

Övervakning av främmande marina arter med eDNA

Norra Bohuslän 2025



Länsstyrelsen
Västra Götaland

waterCIRCLE

EDNASOLUTIONS

Titel: Övervakning av främmande marina arter med eDNA i norra Bohuslän 2025

Författare: Eivind Stensrud (eDNA solutions AB), Alexander Eiler (eDNA solutions AB) och Johan Andersson (WaterCircle AB)

Provtagare: Eivind Stensrud (eDNA solutions AB), Edith Aspelin (WaterCircle AB), Karl Almqvist (WaterCircle AB) och Daniel Israelsson (WaterCircle AB)

Labbspersonal: Eivind Stensrud (eDNA solutions AB) och Alexander Eiler (eDNA solutions AB)

ISSN: 1403-168X

Rapportnummer: 2025:41

Diarienummer: 50277-2025

Utgivningsår: 2025

Omslagsbild: Eivind Stensrud

Sammanfattning

Främmande och invasiva arter utgör en allvarlig risk för biologisk mångfald och kan medföra betydande ekologiska och ekonomiska konsekvenser. Antalet sådana arter har ökat under senaste åren, delvis till följd av klimatförändringar och ökad global sammankoppling, inte minst genom en alltmer intensiv sjöfart. Tidig upptäckt är avgörande för att snabbt kunna införa effektiva åtgärder som begränsar spridning och etablering. Under våren och hösten 2025 genomfördes miljö-DNA-analyser i Strömstad och Preemraff Brofjorden, två stora hamnar med hög andel internationell fartygstrafik för att identifiera främmande och invasiva arter. Arbetet utfördes av WaterCircle AB i samarbete med eDNA solutions AB på uppdrag av Länsstyrelsen i Västra Götaland.

Miljö-DNA (eDNA) analyserades genom PCR-amplifiering och sekvensering med COI-Leray-XT-primerparet och matchades mot en intern referensdatabas över främmande och invasiva arter från EU, Norge och Sverige. Sammanlagt påträffades 16 främmande arter samt ytterligare tre artgrupper. Av dessa var det endast två arter som inte påträffades vid provtagningen 2024 vilket kan tyda på livskraftiga populationer eller att organismerna regelbundet förs in med barlastvatten. Av de totalt 19 främmande arterna/artgrupperna bedömdes 10 ha minst potentiellt hög risk att vara invasiva enligt riskklassningar från EU, Norge och/eller Sverige, varav endast två bedömdes ha minst potentiellt hög risk enligt Risklista 2024.

Innehåll

ÖVERVAKNING AV FRÄMMANDE MARINA ARTER MED EDNA I NORRA BOHUSLÄN 2025	1
BAKGRUND	6
METOD	8
Provtagning.....	8
Mätning av förhållanden.....	10
Vattenprover.....	10
Planktonprover	11
Arbete i laboratorium	12
DNA-extraktion.....	13
PCR-amplifiering	13
Bioinformatisk analys	15
Felkorrigering och annotering.....	15
Referensdatabas	16
RESULTAT	17
Bioinformatisk analys	17
Felkorrigering	17
Artackumuleringskurva (Species Accumulation Curve).....	19
Artbestämning av eDNA-prover - skillnader mellan säsong och provmetod	21
Främmande och invasiva arter upptäckta	23
Riskklassificering	30
SLUTSATS	33
Prioriteringar och provtagningsupplägg	34
REFERENSER	35

Bakgrund

Med ökande mänsklig påverkan och stress på marina kustekosystem (Corvalán et al., 2005) accelererar den lokala utdöendetakten för arter (O'Hara et al., 2021). Parallellt ökar introduktionen av främmande och invasiva arter, antingen genom passiv spridning via havsströmmar eller via aktiv transport som sjöfart, vilken främjar högre rörlighet mellan länder och ekosystem (Clarke Murray et al., 2014). När den interspecifika konkurrensen förändras eller försvagas och ekologiska nischer öppnas i takt med att arter minskar eller försvinner lokalt (Paine, 1966), får främmande arter större möjlighet att etablera sig genom att ta över befintliga nischer eller skapa nya (David et al., 2017). Hamnar, som i grunden är störda miljöer, fungerar som välkända hotspots för etablering av nya populationer av främmande och invasiva arter eftersom organismer kan transporteras i barlastvatten eller fästa på fartygsskroven (Coutts & Forrest, 2007; Hewitt et al., 2004; Seebens et al., 2016). För att motverka att livskraftiga populationer av främmande – särskilt invasiva – arter etablerar sig och orsakar omfattande ekologiska skador är tidig upptäckt avgörande. Det är mer effektivt och kostnadsbesparande att vidta åtgärder innan populationerna blivit väletablerade och spridit sig vidare (Blackwood et al., 2010; Jardine & Sanchirico, 2018).

Metabarkodning av miljö-DNA har visat sig vara en effektiv metod för att upptäcka sällsynta och främmande arter, då den är mer känslig och kostnadseffektiv än traditionella inventeringsmetoder (Eiler et al., 2018; Kvalheim et al., 2024; Thomsen & Willerslev, 2015). Metoden bygger på att identifiera DNA som organismer

släpper ut i omgivningen, till exempel via avstötta celler, slem eller avföring (Sassoubre et al., 2016; Williams et al., 2015). Genom PCR-förstärkning och efterföljande sekvensering av detta DNA kan man påvisa närvaron av arter i miljön utan direkt observation. Kombinationen av att vara relativt billig, högkänslig, artspecifik och icke-destruktiv (skadar inte organismerna) gör metoden mycket lämplig för biodiversitetsundersökningar (Andruszkiewicz Allan et al., 2021; Valentini et al., 2016), särskilt för tidig upptäckt av främmande och invasiva arter innan etablering.

För att identifiera främmande och potentiellt invasiva arter längs de norra delarna av Bohusläns västkust genomförde WaterCircle AB och eDNA solutions AB provtagning av miljö-DNA under våren och hösten 2025 i Strömstad och Preemraff Brofjorden som en uppföljning av förra årets provtagning.

Metod

Provtagning

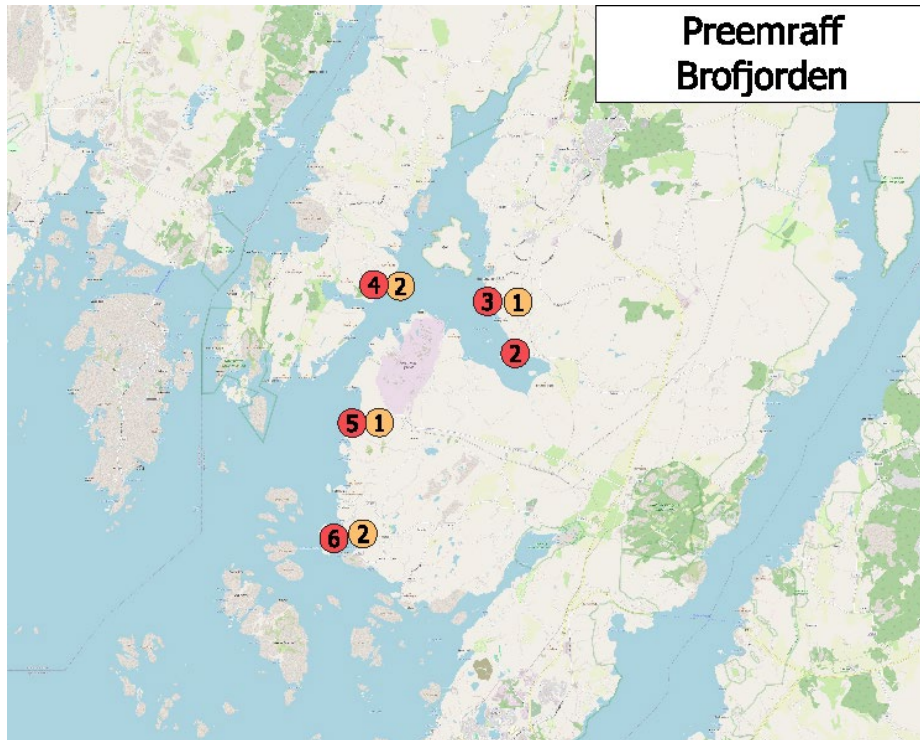
De provtagningspunkter vid de två hamnarna (Strömstad och Preemraff Brofjorden) som hade flest främmande och invasiva arter vid provtagningen 2024 provtogs igen för att se om samma invasiva arter fanns kvar. Provtagningspunkterna i de hamnområdena (Figur 1), hade valts ut då de bedömdes vara potentiella hotspots för spridning av främmande och eventuellt invasiva arter, eftersom dessa kan följa med båt- och fartygstransporter. Platserna besöktes vid två tillfällen under provtagnings säsongen 2025: en gång i maj månad och en gång i september för att observera säsongsvariationer i förekomsten av främmande och invasiva arter.

