



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser,
Sötvattenslaboratoriet

2015-06-17

Genetisk utvärdering av utsättningsförsök med öring i Gysinge

Johan Dannewitz & Johan Östergren

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

Bakgrund

I Dalälven mellan älvmyningen och Avesta har det under en mängd år satts ut öring av varierande ursprung. Tidigare flyttades havsvandrande öring av lokal dalälvsstam upp från Älvkarleby förbi vandringshindren i älven men denna verksamhet upphörde 1993-94 med hänvisning till smittorisker. Det har även satts ut stora mängder öring av främmande stammar. I till exempel Gysingeforsarna har det under 2000-talet satts ut stora mängder Heligeåöring och Vänneåöring. Även andra stammar har satts ut i Dalälven nedströms Avesta, som Konnevesiöring, Salomonsåöring, Gullspångsöring samt tidigare även Hansjööring och Bolmenöring (Nichlas Dahlén, muntligen). Uppföljningen av hittills genomförda utsättningar i Dalälven har dock varit undermålig och det är oklart i vad mån dessa resulterat i bestående produktion av öring i området.

Under 2014 genomförde Länsstyrelsen Gävleborg ett utsättningsförsök i Gysinge i syfte att studera om utsatt öring har förmåga att överleva i området. Öringen var av lokal dalälvsstam och levererades från odlingen i Älvkarleby. Utsättningsmaterialet härstammade, enligt uppgift från länsstyrelsen, från totalt 39 familjer och bestod av 30 000 inmatade yngel med en medelvikt av 2 gram. Vävnadsprover för genetisk analys togs från totalt 19 slumpmässigt valda individer varefter öringynglen sattes ut på fyra lokaler den 7 juli 2014. Utsättningarna följdes sedan upp i slutet av augusti samma år med elfisken på dessa lokaler samt två ytterligare lokaler i området som bedömdes innehålla goda habitat för öring. Vid dessa provfisken fångades öring endast på tre av fyra lokaler där utsättningar skett tidigare under sommaren. På de övriga tre lokalerna påträffades ingen öring.

På uppdrag av Länsstyrelsen Gävleborg har Sötvattenslaboratoriet, SLU-Aqua, analyserat de insamlade öringproverna. Totalt har 79 individer analyserats – de 19 individer som provtogs i samband med utsättningen samt 60 individer som

provtogs i samband med det uppföljande provfisket i augusti. Syftet var att studera ursprunget på de vildfångade öringarna från Gysingeforsarna för att se om de härstammade från utsättningsarna samma sommar eller helt eller delvis bestod av öring av annat ursprung.

Resultat och slutsats

DNA extraherades från de insamlade vävnadsproven och genotypbestämdes med hjälp av mikrosatelliter – en typ av genetiska markörer lämpliga vid studier av populationsstruktur och bestämning av ursprung för enskilda individer eller grupper av individer. Totalt har 10 mikrosatelliter studerats, vilka ursprungligen utvecklats för öring eller närbesläktade arter (för mer information om metoden se Dannewitz m.fl. 2014). Genetiska data analyserades statistiskt med följande program: FSTAT (Goudet 1995), GENETIX (Belkhir m.fl. 2001), PHYLIP (Felsenstein 2004), GENECLASS version 2 (Piry m.fl. 2004), ONCOR (Kalinovski m.fl. 2007) och COLONY (Wang 2004).

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 samt totalt över båda stickproven ($F_{IS}=0$, tabell 1). Detta indikerar bland annat att stickproven sannolikt inte består av en blandning av individer av olika genetiskt ursprung. Även den genetiska variationsgraden (mätt som heterozygositet och antal observerade genvarianter) var likartad inom de båda stickproven. Vi fann inte heller någon genetisk skillnad mellan de individer som provtogs innan utsättning och de individer som fångades vid elfiske senare på säsongen ($F_{ST}=-0.003$ (-0.008 – 0.003)). Sammantaget visar dessa resultat att en stor majoritet av den öring som fångades vid provfisket i augusti sannolikt härstammade från de utsättningar av Dalälvsöring som gjordes sommaren 2014.

Då stickproven analyseras i ett dendrogram (släktskapsträd) tillsammans med ett stort antal stickprov av öring från olika platser i Sverige, grupperar de tillsammans med tidigare analyserad havsöring från odlingen i Älvkarleby (figur 1). I släktskapsträdet ingår även stammar som tidigare satts ut i Dalälven (Gullspångsöring, Siljansöring (liknar Hansjööring) samt Konnevesiöring), och dessa uppträder på helt andra grenar i trädet än de analyserade individerna i denna studie. Även dessa resultat visar således att de provfiskade öringarna som analyserats i denna studie främst härstammar från utsättningar av Dalälvsöring.

