



Sveriges lantbruksuniversitet  
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser

2022-05-30

# Genetisk analys av lax från Vänern och Gullspångsälven

Stefan Palm & Linda Söderberg

Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser (SLU Aqua)  
Sötvattenslaboratoriet, Stångholmsvägen 2, 178 93 Drottningholm

## Bakgrund

Sötvattenslaboratoriet (SLU Aqua) har av Länsstyrelsen Västra Götaland (Lst Dnr 623-37784-2020) fått i uppdrag att analysera vävnadsprov från vuxen lax fångad vid yrkes- samt trollingfiske i Vänern. Syftet har varit att med DNA-analys och genetiska referensdata (från tidigare projekt) identifiera andelen vildfödd lax med ursprung från Klarälven resp. Gullspångsälven i fångster från Vänern. Man har även efterfrågat fjälläsning (åldersbestämning) av DNA-identifierade Gullspångslaxar.

I tillägg har Länsstyrelsen önskat DNA-baserad artidentifiering (lax, öring eller arthybrid) av stirr elfiskad i Gullspångsälven. Här har syftet varit att verifiera (kvalitetskontrollera) visuella artklassificeringar som tidigare gjorts på levande fisk i fält.

## Genomförande

Totalt DNA-analyserades 113 fjällprov tagna av yrkesfiskare (vuxen fisk fångad 2018-2021), 34 fenprov tagna av trollingfiskare (vuxen fisk fångad 2021) samt 26 fenprov från stirr i Gullspångsälven (elfiske 2020). Enligt information från Länsstyrelsen har instruktioner skickats ut till berörda yrkes- och trollingfiskare om att endast provta oklippt (vildfödd) lax. Enligt individprotokoll ifyllda av yrkesfiskarna hade 107 av de 113 provtagna fiskar intakt fettfena, medan uppgift saknades för de övriga sex. Från trollingfisket saknades uppgift om fettfena (ja/nej) i samtliga fall.

Genetisk analys har skett med avseende på 18 variabla DNA-markörer (s.k. mikrosatelliter) där referensdata för vildfödd lax från Gullspångsälven och Klarälven finns tillgängliga från tidigare

projekt för 17 av markörerna (Palm m.fl. 2018). Efter DNA-baserad artidentifiering har den vuxna fiskens stamtillhörighet uppskattats statistiskt enligt samma metoder som redovisas av Palm m.fl. (2018). För stirr (och vuxen fisk) användes även en för Sötvattenslaboratoriet ny metodik, där artspecifik variation i maternellt nedärvt mitokondriellt DNA (mtDNA) studerats för att avgöra om identifierade arthybrider härstammar från en laxhona som korsats med en öringhane eller vice versa.

De genetiska analyserna försvårades av en generellt bristande DNA-kvalitet. Som följd fick många vävnadsprov analyseras upprepade gånger, och i flera fall kunde inte kompletta genotyper erhållas för samtliga 18 mikrosatelliter. För några av de fjällprovtagna individerna från yrkesfisket förekom även kontamination, d.v.s. att DNA från mer än en individ påträffades för samma vävnadsprov. Detta kan bero på att man inte varit tillräckligt noga med att torka av det redskap (kniv) som använts vid provtagningen. Liknande kvalitetsproblem förekom även vid en tidigare analys av fjällprov för yrkesfiskad lax från Vätern (Palm m.fl. 2018).

Visuell åldersläsning av fjäll från vuxen Gullspångslax identifierad med hjälp av DNA (4 individer; se nedan) har skett med avseende på sannolikt ursprung (vildfödd/odlad), smoltålder, antal år i sjön samt eventuella tecken på tidigare lek.

## Resultat och diskussion

Nedan sammanfattas och kommenteras de viktigaste resultaten kortfattat:

### *Yrkesfiskad vild (oklippt) lax*

Av de 113 individerna visade sig 3 vara arthybrider (avkomma efter korsning mellan lax och öring), medan 5 var öringar. En individ med bristfällig DNA-kvalitet kunde antingen vara lax eller hybrid, och har därför av försiktighetsskäl nedan betraktats som hybrid. Av de 104 laxarna erhöles 92 en fullständig genotyp (samtliga 18 mikrosatelliter), medan övriga 12 individer saknade data för mellan en och 11 av de analyserade markörerna.

Av de 92 laxarna med fullständig genotyp identifierades två (2,2 %) med hög sannolikhet (99-100 %) som Gullspångslax, medan övriga 90 fiskar med hög sannolikhet (100 %) var Klarälvslox. När ursprungsanalysen utvidgades till att omfatta individer med högst en saknad genotyp identifierades fyra av 99 (4,0 %) som Gullspångslax. Samtliga dessa fiskar hade notering om intakt fettfena. En av de fyra individerna var dock endast Gullspångslax med 77 % sannolikhet, eventuellt beroende på problem med kontaminering vid DNA-analysen av denna individ. När denna osäkra lax exkluderades skattades andelen Gullspångslax i yrkesfiske-materialet till 3,1 % (tre av 98 individer). Fångstplats och datum för de sannolika Gullspångslaxarna framgår av Excelfil med genetiska rådata, art- och stambestämmingar samt övriga metadata som levereras till Länsstyrelsen separat.