I varje hamn samlades vatten från 20 lokaler, samt tre planktonprov (Bilaga 1), för att identifiera främmande och invasiva arter. Urvalet av provtagningsplatser gjordes för att täcka hamnarnas hela geografiska utbredning och inkludera skilda livsmiljöer, då lokalerna varierade bland annat i bottensubstrat, djup, salthalt och exponering för vind.

På grund av en militärövning flyttades några av provtagningspunkterna i Preemraff Brofjorden under vårens provtagning.



Figur 1: Detaljerad översikt över de platser som provtagits i Strömstad hamn. Provpunkterna grupperas i cirklar, avståndet mellan provpunkterna ser relativt litet ut jämfört med kartans storlek. Röd cirkel anger vattenprovtagningsspunkt, orange anger planktonprovtagningsspunkt. Mer detaljerad information finns i Bilaga 1 och 6. Karta är skapad i QGIS.



Figur 2: Detaljerad översikt över de platser som provtagits i Preemraff Brofjorden. Provpunkterna grupperas i cirklar, avståndet mellan provpunkterna ser relativt litet ut jämfört med kartans storlek. Röd cirkel anger vattenprovtagningsspunkt, orange anger planktonprovtagningsspunkt. Mer detaljerad information finns i Bilaga 1 och 6. Karta skapad i QGIS.

Mätning av förhållanden

Vattentemperatur och djup registrerades med det portabla ekolodet Deeper Pro+ (Deeper, Litauen). Vindstyrka och strömförhållanden bedömdes på plats i samband med provtagningen, och på de två provtagningarna gjordes en gemensam bedömning genom konsensus.

Vattenprover

Vattenprover togs med en Ruttnerhämtare (1,7 L), där vatten från två separata lokaler samlades in. På varje plats hämtades vatten från cirka 1–2 meters höjd över botten samt från ytan (se Bilaga 1 och Figur 3), därefter blandades dessa delmängder i en hink.

Hinken steriliserades före varje provtagning med 10 % klorin, sköljdes med 70 % etanol och därefter tre gånger med lokalt ytvatten. För varje lokal användes nya handskar och en ny steril spruta (60 ml), mellan 1320 och 1860 mL vatten filtrerades genom ett PureFlo-diskfilter (GF/PES 5,0/0,8 µm, Saint-Gobain Filter, USA) för att fånga upp miljö-DNA.

Filtren frystes omedelbart i en Dry Shipper kyld med flytande kväve (-196 °C) och förvarades därefter i -20 °C efter ankomst till laboratoriet fram till DNA-extraktionen. Fältblankprov inkluderades vid filtrering av cirka 500 ml mQ-vatten, vilka behandlades på samma sätt som övriga fältprover.



Planktonprover

Planktonprover insamlades med en Apstein 50-planktonhåv med 100 µm maskvidd (Hydro-Bios, Tyskland). Genom att sänka ner

håven 1–2 meter ovanför botten och därefter hiva upp den med cirka 1 meter per sekund. Detta upprepades 2–5 gånger per provtagningslokal tills tillräcklig mängd planktonmaterial hade erhållits. Det insamlade materialet fördes sedan över till en planktonsil med 90 µm maskvidd och sköljdes med lokalt havsvatten innan de placerades i ett sterilt 15 ml Falconrör (Figur 4). För konservering fylldes Falconrören med 99 % etanol och förvarades kyligt fram till DNA-extraktion.



Arbete i laboratorium

All laboratorieutrustning och samtliga bänkar desinficerades med 10 % klor och 70 % etanol före start av arbetet. DNA-extraktion, pre-PCR och post-PCR genomfördes i tre åtskilda utrymmen enligt en strikt envägsrutin, där ingen utrustning – såsom pipetter eller labbrockar – fick flyttas mellan rummen för att undvika korskontaminering.

DNA-extraktion

Vattenprov

Vattenproverna extraherades med DNeasy PowerWater Sterivex-kit (Qiagen, Tyskland), som är utformat för att avlägsna potentiella inhibitorer såsom humussyror. Protokollet följde i huvudsak tillverkarens anvisningar, med mindre justeringar för kompatibilitet med PureFlo-skivfilter: lösningarna ST1B och MBL tillsattes i två omgångar eftersom filtervolymen är mindre än hos Sterivex-filter. Blankprov för DNA-extraktion inkluderades vid varje extraktionsomgång och hanterades på samma sätt som fältproverna.

Planktonprov

Falconrören med planktonprover dekanterades för att avlägsna etanol, och återstående etanol avlägsnas genom upphettning vid 60 °C i upp till två timmar. Det torkade planktonmaterialet användes därefter som utgångsmaterial i Powersoil Pro-kit (Qiagen, Tyskland), med upp till 0,20 gram torrt material per extraktion. Extraktionerna genomfördes enligt tillverkarens rekommendationer.

PCR-amplifiering

PCR-förstärkningen utfördes med ett tvåstegsprotokoll (Sinclair et al., 2015; Stensrud & Eiler, 2025) och använde COI-Leray-XT-primrar (Wangensteen et al., 2018), en vidareutveckling av COI-Leray-primersattet (Leray et al., 2013). I forward-primern har två inosinbaser och två degenererade baser lagts in på positioner med hög nukleotidvariation i primerbindningsregionerna, vilket enligt Wangensteen et al. (2018) förbättrar

amplifikationseffektiviteten och därmed sannolikheten att detektera ett brett spektrum av eukaryota grupper. Innan fältproverna analyserades optimerades PCR-protokollet av eDNA solutions AB, och är beskrivit i detalj (Stensrud & Eiler, 2025).

Den första PCR-omgången genomfördes i duplikat, där varje prov amplifierades två gånger och därefter poolades.

Cykelprogrammet bestod av initial denaturering vid 98 °C i 30 sekunder, följt av 25 cykler med denaturering vid 98 °C i 10 sekunder, annealing vid 47 °C i 30 sekunder och förlängning vid 72 °C i 20 sekunder, samt en slutlig förlängning vid 72 °C i 2 minuter. Samtliga PCR-reaktioner kördes på en QuantStudio 3 (Applied Biosystems, USA).

På varje 96-brunnsplatta inkluderades PCR-blanker och en positiv kontroll, vilka hanterades på samma sätt som fältproverna för att upptäcka eventuell kontaminering och för att validera annoteringen av miljöproverna. Den positiva kontrollen bestod av tio arter – bland annat nässeldjur, räkor och ytterligare blötdjur – i lika stora koncentrationer av genomiskt DNA, kvantifierade med Qubit 3.0 Fluorometer (Thermo Fisher Scientific, USA).

PCR-produkterna verifierades med 1 % agarosgelelektrofores, och PCR-duplikaten slogs samman (poolades) innan rening med 0,75x Cyvita Sera-Mag beads, magnetiska pärlor (Global Life Sciences Solutions USA LLC, USA). Därefter utfördes en andra PCR-omgång enligt reaktionssammansättningen, för att addera Illumina-handtag och dubbelindexerade primrar (Sinclair et al., 2015). Cykelprogrammet bestod av initial denaturering vid 98 °C i 30 sekunder, följt av 15 cykler med denaturering vid 98 °C i 10

sekunder, annealing vid 66 °C i 30 sekunder och förlängning vid 72 °C i 30 sekunder, samt en avslutande förlängning vid 72 °C i 2 minuter.

