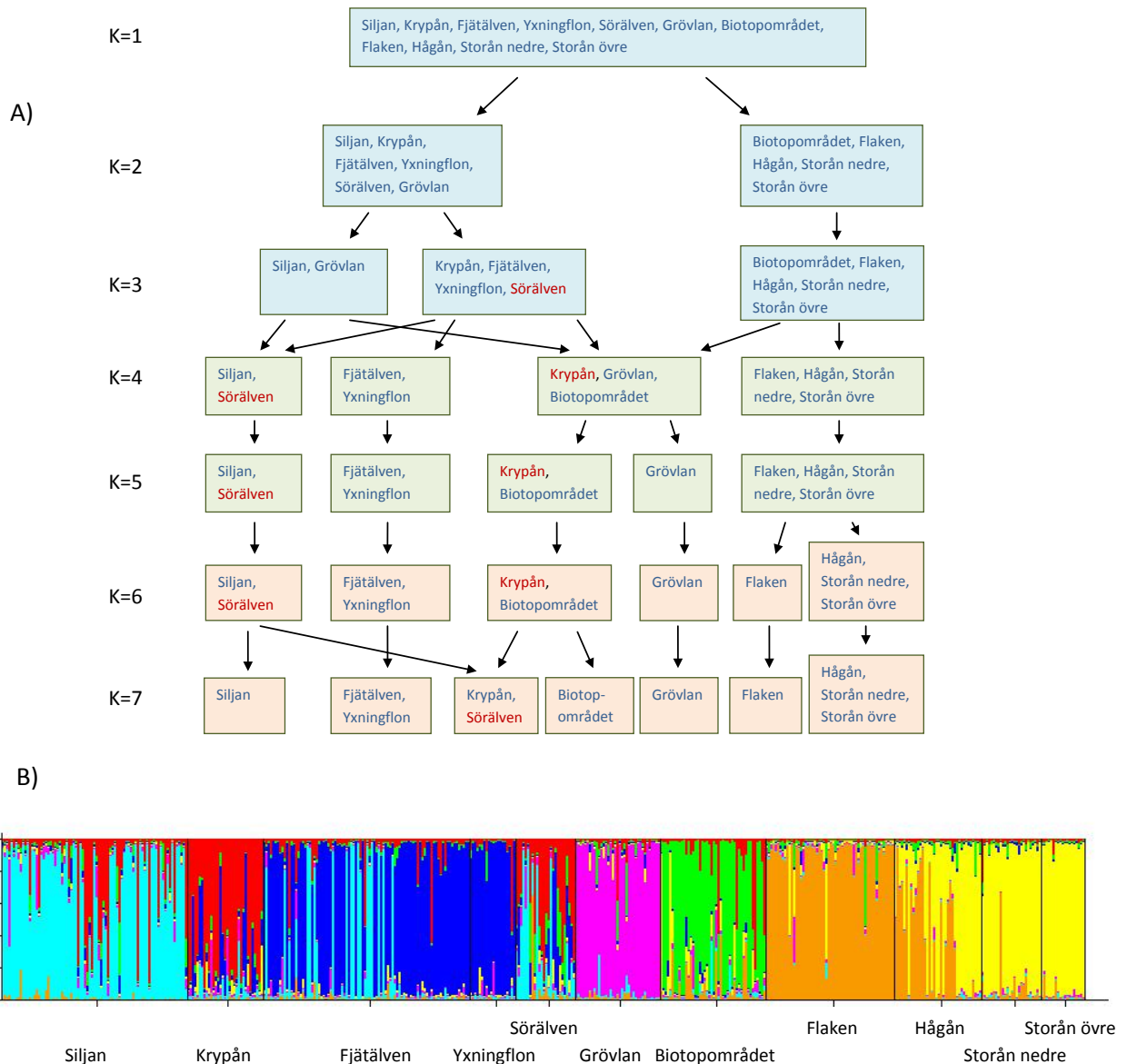


Figur 3. Dendrogram ("släkträd") som illustrerar graden av genetiska likheter/olikheter mellan öringar från övre Österdalälven, Storån och Siljan. Dendrogrammet är konstruerat enligt neighbor joining-metoden (programmet PHYLIP; Felsenstein 2004) och baserat på parvisa genetiska avstånd (chord distance; Cavalli-Sforza & Edwards 1967). Siffrorna vid noderna anger ett mått på statistisk säkerhet för respektive nod (andelen i procent vid s.k. bootstrap-analys).

Vi har även använt oss av programmet STRUCTURE (Pritchard m.fl. 2000) för att studera populationsstrukturen i området. I korthet syftar denna metod till att identifiera populationer i ett material av okänd sammansättning genom att gruppera individerna till så kallade "genetiska kluster" (förmodade populationer) vilka uppfyller vissa teoretiska kriterier som kännetecknar genetiskt homogena populationer. Bland annat grupperas individerna så att avvikelser från Hardy-Weinberg-proportioner inom de identifierade klustren minimeras. En stor fördel med detta angreppssätt är att programmet inte förutsätter någon ingångsinformation om populationstillhörighet (motsvarande vår indelning i stickprov baserad på fångstplats), utan startar blint utan antaganden om vilka individer som kan tänkas utgöra en population. Därmed minskar risken för att ett eventuellt misstag vid insamlingen påverkar resultaten (t.ex. att två populationer samlas in i tron att de kommer

från samma population, vilket kan tänkas ske då man exempelvis provtar öring under vandringen). Vid analys med STRUCTURE varieras antalet kluster från ett och uppåt. På så vis åtskiljs först de grupper av individer/stickprov som skiljer sig mest genetiskt. Den mer subtila populationsstrukturen framträder när det totala materialet delas in i ett ökat antal kluster.

I linje med övriga resultat visade resultaten från STRUCTURE (Figur 4) att de analyserade öringarna, när antalet kluster tilläts öka, successivt delade upp sig i grupper/bestånd som i princip motsvarar de grupper som tidigare observerats med PCA och dendrogram. Som ett första steg delades öringen i två grupper; stickproven från Storån separerades från övriga stickprov. Då fler kluster identifierades (upp till sju stycken) framträdde så småningom sju grupper som överensstämmer ganska väl med resultaten från de andra analysmetoderna. Vid indelning i fler är sju kluster börjar öringar inom vissa lokaler att dela upp sig i subtila undergrupper som sannolikt motsvarar enskilda årsklasser eller familjegrupper.



