



**Publiceringsdatum**

2023-12-05

**Kontaktpersoner**

Jennie Barthel Svedén  
Enheten för miljöanalys  
Länsstyrelsen i Stockholms län  
Tfn växel: 010-223 10 00  
[stockholm@lansstyrelsen.se](mailto:stockholm@lansstyrelsen.se)

Nicole Reid

Enheten för vatten  
Länsstyrelsen i Jönköpings län  
Tfn växel: 010-223 60 00  
[jonkopings@lansstyrelsen.se](mailto:jonkopings@lansstyrelsen.se)



Signalkräfta. Foto: Annica Karlsson, WaterCircle.

# Genetiska metoder för övervakning av invasiva främmande arter

## Erfarenheter från Stockholms län

Under det senaste decenniet har eDNA-metodiken utvecklats snabbt. Länsstyrelsen i Stockholms län har utforskat möjligheterna med eDNA i ett antal projekt inom ramen för arbetet med invasiva främmande arter. Projekten har dels använt sig av flerartsanalys, så kallad metabarkoding, där genetiska markörer används för att identifiera samtliga arter inom en grupp (exempelvis fisk), dels enartsanalys (målartsanalys), där känsliga PCR-metoder används för att söka ut förekomst av en specifik art. Faktabladet tar också upp ett projekt där en annan genetisk metod, Sanger-sekvensering, användes för att screena efter arter i biologiskt material insamlat från skrovpåväxt från fritidsbåtar. Samtliga projekt har finansierats av medel från Havs- och Vattenmyndigheten avseende invasiva främmande arter, anslag 1:11.

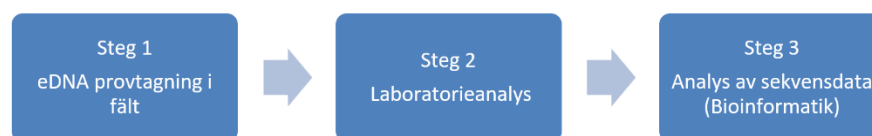
## Grunderna i eDNA

### Vad är eDNA?

Alla levande organismer lämnar genetiska spår efter sig i sin miljö, till exempel i form av avföring, hår och döda celler. Metodiken att samla in information om arters förekomst utifrån detta miljö-DNA (environmental DNA) kallas eDNA. Metodiken genomgår en snabb utveckling och har börjat användas inom övervakning och inventering. Det finns fortfarande behov av utveckling av metodiken, exempelvis gällande reproducerbarhet (Töpel & Pinder 2022).

### eDNA som metod

I akvatiska miljöer kan eDNA utvinnas utan att man vare sig fångar eller ser organismer. Istället används molekylära analyser som anger vilka arter som finns inom området. Denna eDNA-metod omfattar tre steg (figur 1).



Figur 1. Tre steg i eDNA- metodiken.

### Steg 1: eDNA-provtagning i fält

eDNA-provtagning kan genomföras i olika typer av vattenmiljöer, till exempel dammar, sjöar, vattendrag, kust och hav (figur 2). Provtagningsstrategin utgår från vattenmiljöns hydrologiska förutsättningar och arternas livsmiljö och livscykel. Vid en lokal bör flera delprover tas för att täcka in så många livsmiljöer som möjligt. Om en specifik art är av intresse bör exempelvis kunskap om vandring och lekperiod beaktas eftersom mängden DNA från arten kommer att variera med säsongen. Sjöars temperaturskiktning, vattendrags strömförhållanden och kustens strömmar är exempel på parametrar som påverkar resultaten. Eftersom DNA snabbt bryts ner (efter en till två veckor i vattenmassan beroende på temperatur med mera) innebär eDNA-provtagning att filtrering och fixering (exempelvis med etanol) av vattenproverna sker i fält och att proverna förvaras kyllda fram till analys. I fältprovtagningen ingår också negativa kontroller, alltså rent vatten som genomgått samma filtreringsprocedur som proverna. Detta för att undersöka eventuella kontamineringskällor under fältprovtagningen.