PCR-produkterna verifierades därefter med 1 % agarosgelelektrofores och renades med 0,70x Cyvita Sera-Mag beads, magnetiska pärlor (Global Life Sciences Solutions USA LLC, USA). Bibliotekens DNA-halt kvantifierades med Quant-iT PicoGreen dsDNA (Invitrogen, USA), varefter ekvimolära mängder sammanfördes till en sekvenseringspool. Den slutliga poolen visualiserades på gel för att säkerställa renheten, som även bedömdes med en NanoDrop 3300 Fluorospektrometer (Thermo Scientific, USA). Poolen kvantifierades på nytt med PicoGreen innan sekvensering vid Norwegian Sequencing Center (NSC, Department of Medical Genetics, Ullevål, Oslo, Norge) på en MiSeq V3 300 bp PE.

Bioinformatisk analys

Felkorrigering och annotering

Primrar och adaptrar avlägsnades med Cutadapt (Martin, 2011), varefter felkorrigering genomfördes i DADA2 (Callahan et al., 2016) i R version 4.2.1 (*R Core Team*, 2021) med följande inställningar: MaxEE = c(3,4), Truncate_quality = 4 och TruncLen = c(200, 180). Artidentifiering gjordes under strikta kriterier (identitet > 99 % och täckningsgrad > 99 %). För återstående sekvenser användes en lowest-common-ancestor-ansats (LCA) där den lägsta gemensamma förfadern fastställdes för träffar med identitet > 98 % och täckningsgrad > 98 %, vilket markant minskar risken för falskt positiva artannoteringar (Beentjes et al., 2019).

Därutöver utfördes en konfidensbedömning för att verifiera att sekvenserna verkligen tillhör främmande eller invasiva arter och inte närstående taxa. Detta gjordes via Web-BLAST mot NCBI (Sayers et al., 2022), och annoteringarnas tillförlitlighet graderades som låg, medel eller hög baserat på både antal läsningar och sekvenslikhet mot andra arter. I samma anda genomfördes en prevalensanalys där både läsantal och antal detektioner rankades på en skala från låg till hög. Möjlig kontaminering identifierades och filtrerades bort med R-paketet decontam (Davis et al., 2018) med metoden "prevalence".

Referensdatabas

Främmande och invasiva arter definierades utifrån de arter som listas av EU för Östersjön och Nordsjön (European Environment Agency, 2024), ArtDatabankens Artfakta för Sverige (sötvatten, havsstrand, marin miljö och brackvatten) (ArtDatabanken, 2024) samt Norges Fremmedartslista (*Artsdatabanken*, 2023).

Tillsammans omfattade dessa källor 992 unika arter (se Bilaga 2).

Referensdatabasen byggdes med hjälp av det interna verktyget EchoPipe (Stensrud et al., in prep.). Av de främmande arterna hade 649 referenssekvenser som täcker den COI-region som amplificeras med COI-Leray-XT-primrar, vilket innebär att dessa arter teoretiskt sett skulle kunna detekteras i undersökningen.

För de tre regionerna - EU, Norge och Sverige - samlades riskbedömningar för invasiva arter in. De huvudsakliga källorna var European Alien Species Information Network (EASIN) för EU (EEA), Artsdatabankens Fremmedartslista (*Artsdatabanken*, 2023) för Norge och ArtDatabankens risklista 2024 (SLU Artdatabanken

(2025), 2025) för Sverige. Om en art inte bedömdes som invasiva i EASIN/EU-översikten användes i stället EU:s officiella lista över främmande arter för klassificering, EEA (European Environment Agency, 2024). En art betraktas som invasiv i Sverige och Norge om dess riskklassificering för främmande arter är potentiellt hög risk eller högre, men beaktas endast som främmande om den är lägre än hög risk. I EU klassificeras endast Alien species som invasiva, men Non-indigenous och Cryptogenic arter betraktas som främmande arter.

Resultat

Bioinformatisk analys

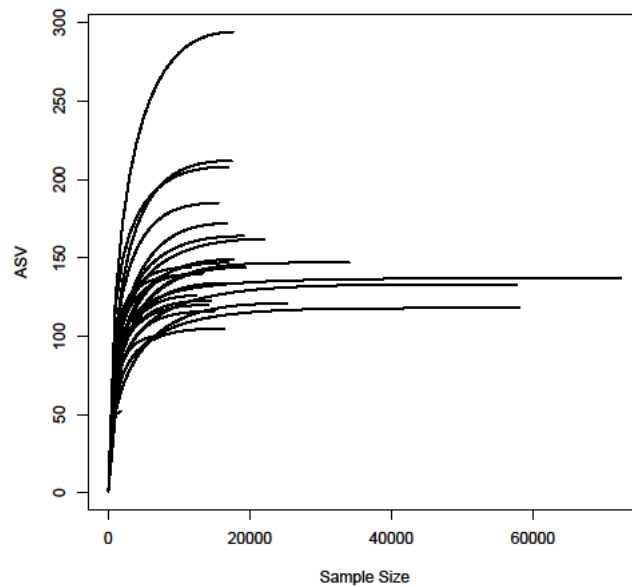
Felkorrigering

Efter sekvensering och borttagning av adaptrar och primers med Cutadapt och en noggrann kvalitetsfiltrering och chimera-borttagning med DADA2 kvarstod 811 989 och 1 268 840 sammanslagna reads för vidare analyser för respektive vår och höst (Bilaga 3). Dessa läsningar gav upphov till 1 250 och 903 unika sekvenser (ASV:er) för respektive vår och höst. Dessa ASV:er, distinkta genetiska sekvensvarianter användes vid artbestämning för invasiva och främmande arter. Notera att en ASV kan representera en eller flera arter; därför måste både antalet ASV/genetiska sekvensvarianter och det identifierade antalet arter utvärderas separat.

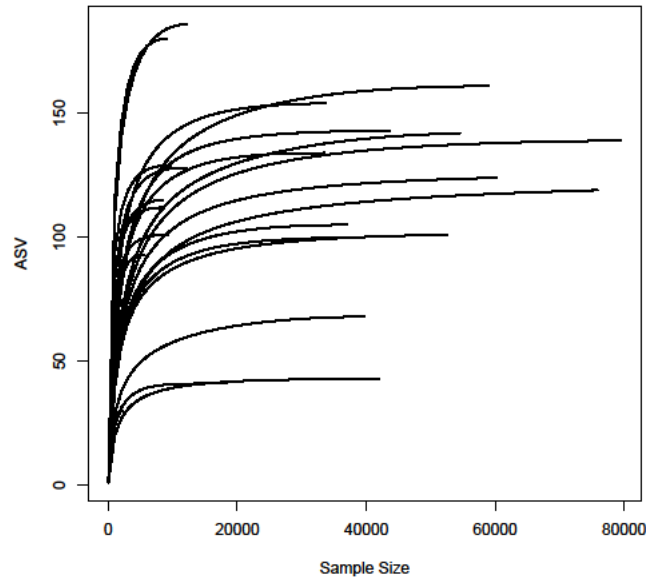
Rarefaction curve

Rarefaction-kurva Med hjälp av R-paketet vegan (Oksanen et al., 2022) skapades en rarefaction-kurva (Figur 5 och 6) som visar att

sekvenseringsdjupet var tillräckligt. Kurvorna nådde en tydlig platå, vilket indikerar att djupare sekvensering av de insamlade proverna sannolikt inte skulle ge ett betydande tillskott av nya unika sekvenser. Detta stödjer att det använda antalet reads ("läsningar") per prov var adekvat för att täcka den genetiska mångfalden i proverna.



Figur 5: Rarefaction- kurvan för vårproverna. Kurvan visar skillnaden i sekvenseringsdjup för proverna. Lägg märke till att nästan alla prover når en platå, vilket tyder på att sekvenseringsdjupen var tillräckliga.