Figur 4. A) Schematisk bild av resultat från analyser av öring från övre Österdalälven, Storån och Siljan med programmet STRUCTURE (K =antalet kluster/populationer i respektive analys). De, enligt analyserna, genetiskt mest lika stickproven står namngivna i samma "box". Blå text markerar mer tillförlitliga resultat (genomsnittliga sannolikheten hos individerna inom det namngivna stickprovet är minst 50% att tillhöra den box där stickprovet är namngivet), medan röd text anger mer osäkra resultat (genomsnittliga sannolikheten något lägre än 50%). B) Resultat för $K=7$ illustrerat med ett sjufärgat stapeldiagram som visar hur stor andel av varje individs arvs massa som enligt analysen tillhör respektive kluster (varje öring motsvaras av en smal flerfärgad stapel och varje kluster av en egen färg).



Fallen i Fjätälven. Fisktrappor anlades redan på 1960-talet för att göra områden uppströms Fjätfallen tillgängliga för vandrande öring. Foto: Evert Spånberg.

3.3 Utvärdering av romutsättningarna i Fjätälven

Ett syfte med denna studie var att utvärdera om utsättningarna av Siljansöring i Fjätälven varit lyckosamma, dvs. om den öring som satts ut haft möjlighet att överleva hela livscykeln i naturen. Eftersom Siljansöringen skiljer sig genetiskt från den öring som finns naturligt i övre Österdalälven och Storån kan vi med statistiska metoder identifiera individer av troligt Siljanursprung bland de större öringar som fångats i området. I analysen ingår totalt 86 äldre öringar av okänt ursprung som fångats på diverse platser i övre Österdalälven och Storåns vattensystem (Tabell 3). Vid analyserna har de okända storvuxna individerna jämförts med en referensdatabas som innehåller genetiska data på de kartlagda inhemska populationerna i övre Österdalälven (inklusive biflöden) samt den odlade stammen av Siljansöring.

Två statistiska program användes för dessa analyser: ONCOR (Kalinowski m.fl. 2007) samt GENECLASS (Piry m.fl. 2004). Med ONCOR kan sammansättningen av ett stickprov bestående av okända öringar studeras (s.k. ”Mixed Stock Analysis” (MSA)), vilket ger information om hur stor andel av respektive givarpopulat-

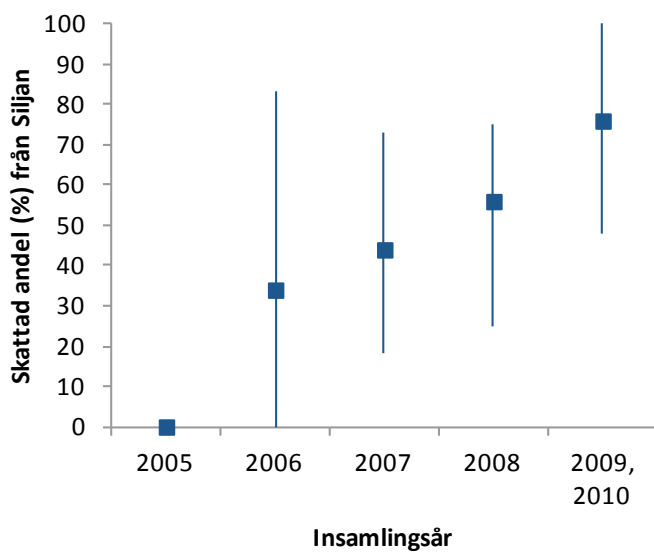
ion som finns i det okända stickprovet. Som ett komplement kan sedan de enskilda individerna studeras med s.k. ”individual assignment”, vilket ger information om vilken av de i referensdatabasen förekommande populationerna som utgör det mest sannolika ursprunget för den aktuella individen. Metoden förutsätter att samtliga potentiella givarpopulationer ingår i referensdatabasen. Om man misstänker att så inte är fallet bör ytterligare analyser göras för att undersöka möjligheten att individen i fråga kommer från en annan, hittills okänd population. Med GENECLASS kan man undersöka denna fråga genom att studera med vilken sannolikhet en individs genuppsättning har sitt ursprung i de olika populationerna. Om sannolikheten är låg (<0.01) för samtliga potentiella givarpopulationer är det högst troligt att individen i fråga kommer från en population som inte ingår i den genetiska referensdatabasen.

Resultat från analysen med ONCOR visar att andelen öring av troligt Siljanursprung bland de uppvandrande, vuxna öringarna ökat i fiskvägen i Fjätälven från 0 % år 2005 till omkring 75 % i stickproven från 2009 och 2010 (Figur 5). Den ökande andelen öring av troligt Siljansursprung stämmer väl överens med att romutsättningarna startade år 2000, och att det tar ett antal år innan fisken når köns-mognad och återvänder till vattendraget. Insamlingen av prover i Fiskvägen i Fjätälven har emellertid inte varit fullständigt representativ under perioden. Under hela perioden har ett grovt galler selekterat så att endast fisk större än 26–27 cm har kunnat fångas. Fiskvägen fungerade dessutom dåligt under 2009 och 2010, vilket sannolikt gjorde att endast stor öring kunde passera dessa år. Det finns således en risk att andelen Siljansöring överskattades dessa år, då Siljansöringen genomgående tycks vara större än den öring som finns naturligt i Fjätälven (Figur 6 samt Bilaga 2).

