Övervakning av främmande marina arter med eDNA i södra Bohuslän 2024

SEANALYTICS AB

Species and Ecosystem Analyses

Länsstyrelsen
Västra Götaland

Titel:	Övervakning av främmande marina arter med eDNA i södra Bohuslän 2024
Författare:	Per Sundberg, Anna-Karin Eriksson, Marty Breidenbach, Marina Panova & Matthias Obst
ISSN:	1403-168X
Rapportnummer:	2025:18
Diarienummer:	511-10832-2025
Utgivningsår:	2025
Omslagsbild:	Anna-Karin Eriksson

Innehåll

ÖVERVAKNING AV FRÄMMANDE MARINA ARTER MED EDNA I SÖDRA BOHUSLÄN 2024 ..... **1**

SAMMANFATTNING **5**

PROVTAGNING, FILTRERING, DNA EXTRAKTION **5**

Fältrapporter, provtagning och insamlingsdata 7

Molekylärbiologiskt arbete och bioinformatisk analys 7

RESULTAT OCH DISKUSSION **7**

Översikt främmande arter i provtagningen 8

Jämförelse vår- och höstprovtagning 8

Jämförelse av de tre hamnområdena 10

Abundans av främmande arter 13

Arter av särskilt intresse 14

SLUTSATSER OCH REKOMMENDATIONER **18**

Tidpunkt för provtagning och provtagningsmetod 18

Val av hamnområden 18

Uppföljning av intressanta observationer 19

REFERENSER **20**

BILAGA 1 ..... **23**

Fältrapporter, provtagning och insamlingsdata 23

Vår/försommar 23

Uddevalla 23

Wallhamn (Tjörn) 25

Stenungsund 26

Höst 27

Uddevalla 27

Kommentar 30

BILAGA 2 ..... **31**

Molekylärbiologisk arbete och bioinformatisk analys 31

Extraktion av DNA 31

Screening för främmande arter.....33
Datahantering.....34
BILAGA 3.....35
Antal avsläsningar i analysen.....35

Sammanfattning

Prover för eDNA (vatten) och plankton togs i tre hamnar (Wallhamn (Tjörn), Uddevalla, Stenungsund) vid två tillfällen (vår/tidig sommar och höst) under 2024. Sammanlagt togs 89 prover och 232 arter återfanns där genetiska data med säkerhet kunde matchas mot artnamn i referensbibliotek. Bland dessa gjordes sammanlagt 265 observationer av 18 främmande arter som klassificeras/bedöms som invasiva. Dessa arter kan delas upp i två grupper; den ena gruppen innehåller nio arter som är kända för Sverige (d.v.s. registrerade i Artdatabanken som ”bofast och reproducerande” oftast ”passivt inkommen efter 1800”), och den andra gruppen innehåller nio arter som har antigen ej påträffats tidigare i svenskt vatten eller ej tidigare är rapporterade i Sverige.

I en tidigare undersökning våren 2024 påträffades lädersjöpung (*Styela clava*) i Uddevalla, och svartmunnad smörbult (*Neogobius melanostomus*) är rapporterad från Stenungsund och Wallhamn tidigare (www.artfakta.slu).

Det var ingen större skillnad i antalet arter som upptäcktes i de tre undersökta hamnarna: Uddevalla (11), Wallhamn (13) och Stenungsund (14). I proverna tagna för eDNA hittas fler arter (14) än DNA extraherat från planktonproven (10). Sju arter hittas bara i eDNA proverna, och tre bara i planktonproverna. Det visar att det finns anledning att använda bägge metoderna för insamling av DNA för att få en bättre täckning.

Höstprovtagningen hade marginellt fler arter, 14 jämfört med 12 för proverna tagna på våren. Samtidigt har vårprovtagningen resulterat i något fler observationer. Resultaten ger ingen tydlig indikation som skäl för att radikalt ändra på tidpunkter för provtagningen.

I ett parallellt uppdrag från Havs och Vattenmyndigheten har påväxtpaneler använts som hängt ute i ungefär 3 månader. I 2024 års provtagning där paneler hängdes ut i åtta hamnar hittades två arter som inte fanns i eDNA eller planktonprover. Merkostnaden för att även hänga ut dessa paneler kan vara motiverat i relation till upptäckten av fler arter.

Provtagning, filtrering, DNA extraktion

All provtagning genomfördes vid fem provtagningslokaler i tre hamnområden (se Kartan nedanför).

Plankton samlades med en Hydro-Bios Apstein 90µm håv, diameter 40 cm öppning. Prover drogs nedifrån botten uppåt och utmed bryggan, två drag per plats. Proverna samlades i en 1-litersburk och fixerades med 96% etanol i en mängd som försäkrade att slutliga koncentrationen inte understeg 70%. Sammanlagt tre prover (förutom i fallet med provtagningen i Uddevalla där det togs fem planktonprover under första provomgången)

Proverna förvarades i -20° C frys fram till extraktion.

Figur 1. Provtagning med plankton-håv (vänster) och Ruttner vattenhämtare (höger). Bilden visar också den typ av 2-liters engångskärl som användes vid provtagningen. Foto Jens Kosterhed (vänster) Lise-Lotte Sundberg (höger).

Vattenprover togs med Ruttner-hämtare: 1 liter vid ytan och 1 liter på 3-6 meters djup på varje lokal. Dessa prover slogs samman i ett 2-liters engångskärl och förvarades i kylväskor med kylklampar fram till filtrering. Sammanlagt 10 prover från varje hamnområde förutom i fallet med Uddevalla där det togs 15 vattenprover under första provomgången). Vattenproverna filtrerades (Sterivex 0.45µl) tidsmässigt i nära anslutning till provtagningen (max 5 timmar) med peristaltisk pump kopplad till en elektrisk borr och fixerades med 95% etanol och förslöts med proppar. Mellan lokaler pumpades igenom 10% klorinlösning som därefter sköljdes noga. Det gjordes också inför det blankprov (0,5 liter avjoniserat vatten) för kontaminationskontroll.