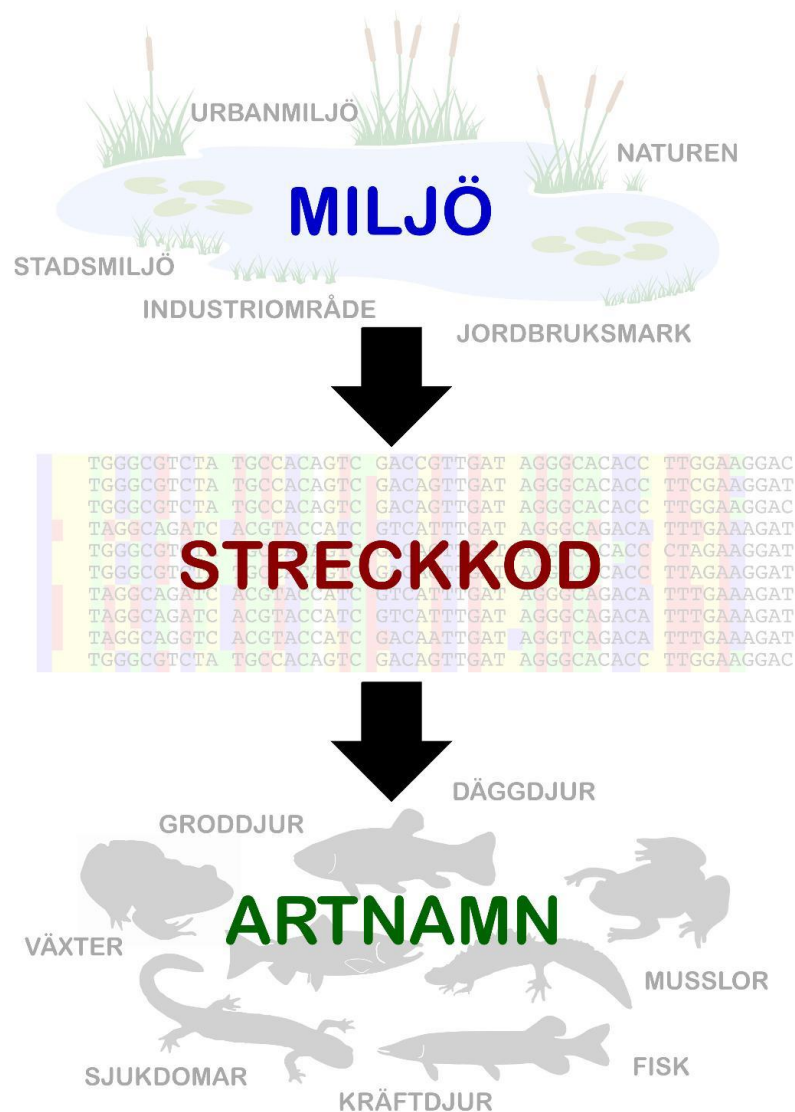
### Steg 2: Laboratorieanalys

Det finns några vanliga procedurer för laboratorieprotokoll vid eDNA-analys. eDNA extraheras enligt laboratoriets egna protokoll. Efter eDNA-extraktion används metoden PCR (Polymeras Chain Reaction), som bygger på att en kort DNA-sekvens, som är unik för arten/arterna som ska inventeras, amplifieras (det vill säga kopieras och mångfaldigas) i PCR-reaktionen. Enartsanalys (ddPCR, qPCR) använder en molekylär markör, en del av till exempel gensekvenserna CO1, 12S rDNA eller 16S rDNA, som är unik för den enskilda målarten. Metabarkodning (flerartsanalyser) använder en bredare markör för att kunna detektera fler arter. Fisk analyseras exempelvis vanligtvis med markören 12S rDNA (Miya et al.

2015). Laboratoriet gör alltid en negativ kontroll för att säkerställa kvaliteten av resultaten. Analyser kan också använda en positiv kontroll med kända arter för att säkerställa att analysen upptäcker arter.