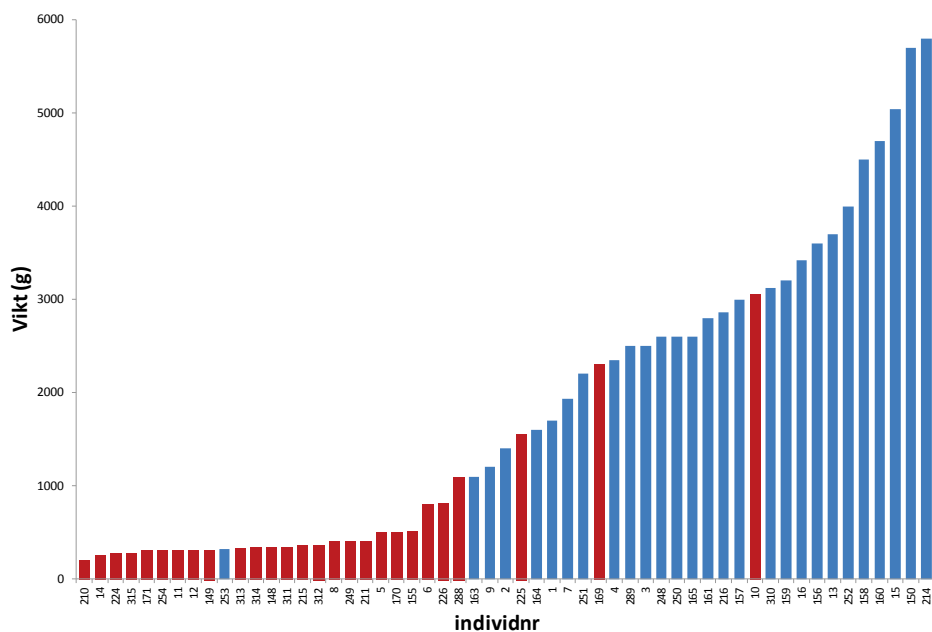


Återutsättning (efter provtagning) av den hittills största öring som passerat fisktrappan i Fjätälven, en hona som var 76 cm lång och vägde 5,8 kg. Genetiska analyser visade att honan (individ 214, Bilaga 2) högst sannolikt kommer från de utsättningar av Siljansöring som skett högre upp i Fjätälven. Foto: Evert Spånberg.

Sammantaget indikerar resultaten ändå att den ökande passagen av större öring i fiskvägen, som i nästan samtliga fall dessutom bedömts vara av Siljanursprung (Bilaga 2), är ett resultat av de tidigare utsättningarna av denna stam längre uppströms i Fjätälven. Den utsatta Siljansöringen tycks således ha förmåga att överleva hela livscykeln i övre Österdalälven. Det återstår emellertid att utvärdera den utsatta öringens framgång under själva reproduktionen (se nedan).



Figur 5. Resultat från MSA-analys med ONCOR, som visar att andelen öring av troligt Siljanursprung ökat i fiskvägen i Fjätälven. Osäkerheten i skattningarna anges med 95 % konfidensintervall. Se text för mer information.



Figur 6. Individuell vikt för 55 öringar av okänt ursprung som fångats i Fjätället i biflödet Fjätälven. Staplarna motsvarar enskilda individer som är sorterade efter vikt i stigande ordning. Ursprunget enligt "individual assignment" med ONCOR illustreras i blått (Siljan) och rött (övriga bestånd).

Resultat från analyser av ursprunget på enskilda vuxna öringar från olika delar av vattensystemet, inklusive fiskvägen i Fjätälven, presenteras i Bilaga 2. Ett intressant resultat var att det redan 2002 fångades fyra öringar i området där Fjätälven mynnar ut i Österdalälven (Söget, se Figur 1) som mest sannolikt var Siljansöringar (enligt "individual assignment" med ONCOR). Dock hade två av dessa fiskar odlingsmärken, vilket sannolikt innebär att de var rymlingar från odlingen i Särna där Siljansöring hålls. De andra två öringarna som klassades till Siljansöring var dock av "vildtyp" men med genuppsättningar som enligt analys med GENCLASS (Bilaga 2) även hade en relativt hög sannolikhet att komma från Sörälven. Dessa resultat antyder att det redan innan utsättningarna i Fjätälven startade fanns vandrande storöring i systemet som i viss mån liknade Siljansöringen genetiskt sett. Under senare år har det också fångats storvuxna öringar i bl.a. Söget och Särnasjön som sannolikt inte härstammar från utsättningarna av Siljansöring. Även dessa individers genuppsättningar påminner i många fall om öringen i Sörälven och även Krypån, vilket indikerar att det i dessa bestånd kan finnas ett inslag av individer som vandrar. Det har också fångats ett fåtal stora individer som sannolikt härstammar från Fjätälven. En möjlighet, som inte helt kan uteslutas, är att förymda Siljansöringar lekt tillsammans med vild öring i vattensystemet, och att avkomman är vandrande (och därmed storvuxen) och samtidigt delvis genetiskt "svårplacerad".

De individer av okänt ursprung som fångades i Hällsjön var alla ganska små och de flesta härstammade troligtvis från Storån. Dock fångades ett par individer som uppvisade låg sannolikhet att härstamma från alla i referensdatabasen ingående populationer. Det kan inte uteslutas att dessa härstammar från andra, icke provtagna områden/populationer (t.ex. längre uppströms) eller från tidigare utsättningar av öring av främmande stam.

I fällan vid Fjätfallet fångades några individer som var genetiskt identiska, i vissa fall med flera års mellanrum (Bilaga 2). Det faktum att samtliga av dessa individer utom en uppvisade en påtaglig viktuppgång mellan provtagningstillfällena antyder att det är samma individer som provtagits vid olika tillfällen. Den individ som inte ökade i vikt mellan provtagningstillfällena fångades vid två tillfällen under samma säsong och viktskillnaden var då mindre än 5 % vilket mycket väl kan förklaras av osäkerheter vid själva viktmätningen och/eller olika mycket föda i magen.

3.4 Siljansöringens reproduktiva framgång i Fjätälven

Ovanstående resultat visar att åtminstone en del av den Siljansöring som satts ut i Fjätälven har överlevt från utsättning till lek. En annan fråga gäller den utsatta

öringens framgång under själva reproduktionen. Eftersom vuxen könsmogen öring av troligt Siljanursprung vandrat upp i Fjätälven sedan 2006 finns möjligheten att den avkomma som producerats i älven under senare år utgör en blandning av rena Fjätälvsöringar och Siljanöringar samt korsningar mellan de två öringstammarna.