Fixerade filter förvarades i -20° C frys fram till extraktion.

DNA extraherades från filtren med Nucleospin eDNA water kit (Macherey-Nagel) med den teknik och standard som utvecklats i laboratoriet. Koncentration av DNA i extrakten mättes med Qubit® fluorometer. Notera att detta mäter koncentrationen av all DNA i provet och inte specifikt DNA från målarten.

DNA från planktonproverna extraherades så som beskrivet i Sundberg et al. 2022.

Figur 2. Kartan visar fem provtagningslokaler i tre hamnområden.

Fältrapporter, provtagning och insamlingsdata

Se Bilaga 1

Molekylärbiologiskt arbete och bioinformatisk analys

Se Bilaga 2

Resultat och diskussion

Den rensade sekvensdata innehöll sammanlagt 783,416 avläsningar som resulterade i totalt 9,240 unika sekvenser (dvs amplicon sequence variants eller ”ASVs”). Se Bilaga 3 för detaljer.

Analysen av de 89 insamlade proverna resulterade i sammanlagd 265 observationer av 18 främmande arter som kan delas upp i två grupper:

i) nio arter som är kända för Sverige (d.v.s. registrerade i Artdatabanken som ”bofast och reproducerande” oftast ”passivt inkommen efter 1800”), och
ii) nio arter som har antigen ej påträffats tidigare i svenskt vatten eller ej tidigare registrerade i Sverige.

Därutöver hittades 11 arter som är av okänt ursprung (cryptogenic) och som vi inte inkluderade i vidare analyser.

Översikt främmande arter i provtagningen

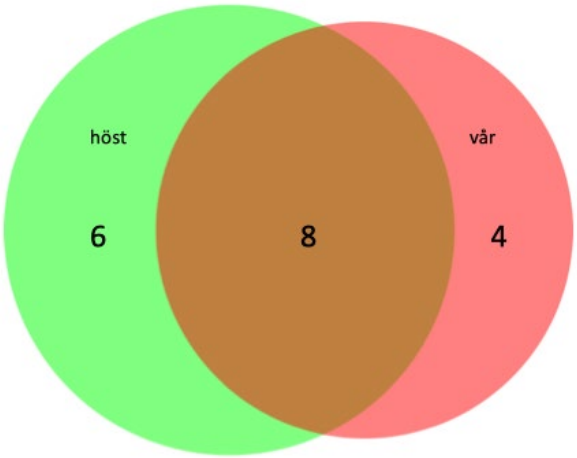
I Tabell 1 nedan finns dessa två ovan nämnda grupper markerade i blått (i) och brunt (ii). Åtta arter som är av särskilt intresse för uppföljning är markerad med asterisk*. Dessa behandlas nedanför under rubriken "Arter av särskilt intresse".

Tabell 1 visar nio arter som är kända för Sverige och de har markerats med blått samt nio arter som ej rapporterats innan i Sverige, markerade i brunt.

Art	Djurgrupp	Procent identitet	Förekomst i Sverige	Introducerad i Sverige
Marenzelleria neglecta	Annelida	99,68	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Crepidula fornicata (ostronpest)	Mollusca	100	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Cordylophora caspia	Cnidaria	100	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Mnemiopsis leidyi (amerikansk kammanet)	Ctenophora	99,37	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Acartia tonsa	Arthropoda	99,66	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Amphibalanus improvisus (slät havstulpan)	Arthropoda	100	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Hemigrapsus takanoi (småprickig penselkrabba)	Arthropoda	100	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
Thalassiosira punctigera	Bacillariophyta	98,05	Bofast och reproducerande	Passiv t inkommen efter år 1800
*Pseudocalanus acuspes**	Arthropoda	98,94	Osäkert om påträffad	Invandringshistoria osäker eller okänd
*Oithona davisae**	Arthropoda	99,36	Ej påträffad	Okänd
*Mytilicola orientalis**	Arthropoda	100	Ej registrerad	Ej registrerad
*Parathalestris harpactoides**	Arthropoda	100	Ej registrerad	Ej registrerad
*Pseudocalanus mimus**	Arthropoda	100	Ej registrerad	Ej registrerad
*Pseudodiaptomus marinus**	Arthropoda	100	Ej registrerad	Ej registrerad
*Stylochus ellipticus**	Platyhelminthes	100	Ej registrerad	Ej registrerad
*Tharyx setigera**	Annelida	100	Ej registrerad	Ej registrerad
Polysiphonia brodiei	Rhodophyta	100	Ej registrerad	Ej registrerad
Leptosiphonia fibrillosa	Rhodophyta	100	Ej registrerad	Ej registrerad

Jämförelse vår- och höstprovtagning

Det är en viss skillnad mellan provtagningsperiod vad gäller antalet observerade främmande arter och antal positiva prover för varje art. Vi hittade 12 arter i proverna från vårprovtagningen och 14 arter i höstprovtagningen. Mer än hälften av de främmande arterna (10) hittades endast vid ett tillfälle, d.v.s. antingen på våren eller på hösten (se Figur 3 nedan). Antalet observationer var marginellt större under våren (36) jämfört med hösten (34), se Tabell 2 nedan.



Figur 3 visar antal främmande arter som antingen upptäckts endast på våren (röd), endast på hösten (grön) eller vid båda provtagningstillfällena (överlapp i brunt).

Tabell 2 visar vilka främmande arter som upptäcktes vid varje provtagningstillfälle.

