



Genetisk ursprungsanalys av mal från Helge å, Norra Skåne

Stefan Palm

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

Bakgrund

I Sverige finns ursprungliga, genetiskt distinkta bestånd av mal (*Silurus glanis*) i sjöarna Båven (Sörmland) och Möckeln (Småland) samt i Emåns nedre lopp. I Emån finns dessutom två genetiskt åtskilda delpopulationer på olika avstånd från utloppet (Palm m.fl. 2019). Sedan några decennier finns också av människan etablerade bestånd i Försjön (Småland) samt i nedersta delen av Helge å (Skåne). I det senare fallet återintroducerades arten efter att tidigare varit utdöd. I Försjön härstammar malen från utsättning med en handfull individer från Emåns nedre delbestånd, medan malen i Nedre Helge å utgör ett hybridbestånd efter upprepade utsättningar (1999-2006) med mal från Båven, Möckeln samt det nedre delbeståndet från Emån (Vinterstare 2017, Palm m.fl. 2019).

Emellanåt påträffas enstaka malar på ytterligare lokaler i sötvatten samt längs Östersjökusten. När sådana "udda" malförekomster DNA-analyserats har dessa (med ett undantag, en trolig migrant från annan del av Östersjön) visat sig härstamma från antingen Båven eller Emåns nedre bestånd. I flera av dessa fall har det uppenbarligen handlat om olovlig utsättning av flyttade individer (Palm m.fl. 2019).

Helge å (Helgeån) rinner från sydsvenska höglandet via Möckeln och vidare söderut till utloppet vid Kristianstad i nordöstra Skåne. Historiskt fanns mal i stora delar av vattensystemet. Därefter trängde vattenkraftsutbyggnad och vattenföroreningar undan arten från områdena nedströms Möckeln (Vinterstare 2017). I dagsläget finns dels det ursprungliga beståndet i Möckeln med angränsande vatten (dit arten spritts, via människan eller på egen hand) samt det nyintroducerade blandbeståndet längst nedströms vid Kristianstad.

Från och med 2007 har mal även påträffats i ökande omfattning nedströms Möckeln, mot länsgränsen mellan Kronoberg och Skåne och strax nedströms därom kring och i Skeingesjön och Osbysjön (figur 1). Från denna del av Helge å är arten känd från 1700-talet, men efter

1960-talet var den troligen försvunnen (Nathanson 1987). Provfiskeresultat indikerar att arten nu ökar kraftigt och sprider sig i denna del av Helge å (Vinterstare 2017).

Malens genetiska ursprung i denna del av vattensystemet är okänt, undantaget en tidigare DNA-analyserad individ från Skeingesjön (insamlad 2012) som konstaterats härstamma från Möckeln (Palm m.fl. 2019). Den ökande mängden mal i området kan återspegla spontan kolonisation från den uppströms belägna Möckeln, olovliga utsättningar med fisk därifrån eller något annat bestånd, eller en kombination av dessa förklaringar. Däremot är naturlig kolonisation från det introducerade beståndet längst nedströms i ån inte möjlig, på grund av kraftverksdammar som omöjliggör vandring uppströms.

I detta PM presenteras resultat från en genetisk ursprungsanalys för 40 malar provfiskade i området kring Skeingesjön och Osbysjön under perioden 2013-2019 (figur 1, tabell 1).

Genomförande

Genetisk variation analyserades för samma 10 DNA-markörer (s.k. mikrosatelliter) som i en tidigare genetisk kartläggning av genetisk variation hos mal från Båven, Emån, Försjön, Möckeln samt Nedre Helgeå (Palm m.fl. 2019). Statistiska analyser genomfördes med programmen FSTAT (Goudet 1995), GENETIX (Belkhir 2001), samt STRUCTURE (Pritchard m.fl. 2000; Falush et al. 2007, Hubisz m.fl. 2009).

Resultat och diskussion

Bland de 40 individerna fanns inget tecken på populationsblandning ($F_{IS}=0,02$, $P=0.43$). En faktoriell korrespondensanalys visade dessutom att individernas genotyper bildade ett homogent kluster, vilket överlappade med tidigare undersökta malar från Möckeln (figur 2).