För att utvärdera möjligheten att i framtida studier kunna identifiera ”rena” öringungar samt korsningar (hybrider) mellan stammarna utfördes en räkneövning baserad på datorsimuleringar. Vi undersökte fyra olika scenarier där syftet var att, med hjälp av tre olika statistiska metoder, analysera stickprov av olika storlek och sammansättning (datorsimulerade ungar av känt ursprung). De undersökta scenarierna var följande: ett stickprov bestående av 96 (scenario 1) eller 288 (scenario 2) simulerade ungar härstammande från en föräldrakombination bestående av 90 % Fjätälvsöring och 10 % Siljansöring, samt ett stickprov bestående av 96 (scenario 3) eller 288 (scenario 4) simulerade ungar från en föräldrakombination bestående av 50 % Fjätälvsöring och 50 % Siljansöring (Tabell 4). De olikstora stickproven användes för att undersöka i vilken mån precisionen i analyserna påverkas av stickprovsstorleken, medan de två olika simulerade andelarna av Fjätälvsöring och Siljansöring på motsvarande sätt belyser metodernas känslighet för den sanna andelen ungar från respektive stam (inklusive hybrider). Antalet ungar (96 eller 288) anpassades efter de analysplattor som vanligtvis används för genetiska analyser och som tillåter samtidig analys av 96 individer.

Med programmet HYBRIDLAB (Nielsen m.fl. 2006) datorsimulerades ”rena” Fjätälvs- och Siljansungar, samt hybrider mellan dessa, baserat på de observerade allelfrekvenserna i stickproven av Fjätälvs- och Siljansöring. Under antaganden om samma reproduktiva framgång samt slumpmässig parning med avseende på ursprung kan andelen ”rena” ungar av antingen Fjätälvs- eller Siljanursprung, samt den förväntade andelen hybrider beräknas för respektive sammansättning av lek-fiskar (10/90- respektive 50/50-andelar). Baserat på dessa andelar av Fjätälvs-, Siljansöringar samt hybrider (Tabell 4) konstruerades de fyra analyserade stickproven, där två bestod av 96 simulerade individer (scenario 1 och 3) och två av 288 simulerade individer (scenario 2 och 4).

Frågan var om vi med våra tio genetiska markörer kan identifiera sammansättningen på stickproven bestående av datorsimulerade individer av känt ursprung? I ett första steg skattades andelen "siljansgener" i de fyra stickproven med programmet LEADMIX (Wang 2003). Vi vet att andelen siljansgener i de simulerade stickproven av ungar är 10 % i scenario 1 och 2, samt 50 % i scenario 3 och 4. Resultaten visar att man med LEADMIX lyckas väldigt bra med att identifiera sammansättningen i genpoolen hos ungarna i respektive stickprov (Tabell 4). Att utöka stickprovsstorleken från 96 till 288 påverkar inte resultatet nämnvärt annat än att skattningarna blir aningen mer precisa (snävare konfidensintervall).

I ett andra steg användes programmet ONCOR och MSA för att undersöka om vi kunde identifiera andelen rena Fjätälvsöringar och Siljansöringar samt hybrider i de fyra stickproven av simulerade avkommor. För dessa analyser användes en referensdatabas bestående av de autentiska stickproven från Fjätälven respektive Siljan kombinerade med ett stickprov av datorsimulerade hybrider. Skattningen av andelen rena korsningar samt hybrider med ONCOR lyckades bra även om andelen hybrider underskattades något för samtliga stickprov (Tabell 4). Dock omfattar skattningarnas konfidensintervall i samtliga fall den kända andelen hybrider, så dessa avvikelser är inte att betrakta som statistiskt signifikanta. Även i analyserna med ONCOR verkade inte stickprovsstorleken spela en avgörande roll för precisionen.

Vi provade slutligen programmet NEWHYBRIDS (Anderson & Thompson 2002) som används för att identifiera andelen "rena" individer från två föräldrapopulationer samt första (och andra) generationens hybrider i stickprov av okänd sammansättning. Vi valde här att koncentrera oss enbart på andelarna rena öringar av respektive ursprung, samt andelen första generationens hybrider (F1) mellan dessa. Överlag lyckades NEWHYBRIDS skatta förekomsten av de olika ursprungens väl (Tabell 4), dock med undantag för scenario 1 där andelen hybrider underskattades samtidigt som andelen öring av Fjätälvstyp överskattades. Dessa avvikelser är dessutom att betrakta som statistiskt signifikanta då de kända andelarna inte omfattas av skattningarnas konfidensintervall (se Tabell 4). Problem med att skatta andelen hybrider med programmet NEWHYBRIDS, framförallt när hybridfrekvensen i ett stickprov är låg, har tidigare observerats av Vähä & Primmer (2006).

Tabell 4. Resultat från analyser av stickprov av känd sammansättning bestående av datorsimulerade individer, genomförda för att utvärdera möjligheten att i framtiden studera Siljansöringens bidrag under leken i Fjätälven. Avvikelser från förväntade resultat anges i rött (se text för mer information).

		Scenario 1	Scenario 2	Scenario 3	Scenario 4
Andel lekfisk		10% Siljan/90% Fjät	10% Siljan/90% Fjät	50% Siljan/50% Fjät	50% Siljan/50% Fjät
Förväntade andelar gener hos avkomma ¹⁾		10% Siljan/90% Fjät	10% Siljan/90% Fjät	50% Siljan/50% Fjät	50% Siljan/50% Fjät
Förväntad sammansättning av avkomma ²⁾		1% Siljan, 81% Fjät, 18% hybr.	1% Siljan, 81% Fjät, 18% hybr.	25% Siljan, 25% Fjät, 50% hybr.	25% Siljan, 25% Fjät, 50% hybr.
Stickprovsstorlek (avkomma)		96	288	96	288
<i>Analys av simulerade avkommor enl. scenario 1-4:</i>					
LEADMIX (andel av total genpool)	Siljan	0.12 (0.06-0.18)	0.08 (0.04-0.13)	0.50 (0.43-0.56)	0.49 (0.44-0.56)
ONCOR (andel av olika korsningar)	Siljan	0.04 (0.00-0.11)	0.01 (0.00-0.04)	0.29 (0.17-0.41)	0.27 (0.19-0.35)
	Fjät	0.81 (0.63-0.90)	0.84 (0.73-0.89)	0.33 (0.20-0.47)	0.32 (0.23-0.41)
	hybrider	0.15 (0.04-0.34)	0.15 (0.09-0.26)	0.38 (0.22-0.55)	0.41 (0.19-0.54)
NEWHYBRIDS (andel av olika korsningar)	Siljan	0.02 (0-0.08)	0.01 (0-0.03)	0.26 (0.13-0.41)	0.19 (0.12-0.27)
	Fjät	0.96 (0.87-0.99)	0.86 (0.76-0.92)	0.22 (0.09-0.38)	0.31 (0.22-0.42)
	hybrider	0.02 (0-0.09)	0.14 (0.07-0.23)	0.53 (0.36-0.67)	0.50 (0.40-0.59)