Provtagning	Antal arter	Funna arter
Vår och höst	8	*Amphibalanus improvisus, Polysiphonia brodiei, Acartia tonsa, Cordylophora caspia, Leptosiphonia fibrillose, Pseudocalanus acuspes, Tharyx setigera, Mnemiopsis leidyi*
vår	4	*Thalassiosira punctigera, Pseudocalanus mimus, Marenzelleria neglecta, Oithona davisae*
höst	6	*Parathalestris harpactoides, Mytilicola orientalis, Hemigrapsus takanoi, Crepidula fornicata, Stylochus ellipticus, Pseudodiaptomus marinus*

Följande tabeller visar fördelningen av påträffade arter mellan vår och höst i relation till vilket hamnområde samt insamlingsteknik.

Tabell 3 och 4 nedan visar de arter som återfanns under våren respektive hösten beroende på metod; vattenprover (e) eller planktonhåv (pl). Hamnarna är Uddevalla, Wallhamn och Stenungsund.

Vårprovtagning	**Udde**		**Wall**		**Sten**	
Art	**pl**	**e**	**pl**	**e**	**pl**	**e**
Acartia tonsa	x	x	-	x	-	x
Amphibalanus improvisus	x	x	x	x	x	x
Cordylophora caspia	x	x	-	x	-	x
Crepidula fornicata	-	-	-	-	-	-
Hemigrapsus takanoi	-	-	-	-	-	-
Leptosiphonia fibrillosa	-	x	-	x	-	-
Marenzelleria neglecta	-	x	-	x	x	-
Mnemiopsis leidyi	x	x	x	x	-	x
Mytilicola orientalis	-	-	-	-	-	-
Oithona davisae	-	-	-	x	-	x
Parathalestris harpactoides	-	-	-	-	-	-
Polysiphonia brodiei	-	-	-	x	-	-
Pseudocalanus acuspes	x	x	-	-	-	-
Pseudocalanus mimus	-	x	-	-	-	-
Pseudodiaptomus marinus	-	-	-	-	-	-
Stylochus ellipticus	-	-	-	-	-	-
Thalassiosira punctigera	-	x	-	x	-	x
Tharyx setigera	-	x	-	x	-	x
Summan av upptäckter	**5**	**10**	**2**	**10**	**2**	**7**

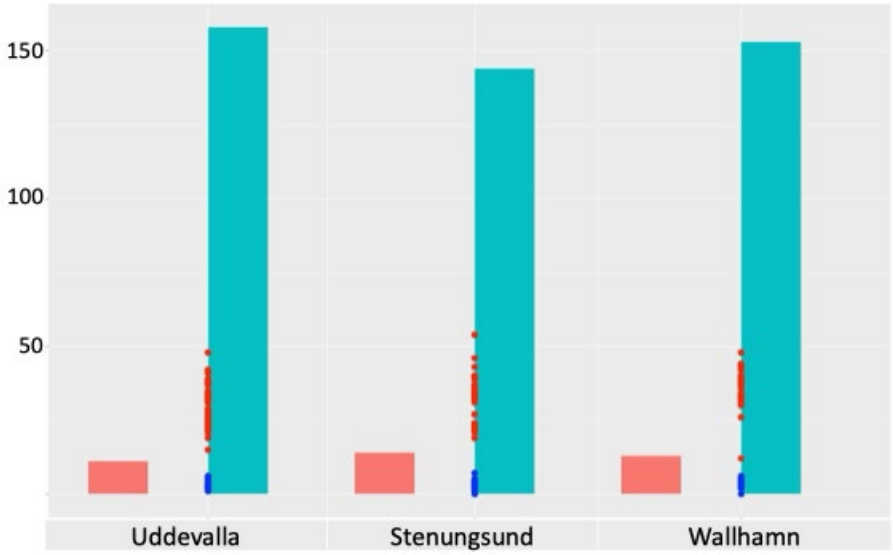
Höstprovtagning	**Udde**		**Wall**		**Sten**	
Art	**pl**	**e**	**pl**	**e**	**pl**	**e**
Acartia tonsa	x	x	x	x	x	x
Amphibalanus improvisus	x	x	x	x	x	x
Cordylophora caspia	x	-	-	x	-	x
Crepidula fornicata	-	-	-	-	x	-
Hemigrapsus takanoi	-	-	-	-	x	-
Leptosiphonia fibrillosa	-	-	-	x	x	x
Marenzelleria neglecta	-	-	-	-	-	-
Mnemiopsis leidyi	-	-	x	x	x	-
Mytilicola orientalis	-	x	-	-	-	x
Oithona davisae	-	-	-	-	-	-
Parathalestris harpactoides	-	-	-	x	-	-
Polysiphonia brodiei	-	-	-	x	-	-
Pseudocalanus acuspes	-	x	-	x	-	-
Pseudocalanus mimus	-	-	-	-	-	-
Pseudodiaptomus marinus	-	-	x	-	x	-
Stylochus ellipticus	-	-	-	-	x	-
Thalassiosira punctigera	-	-	-	-	-	-
Tharyx setigera	-	-	-	-	x	x
Summan av upptäckter	**3**	**4**	**4**	**8**	**9**	**6**

Jämförelse av de tre hamnområdena

De tre hamnområdena hade liknande förhållande mellan artrikedom och förekomst av främmande arter. Våra analyser upptäckte sammanlagt 265 arter (mellan 4 och 54 arter per prov), och mellan 1–7 främmande arter per prov), se figur nedan. Det var ingen större skillnad i antalet

främmande arter som upptäcktes i de tre undersökta hamnarna:

Uddevalla (11), Wallhamn (13) och Stenungsund (14), se figur 4 och tabeller nedan. I det nationella programmet togs prover även i Göteborgsområdet (Krossholmen och Hjuvik) för eDNA, plankton och påväxtpaneler och där hittades 10 arter. Antalet vattenprover var färre, 5 jämfört med 10 i den här undersökningen. I proverna från Göteborg fanns två arter (*Polydora websteri* och *Ensis directus*) som inte återfanns på övriga lokaler. I alla hamnarna fanns det arter unika för just den lokalen även om överlappen med gemensamma arter är stort som nedanstående Venndiagram visar.