### Steg 3: Analys av sekvensdata (Bioinformatik)

Efter analys tar så kallad sequencing facilities fram streckkoder. Streckkoderna är unika för varje enskild art. Först jämförs streckkoden med en specifik referensdatabas, till exempel MIDORI (Leray et al. 2022). Det är en global databas av mitokondriella DNA-sekvenser som används som referens. Därefter jämförs streckkoden med en databas som innehåller streckkoder för alla arter som är registrerade i databasen. Den vanliga databasen för detta steg är GenBank som är upprätthålls av National Center for Biotechnology information, NCBI (Altschul et al. 1990). Streckkoderna matchas mot databasen och får fram identitet till artnivå.



Figur 2. En bild av eDNA-metodiken.

## Fallstudier från Stockholms län

### Fiskarter i Mälaren – med fokus på svartmunnad smörbult

I augusti 2022 utfördes en eDNA-undersökning för flerartsanalys av fisk i Mälaren på uppdrag av Länsstyrelsen i Stockholm (Hernvall m.fl. 2022). Sammanlagt 20 lokaler i Mälaren provtogs, varav fem även undersöktes på samma sätt 2018 (Hellström m.fl. 2018). Undersökningen hade särskilt fokus på eventuella förekomster av svartmunnad smörbult (*Neogobius melanostomus*) men syftade också till att undersöka fisksamhället i stort.

Den svartmunnade smörbulten (figur 3) är inhemsk i det pontokaspiska området och har sannolikt spridit sig via barlastvatten. Arten upptäcktes i Östersjön först i Gdanskbukten 1990 och i svenska vatten vid Karlskronas hamn 2008. Idag finns arten etablerad längs stora delar av Östersjökusten upp till Gävleområdet, men förekommer även längre norrut. Inrapporterade förekomster i Stockholms län gäller främst södra skärgården.

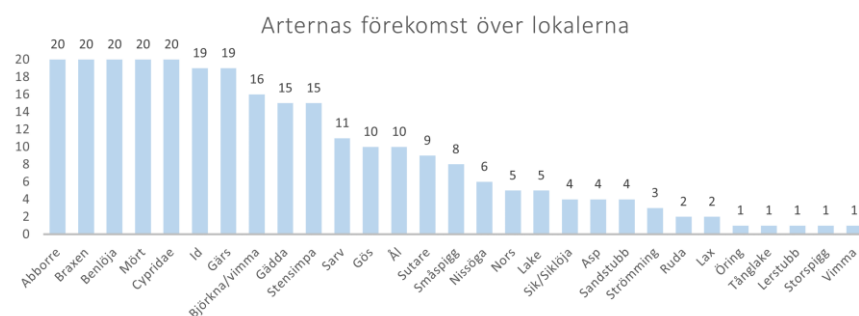
Den svartmunnade smörbulten har en mycket hög risk för invasivitet (riskklass 5, Strand m.fl. 2018). Hoten mot inhemsk fauna består i att den är aggressiv och territoriell och kan därmed tränga undan andra arter. Den äter musslor samt andra arters rom (Florin m.fl. 2021). Själv äts smörbulten exempelvis av abborre. I andra delar av Östersjöområdet anses den vara en god matfisk och skulle därför kunna nyttjas som en resurs.



Figur 3. Svartmunnad smörbult (*Neogobius melanostomus*).

Analysen detekterade 29 fiskarter vid de undersökta lokalerna i Mälaren (figur 4). Svartmunnad smörbult kunde inte påvisas vid någon av lokalerna. Tydliga säsongsvariationer i fisksamhället kunde ses mellan 2018 (provtagning i maj) och 2022 (provtagning i augusti). Antalet sekvenser i maj 2018 indikerade exempelvis att provtagningen prickat in reproduktionsperioden för strömming. Vid en jämförelse mellan relativ biomassa (eDNA) och biomassa (fångstvikt) från historiska nätprovfisken vid motsvarande lokaler visade dessa resultat på relativt god samstämmighet. Id, asp och ål var dock exempel på arter som påvisades med eDNA men som inte fångats med nätprovfiske.