Vid jämförelser med allelfrekvenser i övriga svenska bestånd var den genetiska skillnaden mot det tidigare provet från Möckeln klart lägst ($F_{ST}=0.02$) bland samtliga parvisa jämförelser (figur 3). Mängden genetisk variation bland de 40 malarna var också lik de nivåer som råder för Möckeln, om än med tendens till att vara något lägre (figur 4). Vid en s.k. Mixed Stock Analys skattades andelen genotyper med ursprung från Möckeln till 100 % (tabell 1). Även analysen med programmet STRUCTURE, där andelen genetiskt material från de fyra ursprungliga populationerna i Båven, Emån (nedre, övre) samt Möckeln skattades på individnivå, visade att samtliga individer härstammar från Möckeln utan inslag av något annat bestånd (figur 5).

Samtliga ovanstående resultat (samt den enda individ som tidigare analyserats) visar på att den mal från Helge å som förekommer i området kring Skeingesjön och Osbysjön har sitt genetiska ursprung från Möckeln. Inga tecken på genetiskt material från de övriga ursprungliga bestånden i Emån eller Båven observerades (vilket exempelvis hade förväntats om mal från blandbeståndet i Nedre Helge å har flyttats uppströms).

Sannolikt har naturlig kolonisation ägt rum nedströms i vattensystemet, även om det baserat på föreliggande resultat inte går att utesluta att mal från Möckeln flyttats. De små men statistiskt signifikanta frekvensskillnader för gemensamma anlagsvarianter som observerats, tillsammans

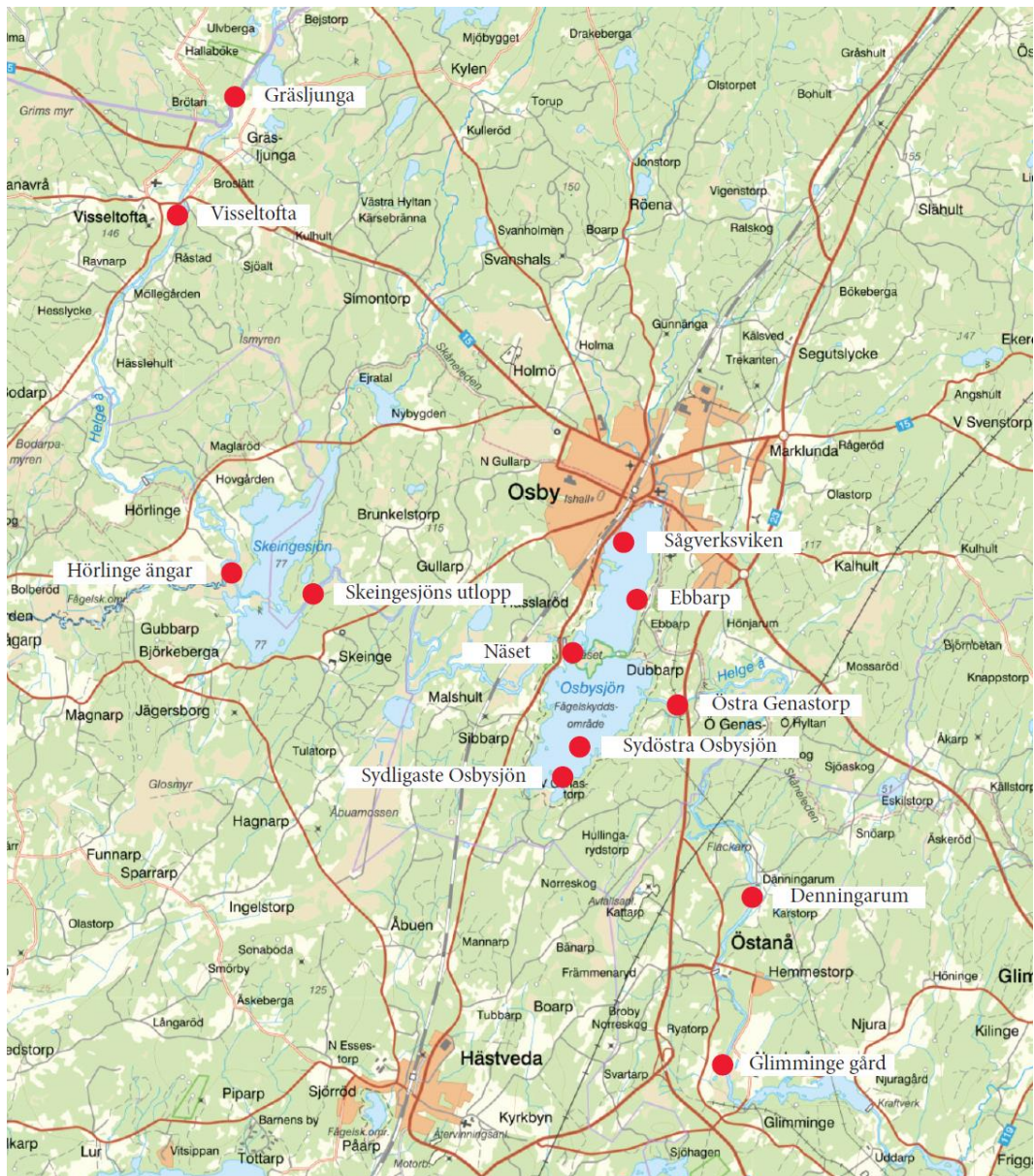
med tecken på en något lägre grad av genetisk variation än i Möckeln, tyder på att populationen kring Skeingesjön och Osbysjön kan ha grundats av ett begränsat antal individer.