¹⁾vid samma reproduktiva framgång (med avseende på ursprung)

²⁾vid slumpmässig parning och samma reproduktiva framgång (med avseende på ursprung, sammansättning enligt Hardy-Weinbergs lag)

4 Slutsatser

I denna studie har vi bl.a. gjort en genetisk kartläggning av den vilda öring som idag förekommer i övre Österdalälven med biflöden. Den påtagliga populationsstruktur som framträder i analyserna antyder att genflödet mellan öring från olika delar av övre Österdalälven och Storån är relativt begränsat, och det kan inte uteslutas att öring från olika områden/populationer anpassats genetiskt till lokala miljöbetingelser. Även om tidigare kända och okända utsättningar/förflyttningar kan ha påverkat den genetiska populationsstrukturen är det troligen främst naturliga processer som skapat de skillnader som idag finns mellan öring från de studerade områdena. Denna slutsats stöds av den koppling som finns mellan genetik och geografi; öring vars reproduktionsområden är belägna långt ifrån varandra, eller är separerade med vandringshinder, skiljer sig i allmänhet mer åt genetiskt jämfört med öring från närbelägna lokaler med god konnektivitet. Vi kan dock inte helt utesluta möjligheten att tidigare utsättningar i viss mån påverkat öringens populationsstruktur i området.

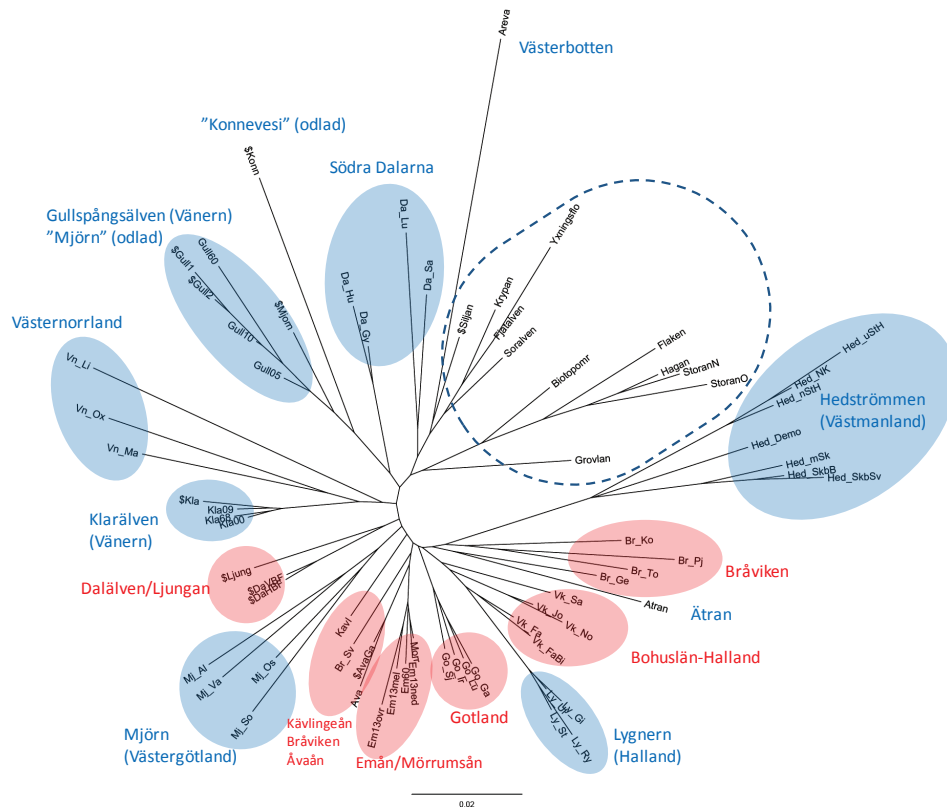
Den tydliga populationsstrukturen innebär vidare att öring från olika områden kan betecknas som demografiskt oberoende. Detta betyder att det naturliga utbytet av individer mellan vissa områden kan vara så lågt att t.ex. en överexploatering av öring i ett område kan få långtgående konsekvenser eftersom det kan ta generationer innan populationen i fråga återhämtar sig. Av delvis olika anledningar kan det således finnas anledning att förvalta öringen lokalt i de olika delar av Österdalälvens vattensystem där arten förekommer.

Utsättningar av stammar härstammande från områden utanför Österdalälven bör inte ske, och eventuella förflyttningar av öring inom det studerade området bör genomföras med hänsyn till den populationsgenetiska struktur som föreligger. Siljansöringen är dock inte att betrakta som en främmande stam för de delar av Österdalälven som är belägna nedströms naturliga vandringshinder. Innan älven exploaterades vandrade "storöring" som nyttjade Siljan som födosöksområde långt upp i vattensystemet för lek, och den odlade stammen grundades sannolikt med sådan fisk, vilket resultat från denna studie stödjer; även om genetiska skillnader

förekommer mellan dagens odlade stam och den öring som idag finns i områden som långvandrande öring historiskt kunde nå från Siljan, så är dessa skillnader relativt små. En jämförelse med genetiska data på öring från en stor del av Sverige visar också att den odlade stammen grupperar tillsammans med övriga vilda populationer i Österdalälven, framförallt de som lever nedströms naturliga vandringshinder (Figur 7).

Även om den odlade Siljansöringen av allt att döma är av lokalt ursprung så har den genomgått ett antal generationer på odling. Odlingsmiljön skiljer sig kraftigt från förhållandena i naturen, och tidigare studier har visat att fisken kan förändras genetiskt relativt snabbt på grund av domesticering (anpassning till odlingsmiljön)(Ford 2002). Denna typ av förändringar som påverkar olika egenskaper hos fisken, som t.ex. tillväxt och beteende, är svåra att studera och kan inte identifieras med den typ av markörer vi använt i denna studie. Samtidigt visar resultaten från utsättningarna av odlad Siljansöring i Fjätälven att denna stam fortfarande har kvar de egenskaper (vandringsbenägenhet och tillväxtpotential) som kännetecknar ett naturligt vandrande ”storöringbestånd”, även om det återstår att undersöka om den odlade öringen klarar av att reproducera sig i det vilda.