Resultaten av studien indikerar att eDNA har potential att detektera sällsynta och svårfångade arter. Resultaten tyder också på att svartmunnad smörbult ännu inte etablerat sig i Mälaren. eDNA kan användas på större geografisk skala och därigenom screena för exempelvis främmande och sällsynta arter, varefter mer detaljerade inventeringar kan göras. Däremot erhålls inte data om kön, storlek och hälsostatus hos fiskarna. En kombination av eDNA-metodik och traditionella metoder kan därför vara en framgångsrik väg mot förbättrade underlag för förvaltning och övervakning.



Figur 4. Arternas förekomst över 20 undersökta lokaler. Y-axeln anger antal lokaler (från Hernvall m.fl. 2022).

### Kräftor och kräftpest

Nordamerikanska signalkräftor planterades ut i Sverige under 1960-talet i syfte att ersätta den inhemska flodkräftan som minskat på grund av kräftpest, en parasitisk svampsjukdom. Signalkräftan visade sig dock vara bärare av en annan slags kräftpest, vilket allvarligt försämrade situationen för den inhemska flodkräftan. I regel är signalkräftan en motståndskraftig bärare av kräftpest, men i situationer av stress till följd av försämrad vattenkvalitet kan även signalkräftor insjukna. Även idag sker olagliga utsättningar av signalkräfta.

Signalkräftan är spridd över hela Stockholms län (figur 5). Arten har en mycket hög risk för att vara invasiv (klass 5, Strand m.fl. 2018). Det finns ett nationellt hanteringsprogram för signalkräftan där olika åtgärder för att minimera negativa effekter samt vägledning kring nyttjande finns samlade (Havs- och vattenmyndigheten 2020).

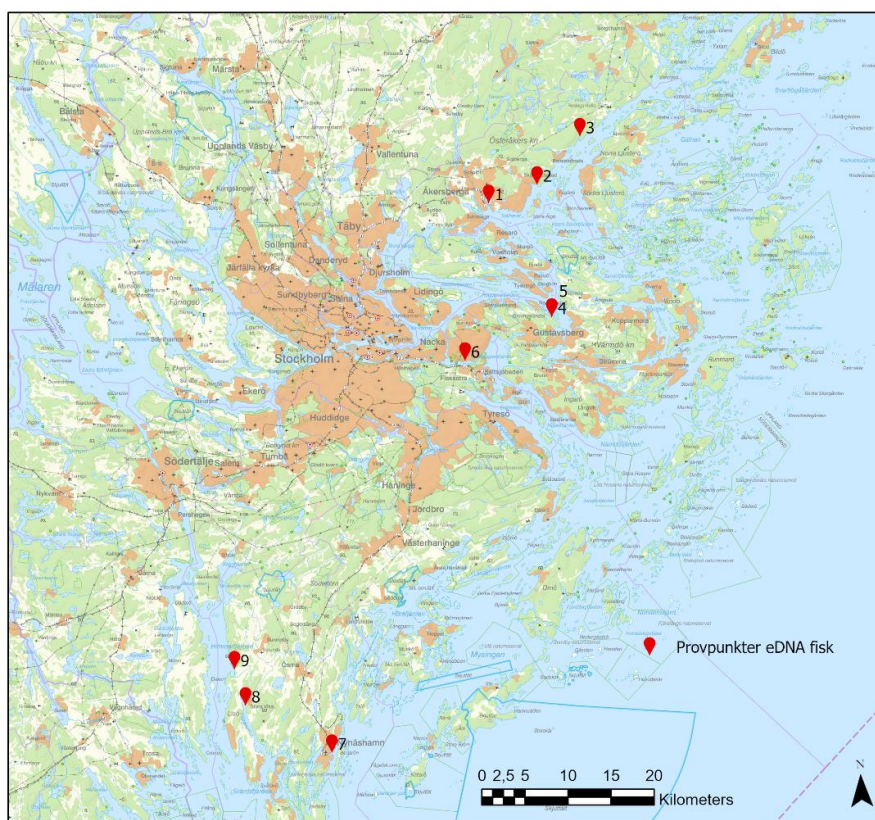
I slutet av augusti 2022 utfördes en inventering av flodkräfta *Astacus astacus* och signalkräfta *Pacifastacus leniusculus* i tre små sjöar i länet, på uppdrag av Länsstyrelsen Stockholm (Karlsson m.fl. 2022). Inventeringen utfördes både med kräftprovfisken samt eDNA-provtagning för att testa metodernas samstämmighet. Två av sjöarna hade bestånd av signalkräfta och i en av sjöarna fanns flodkräftor. I sjöarna med signalkräfta detekterades arten med eDNA vid nio av 15 respektive nio av tio lokaler. I sjön med flodkräfta detekterades arten vid sju av 15 lokaler. I en av sjöarna kunde också kräftpest påvisas med eDNA. Studien visade att eDNA som undersökningsmetod har potential att fungera på kräftor, men det krävs en stor mängd filtrerat vatten eftersom sensitiviteten i analysen är låg.