Erkännanden

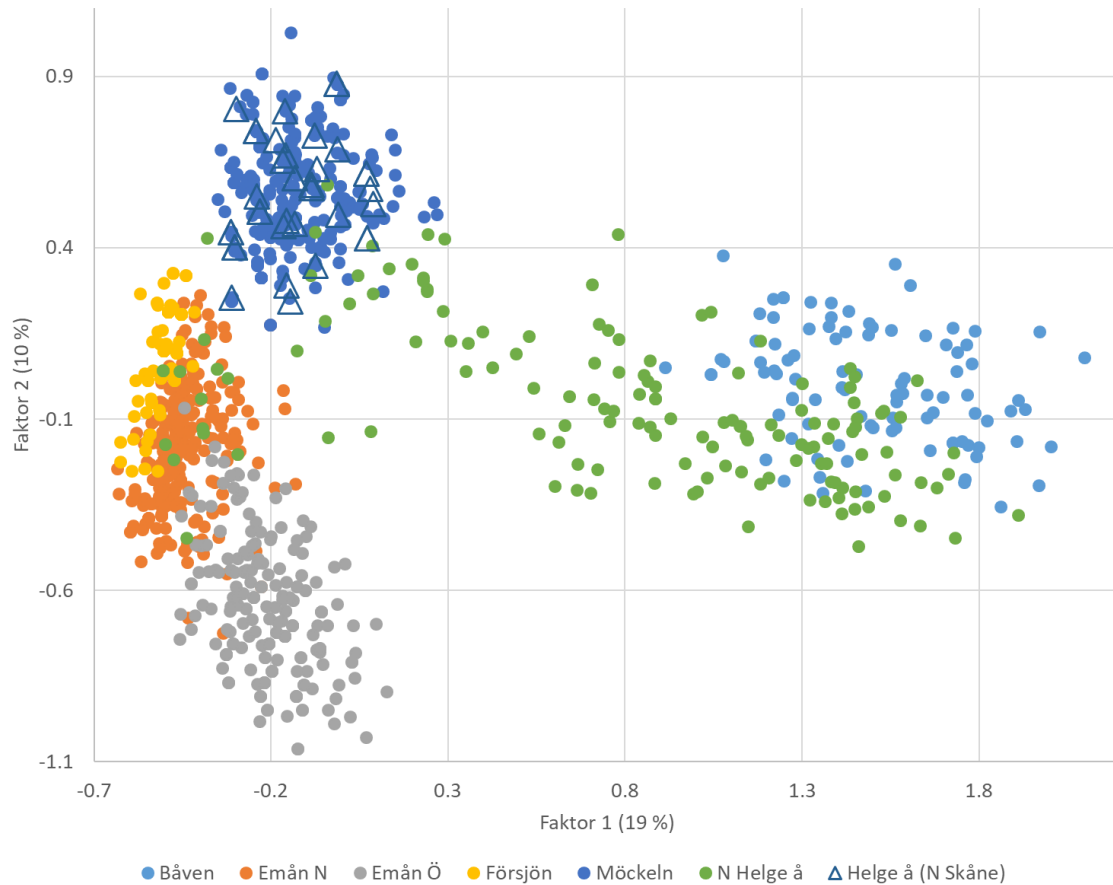
Tack till Linda Söderberg (SLU Aqua) som utförde det laborativa arbetet samt till Mikael Svensson (ArtDatabanken) för kommentarer på en preliminär version av texten. Arbetet har skett på uppdrag som en del av det nationella ÅGP-arbetet med svensk mal, finansierat via Länsstyrelsen i Skåne.