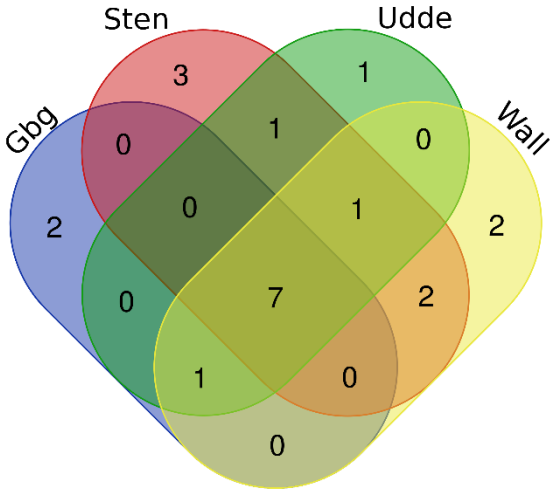


Figur 4 visar en översikt för antal identifierade arter per prov (röda cirkel) och per hamnområde (grön stapel), samt antal identifierade främmande arter per prov (blå cirkel) och per hamnområde (röd stapel).

Tabell 5 är en sammanställning över påträffade arter i hamn, metod och årstid.

A = Uddevalla vår plankton, B = Uddevalla vår eDNA, C = Uddevalla höst plankton, D = Uddevalla höst eDNA, E = Wallhamn vår plankton, F = Wallhamn vår eDNA, G = Wallhamn höst plankton, H = Wallhamn höst eDNA, I = Stenungsund vår plankton, K = Stenungsund vår eDNA, L = Stenungsund höst plankton, M = Stenungsund höst eDNA.

Hamnområde	**Uddevalla**				**Wallhamn**				**Stenungsund**			
Species	**A**	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**	**K**	**L**	**M**
Acartia tonsa	x	x	x	x	-	x	x	x	-	x	x	x
Amphibalanus improvisus	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x
Cordylophora caspia	x	x	x	-	-	x	-	x	-	x	-	x
Crepidula fornicata	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	x	-
Hemigrapsus takanoi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	x	-
Leptosiphonia fibrillosa	-	x	-	-	-	x	-	x	-	-	x	x
Marenzelleria neglecta	-	x	-	-	-	x	-	-	x	-	-	-
Mnemiopsis leidyi	x	x	-	-	x	x	x	x	-	x	x	-
Mytilicola orientalis	-	-	-	x	-	-	-	-	-	-	-	x
Oithona davisae	-	-	-	-	-	x	-	-	-	x	-	-
Parathalestris harpactoides	-	-	-	-	-	-	-	x	-	-	-	-
Polysiphonia brodiei	-	-	-	-	-	x	-	x	-	-	-	-
Pseudocalanus acuspes	x	x	-	x	-	-	-	x	-	-	-	-
Pseudocalanus mimus	-	x	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Pseudodiaptomus marinus	-	-	-	-	-	-	x	-	-	-	x	-
Stylochus ellipticus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	x	-
Thalassiosira punctigera	-	x	-	-	-	x	-	-	-	x	-	-
Tharyx setigera	-	x	-	-	-	x	-	-	-	x	x	x



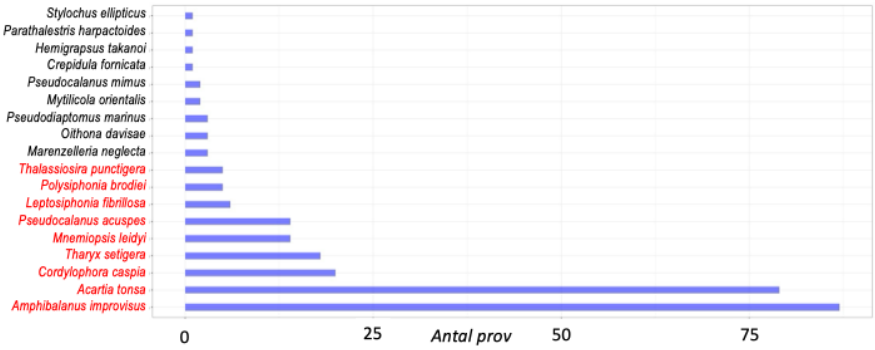
Tabell 6 visar antal främmande arter som antigen upptäcktas endast i ett hamnområde eller i en kombination av hamnområden. Tabellen visar vilka arter som upptäcktes i vilka hamnområdena.

Hamnområden	**Antal arter**	**Artnamn**
Göteborg, Stenungsund, Uddevalla, Wallhamn	7	*Acartia tonsa, Tharyx setigera, Cordylophora caspia, Amphibalanus improvisus, Marenzelleria neglecta, Leptosiphonia fibrillose, Mnemiopsis leidyi*
Göteborg, Uddevalla, Wallhamn	1	*Pseudocalanus acuspes*
Stenungsund, Uddevalla, Wallhamn	1	*Thalassiosira punctigera*
Stenungsund, Uddevalla	1	*Mytilicola orientalis*
Stenungsund, Wallhamn	2	*Pseudodiaptomus marinus, Oithona davisae*
Göteborg	2	*Ensis directus, Polydora websteri*
Stenungsund	3	*Crepidula fornicata, Stylochus ellipticus, Hemigrapsus takanoi*
Uddevalla	1	*Pseudocalanus mimus*
Wallhamn	2	*Polysiphonia brodiei, Parathalestris harpactoides*

Abundans av främmande arter

En del av de främmande arterna som hittades kan anses som väletablerade, med flera observationer i alla tre hamnområdena

(sammanlagt 89 prover). Figuren visar arter positiva prov per art. Vanligast arterna som påträffats i alla hamnområderna är *Amphibalanus improvisus*, *Acartia tonsa*, *Cordylophora caspia*, *Tharyx setigera*, *Mnemiopsis leidyi*, *Leptosiphonia fibrillosa*, *Marenzelleria neglecta*, *Thalassiosira punctigera*.