Figur 5. Signalkräfta. Foto: Annica Karlsson, WaterCircle.

### Fiskarter vid kustlokaler

I september 2022 genomförde Länsstyrelsen vattenprovtagning för eDNA på kustlokaler med hög fritidsbåtsaktivitet (Figur 6). Vid Trälhavets marina (1), Skärgårdsstad (2), Dyviks marina (3), Nynäshamns gästhamn (7) och Fällnäsvisken (8) togs 3–5 delprover från strandkanter och bryggor med bågare på skaft (cirka 0–2 m provdjup). Vid Räcknäs (4 och 5) togs prov dels strandnära (tre delprover på 0–0,5 m djup), dels med vattenhämtare på 5 m djup (ett prov). Vid Lännersta (6) togs flera delprov genom att kasta ut en provtagningsflaska från brygga.



Figur 6. Karta över provtagna kustlokaler i september 2022 med avseende på eDNA, flerartsanalys av fiskfaunan.

Proverna analyserades med flerartsanalys (metabarkoding) med markören 12S i syfte att få en bild av fiskfaunan och särskilt undersöka om den invasiva främmande arten svartmunnad smörbult (*Neogobius melanostomus*) förekom vid lokalerna. Totalt identifierades DNA från 27 olika fiskarter i proverna (Panova m.fl. 2023a). Abborre och mört förekom vid alla lokaler i stort antal sekvenser. Även spigg, lerstubb/sandstubb, löja och braxen återfanns i stort antal sekvenser vid många av lokalerna. Id förekom med litet antal sekvenser vid alla lokaler och ål noterades vid en lokal. DNA från svartmunnad smörbult påträffades vid en lokal, Räknäs, yta, i ett stort antal sekvenser. Däremot gav analysen ingen träff på svartmunnad smörbult i Nynäshamn, ett område där arten förekommer enligt bland annat inrapporteringar i Artportalen. Tidpunkt för insamling, metod och total mängd data var lika för Räknäs och Nynäshamn och kan därför inte förklara varför arten inte identifierades i Nynäshamn. Tidigare undersökningar har visat att eDNA är en pålitlig metod för att upptäcka svartmunnad smörbult (Sundberg m.fl. 2022).

En annan intressant observation var de relativt stora skillnaderna i resultat för prover från Räknäs tagna vid yta och på fem meters djup. DNA från spigg, stensimpa, lerstubb/sandstubb, gädda, ål, färna och svartmunnad smörbult påträffades enbart i ytprovet. I provet från fem meters djup från Räknäs påträffades däremot en annan främmande art; regnbåge (*Oncorhynchus mykiss*). Skillnaderna kan delvis bero på att tre delprover togs vid ytan men bara ett på fem meters djup. Arternas biologi kan också spela in. Studier har visat att provtagningsdjup påverkar sannolikheten att upptäcka olika fiskarter med hjälp av eDNA (Rourke et al. 2022).

Erfarenheterna från projektet visar på vikten av att ta flera delprover på en lokal, helst på olika djup, för att fånga upp så många arter som möjligt i samlingsprovet.