Referenser

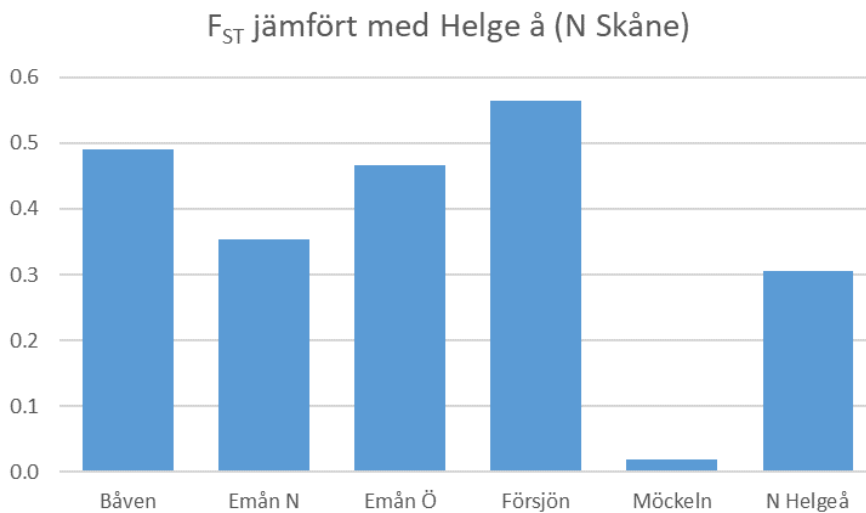
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2001). Genetix 4.02, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003). Inference of population structure: Extensions to linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567-1587.
- Goudet J (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86:485-486.
- Hubisz M, Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2009). Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources* 9:1322-1332.
- Nathanson JE (1987). Malens utbredning i Sverige. *Information från Sötvattenslaboratoriet Drottningholm* 1: 1-68.
- Palm S, Vinterstare J, Nathanson J E, Triantafyllidis A, Petersson E (2019). Reduced genetic diversity and low effective size in peripheral northern European catfish *Silurus glanis* populations. *Journal of Fish Biology* 95:1407-1421.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- Vinterstare J (2017). Åtgärdsprogram för mal (*Silurus glanis*). Havs- och vattenmyndigheten, 56 s.



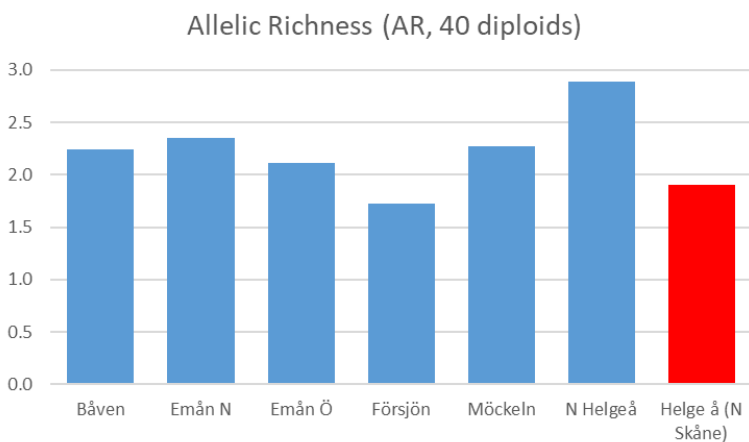
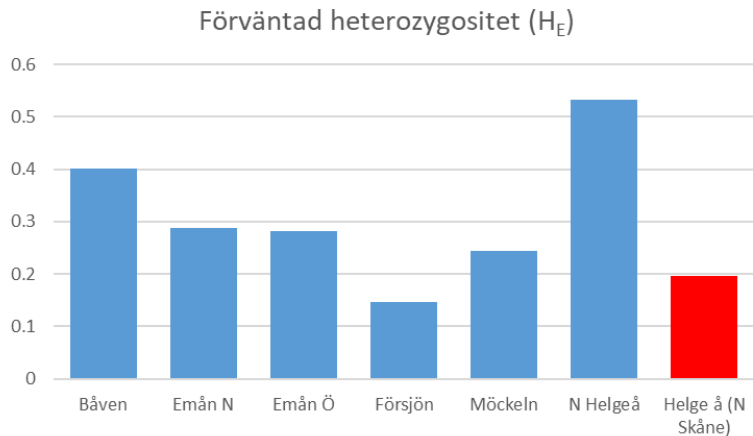
Figur 1. Insamlingslokaler för analyserade malar från området kring Osbysjön och Skeingesjön i Helge å (nedströms Möckeln där mal finns naturligt, uppströms Nedre Helge å där arten har återintroducerats). Se tabell 1 för antal individer per lokal och insamlingsår.