En faktoriell korrespondensanalys, som illustrerar graden av genetisk likhet och olikhet mellan individer, visade liksom övriga analyser att en stor del av de analyserade individerna sannolikt är av samma ursprung, dvs. härstammar från den odlade stammen i Älvkarleby (figur 2). Det är viktigt att notera att resultat från en korrespondensanalys är relativt svåra att presentera i en tvådimensionell figur, då individernas läge i förhållande till varandra egentligen bör utvärderas i ett

multidimensionellt plan. Några individer tycks dock avvika något från den stora massan och därför gick vi vidare med analyser på individnivå för att försöka reda ut om det trots allt fanns ett litet inslag av öring av annat ursprung.

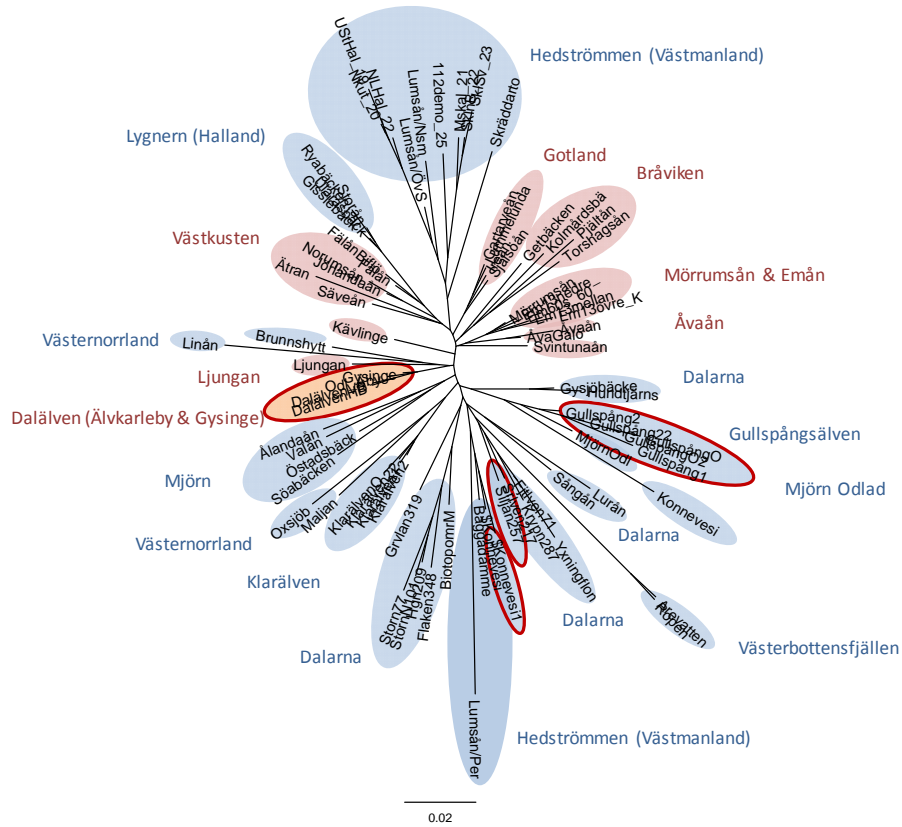
Programmet COLONY, som används för att gruppera individer i sannolika familjegrupper (i detta fall helsyskongrupper), skattade antalet helsyskongrupper i det totala materialet (båda stickproven sammanslagna) till 43. Detta är något högre än de 39 familjer som enligt uppgift ska ha använts i utsättningsförsöket, vilket också antyder att det kan finnas ett fåtal individer av annat ursprung i det provfiskade materialet. De sex individer som i figur 2 tycks avvika från resterande individer (tre vildfångade och tre odlade öringar som är placerade relativt långt ut till höger) härstammar enligt COLONY dock med hög sannolikhet från samma familj (sannolikhet=1). Ursprungsanalyser med programmet GENETIX visade däremot att fyra andra individer (nr 3, 35, 46 och 51) med låg sannolikhet (<0.05) härstammar från den odlade Dalälvsöring som hålls i Älvkarleby. Dessa fyra individer är med ett undantag placerade till vänster i figur 2 och har i figuren ringats in. COLONY placerar dessa fyra individer ensamma i separata familjer. Fortsatta analyser där dessa fyra individer jämfördes med samtliga stickprov av öring som vi förfogar över gav emellertid ingen tydlig indikation om troligt ursprung förutom för individ 46 som med relativt hög sannolikhet härstammar från odlad Konnevesiöring.