Figur 5 visar antal positiva proverna för varje främmande art. Arter som kan anses etablerade är röd-markerad.

Arter av särskilt intresse

Några arter som påträffades är nya observationer för Sverige. Dessa är intressant för uppföljning, både taxonomiskt och biogeografiskt.

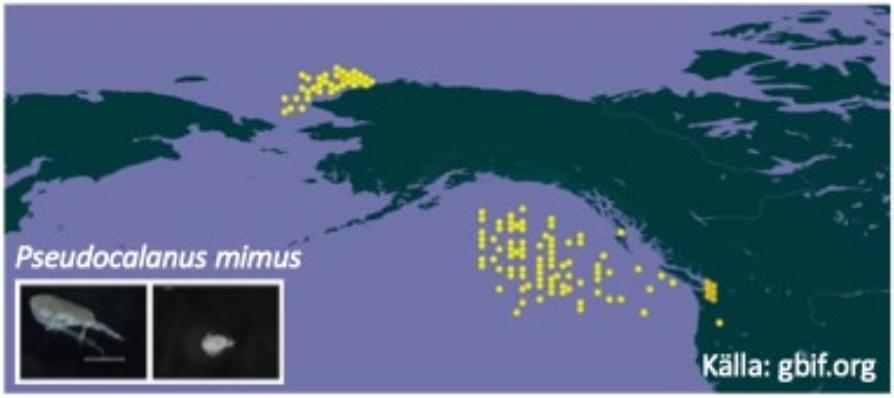
***Tharyx setigera* (havsborstmask)** har sin naturliga utbredning vid USA's ostkust. Arten hittades med 100% matchning i 18 prover och i alla tre hamnområden. Detta indikera att arten möjligen är lokal etablerad. En nära släkning *Tharyx killariensis* finns i Sverige och två nya arter av *Tharyx* har nyligen beskrivits från området (Blake and James 2015). Det är möjligt att *T. setigera* är missidentifierad på grund av saknande referenssekvenser för dessa arter i BOLD. Fynden bör därför bekräftas genom en molekylärsystematisk undersökning för dessa arter.

***Stylochus ellipticus* (plattmask)** hittades endast i ett prov från Stenungsund, men också i likande undersökning i Helsingborg. Känt utbredningsområde för *Stylochus ellipticus* är Nordamerikas ostkust men arten har rapporterats nyligen från Tyskland.

***Pseudocalanus acuspes* (hoppkräfta)** hittades i 14 prover från Uddevalla och Wallhamn. Arten har en arktisk utbredning men har rapporterats nyligen från närområdet.

Genus *Pseudocalanus* är taxonomisk osäkert enligt experter och de arter som vi hittade kan ingå i en artskomplex som kan vara svårt att skilja genetisk. Det finns dock ett stort antal verifierade referenssekvenser på BOLD och vi rekommendera att göra en släkt fylogeni med dessa sekvenser för att vara säkert P. *acuspes och P. mimus* har observerats i området.

Pseudocalanus mimus som beskrevs av Frost (1989) hittades i två prover från Uddevalla. Arten är endast rapporterad från NV Stilla havet.



***Parathalestris harpactoides* (hoppkräfta)** hittades endast i ett prov från Wallhamn. Arten lever i närområdet.

***Pseudodiaptomus marinus* (hoppkräfta)** hittades i tre prover från Wallhamn och Stenungsund. Arten är känd från närområdet.

***Mytilicola orientalis* (hoppkräfta)** är en parasit i musslor som följde med introducerade stilla havsostron *Magallana gigas* i europeiskt vatten och har sedan dess spridit sig till *Mylilus edulis* och andra musslor (Goedknegt et al, 2018). Enligt personlig kommunikation med experter har arten spridit sig sedan 2000-talet från kustområden i Nordsjön (Storbritannien) till Limfjorden och sedan vidare till musslor i svenskt vatten. Arten hittades i två prover från Uddevalla och Stenungsund.

***Oithona davisae* (hoppkräfta)** hittades i tre prover i Stenungsund och Wallhamn. Känt utbredningsområde för *Oithona davisae* är Svarta havet och den är rapporterad som ”*cf. Oithona davisae* från Tyskland.

Slutsatser och rekommendationer

Tidpunkt för provtagning och provtagningsmetod

Höstprovtagningen har påvisat marginellt fler arter, 14 jämför med 12 för proverna tagna på våren. Samtidigt har vårprovtagningen resulterat i något fler observationer. Resultaten ger ingen tydlig indikation som skäl för att radikalt ändra på tidpunkter för provtagningen - kanske att flytta vårens omgång till något senare? För den nationella övervakningen (på uppdrag av Havs och Vattenmyndigheten) finns däremot en tydlig skillnad mellan arter funna på hösten (13) och våren (5) men det är baserat på 8 hamnar (sydkusten 5 och norra Stockholm 3) och är därför inte direkt jämförbart.

I proverna tagna för eDNA hittas fler arter (14) än DNA extraherat från planktonproven (10). Sju arter hittas bara i eDNA proverna, och tre bara i planktonproverna. Dettas visar att även om vattenproverna ger ett bättre utfall så kompletterar teknikerna varandra. Det ska också noteras att totala DNA-koncentrationerna överlag var låga för planktonproverna som kommenterats ovan. Det finns anledning att fundera på vad som kan förbättras/förändras - men det ska noteras att många arter ändå hittas bland planktonen.