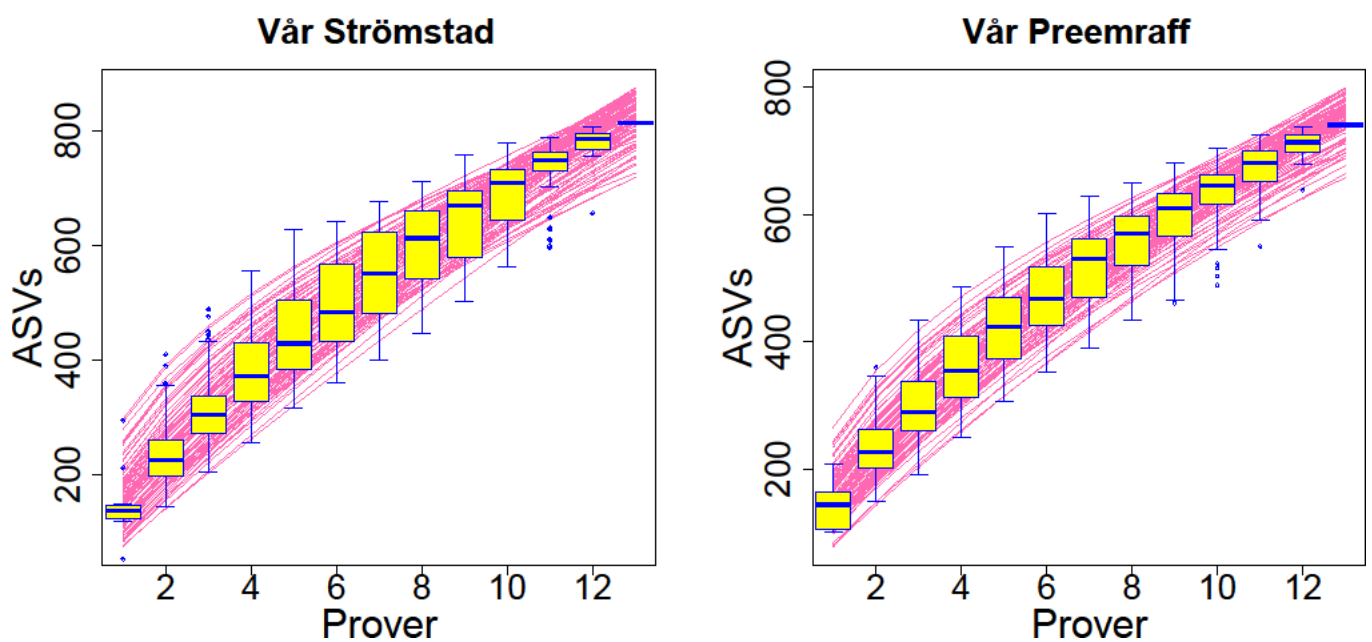


Figur 6: Rarefaction- kurvan för höstproverna. Kurvan visar skillnaden i sekvenseringsdjup för proverna. Lägg märke till att nästan alla prover når en plattå, vilket tyder på att sekvenseringsdjupen var tillräckliga.

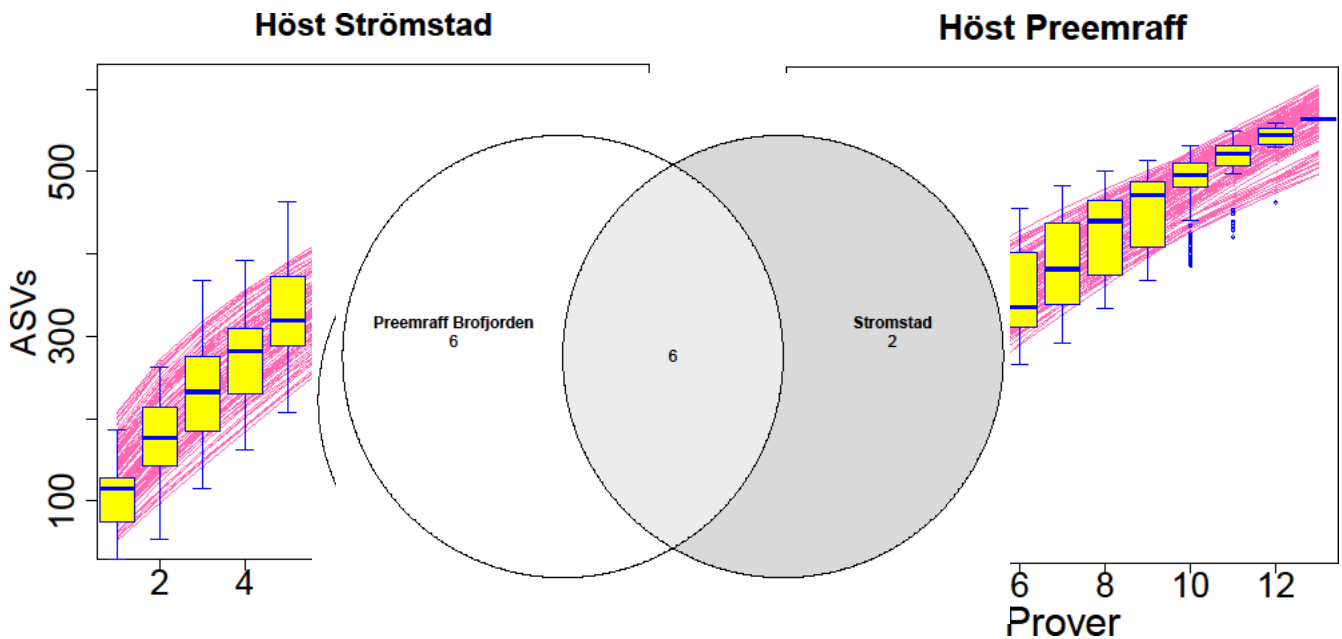
Artackumuleringskurva (Species Accumulation Curve)

Artackumuleringskurvor (SAC) beräknades för varje hamn vid de två provtagningstillfällena med hjälp av R-paketet `vegan`. En SAC visar hur antalet upptäckta ASV:er (amplicon sequence variants, dvs. genetiska sekvensvarianter som kan användas för artbestämning) ökar i takt med antalet prov. När tillräckligt många prover har tagits i ett område tenderar kurvan att plana ut och närma sig en plattå, ett tecken på att provtagningsinsatsen är tillräcklig för att fånga den förekommande mångfalden. Kurvorna används därför för att bedöma om det krävs fler prover från fler lokaler för att på ett representativt sätt upptäcka både inhemska

och introducerade arter i en given hamn. För både vårproverna (Figur 7) och höstproverna (Figur 8) visar kurvorna att ytterligare provtagning sannolikt hade ökat antalet detekterade ASV:er och därmed antalet identifierade arter eftersom kurvan inte nådde en mättnadspunkt (asymptot).



Figur 7: Visar hur antalet detekterade ASV:er (Y-axeln) korrelerar med antalet analyserade prover (X-axeln) för vatten- och planktonprover i vårproverna. Om kurvan visar en mättnad, dvs. att ytterligare provpunkter inte ökar i antalet upptäckta ASV, har en representativ bild av faunan erhållits.



Figur 8: Visar hur antalet detekterade ASV:er (Y-axeln) korrelerar med antalet analyserade prover (X-axeln) för vatten- och planktonprover i höstproverna. Om kurvan visar en mättnad, dvs. att ytterligare provpunkter inte ökar i antalet upptäckta ASV, har en representativ bild av faunan erhållits.

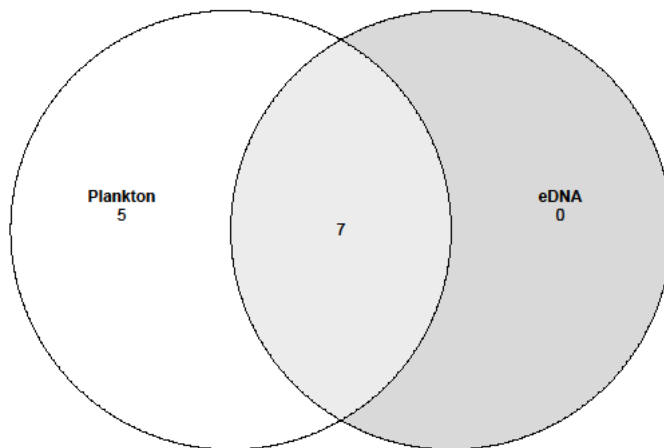
Artbestämning av eDNA-prover - skillnader mellan säsong och provmetod

Det fanns tydliga överlapp i antal invasiva och främmande arter som detekterats i Preemraff Brofjorden och Strömstad, speciellt under våren (Figur 9 och 10), då 7 av totalt 12 invasiva och främmande arter detekterats vid båda lokaler. Under hösten var totalt 6 av 14 invasiva och främmande arter som förekom i båda hamnarna.