Sammanfattningsvis kan vi konstatera att samtliga resultat från denna studie pekar på att en mycket stor andel av de öringar som provtogs vid det uppföljande elfisket i augusti härstammar från utsättningar av Dalälvsöring som skedde tidigare under sommaren. Ett fåtal individer kan dock vara av annat ursprung. Det vore intressant att med genetisk analys följa upp denna och eventuella kommande utsättningar över tiden, samt mer i detalj försöka utreda om tidigare utsättningar av främmande stammar gett något bestående resultat (till exempel genetisk inblandning).

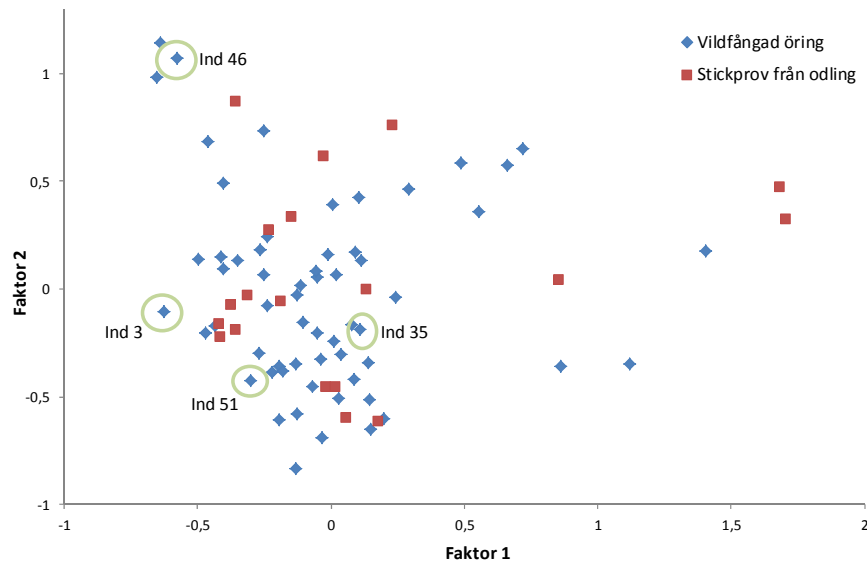
Tabell 1. Benämning av stickprov, stickprovsstorlek, förväntad heterozygositet (H_e), genomsnittligt antal genvarianter per mikrosatellit, motsvarande antal korriberat för skillnader i stickprovsstorlekar (Allelic richness), samt avvikelser från förväntade genotypproportioner enligt Hardy-Weinbergs lag uttryckt som F_{IS} . Ett positivt F_{IS} indikerar underskott av heterozygoter vilket bland annat uppträder då stickprovet består av individer från flera genetiskt distinkta bestånd.

Stickprov	Stickprovsstorlek	H_e	Antal genvarianter	"Allelic richness"	F_{IS}
Vildfångad	60	0.70	7.0	5.9	-0.017 ^{ns}
Odlad	19	0.72	5.9	5.9	-0.028 ^{ns}
Totalt	79	0.70	7.2	5.9	-0.020 ^{ns}

^{ns} ej signifikant skild från 0



Figur 1. Dendrogram ("släktskapsträd") som illustrerar graden av genetiska likheter/olikheter mellan öringar från olika delar av Sverige. Dendrogrammet är konstruerat enligt neighbor joining-metoden (programmet PHYLIP; Felsenstein 2004) och är baserat på parvisa genetiska avstånd. I figuren är insjövandrande/strömlevande öringbestånd markerade med blå cirklar och havsvandrande öringbestånd är markerade med röda cirklar. De analyserade proverna från utsättningsmaterialet samt proverna från provfisket i Gysinge grupperas tillsammans med tidigare analyserade öringprover från Älvkarleby (orange inringad cirkel). Övriga inringade cirklar anger stammar som tidigare satts ut i Dalälven i området mellan mynningen och Avesta.



Figur 2. Faktoriell korrespondensanalys baserad på 10 mikrosatelliter (varje symbol utgör en individ). Punkter som ligger nära varandra utgör genetiskt lika öringar och vice versa. Inringade punkter representerar individer som med låg sannolikhet härstammar från den odlade Dalälvsöringen (enligt programmet GENECLASS).

Tackord

Vi tackar Emma Lind som genomförde de genetiska analyserna. Studien finansierades av medel från Länsstyrelsen Gävleborg.

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.
- Dannewitz J, Palm S, Prestegard T, Spånberg E och Östergren J (2014). Återetablering av vandrande storöring i övre Österdalälven: en genetisk utvärdering av utsättningsförsök av Siljansöring i biflödet Fjätälven. Aqua reports 2014:9.
- Felsenstein J (2004). PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Goudet J (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity 86, 485–486.

- Kalinowski ST, Manlove KR & Taper M (2007). ONCOR: a computer program for genetic stock identification. Montana State University.
- 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.
- Wang JL (2004). Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166: 1963–1979.