I ett parallellt uppdrag från Havs och Vattenmyndigheten har vi också använt påväxtpaneler som hängt ute ungefär 3 månader. Det är en modifierad och förenklad version av ARMS-paneler (Sundberg et al. 2022) "mini-ARMS" som visar sig upptäcka en del ytterligare arter. I 2024 års provtagning där paneler hängdes ut i åtta hamnar hittades två arter som inte fanns i eDNA eller planktonprover. Merkostnaden för att även hänga ut dessa paneler kan vara motiverat i relation till upptäckten av fler arter.

Val av hamnområden

Det är inte självklart utifrån våra resultat vilka hamnar som ska prioriteras om det ska ett urval bland de fyra som planerades för södra Bohuslän. Med tanke på att Göteborg är en sådan stor hamn med mycket trafik anser vi att den bör karteras regelbundet. Wallhamn är också en stor hamn när det gäller tonnage så den (eller Stenungsund) är också hamnar som också insamlingsmässigt (restider) är lämpliga.

Uppföljning av intressanta observationer

Vi rekommendera att försöka verifiera observationerna av de särskilt intressanta arter (*Tharyx setigera*, *Stylochus ellipticus*, och sex copepoder) genom att göra genetiska jämförelse med nära släktningar som finns i närområdet, samt konsultation med taxonomiska experter för dessa grupper. För de arter där fynden visar sig inte vara felbestämning rekommenderas det att göra en riskbedömning med experter, ansöka hos artdatabanken för att skapa en TaxonID, och försöka vidare kartlägga artens utbredning i svenskt vatten.

Referenser

Ahyong, S., Boyko, C. B., Bailly, N., Bernot, J., Bieler, R., Brandão, S. N., Daly, M., De Grave, S., Gofas, S., Hernandez, F., Hughes, L., Neubauer, T. A., Paulay, G., Boydens, B., Decock, W., Dekeyzer, S., Vandepitte, L., Vanhoorne, B., Adlard, R., … Zullini, A. (2024). World Register of Marine Species (WoRMS). WoRMS Editorial Board. https://www.marinespecies.org

Andújar, C., Creedy, T. J., Arribas, P., López, H., Salces-Castellano, A., Pérez-Delgado, A. J., Vogler, A. P., & Emerson, B. C. (2021). Validated removal of nuclear pseudogenes and sequencing artefacts from mitochondrial metabarcode data. Molecular Ecology Resources, 21(6), 1772–1787. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13337

Blake, J. A., Göransson, P. (2015) Redescription of *Tharyx killariensis* (Southern) from Ireland and description of two new species of Tharyx from the Kattegat, Sweden (Polychaeta, Cirratulidae). Zootaxa 4039 4 (2015): 501-15. http://dx.doi.org/10.11646/zootaxa.4039.4.1

Buchner, D., & Leese, F. (2020). BOLDigger - a Python package to identify and organise sequences with the Barcode of Life Data systems. Metabarcoding and Metagenomics, 4, 19–21. https://doi.org/10.3897/mbmg.4.53535

Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJA, Holmes SP (2016) DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nat Methods 13(7):581–583. https:// doi. org/ 10. 1038/ nmeth. 3869

Charif, D., & Lobry, J. R. (2007). Seqin{R} 1.0-2: a contributed package to the {R} project for statistical computing devoted to biological sequences retrieval and analysis. In U. Bastolla, M. Porto, H. E. Roman, & M. Vendruscolo (Eds.), Structural approaches to sequence evolution: Molecules, networks, populations (pp. 207–232). Springer Verlag.

Costello, M. J., Ahyong, S., Bieler, R., Boudouresque, C., Desiderato, A., Downey, R., Galil, B. S., Gollasch, S., Hutchings, P., Kamburska, L., Katsanevakis, S., Kupriyanova, E., Lejeusne, C., Ma, K. C. K., Marchini, A., Occhipinti, A., Pagad, S., Panov, V. E., Poore, G. C. B., … Zhan, A. (2024). World Register of Introduced Marine Species (WRiMS). WoRMS Editorial Board. https://www.marinespecies.org/introduced

Daraghmeh, N. (2024). ARMS-MBON 18S rRNA and COI gene metabarcoding: scanning for non-indigenous species. protocols.io https://dx.doi.org/10.17504/protocols.io.n92ldmmmnl5b/v1

Daraghmeh N, Exter K, Pagnier J, Balazy P, Cancio I, Chatzigeorgiou G, Chatzinikolaou E, Chelchowski M, Chrismas NAM, Comtet T, Dailianis T, Deneudt K, Diaz De Cerio O, Digenis M, Gerovasileiou V, Gonzalez J, Kauppi L, Kristoffersen JB, Kuklinski P, Obst M (2024) A long-term ecological research data set from the marine genetic monitoring programme ARMS-MBON 2018–2020. https://doi.org/10.1111/1755-0998.14073

Davis, N., Proctor. D., Holmes, S., Relman, D., Callahan, B. (2018). Simple statistical identification and removal of contaminant sequences in marker-gene and metagenomics data. Microbiome. 6. 10.1186/s40168-018-0605-2.

Dragulescu, A., & Arendt, C. (2020). xlsx: Read, Write, Format Excel 2007 and Excel 97/2000/XP/2003 Files. https://cran.r-project.org/package=xlsx

Frost, B.W. (1989). A taxonomy of the marine calanoid copepod genus Pseudocalanus. Canadian Journal of Zoology 67(3): 525-551.