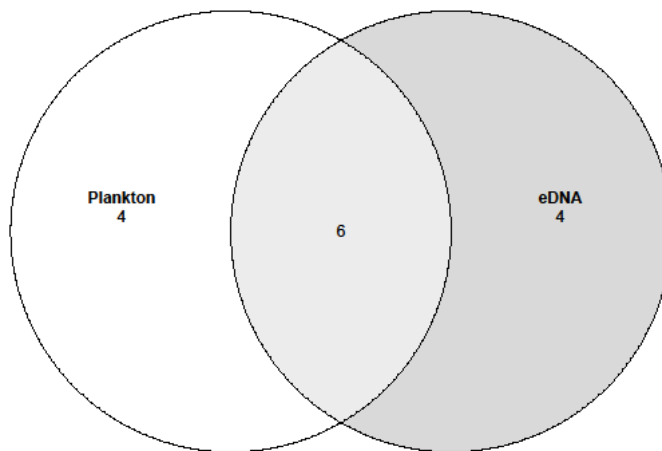
Figur 9: Invasiva och främmande arter upptäckta under våren 2025 i de två hamnarna.

Figur 10: Invasiva och främmande arter upptäckta under hösten 2025 i de två hamnarna.

En stor överlappning observerades också mellan provtagningsmetoderna, särskilt under vårproverna. Under våren upptäcktes alla invasiva och främmande arter och vattenproverna innehöll inga unika artfynd. Under hösten upptäcktes dock lika många arter med båda metoderna och varje metod hade fyra unika arter.



Figur 11: Invasiva och främmande arter som upptäcktes under våren 2025 med hjälp av de två olika provtagningsmetoderna.



Figur 12: Invasiva och främmande arter som upptäcktes under hösten 2025 med hjälp av de två olika provtagningsmetoderna.

Främmande och invasiva arter upptäckta

Av de 1 250 och 903 unika sekvenser identifierade ASV:erna och matchades ifrån COI-Leray-XT-primersattet mot en referensdatabas för introducerade arter i Norge, Sverige, Östersjön och Nordsjön (European Environment Agency, hädanefter benämnd EU). Dessa annoteringar motsvarade totalt 19 främmande och invasiva arter eller artgrupper (se Tabell 2, Bilaga 4). Av dessa kunde 16 grupper tillförlitligt bestämmas till artnivå med LCA-analysen; dessa artnivåannoteringar uppvisade mycket hög överensstämmelse mot referenssekvenser (identitet 99,0–100 % och täckningsgrad 99,0–100 %), vilket tyder på robusta resultat och låg risk för falska positiva artannotationer.

De återstående annoteringarna bestod av totalt 2 familjer som vi också detekterat i 2024, nämligen *Thalassiosira* och *Fibrocapsa*, samt släktet *Dasyisiphonia*. Efter manuell validering mot ArtFakta och Web-BLAST tilldelades en av sekvenserna inom släktet

Dasysiphonia arten Japanplym (*Dasysiphonia japonica*). För *Thalassiosira* och *Fibrocapsa*, finns arter som klassas som främmande, men kombinationen av databasupplösningen och COI-primerparets diskriminerande förmåga var inte tillräcklig för en säker artbestämning. Detta beror på att de amplifierade COI-regionerna är identiska mellan flera närbesläktade arter, vilket begränsar möjligheten att göra entydiga artnivåannotationer.

Flera arter är osäkra i annoteringen, eftersom det finns två eller flera arter som är identiska inom markörregionen. Dessa inkluderar havstulpaner, svangås / grågås och *Arcuatula senhousia* / större hästmussla. Arter inom familjen havstulpaner har påträffats i båda hamnarna och vid båda provtagningsmetoderna och har liten genetisk variation, vilket medför en viss osäkerhet i samband med annoteringen. Några få avläsningar av svangås hittades, men en manuell kontroll visade att arten är omöjlig att skilja från den vanliga grågåsen. Den invasiva musslan *Arcuatula senhousia* hittades i båda hamnarna, men verkar vara genetiskt identisk med större hästmussla i markörregionen, så träffarna för denna art måste betraktas som osäkra.

eDNA i hamnar 2025

Tabell 1: Översikt över främmande och invasiva arter som upptäckts i denna analys, förkortningar: EEA = European Environment Agency, Norge = Norge Fremmedartslista, Sverige = Sverige Artdatabanken. Prevalens: Med = Medium. Konfidens: Med = Medium. ¹ Troligen *Amphibalanus improvisus* (slät havstulpan), ² Identisk med *Modiolus modiolus* (större hästmussla), ³ Mest sannolikt Japanplym, ⁴ Identisk med *Balanus crenatus*, troligen *Balanus balanus* eller *Balanus crenatus*, ⁵ Identisk med *Anser anser* (grågås).

För en mer detaljerad översikt, se Bilaga 4.

Tid	Hamn	Svenskt namn	Reads	Hittad i 2024	Provtyp	Prevalens	Konfidens	Svensk förekomst	Rödlistning	Risklista 2024	EEA	Norge
Vår	Preemraff Brofjorden	Slät havstulpan / <i>Balanus trigonus</i> 1	11	Ja	Plankton	Låg	Hög	Ja / Ej	Ej tillämplig / Ej tillämplig	Låg risk / NA	Cryptogenic / Alien species	Potentiell hög risk / Livskraftig
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Arcuatula senhousia</i> / större hästmussla 2	38	Ja	Plankton	Med	Låg	Ej	Ej tillämplig	Hög risk, 3C,3F	Alien species	Hög risk
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Balanus trigonus</i> / Slät havstulpan 1	298	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ej / Ja	Ej tillämplig	NA / låg risk	Alien species / Cryptogenic	Ej bedömd / Potentiell hög risk
Vår	Preemraff Brofjorden	Japanplym 3	17	Ja	Vatten + Plankton	Låg	Med	Ja	Ej tillämplig	Mycket hög risk, 3C,4F	Alien species	Mycket hög risk
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Haminella solitaria</i>	3	Ja	Plankton	Låg	Låg	eDNA	Ej bedömd	NA	Non-indigenous	Ej bedömd
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Juxtacribrilina mutabilis</i>	364	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	NA	Hög risk
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Membranipora membranacea</i>	57	Ja	Vatten + Plankton	Med	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Non-indigenous	NA

eDNA i hamnar 2025

Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Polydora cornuta</i>	590	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Ej bedömd
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Polydora onagawaensis</i>	639	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Non- indigenous	NA
Vår	Preemraff Brofjorden	Trådslick	7	Ja	Vatten	Låg	Med	Ja	Livskraftig	NA	Cryptogenic	Livskraftig
Vår	Preemraff Brofjorden	<i>Thalassiosira</i>	21	Ja	Vatten + Plankton	Med	Med	Ja				
Vår	Strömstad	Slät havstulpan / <i>Balanus trigonus</i> 1	114	Ja	Plankton	Hög	Hög	Ja / Ej	Ej tillämplig / Ej tillämplig	Låg risk / NA	Cryptogenic / Alien species	Potentiell hög risk / Livskraftig
Vår	Strömstad	<i>Balanus balanus</i> / Slät havstulpan 4	16	Ja	Plankton	Låg	Med	Ja / Ja	Livskraftig / Ej tillämplig	NA / låg risk	Cryptogenic / Cryptogenic	Livskraftig / Potentiell hög risk
Vår	Strömstad	<i>Balanus trigonus</i> / Slät havstulpan 1	962	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ej / Ja	Ej tillämplig / Ej tillämplig	NA / låg risk	Alien species / Cryptogenic	Ej bedömd / Potentiell hög risk
Vår	Strömstad	Japanplym 3	20	Ja	Plankton	Låg	Med	Ja	Ej tillämplig	Mycket hög risk, 3C,4F	Alien species	Mycket hög risk
Vår	Strömstad	<i>Polydora cornuta</i>	84	Ja	Vatten + Plankton	Med	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Ej bedömd
Vår	Strömstad	<i>Polydora onagawaensis</i>	294	Ja	Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Non- indigenous	NA
Vår	Strömstad	Trådslick	6	Ja	Plankton	Låg	Med	Ja	Livskraftig	NA	Cryptogenic	Livskraftig