### **Vitfingrad brackvattenskrabba (*Rhithropanopeus harrisi*)**

Den lilla vitfingrade brackvattenskrabban (max cirka två cm över ryggskölden) kommer ursprungligen från brackvattensområden längs den nordvästra Atlant-kusten, USA:s östkust. Det är troligen via sjöfarten som arten har spridit sig, bland annat till Östersjön. Den bedöms enligt SLU ha låg risk för invasivitet (riskklass 2, Strand m.fl. 2018). Krabban påträffades första gången i Sverige 2014, vid Oxelösund. Under 2020–2022 har flera rapporter inkommit till Artportalen från Nynäshamnsområdet, speciellt Fällnäsvisken. Krabbor av olika storleksklasser förekommer där, vilket indikerar att arten reproducerar sig (figur 7). Från Finland rapporteras att arten under ett drygt decennium endast förekom i Skärgårdshavet, men att den under sommaren 2022 hittats såväl norrut som i Helsingfors (HBL 2022). Detta indikerar att arten kan komma att få ökad spridning i framtiden. En farhåga med den vitfingrade brackvattenskrabban är att den kan bära på sjukdomar (SLU 2023).

I september 2022 genomförde Länsstyrelsen en pilotstudie för att undersöka om eDNA (målartsanalys, ddPCR) är en lämplig metod för att övervaka arten (Panova m.fl. 2022). Vattenprover togs ytligt med spann längs en stenstrand vid en lokal i Fällnäsvisken med känd förekomst av arten. Vid provtillfället noterades två krabbor.



Figur 7. Vitfingrad  
brackvattenskrabba från  
Fällnäsvisken, Nynäshamn.

För att testa metoden hölls också en krabba (infångad på lokalen) i en spann med vatten över natten (med syretillförsel och stenar från lokalen), varefter hela vattenvolymen filtrerades. Vid analys fanns en tydlig DNA-signal från målarten i vattenprovet från spannen. Däremot gick det inte att påvisa arten i fältprovet från Fällnäsvisken. Resultaten visar alltså att metoden för vitfingrad brackvattenskrabba fungerar men att det inte är säkert att DNA fångas upp i en fältsituation. Övervakning av arten med eDNA riskerar därför att ge falska negativa resultat. Det är möjligt att en annan tid på året, med varmare vatten och fler samt aktivare krabbor, skulle öka möjligheterna att fånga upp DNA-molekyler. Tidigare studier på blåskrabba har dock visat på liknande resultat; en fungerande metod men svårigheter att detektera arten i en fältsituation (Sundberg m.fl. 2016).

Slutsatsen från pilotstudien är att eDNA inte är en säker och fungerande metod för övervakning av vitfingrad brackvattenskrabba.

### Uppföljning av utrotningsinsats

I juni 2021 hittades en märklig fisk i en damm. Fisken identifierades som *Misgurnus nikolskyi*, en sibirisk art av så kallad väderfisk/väderål (Vasil'eva 2001). Prover togs för att utveckla primer och metod för enartsanalys och kunna detektera arten med eDNA. Under november 2021 pumpades vatten ut från dammen med syftet att bottenfrysa den och utrota fisken. Det milda vintervädret medförde dock att dammen i februari 2022 var vattenfylld på nytt. Nya eDNA-prover togs i dammen i april och maj 2022 och resultaten från dessa prover visade att väderfisken fanns kvar (Eiler & Ahmed 2022). Troligen hade den överlevt tömningen genom att gräva ner sig i dyn. Detta är ett bra exempel på fall där eDNA kan användas i samband med åtgärder mot invasiva främmande arter, för att följa upp en utrotningsinsats och besluta om nya åtgärder. eDNA har också använts för att följa upp utrotningsinsatser mot solaborre (Sundqvist m.fl. 2022).

### Påväxt på fritidsbåtar

I oktober 2022 samlade Länsstyrelsen Stockholm in prover av påväxt från båtskrov i två småbåtshamnar; Trälhavets båtklubb och Bullandö marina

(figur 8). Provtagningen gjordes i samband med att båtar togs upp och rengjordes inför vinterförvaring. Påväxtprov togs från olika delar av skrovet med hjälp av spatel eller liten borste och fördes över till rör med etanol.