Med hjälp av fortsatta genetiska studier kan man studera den introducerade Siljansöringens reproduktiva framgång samt i vilken grad den kommer att hålla sig reproduktivt åtskild från den ursprungliga strömlevande öringen i Fjätälven. Oavsett i vilken grad de båda stammarna hybridiserar bör man dock förvänta sig att andelen vandrande öring i Fjätälven på sikt kommer att ställa in sig på en nivå där för- och nackdelar med att lämna vattendraget balanserar varandra ur ett evolutionärt perspektiv (Bohlin m.fl. 2001). Denna nivå styrs bl.a. av vandringsmöjligheterna samt predationstrycket och födotillgången i de olika miljöerna öringen har möjlighet att ”välja” emellan. Vad gäller Fjätälven så innebar uppförandet av en fiskväg förbi Fjätfallet att det tidigare strömlevande beståndet idag har möjlighet att vandra ut ur vattendraget och återvända. Det är dock oklart var den evolutionärt stabila nivån för vandringsbenägenhet ligger idag och hur stor andel av populationen som i framtiden kommer att lämna vattendraget under uppväxten. Likaså är det oklart om tillskottet av ”Siljansgener” i långa loppet kommer att påverka hur stor andel som vandrar, även om utsättningarna i Fjätälven kortsiktigt har resulterat i en ökad andel storvuxen öring i fisktrappan vid Fjätfallet.



Figur 7. Dendrogram ("släkträd") som illustrerar graden av genetiska likheter/olikheter mellan öringar från undersökningsområdet i Österdalälven (streckad cirkel), samt insjövandrande/strömlevande öringbestånd (blå cirklar) och havsvandrande öringbestånd (röda cirklar) från andra delar av Sverige. Dendrogrammet är konstruerat enligt neighbor joining-metoden (programmet PHYLIP; Felsenstein 2004) och baserat på parvisa genetiska avstånd (chord distance; Cavalli-Sforza & Edwards 1967).

5 Erkännanden

För hjälp med insamling av prover vill vi tacka Stefan Nordin, Lars Törnfeldt, Per Ivar Jonsson och Arne Strid (samtliga från Idre Nord AB) samt Jörgen Mörk från Särna-Idre FVOF. Vi vill också tacka Anders Asp för hjälp med att producera en karta över området, samt Erik Degerman och Carl-Gustaf Thulin för många bra kommentarer på rapporten. Studien har finansierats av Länsstyrelsen i Dalarnas län samt Särna-Idre FVOF som erhållit bidrag från Länsstyrelsen Dalarna. Särskilt betydelsefull för projektet "Storöring i Fjätälven" har (allt för tidigt avlidne) Länsfiskedirektören Ulf Pierrou varit.

Referenslista

- Anderson EC & Thompson EA (2002). A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160:1217–1229.
- Bergman W, Halvarson, J & Larsson M (1989). Öringstammar i Sverige. Åtgärdsstudier för kompensation av fiskeskador. Delrapport 2., Vattenfall, 113 s.
- Bjernulf A (1989). Siljans storöring – Gamla fiskare berättar. Dalarnas museums serie av småskrifter 54.
- Bohlin T, Pettersson J & Degerman E (2001). Population density of migratory and resident brown trout (*Salmo trutta*) in relation to altitude: evidence for a migration cost. *Journal of Animal Ecology* 70, 112-121.
- Bruks A, Carlstein M & Olsén H (2000). Limnologisk förstudie för Siljan.
- Cairney M, Taggart JB & Høyheim B (2000). Characterization of microsatellite and minisatellite loci in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) and cross-species amplification in other salmonids. *Molecular Ecology* 9, 2175–2178.
- Cavalli-Sforza LL & Edwards AWF (1967). Phylogenetic Analysis Models and Estimation Procedures. *American journal of human genetics* 19, 233-257.
- Dannewitz J, Prestegaard T & Bystedt I (2004). Karakterisering av skyddsvärda öringbestånd i Särna-Idre området samt en utvärdering av romutsättningarna i Fjätälven. PM/Rapport från sötvattenslaboratoriet. 14 s.
- Dannewitz J, Palm S, Degerman E, Olsson J, Prestegaard T & Östergren J (2012). Genetisk kartläggning av öring i Mjörn. Aqua reports 2012:11. Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm. 35 s.
- Degerman E, Magnusson K & Sers B (2006). Beståndsstatus hos insjööringbestånd i södra Sverige. 11 s. Information från Svenskt Elfiskeregister, nr 1.
- Dellefors C & Dannewitz J (2007). Insjööringen i sjön Lygnern – härkomst, förekomst och återkomst. Rapport från länsstyrelsen i Västra Götalands län 2007:75.
- Estoup A, Presa P, Krieg F, Vaiman D & Guyomard R (1993). (CT)_n and (GT)_n microsatellites: a new class of genetic markers for *Salmo trutta* L. (brown trout). *Heredity* 71, 488–496.
- Estoup A, Rousset F, Michalakis Y, Cornuet JM, Adriamanga M & Guyomard R (1998). Comparative analysis of microsatellite and allozyme markers: a case study investigating microgeographic differentiation in brown trout (*Salmo trutta*). *Molecular Ecology* 7, 339–353.
- Felsenstein J (2004). PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Ford MJ (2002). Selection in captivity during supportive breeding may reduce fitness in the wild. *Conservation Biology* 16, 815-825.