eDNA i hamnar 2025

Vår	Strömstad	<i>Thalassiosira</i>	4	Ja	Plankton	Låg	Låg	Ja				
Höst	Preemraff Brofjorden	Bärnstensmask	1268	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Cryptogenic	Livskraftig
Höst	Preemraff Brofjorden	Jätterovmask	3	Nej	Vatten	Låg	Låg	Ja	Ej bedömd	NA	Cryptogenic	Livskraftig
Höst	Preemraff Brofjorden	Svangås / grågås 5	21	Nej	Vatten	Med	Låg	Ja	Ej tillämplig	Låg risk 2A,2H	NA	Låg risk
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Arcuatula senhousia</i> / större hästmusla 2	3	Ja	Plankton	Låg	Låg	Ej	Ej tillämplig	Hög risk, 3C,3F	Alien species	Hög risk
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Balanus balanus</i> / Slät havstulpan 1	2	Ja	Plankton	Låg	Låg	Ja / Ja	Livskraftig / Ej tillämplig	NA / låg risk	Cryptogenic / Cryptogenic	Livskraftig / Potentiell hög risk
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Fibrocapsa</i>	117	Ja	Vatten	Hög	Med	Ja				
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Juxtacribrilina mutabilis</i>	217	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	NA	Hög risk
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Membranipora membranacea</i>	49	Ja	Vatten + Plankton	Med	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Non-indigenous	NA
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Penilia avirostris</i>	77395	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	Ej riskbedömd	Ej bedömd	Potentiell hög risk
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Polydora cornuta</i>	33	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Ej bedömd
Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Pseudopolydora paucibranchiata</i>	4	Ja	Vatten + Plankton	Låg	Låg	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Låg risk

eDNA i hamnar 2025

Höst	Preemraff Brofjorden	<i>Thalassiosira</i>	3	Ja	Plankton	Låg	Låg	Ja				
Höst	Strömstad	Bärnstensmask	86	Ja	Plankton	Med	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Cryptogenic	Livskraftig
Höst	Strömstad	<i>Balanus trigonus</i> / Slät havstulpan 1	54	Ja	Plankton	Med	Hög	Ej / Ja	Ej tillämplig	NA / låg risk	Alien species / Cryptogenic	Ej bedömd / Potentiell hög risk
Höst	Strömstad	<i>Fibrocapsa</i>	565	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Med	Ja				
Höst	Strömstad	<i>Membranipora membranacea</i>	4	Ja	Vatten + Plankton	Låg	Låg	Ja	Ej bedömd	NA	Non- indigenous	NA
Höst	Strömstad	<i>Penilia avirostris</i>	49779	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	Ej riskbedömd	Ej bedömd	Potentiell hög risk
Höst	Strömstad	<i>Polydora cornuta</i>	350	Ja	Vatten + Plankton	Hög	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Ej bedömd
Höst	Strömstad	<i>Pseudopolydora paucibranchiata</i>	35	Ja	Plankton	Med	Hög	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Låg risk
Höst	Strömstad	<i>Streblospio benedicti</i>	2	Ja	Vatten	Låg	Låg	Ja	Ej bedömd	NA	Alien species	Mycket hög risk

Tabell 2: Observationer av invasiva och introducerade arter under försöksperioden.

Hamn		Sverige	EEA	Norge
Total	Invasiva arter	4	16	16
	Främmande	8	18	3
Preemraff Brofjorden Vår	Invasiva arter	2	5	5
	Främmande	2	6	0
Strömstad Vår	Invasiva arter	1	4	4
	Främmande	3	5	0
Preemraff Brofjorden Höst	Invasiva arter	1	3	4
	Främmande	2	9	2
Strömstad Höst	Invasiva arter	0	4	3
	Främmande	1	3	1

Det högsta antalet invasiva arter upptäcktes i Preemraff Brofjorden och i planktonproverna (Figur 9 och 10, Tabell 1 och 2) där gjordes tre av de fyra observationerna av invasiva arter enligt Risklista för främmande arter 2024. Det är värt att notera att det finns betydande skillnader mellan de arter som anses invasiva och främmande mellan de olika regionerna och att Sverige har många som inte har studerats än. Detta gäller särskilt de små kryptiska arterna som borstmaskar och mossdjur, som vi hittade stora mängder av i dessa prover.

Riskklassificering

DNA från musslan *Arcuatula senhousia* (Asian date mussel på engelska) detekterades med låg tillförsikt vad det gäller både förekomst och konfidens i planktonproverna från Preemraff Brofjorden. Ytterligare provtagning krävs för att verifiera detta fynd, eftersom arten är genetiskt identisk med den större hästmusslan (*Modiolus modiolus*) inom COI-regionen.

Barlastvatten och biofouling pekas i flera studier ut som troliga introduktionsvägar för arten (Slack-Smith & Brearley, 1987; Slijkerman et al., 2017). Fyndets osäkerhet rekommenderas riktade uppföljande.

Rödalgen Japanplym (*Dasyisiphonia japonica*) detekterades både i Strömstad och Preemraff Brofjorden; fynden bedöms på båda lokalerna med låg och medelhög prevalens och konfidens på annoteringen. Arten betraktas som bofast och etablerad längs västkusten. Introduktionen är sannolikt förknippad med sjöfart, vattenbruk och fritidsbåtstrafik, arten har en global spridning. Japanplym, *Dasyisiphonia japonica*, klassificeras som mycket riskfylld då den, vid nedbrytning efter blomning, kan frigöra toxinet caulerpin och därmed orsaka omfattande dödlighet hos fisk och musslor (Young et al., 2022). Arten är också kopplad till högre kväveupptag, vilket kan konkurrera ut andra inhemska algarter (Ramsay-Newton et al., 2017).

Fler främmande och invasiva arter av havstulpaner upptäcktes i år, Slät havstulpan, *Balanus trigonus* och *Balanus balanus*. Arterna vart detekterat i prover från samtliga hamnar vid både vår- och höstprovtagning, både i vatten- och planktonprover. Dessa träffar bör tolkas med försiktighet: den amplifierade COI-regionen kan

vara identisk mellan flera havstulpanarter, vilket gör att den genetiska signalen möjligen kan komma från båda invasiva och inhemska arter, exempelvis *Balanus balanus*. Därmed bör kommentarerna i Tabell 1 läsas noggrant. Vi rekommendera en uppföljning med qPCR analyser eller morfologiske undersökningar som behövs för att bekräfta arternas identitet och utbredning.

Juxtacribrilina mutabilis, ett övertäckande mossdjur, upptäcktes i år och anses utgöra en hög risk enligt riskklassificeringen i Norge. Arten upptäcktes i Preemraff Brofjorden i både vår- och höstprover. Arten är känd för att växa på ålgräs (Pratt et al., 2025; Trott & Enterline, 2019), en sårbar art som är under de senaste decennierna har en snabb spridning från dess ursprungliga områden i Stilla havet observerats (Dick et al., 2020).

Polydora cornuta, en marin borstmask, som anses vara en underskattad predator av mikroinvertebrater, påträffades både i Preemraff Brofjorden och Strömstad under båda provtagningsperioderna. Arten betraktas som en alien species enligt EEA. Arten är känd för att borra sig in i musslor såsom stillahavsostrom och plattostrom. (Mikac et al., 2025)

Penilia avirostris, en marin kladocerer, anses utgöra en potentiell hög risk och har kopplats till de ökade vattentemperaturerna och spridning genom mänsklig aktivitet. Arten anses utgöra en potentiell hög risk enligt Norges lista över främmande arter och påträffades i stora mängder i höstproverna från Preemraff Brofjorden och Strömstad. Det finns rapporterade

spridningshastigheter som är 50 000 gånger högre än historiska spridningshastigheter. (Hebert & Cristescu, 2002). *Penilia avirostris* roll i det pelagiska ekosystemet är mycket osäker, eftersom den har en unik nischroll bland kladocerer genom att konsumera nanoplankton (Johns et al., 2005).