För prover med olika djurtaxa användes metoden Sanger-sekvensering och markören CO1. Samtliga tretton prover kunde identifieras med tekniken (Panova m.fl. 2023b). I proverna förekom bland annat blåmussla (*Mytilus edulis*) och sötvattenssvamp (*Ephydatia fluviatilis*), samt de införda arterna havstulpan och klubbpolyp. Slät havstulpan (*Amphibalanus improvisus*), som är ett slags kräftdjur, kom till Östersjön i mitten av 1800-talet, troligen som påväxt på fartyg. Idag är den mycket spridd längs kusten och mycket vanlig som påväxt på exempelvis båtar och bryggor. Klubbpolypen (*Cordylophora caspia*) kommer som namnet antyder ursprungligen från det pontokaspiska området och observerades första gången i svenska vatten i början på 1800-talet. Den är vanlig som påväxt på båtar och kan orsaka problem genom att exempelvis sätta igen rör. I prover från Bullandö marina fanns också de för länet relativt nya invasiva främmande arterna tigmärsla (*Gammarus tigrinus*) och trekantig brackvattensmussla (*Mytilopsis leucophaeata*). Båda arterna härstammar från Nordamerika och har bedömts ha hög risk för invasivitet (riskklass 4, Strand m.fl. 2018).



Figur 8. Påväxt av trekantig brackvattensmussla (TV) samt havstulpan, klubbpolyp och sötvattenssvamp (TH).

*Gammarus tigrinus* har tidigare rapporterats in från ett fåtal kustlokaler, däribland Brunnsviken. Arten har även hittats i Mälaren (Medins 2020). Den trekantiga brackvattensmusslan rapporterades första gången från Stockholms län i september 2021, då en omfattande settling upptäcktes i en vik i Värmdö kommun. Vid eftersök under oktober-november 2022 konstaterades att arten hade stor spridning mellan Värmdö och Ingarö (Biologik 2022). Arten noterades även på Smådalarö och Lidingö vilket indikerar spridning söderut samt in mot Stockholm. Nya rapporter i Artdatabanken under hösten 2022 kom även från Österåkers kommun.

Fynden av tigmärsla och trekantig brackvattensmussla i skrovpåväxten indikerar att fritidsbåtar kan vara en viktig spridningsvektor för invasiva främmande arter.

## Slutsatser

Erfarenheterna från Stockholms län visar att eDNA-metodik i många fall är lämpligt för att komplettera övervakningen av, och följa upp insatser emot, invasiva främmande arter. Metoden fungerar bra och är väl beprövad vad gäller fisk, men bör användas med större försiktighet var gäller kräftdjur.

## Tack

Vi vill tacka Centrum för genetisk identifiering vid Naturhistoriska Riksmuseet, eDNA Solutions/WaterCircle, MixResearch och SeAnalytics för genomförda projekt.