Geller, J., Meyer, C., Parker, M., and Hawk, H (2013) Redesign of PCR primers for mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I for marine invertebrates and application in all-taxa biotic surveys. Molecular Ecology Resources 13 (5): 851–61. doi:10.1111/1755-0998.12138.

Goedknegt, M. A. et al (2018) Impact of the invasive parasitic copepod Mytilicola orientalis on native blue mussels Mytilus edulis in the western European Wadden Sea. Marine Biology Research 14: 497 - 507.

Leray, M., Yang, J.Y., Meyer, C.P., Mills, S.C., Agudelo, N., Ranwez, V., Boehm, J.T., and 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. Front. Zool. 10 (1): 34. Frontiers in Zoology. doi:10.1186/1742-9994-10-34.

Malani, N. V. (2021). hiReadsProcessor: Functions to process LM-PCR reads from 454/Illumina data.

Martin, M. (2011) Cutadapt Removes Adapter Sequences from High-Throughput Sequencing Reads. EMBnet Journal, 17, 10-12.

Morgan, M., Anders, S., Lawrence, M., Aboyoun, P., Pagès, H., & Gentleman, R. (2009). {ShortRead}: a {B}ioconductor package for input, quality assessment and exploration of high-throughput sequence data. Bioinformatics, 25, 2607–2608. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp450

Pagès, H., Aboyoun, P., Gentleman, R., & DebRoy, S. (2020). Biostrings: Efficient manipulation of biological strings.

https://bioconductor.org/packages/Biostrings

Ranwez, V., Douzery, E. J. P., Cambon, C., Chantret, N., & Delsuc, F. (2018). MACSE v2: Toolkit for the alignment of coding sequences accounting for frameshifts and stop codons. Molecular Biology and Evolution, 35(10), 2582–2584. https://doi.org/10.1093/molbev/msy159

Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). bold: The Barcode of Life Data System

R Core Team. (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. https://www.R-project.org

Schultz, J. A., & Hebert, P. D. N. (2022). Do pseudogenes pose a problem for metabarcoding marine animal communities? Molecular Ecology Resources. https://doi.org/10.1111/1755-0998.13667

Sundberg, P., Axberg, A., Daragmeh, N., Panova, M. & Obst, M. (2022). Genetic methods in environmental monitoring. Early detection and monitoring of non-indigenous species based on DNA. Havs- och vattenmyndigheten Rapport 2022:4, ISBN: 978-91-89329-32-4

Wickham, H. (2016). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. Springer-Verlag New York. https://ggplot2.tidyverse.org

Wickham, H., François, R., Henry, L., & Müller, K. (2023). dplyr: A Grammar of Data Manipulation. R package version 1.1.2. https://cran.r-project.org/package=dplyr

Bilaga 1

Fältrapporter, provtagning och insamlingsdata

Vår/försommar

Uddevalla

Rödöns småbåtshamn och Gustafsberg. 2024-05-25. Skeppsviken 2024 - 06-27.

Den ursprungliga planen att ta alla proverna vid bryggorna Skeppsviken fick ändras då bryggorna var låsta plus att det var en tydlig påverkan från Bäveån (låg salinitet)

Rödön (Röd) Position N58.331327, E11.889912. Salthalt 15‰, vattentemp. 16,8 °C, ostlig vind 4-5 m/s, men stilla inne i hamnen.

Gustafsberg (Gus): Position N58.330499, E11.902430. Salthalt 16‰, vattentemp. 17,3 °C, ostlig vind 6-8 m/s

Skeppsviken (Ske): Position N58.340996, E 11.906122. Salthalt 13‰, vattentemperatur 21,7 °C. Svag SO vind 2-3 m/s

20 prover togs med Ruttner vattenhämtare vid observerad påväxt på olika bryggor i hamnen (Röd 16; Gus 4), ett vid ytan och det andra lite djupare. Proverna poolades (2 stycken per spann) tillsammans till 2 liter.

5 prover togs vid Skeppsviken (2 liter var).

Tre planktonprover togs 25/5 (2 Rödön och 1 Gustafsberg) och två 27/6 i Skeppsviken. Två drag per prov. Proverna fixerade i 95% etanol i en mängd som gjorde att slutkoncentration beräknades inte understiga 70%.

I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Röd 1	1,9	11,0
Röd 2	1,9	16,0
Röd 3	1,9	12,2
Röd 4	1,0	7,0
Röd 5	1,0	10,7
Röd 6	1,0	15,8
Röd 7	1,0	14,3
Röd 8	1,0	25,6
Gus 9	1,3	23
Gus 10	1,3	38,4
Ske 1	1,5	42,8
Ske 2	1,5	40,4
Ske 3	1,5	22
Ske 4	1,5	21,9
Ske 5	1,5	40,8
blank	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL-Röd 1	2,49
PL-Röd 2	ej mätbart
PL-Röd 3	ej mätbart
PL-Ske 1	1,33
PL-Ske 2	6,84

Wallhamn (Tjörn)

Wallhamns marina 2024-07-01. På yttre bryggan som vetter mot kommersiella hamnen: Position N58.004070, E11.701938. Salthalt 15‰, vattentemp. 19,3 °C, stark syd-västlig vind i Hakefjorden (>10 m/s) men lugnt stilla inne i hamnen. Ingen ström noterad.

I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal.

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Wal 1	1,5	31,2
Wal 2	1,5	26,3
Wal 3	1,5	40,8
Wal 4	1,5	27,2
Wal 5	1,5	36,9
Wal 6	1,5	57,2
Wal 7	1,5	46,8
Wal 8	1,5	44,8
Wal 9	1,5	47,6
Wal 10	1,5	40
blank	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL-Wal 1	ej mätbart
PL-Wal2	7,32
PL-Wal 3	ej mätbart

Stenungsund

Stenungsund 2024-07-02. På yttre bryggan utanför Ellen Yachting nära Talludden. Plankton togs en bit söderut. Position N 58.075283, E 11.815473. Salthalt 16‰, vattentemp. 19,2 °C, sydlig vind 5 m/s, stark nordlig ström.