Åldersläsningen av fjäll från de fyra identifierade Gullspångslaxarna, varav en mer osäker, försvårades av att dessa delvis tycktes vara tagna på fel plats på fisken (ovanligt stor storleksvariation bland fjällen). Antalet år i sjön (adultåldern) varierade mellan ett och två år. Trots uppgift om fettfena hade fjällen från tre av individerna ett utseende som indikerade att dessa var uppvuxna i odling (en dock med osäkert odlat ursprung). Noterbart är vidare att individen vars fjäll hade ett vildfött utseende också hade en torkad fettfena medskickad i fjällpåsen, samt att det var denna individ som enligt DNA-analysen hade lägst sannolikhet att vara Gullspångslax (endast 77 %). Smoltåldern för denna osäkra Gullspångslax lästes till tre år, vilket bedöms vara en ovanligt hög smoltålder för vild lax i Gullspångsälven medan det är vanligt bland vild lax i Klarälven.

### *Trollingfiskad vild (oklippt) lax*

Endast två av individerna saknade data för en av mikrosatelliterna efter omkörning. Av de 34 individerna visade sig en vara öring, medan övriga var laxar (inga arthybrider kunde identifieras). Enligt stambestämningen var samtliga 33 provtagna laxar av Klarävsstam (32 med 100 % sannolikhet, en med 88 %).

### *Total andel Gullspångslax (Vänern)*

När de analyserade materialen från yrkes- och trollingfiske kombinerades, och endast lax med hög datakvalitet (högst en saknad genotyp) och säkra stambestämmingar (99-100 % sannolikhet) beaktades, skattades andelen Gullspångslax bland vuxen vildfödd (oklippt) lax fångad i Vänern till 2,3 % (3 av 130 individer). Denna andel är av samma storleksordning som rapporterats vid tidigare ursprungsanalyser av vildfödd lax från Vänern (Palm m.fl. 2018 med referenser). Ovanstående resultat från fjälläsning av de få identifierade Gullspångslaxarna (vilka indikerar att flera av dessa tycks ha odlat ursprung) väcker dock frågor, bl.a. om hur det analyserade materialet har samlats in och i vilken grad det går att lita på de individuppgifter som skickats in.

### *Elfiskad stirr (Gullspångsälven)*

Totalt analyserades DNA från 26 individer. Efter omkörningar erhöll alla individer utom en fisk en komplett genotyp för samtliga 18 mikrosatelliter. Tolkningen av resultatet komplicerades dock av att märkningen på åtta av rören hade försvunnit (helt eller delvis) beroende på att etanol delvis hade läckt ut och rören var märkta med vanlig spritpenna. Rören hade dessutom tyvärr blandats om under transporten, vilket gjorde att deras ordningsföljd i lådan inte kunde användas som vägledning för att försöka rekonstruera vilket rör (med förlorat löpnummer) som var vilket.

För de 20 individerna med tolkbar rörmärkning visade sig sju vara arthybrider (lax x öring); samtliga av dessa individer hade också klassificerats som hybrider i samband med provtagningen i fält. Övriga 13 individer var lax enligt DNA och var även klassificerade som detta vid elfisket. Bland de fem individerna med ett saknat/osäkert rörnummer visade sig tre vara lax enligt DNA, medan två var arthybrider. För de individer utan säkert rörnummer som motsvarar dessa fem rör med DNA-analyserad vävnad hade man i fält bedömt fyra som lax och en som hybrid. Sammantaget visar detta att den personal som utfört elfisket i Gullspångsälven har haft en god förmåga att visuellt skilja stirr av lax från arthybrider (endast i ett fall tycks man ha bedömt en hybrid som lax).

Samtliga nio identifierade arthybrider bar på mtDNA från öring, vilket innebär att de uppstått genom att en öringhona befruktats av en laxhane. Detta tycks också vara det vanligaste parningsmönstret vid hybridisering mellan lax och öring, även om enstaka exempel på motsatsen - laxhona x öringhane - finns rapporterade (se t.ex. Palm m.fl. 2013 med referenser).

## **Erkännanden**

Tack till Magnus Kokkin och Malin Hällbom (SLU Aqua) för assistans med åldersbestämningar.

## **Referenser**

- Palm S, Dannewitz J, Prestegaard T, Östergren J (2013). Laxing och felvandrad lax i Mörrumsån. En genetisk analys. *Aqua reports* 2013:20. 44 s.
- Palm S, Söderberg L, Kokkin M (2018). Biologisk analys av nätfångad lax från Vänern. PM från Sveriges lantbruksuniversitet, 8 s.