## Referenser

- Altschul S.F., Gish W., Miller W., Myers E.W. & Lipman D.J. (1990). Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* 215: 403–410. PubMed.
- Biologik (2022). Trekantig brackvattensmussla – inventering i Stockholms län 2022. Rapport 2022:21, Länsstyrelsen Stockholm.
- Eiler A. & Ahmed O. (2022). Metodutveckling: qPCR för detektion av *Misgurnus nikolsky* och *Triturus cristatus*. eDNA solutions Rapport 2022:06.
- Florin A-B., Jonsson A-L. & Gisselman F. (2021). Svartmunnad smörbult – en invasiv främmande art i våra svenska vatten. Rapport 2021:7. Havs- och vattenmyndigheten.
- Havs- och vattenmyndigheten (2020). Hanteringsprogram för signalkräfta. Havs- och vattenmyndighetens rapport 2020:27.
- HBL (2022). Invasiv krabbart har landstigit i Helsingfors. Tillgänglig: <https://www.hbl.fi/artikel/9fd02f47-8e86-4aaf-9f36-998807a9eead> (2022-12-21).
- Hellström M., Näslund J. & Spens J. (2018). eDNA-inventering av svartmunnad smörbult i utvalda högriskområden vid svenska Östersjökusten. *AquaBiota Rapport* 2018:10.
- Hernvall P., Birgersson V. & Hellström M. (2022). eDNA-inventering av fiskfaunan i Mälaren, med fokus på svartmunnad smörbult – Stockholms län. *MIX Research Sweden. Rapport* 2022:14.
- Karlsson A., Eiler A. & Ahmed O. (2022). Kräftprovfiske och eDNA-analys -Stockholms län 2022. eDNA Solutions rapport 2022:2.
- Leray M., Knowlton N. & Machida R. J. (2022). MIDORI 2: A collection of quality controlled, preformatted, and regularly updated reference databases for taxonomic assignment of eukaryotic mitochondrial sequences. *Environmental DNA*, 4 (4): 894–907.
- Medins Havs- och Vattenkonsulter AB (2020). Bottenfauna i Stockholms stad 2020 – En undersökning av bottenfauna i tio sjöar, två mälärvikar samt i Brunnsviken.
- Miya M., Sato Y., Fukunaga T., Sado T., Poulsen J. Y., Sato K., ... & Kondoh M. (2015). MiFish, a set of universal PCR primers for

- metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society open science*, 2(7): 150088.
- Panova M., Breidenbach M., Sundberg P., Barthel Svedén J. & Reid N. (2022). Inventering av vitfingrad brackvattenskrabba (*Rhithropanopeus harrisi*) med eDNA-metodik – en pilotstudie. SeAnalytics, rapport 2022–10.
- Panova M., Breidenbach M. & Sundberg P. (2023a). Analys av förekomst av fiskarter i kustlokaler i Stockholms län med hjälp av eDNA-streckkodning. SeAnalytics, rapport 2023–01.
- Panova M., Breidenbach M. & Sundberg P. (2023b). Artbestämning av påväxt på fritidsbåtar med hjälp av DNA-streckkodning. SeAnalytics, rapport 2022-13.
- Rourke M. L., Fowler A. M., Hughes J. M., Broadhurst M. K., DiBattista, J. D., Fielder S., Walburn J.W. & Furlan, E. M. (2022). Environmental DNA (eDNA) as a tool for assessing fish biomass: A review of approaches and future considerations for resource surveys. *Environmental DNA*, 4(1): 9–33.
- SLU (2023). Artdatabanken – Artfakta. Tillgänglig: <https://artfakta.se/artbestamning>.
- Strand M., Aronsson M. & Svensson M. (2018). Klassificering av främmande arters effekter på biologisk mångfald i Sverige – Artdatabankens risklista. Artdatabanken Rapporterar 21. Artdatabanken, SLU.
- Sundberg P., Berggren M., Dahlgren T. (2016). Test av eDNA och ddPCR som metod för att upptäcka/övervaka invasiva främmande arter: svartmunnad smörbult och blåskrabba. Rapport 2018:24, Havs- och Vattenmyndigheten.
- Sundberg P., Axberg A., Bravell F., Wocken Y, Ahlsen J., Bergkvist J. & Magnusson M. (2022). Övervakning av svartmunnad smörbult – pilotstudie med eDNA och provfiske i Göteborgs skärgård 2021. Rapport 2022:14. Länsstyrelsen Västra Götaland.
- Sundqvist F., Sundberg P., Cluzal-Burgalat L, Breidenbach M. & Panova M. (2022). Uppföljande inventering av den invasiva arten solabborre. SeAnalytics, rapport 2022–03.
- Töpel M. & Pinder M. (2022). Reproducerbar analys av miljö-DNA i nationella övervakningsprogram – En kritisk granskning. Rapport 7084, Naturvårdsverket.
- Vasil'eva E.D. (2001). Loaches (Genus *Misgurnus*, *Cobitidae*) of Russian Asia. 1. Species Composition in Waters of Russia (with a Description of a New Species) and Some Nomenclature and Taxonomic Problems of Related Forms from Adjacent Countries. *J. Ichthyol.* 41 (8), 553–563.