Den marina borstmasken *Pseudopolydora paucibranchiata*, hittades i både höstproverna från Preemraff Brofjorden och Strömstad. Arten betraktas som en främmande art enligt EU:s listor, men utgör en låg risk i Norge. Arten sprids via barlastvatten (Çinar et al., 2005; Radashevsky et al., 2020), men också via transport av musslor (Radashevsky et al., 2020). Dess effekt på lokal fauna och flora är oklar, eftersom arten ofta förekommer tillsammans med andra invasiva arter är dess påverkan därför osäker (Çinar et al., 2005).

Den marina borstmasken *Streblospio benedicti*, upptäcktes i Strömstad under höstens undersökningar, men denna observation är mycket osäker. Arten klassificeras som främmande art av EU och som en art med mycket hög risk enligt Norges lista över främmande arter. Vi rekommenderar dock att man inte lägger för stor vikt vid denna observation på grund av osäkerhet kring annotering och förekomst.

Slutsats

Totalt påträffades DNA från två främmande och invasiva arter som inte tidigare rapporterats i Sverige, samtliga bedömdes ha potentiellt hög risk att bli invasiva i åtminstone ett av områdena EU, Sverige eller Norge. Dessutom upptäcktes 39 observationer av invasiva och främmande arter som tidigare dokumenterats i Sverige; av dessa bedöms 10 arter och ha potentiellt hög eller högre risk för invasivitet.

Genom användning av eDNA-metabarcoding av vatten och planktonprover fick vi en detaljerad ögonblicksbild av förekomsten av främmande och invasiva arter längs norra Västra Götaland. Resultaten av årets analys visade att många av förra årets invasiva och främmande arter återfanns även i år och endast potentiellt två nya arter upptäcktes (svangås, identisk med grågås och jätterovmask). Detta kan tyda på etablerade populationer eller att organismerna regelbundet förs in med barlastvatten. Detta möjliggör för ytterligare spridning av arten från populationer som redan är anpassade till kustmiljön i Bohuslän.

För att avgöra om dessa fynd representerar etablerade och reproducerande populationer - snarare än tillfälliga introduktioner som dör ut vid ogynnsamma förhållanden - krävs upprepade provtagningar över flera årstider och år.

eDNA-baserad övervakning utgör en resurseffektiv metod för att prioritera vidare åtgärder, följa spridning (inklusive till marina skyddsområden) och utvärdera effekten av vidtagna åtgärder.

eDNA visar att främmande och invasiva arter finns i en miljö, men

inte om de orsakar skador. Vi rekommenderar regelbunden dykarassisterade undersökningar eller ROV-undersökningar i ålgräsbäddar eller andra hotade habitater nära Strömstad och Brofjorden för att kontrollera om det finns t.ex. påväxt av övertäckande mossdjur på ålgräs och, i förekommande fall, beståndsutveckling.

Prioriteringar och provtagningsupplägg

Med hänsyn till de observerade mönstren rekommenderar vi kontinuerlig övervakning i samtliga hamnar över flera säsonger på grund av stor rumslig och tidsmässig variation. Hamnarna Preemraff Brofjorden och Strömstad bör prioriteras eftersom flest främmande och invasiva arter påträffades där. Det är dock viktigt att veta hur arten sprids från introduktionsplatser/hotspots till andra områden som Marina skyddsområden. Baserat på artackumuleringskurvorna (Figur 7 och 8) och Venn-diagrammen (Figur 11 och 12) föreslår vi att öka antalet filterprover och särskilt öka antalet planktonprover per hamn, för att förbättra upptäcktsförmågan av invasiva arter. Ett konkret förslag är att utöka provstorlekarna till 12 filterprover och 6 planktonprover per hamn vid nästa provtagningstillfälle.

Referenser

- Andruszkiewicz Allan, E., Zhang, W. G., C. Lavery, A., & F. Govindarajan, A. (2021). Environmental DNA shedding and decay rates from diverse animal forms and thermal regimes. *Environmental DNA*, 3(2), 492–514. <https://doi.org/10.1002/edn3.141>
- ArtDatabanken, S. (2024). *Artfakta*. ArtDatabanken.
- Artsdatabanken*. (2023, November 8). Fremmede Arter i Norge - Med Økologisk Risiko 2023. <http://www.artsdatabanken.no/lister/fremmedartslista/2023>
- Beentjes, K. K., Speksnijder, A. G. C. L., Schilthuizen, M., Hoogeveen, M., Pastoor, R., & Hoorn, B. B. van der. (2019). Increased performance of DNA metabarcoding of macroinvertebrates by taxonomic sorting. *PLOS ONE*, 14(12), e0226527. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226527>
- Blackwood, J., Hastings, A., & Costello, C. (2010). Cost-effective management of invasive species using linear-quadratic control. *Ecological Economics*, 69(3), 519–527. <https://doi.org/10.1016/j.ecolecon.2009.08.029>
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), Article 7. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>
- Çinar, M. E., Ergen, Z., Dagli, E., & Petersen, M. E. (2005). Alien species of spionid polychaetes (*Streblospio gynobranchiata* and *Polydora cornuta*) in Izmir Bay, eastern Mediterranean. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 85(4), 821–

827. <https://doi.org/10.1017/S0025315405011768>

Clarke Murray, C., Gartner, H., Gregr, E. J., Chan, K., Pakhomov, E., & Therriault, T. W. (2014). Spatial distribution of marine invasive species: Environmental, demographic and vector drivers. *Diversity and Distributions*, 20(7), 824–836.

<https://doi.org/10.1111/ddi.12215>

Corvalán, C., Hales, S., McMichael, A. J., Millennium Ecosystem Assessment (Program), & World Health Organization (Eds.). (2005). *Ecosystems and human well-being: Health synthesis*. World Health Organization.

Coutts, A. D. M., & Forrest, B. M. (2007). Development and application of tools for incursion response: Lessons learned from the management of the fouling pest *Didemnum vexillum*. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 342(1), 154–162.

<https://doi.org/10.1016/j.jembe.2006.10.042>

David, P., Thébault, E., Anneville, O., Duyck, P.-F., Chapuis, E., & Loeuille, N. (2017). Chapter One - Impacts of Invasive Species on Food Webs: A Review of Empirical Data. In D. A. Bohan, A. J. Dumbrell, & F. Massol (Eds.), *Advances in Ecological Research* (Vol. 56, pp. 1–60). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/bs.aecr.2016.10.001>

Davis, N. M., Proctor, D. M., Holmes, S. P., Relman, D. A., & Callahan, B. J. (2018). Simple statistical identification and removal of contaminant sequences in marker-gene and metagenomics data. *Microbiome*, 6(1), 226. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0605-2>

Dick, M. H., Waeschenbach, A., Trott, T. J., Onishi, T., Beveridge, C., Bishop, J. D., Ito, M., & Ostrovsky, A. N. (2020). Global Distribution

and Variation of the Invasive Cheilostome Bryozoan *Cribrilina mutabilis*. *Zoological Science*, 37(3), 217–231.

<https://doi.org/10.2108/zs190142>

Eiler, A., Löfgren, A., Hjerne, O., Nordén, S., & Saetre, P. (2018).

Environmental DNA (eDNA) detects the pool frog (*Pelophylax lessonae*) at times when traditional monitoring methods are insensitive. *Scientific Reports*, 8(1), Article 1.

<https://doi.org/10.1038/s41598-018-23740-5>

European Environment Agency. (2024, September 27). *Marine non-indigenous species in Europe's seas*. Marine Non-Indigenous Species in Europe's Seas.

<https://www.eea.europa.eu/en/datahub/datahubitem-view/8775b34c-bc10-4a6c-b446-f01b521bba85?activeAccordion=1093793>

Hebert, P. D. N., & Cristescu, M. E. A. (2002). Genetic perspectives on invasions: The case of the Cladocera. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 59(7), 1229–1234.

<https://doi.org/10.1139/f02-091>

Hewitt, C. L., Willing, J., Bauckham, A., Cassidy, A. M., Cox, C. M. S., Jones, L., & Wotton, D. M. (2004). New Zealand marine biosecurity: Delivering outcomes in a fluid environment. *New Zealand Journal of Marine and Freshwater Research*, 38(3), 429–438.