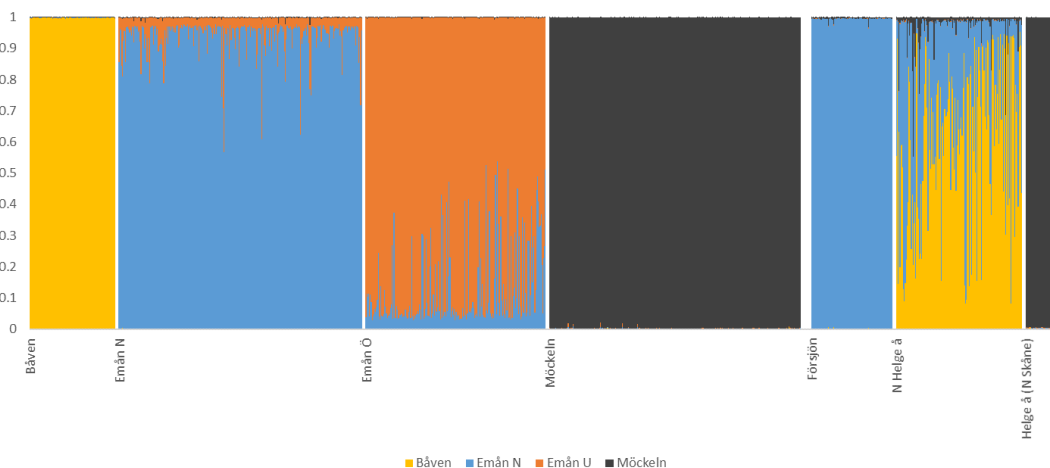
Figur 2. Faktoriell korrespondensanalys (programmet GENETIX). Varje symbol representerar en mal-genotyp.



Figur 3. Genetisk divergens skattad som F_{ST} (10 mikrosatelliter) mellan provet från Helge å (N Skåne) jämfört med tidigare undersökta malbestånd (programmet FSTAT). Samtliga sex parvisa jämförelser är statistiskt signifikanta ($P < 0,01$), inklusive den lägsta skattningen vid jämförelse med mal från Möckeln ($F_{ST} = 0,02$).



Figur 4. Genetisk variation i genomsnitt över 10 mikrosatelliter (programmet *FSTAT*), mätt som förväntad heterozygositet (övre delfiguren) samt allelic richness (nedre delfiguren).



Figur 5. Resultat från programmet *STRUCTURE* ($K=4$, "LocPrior" samt "learning samples"). Färgerna anger andelen genetiskt material från de fyra ursprungliga malbestånden i Sverige. Varje smal stapel motsvarar en individ, med de tre nyintroducerade bestånden (Försjön, N Helge å, Helge å (N Skåne)) längst till höger. Tabell 1. Antal DNA-analyserade individer per lokal och insamlingsår (jfr. figur 1).

Lokalnamn	Insamlingsår				Totalt
	2013	2014	2016	2019	
Helge å, uppströms Skeingesjön					
Gräsljunga		2			2
Visseltofta	2		2		4
Skeingesjön					
Hörlinge ängar	1		2		3
Skeingesjöns utlopp		1			1
Osby sjön					
Ebbarp				1	1
Näset		2	1	3	6
Sydligaste Osby sjön				1	1
Sydöstra Osby sjön				1	1
Sågverksviken				1	1
Östra Genastorp		2	4	4	10
Helge å, nedströms Osby sjön					
Denningarum		5	1	3	9
Helge å, nedströms Östanå					
Glimminge gård		1			1
Totalt	3	13	10	14	40

Tabell 2. Andel individer i provet från Helge å (n=40, 10 mikrosatelliter) med skattat genetiskt ursprung (programmet ONCOR) från övriga svenska bestånd av mal (95% CI).

Ursprungspopulation	Andel	95% CI
Båven	0	(0.000, 0.000)
Emån nedre	0	(0.000, 0.000)
Emån övre	0	(0.000, 0.000)
Försjön	0	(0.000, 0.000)
Möckeln	1	(1.000, 1.000)
N Helgeå	0	(0.000, 0.000)