- Goudet J (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86, 485–486.
- Goudet J (1999). PCA-GEN v. 1.2. Institute of Ecology, Biology Building, UNIL, Lausanne, Switzerland.
- Kalinowski ST, Manlove KR & Taper M (2007). ONCOR: a computer program for genetic stock identification. Montana State University.
- Nielsen EE, Bach LA & Kotlicki P (2006). HYBRIDLAB (version 1.0): a program for generating simulated hybrids from population samples. *Molecular Ecology Notes* 6:971–973.
- O'Reilly PT, Hamilton LC, McConnell SK & Wright JM (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53, 2292–2298.
- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L & Estoup A (2004). GENECLASS2: A Software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95:536–539.
- Poteaux C (1995). Interactions génétiques entre formes sauvages et formes domestiques chez la truite commune (*Salmo trutta fario* L.). PhD Thesis. Université Montpellier II, Montpellier, France.
- Pritchard J, Stephens M & Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–959.
- Schneider S, Roessli D & Excoffier L (2000). ARLEQUIN: A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Lab, Dept. of Anthropology, University of Geneva.
- Scribner KT, Gust JR & Fields RL (1996). Isolation and characterization of novel salmon microsatellite loci: cross-species amplification and population genetic applications. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53, 833–841.
- Slettan A, Olsaker I & Lie O (1995). Atlantic salmon, *Salmo salar*, microsatellites at the SSOSL25, SSOSL85, SSOSL311, SSOSL417 loci. *Animal Genetics* 26, 281–282.
- Vähä J-P & Primmer CR (2006). Efficiency of model-based Bayesian methods for detecting hybrid individuals under different hybridization scenarios and with different numbers of loci. *Molecular Ecology* 15, 63–72.
- Wang JL (2003). Maximum-likelihood estimation of admixture proportions from genetic data. *Genetics*, 164, 747–765.

Bilaga 1.

Parvisa jämförelser, kvantifierade med F_{ST} (=andelen av totala genetiska variationen som består av allelfrekvensskillnader mellan stickproven), mellan samtliga stickprov som ingår i studien av öring från övre Österdalälven, Storån och Siljan: F_{ST} ovan diagonalen och motsvarande P-värden under diagonalen. Se tabell 1 för ytterligare information om de ingående stickproven.

	Biotopområdet- 2002	Biotopområdet- 2003	Fjätälven- 2000	Fjätälven- 2001	Flaken- 2002	Flaken- 2003	Grövlan- 2006	Grövlan- 2007	Hågån- 2004	Hågån- 2005	Krypån- 2006	Krypån- 2007	Siljan-2000	Siljan-2001	Storån nedre-2002	Storån nedre-2003	Storån övre-2001	Storån övre-2002	Sörälven- 2006	Sörälven- 2007	Yxningflon- 2002	Yxningflon- 2003	
Biotopområdet-2002	–	0.01	0.08	0.11	0.09	0.15	0.11	0.15	0.14	0.12	0.07	0.07	0.13	0.10	0.10	0.12	0.19	0.17	0.08	0.07	0.09	0.14	
Biotopområdet-2003	ns	–	0.07	0.10	0.08	0.13	0.10	0.12	0.14	0.11	0.07	0.06	0.11	0.08	0.10	0.14	0.17	0.13	0.07	0.07	0.10	0.15	
Fjätälven-2000	*	*	–	0.03	0.13	0.17	0.11	0.13	0.15	0.13	0.04	0.03	0.08	0.07	0.11	0.14	0.16	0.14	0.04	0.05	0.04	0.03	
Fjätälven-2001	*	*	*	–	0.20	0.24	0.17	0.20	0.19	0.16	0.04	0.05	0.18	0.14	0.15	0.16	0.20	0.19	0.09	0.07	0.02	0.04	
Flaken-2002	*	*	*	*	–	0.02	0.12	0.16	0.11	0.14	0.18	0.15	0.15	0.14	0.13	0.15	0.22	0.19	0.14	0.13	0.23	0.22	
Flaken-2003	*	*	*	*	*	–	0.18	0.20	0.11	0.15	0.24	0.20	0.21	0.21	0.16	0.15	0.25	0.21	0.21	0.17	0.31	0.24	
Grövlan-2006	*	*	*	*	*	*	–	0.02	0.18	0.16	0.11	0.09	0.11	0.10	0.13	0.20	0.23	0.18	0.06	0.12	0.18	0.16	
Grövlan-2007	*	*	*	*	*	*	*	–	0.23	0.20	0.15	0.12	0.12	0.13	0.18	0.25	0.28	0.21	0.10	0.17	0.24	0.19	
Hågån-2004	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.06	0.17	0.14	0.17	0.16	0.11	0.08	0.12	0.10	0.16	0.14	0.20	0.19	
Hågån-2005	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.13	0.13	0.16	0.15	0.02	0.03	0.07	0.03	0.12	0.11	0.16	0.16	
Krypån-2006	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.00	0.11	0.08	0.10	0.15	0.15	0.13	0.04	0.06	0.03	0.07	
Krypån-2007	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	–	0.10	0.07	0.08	0.15	0.15	0.12	0.05	0.05	0.07	0.07	
Siljan-2000	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.02	0.15	0.21	0.19	0.17	0.04	0.11	0.17	0.17	
Siljan-2001	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.13	0.19	0.16	0.14	0.03	0.08	0.12	0.16	
Storån nedre-2002	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	*	*	*	*	–	0.04	0.15	0.12	0.11	0.06	0.17	0.17	
Storån nedre-2003	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	–	0.10	0.12	0.16	0.11	0.15	0.16	
Storån övre-2001	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.02	0.18	0.17	0.21	0.22	
Storån övre-2002	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	ns	–	0.16	0.17	0.23	0.20	
Sörälven-2006	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	0.06	0.10
Sörälven-2007	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.07
Yxningflon-2002	*	*	*	ns	*	*	*	*	*	*	ns	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–	0.08
Yxningflon-2003	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	–