<https://doi.org/10.1080/00288330.2004.9517250>

Jardine, S. L., & Sanchirico, J. N. (2018). Estimating the cost of invasive species control. *Journal of Environmental Economics and Management*, 87, 242–257.

<https://doi.org/10.1016/j.jeem.2017.07.004>

Johns, D. G., Edwards, M., Greve, W., & SJohn, A. W. G. (2005). Increasing prevalence of the marine cladoceran *Penilia avirostris* (Dana, 1852) in the North Sea. *Helgoland Marine Research*, 59(3), 214–218. <https://doi.org/10.1007/s10152-005-0221-y>

Kvalheim, L., Stensrud, E., Knutsen, H., Hyvärinen, O., & Eiler, A. (2024). Integration of citizen science and eDNA reveals novel ecological insights for marine fish conservation. *Environmental DNA*, 6(4), e584. <https://doi.org/10.1002/edn3.584>

Leray, M., Yang, J. Y., Meyer, C. P., Mills, S. C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J. T., & Machida, R. J. (2013). A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: Application for characterizing coral reef fish gut contents. *Frontiers in Zoology*, 10(1), 34. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-10-34>

Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.Journal*, 17(1), Article 1. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>

Mikac, B., Radashevsky, V. I., Fossi, E., Pankova, V. V., Colangelo, M. A., Prioli, G., Abbiati, M., & Costantini, F. (2025). First record of non-native polychaetes *Polydora websteri* and *P. caeca* invading cultured and wild populations of mussels and oysters in the Mediterranean. *Aquaculture Reports*, 42, 102713. <https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2025.102713>

O'Hara, C. C., Frazier, M., & Halpern, B. S. (2021). At-risk marine biodiversity faces extensive, expanding, and intensifying human

impacts. *Science*, 372(6537), 84–87.

<https://doi.org/10.1126/science.abe6731>

Paine, R. T. (1966). Food Web Complexity and Species Diversity. *The American Naturalist*, 100(910), 65–75.

Pratt, C. J., Trott, T. J., Bernier, R. Y., Boerder, K., Goodwin, C., Barrell, J., Grégoire, B., Rawlings, T. A., Cronmiller, E., Ma, K. C. K., Sargent, P. S., McBride, M. C., DiBacco, C., Hiltz, C., & Kingsbury, S. (2025). The overlooked introduction of the encrusting bryozoan *Juxtacribrilina mutabilis* to eastern Canada. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 105, e98.
<https://doi.org/10.1017/S0025315425100362>

R: A Language and Environment for Statistical Computing. (2021).
[Computer software]. <https://www.r-project.org/>

Radashevsky, V. I., Malyar, V. V., Pankova, V. V., Gambi, M. C., Giangrande, A., Keppel, E., Nygren, A., Al-Kandari, M., & Carlton, J. T. (2020). Disentangling invasions in the sea: Molecular analysis of a global polychaete species complex (Annelida: Spionidae: *Pseudopolydora paucibranchiata*). *Biological Invasions*, 22(12), 3621–3644. <https://doi.org/10.1007/s10530-020-02346-x>

Ramsay-Newton, C., Drouin, A., Hughes, A. R., & Bracken, M. E. S. (2017). Species, community, and ecosystem-level responses following the invasion of the red alga *Dasysiphonia japonica* to the western North Atlantic Ocean. *Biological Invasions*, 19(2), 537–547.
<https://doi.org/10.1007/s10530-016-1323-y>

Sassoubre, L. M., Yamahara, K. M., Gardner, L. D., Block, B. A., & Boehm, A. B. (2016). Quantification of Environmental DNA (eDNA)

Shedding and Decay Rates for Three Marine Fish. *Environmental Science & Technology*, 50(19), 10456–10464.

<https://doi.org/10.1021/acs.est.6b03114>

Sayers, E. W., Bolton, E. E., Brister, J. R., Canese, K., Chan, J., Comeau, D. C., Connor, R., Funk, K., Kelly, C., Kim, S., Madej, T., Marchler-Bauer, A., Lanczycki, C., Lathrop, S., Lu, Z., Thibaud-Nissen, F., Murphy, T., Phan, L., Skripchenko, Y., ... Sherry, S. T. (2022).

Database resources of the national center for biotechnology information. *Nucleic Acids Research*, 50(D1), D20–D26.

<https://doi.org/10.1093/nar/gkab1112>

Seebens, H., Schwartz, N., Schupp, P. J., & Blasius, B. (2016). Predicting the spread of marine species introduced by global shipping.

Proceedings of the National Academy of Sciences, 113(20), 5646–5651. <https://doi.org/10.1073/pnas.1524427113>

Sinclair, L., Osman, O. A., Bertilsson, S., & Eiler, A. (2015). Microbial Community Composition and Diversity via 16S rRNA Gene Amplicons: Evaluating the Illumina Platform. *PLOS ONE*, 10(2), e0116955. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116955>

Slack-Smith, S. M., & Brearley, A. (1987). *Musculista senhousia* (Benson, 1842); a mussel recently introduced into the Swan River estuary, Western Australia. (Mollusca: Mytilidae). *Records of the Western Australian Museum*.

Slijkerman, D. M. E., Glorius, S. T., Gittenberger, A., Van Der Weide, B. E., Bos, O. G., Rensing, M., & De Groot, G. A. (2017). *Monitoring Groningen Sea Ports: Non-indigenous species and risks from ballast water in Eemshaven and Delfzijl*. Wageningen Marine Research.

<https://doi.org/10.18174/417717>

SLU Artdatabanken (2025). (2025). *Risklista för främmande arter 2024*.

<https://artfakta.se/>

Stensrud, E., & Eiler, A. (2025). *Illumina Dual Index Amplicon Sequencing Sample Preparation COI Leray-XT primer set*.

<https://www.protocols.io/view/illumina-dual-index-amplicon-sequencing-sample-pre-g97wbz9pf>

Thomsen, P. F., & Willerslev, E. (2015). Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological Conservation*, 183, 4–18.

<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.11.019>

Trott, T., & Enterline, C. (2019). First record of the encrusting bryozoan *Cribrilina (Juxtacribrilina) mutabilis* (Ito, Onishi and Dick, 2015) in the Northwest Atlantic Ocean. *BioInvasions Records*, 8, 598–607.

<https://doi.org/10.3391/bir.2019.8.3.16>

Valentini, A., Taberlet, P., Miaud, C., Civade, R., Herder, J., Thomsen, P. F., Bellemain, E., Besnard, A., Coissac, E., Boyer, F., Gaboriaud, C., Jean, P., Poulet, N., Roset, N., Copp, G. H., Geniez, P., Pont, D., Argillier, C., Baudoin, J.-M., ... Dejean, T. (2016). Next-generation monitoring of aquatic biodiversity using environmental DNA metabarcoding. *Molecular Ecology*, 25(4), 929–942.

<https://doi.org/10.1111/mec.13428>

Wangenstein, O. S., Palacín, C., Guardiola, M., & Turon, X. (2018). DNA metabarcoding of littoral hard-bottom communities: High diversity and database gaps revealed by two molecular markers. *PeerJ*, 6, e4705. <https://doi.org/10.7717/peerj.4705>

- Williams, J. M., Duckworth, C. A., Burkitt, M. D., Watson, A. J. M., Campbell, B. J., & Pritchard, D. M. (2015). Epithelial Cell Shedding and Barrier Function: A Matter of Life and Death at the Small Intestinal Villus Tip. *Veterinary Pathology*, 52(3), 445–455. <https://doi.org/10.1177/0300985814559404>
- Young, C. S., Lee, C.-S., Sylvers, L. H., Venkatesan, A. K., & Gobler, C. J. (2022). The invasive red seaweed, *Dasysiphonia japonica*, forms harmful algal blooms: Mortality in early life stage fish and bivalves and identification of putative toxins. *Harmful Algae*, 118, 102294. <https://doi.org/10.1016/j.hal.2022.102294>



Länstyrelsen
Västra Götaland

lansstyrelsen.se/vastragotaland