*=P<0.05; ns=ej statistiskt säkerställd skillnad

Bilaga 2 fortsättning

INDIVIDDATA						ONCOR						GENECLASS											
Fångstår	Ind. nr.*	Fångst-plats	Antal loci	Vikt (gram)	Kommentar	"Individual assignment"						Sannolikhet (P) för enskilda referenspopulationer (ej "individual assignment")											
						Rank 1	P	Rank 2	P	Rank 3	P	Bioto-p-omr.	Fjätälven	Flaken	Grövlan	Hågån	Krypån	Siljan	Storån nedre	Storån övre	Sörälven	Yxningflon	
2008	1	Fjätfallet	10	1700		Siljan	1.00						0.00	0.01	0.00	0.22	0.00	0.02	0.19	0.00	0.00	0.04	0.00
2008	2	Fjätfallet	10	1400		Siljan	0.96	Fjätälven	0.04				0.01	0.17	0.00	0.00	0.00	0.01	0.33	0.00	0.00	0.06	0.00
2008	3	Fjätfallet	10	2500		Siljan	1.00						0.05	0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	0.23	0.00	0.00	0.06	0.00
2008	4	Fjätfallet	10	2350		Siljan	1.00						0.06	0.07	0.00	0.01	0.00	0.12	0.92	0.00	0.00	0.45	0.00
2008	5	Fjätfallet	10	500		Fjätälven	1.00						0.00	0.06	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00
2008	6	Fjätfallet	10	800		Fjätälven	0.97	Sörälven	0.02	Krypån	0.01		0.02	0.91	0.00	0.00	0.00	0.73	0.07	0.00	0.00	0.88	0.09
2008	7	Fjätfallet	10	1930		Siljan	1.00						0.01	0.02	0.00	0.06	0.00	0.32	0.79	0.00	0.00	0.07	0.00
2008	8	Fjätfallet	10	400		Fjätälven	0.97	Krypån	0.02				0.01	0.73	0.00	0.00	0.00	0.55	0.01	0.00	0.00	0.15	0.06
2008	9	Fjätfallet	10	1200		Siljan	1.00						0.00	0.06	0.00	0.01	0.00	0.03	0.68	0.00	0.00	0.33	0.00
2008	10	Fjätfallet	10	3050		Fjätälven	0.91	Sörälven	0.07	Yxningflon	0.02		0.00	0.22	0.00	0.00	0.00	0.01	0.01	0.00	0.00	0.24	0.01
2008	11	Fjätfallet	10	300		Fjätälven	1.00						0.00	0.37	0.00	0.01	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.04	0.01
2008	12	Fjätfallet	10	300		Krypån	0.67	Fjätälven	0.33				0.01	0.26	0.00	0.00	0.00	0.48	0.02	0.00	0.00	0.09	0.00
2008	13	Fjätfallet	10	3700		Siljan	1.00						0.00	0.02	0.00	0.03	0.00	0.00	0.43	0.00	0.00	0.09	0.00
2008	14	Fjätfallet	10	250		Fjätälven	1.00						0.00	0.36	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.10	0.00
2008	15	Fjätfallet	10	5040		Siljan	1.00						0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.23	0.00	0.00	0.01	0.00
2008	16	Fjätfallet	10	3420		Siljan	1.00						0.01	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.07	0.00
2009	147	Idresjön	10	5800		Siljan	0.97	Sörälven	0.03				0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.12	0.60	0.00	0.00	0.65	0.00
2009	148	Fjätfallet	10	340		Fjätälven	1.00						0.00	0.62	0.00	0.00	0.00	0.16	0.00	0.00	0.00	0.07	0.02
2009	149	Fjätfallet	10	310		Fjätälven	0.68	Yxningflon	0.31				0.04	0.92	0.00	0.00	0.00	0.72	0.00	0.00	0.00	0.88	0.68
2009	150	Fjätfallet	10	5700		Siljan	0.78	Fjätälven	0.22				0.00	0.61	0.00	0.00	0.00	0.42	0.71	0.00	0.00	0.28	0.00
2010	151	Särnasjön	10	1800		Krypån	0.56	Siljan	0.37	Fjätälven	0.06		0.00	0.13	0.00	0.11	0.00	0.39	0.16	0.00	0.00	0.03	0.01
2010	152	Söget	10	2700		Krypån	0.83	Yxningflon	0.16	Fjätälven	0.01		0.00	0.13	0.00	0.03	0.00	0.72	0.01	0.00	0.00	0.28	0.12
2010	153	Söget	10	4200		Krypån	0.95	Siljan	0.05				0.00	0.01	0.00	0.07	0.00	0.39	0.07	0.00	0.00	0.01	0.00
2010	154	Söget	10	3700		Fjätälven	0.51	Sörälven	0.47	Siljan	0.01		0.00	0.13	0.00	0.00	0.00	0.00	0.02	0.00	0.00	0.28	0.00
2010	155	Fjätfallet	10	510		Fjätälven	0.97	Krypån	0.02				0.01	0.69	0.00	0.00	0.00	0.59	0.01	0.00	0.00	0.17	0.05
2010	156	Fjätfallet	10	3600		Siljan	1.00						0.01	0.01	0.00	0.06	0.00	0.32	0.79	0.00	0.00	0.09	0.00
2010	157	Fjätfallet	10	3000		Siljan	1.00						0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.28	0.00	0.00	0.01	0.00
2010	158	Fjätfallet	10	4500		Siljan	1.00						0.02	0.04	0.00	0.01	0.00	0.00	0.74	0.00	0.00	0.01	0.00
2010	159	Fjätfallet	10	3200		Siljan	1.00						0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00
2010	160	Fjätfallet	10	4700		Siljan	1.00						0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.19	0.00	0.00	0.00	0.00
2010	161	Fjätfallet	10	2800		Siljan	1.00						0.00	0.01	0.00	0.01	0.00	0.01	0.33	0.00	0.00	0.01	0.00
2010	162	Söget	10	4060		Fjätälven	0.92	Krypån	0.07				0.00	0.38	0.00	0.00	0.00	0.35	0.03	0.00	0.00	0.23	0.01
2010	163	Fjätfallet	10	1100		Siljan	1.00						0.00	0.14	0.00	0.00	0.00	0.03	0.62	0.00	0.00	0.16	0.00
2010	164	Fjätfallet	10	1600		Siljan	0.96	Sörälven	0.04				0.00	0.08	0.00	0.01	0.00	0.00	0.47	0.00	0.00	0.53	0.00
2010	165	Fjätfallet	10	2600		Siljan	1.00						0.00	0.14	0.00	0.00	0.00	0.00	0.49	0.00	0.00	0.02	0.00
2010	166	Söget	10	4000		Siljan	1.00						0.00	0.05	0.00	0.03	0.00	0.00	0.88	0.00	0.00	0.45	0.00

* Samma färg indikerar indentisk genotyp, dvs sannolikt provtagning av samma individ vid olika tillfällen