I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal.

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Ste 1	1,5	37,2
Ste 2	1,5	32,1
Ste 3	1,4	45,2
Ste 4	1,3	38,9
Ste 5	1,3	32,5
Ste 6	1,2	40,8
Ste 7	1,2	35,4
Ste 8	1,0	32,7
Ste 9	1,2	37,1
Ste 10	1,3	27,2
blank	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL-Ste 1	ej mätbart
PL-Ste 2	ej mätbart
PL-Ste 3	58,8

Mätning salthalt/temperatur flytbryggan Gustafsberg (vänster). Småbåtshamnen Rödön (höger) *(Foto Per Sundberg*)

Höst

Uddevalla

Rödöns småbåtshamn 2024-09-28 tvärs över kommersiella hamnen.

Rödön position N 58.331442, E 11.889227. Salthalt 16‰, vattentemp. 16,1 °C, NV vind 5-6 m/s, tydlig och märkbar västlig ström.

I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal.

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Röd-h 1	1,0	28,2
Röd-h 2	1,0	24,5
Röd-h 3	1,0	35,2
Röd-h 4	1,0	43,6
Röd-h 5	1,0	26,4
Röd-h 6	1,0	31,9
Röd-h 7	1,0	38,6
Röd-h 8	1,0	30,3
Röd-h 9	1,0	29,5
Röd-h 10	1,0	32,6

blank	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL-Röd-h 1	ej mätbart
PL- Röd-h 2	0,652
PL- Röd-h 3	0,42

Wallhamn (Tjörn)

Wallhamns marina 2024-09-06. På yttre bryggan som vetter mot kommersiella hamnen: Position N58.004034, E11.701980. Salthalt 17,1‰, vattentemp. 20,1 °C, svag vind NO 3-5 m/s. Ingen ström noterad

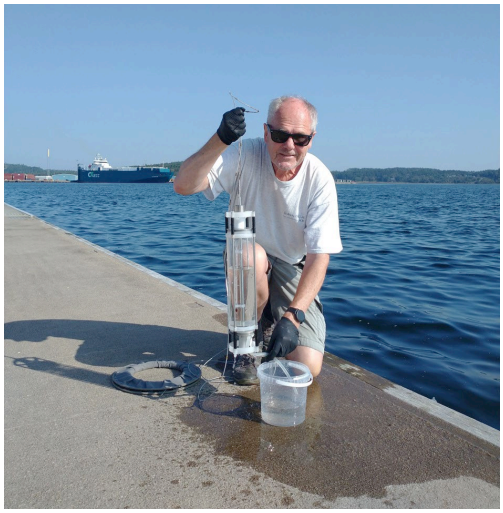
I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal.

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Wal-h 1	1,0	27,5
Wal-h 2	1,0	28,2
Wal-h 3	1,0	21,5
Wal-h 4	1,0	32
Wal-h 5	1,0	26,5
Wal-h 6	1,0	20,4
Wal-h 7	1,0	21,9
Wal-h 8	1,0	28,6
Wal-h 9	1,0	27,8
Wal-h 10	1,0	23,4
blank -h	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL- Wal-h 1	4,4
PL- Wal-h 2	ej mätbart
PL- Wal-h 3	ej mätbart



Provtagning Wallhamn 6 september 2024. *(Foto Anna-Karin Eriksson*)

Stenungsund

Stenungsund 2024-09-20. På yttre bryggan utanför Ellen Yachting nära Talludden. Position N58.075261, E 11.814582. Salthalt 13‰, vattentemp. 16,2 °C, NV vind 3 m/s, svag sydlig ström.

I tabellerna nedan anges mängd filtrerat vatten (eDNA) och totalkoncentration av DNA i varje prov för eDNA och plankton, per prov/lokal.

eDNA

prov	filtrerad volym (liter)	koncentration DNA (ng/µl per prov)
Ste-h 1	1,0	33

Ste-h 2	0.8	43,2
Ste-h 3	0.3	48
Ste-h 4	1,0	39
Ste-h 5	1,0	32,2
Ste-h 6	1,0	26,2
Ste-h 7	1,0	32,7
Ste-h 8	0,4	44,4
Ste-h 9	1,0	32,2
Ste-h 10	1,0	22,5
blank-h	0,5	ej mätbart

Plankton

prov	koncentration DNA (ng/µl per prov)
PL- Ste-h 1	ej mätbart
PL- Ste-h 2	ej mätbart
PL- Ste-h 3	6,32

Kommentar

De låga värdena på DNA-koncentrationen som återfanns i planktonproverna är något förvånande eftersom det var mycket partiklar (organismer) i vattnet. Men alla taxa/grupper är inte lika enkla att extrahera DNA ifrån - vilket kan vara en förklaring. I senare steg under processen PCR-amplifieras proverna och då har mängden ökat. Vi påvisar också främmande arter i planktonproverna så vi anser att det ändå har fungerat som insamlingsmetod.

Bilaga 2

Molekylärbiologiskt arbete och bioinformatisk analys

Extraktion av DNA

DNA från prover från filtren extraherades med Nucleospin eDNA Water (Machery-Nagel) och DNA från plankton prover extraherades med DNeasy Power Soil kit (Qiagen). Totala mängden DNA mättes med Qubit fluorometer för att säkerställa att extraktionerna har fungerat. DNA koncentrationer från vattenprover varierade mellan 0,6 – 96 ng/µl (genomsnitt 27 ng/µl); fåtal prover hade för låga DNA koncentrationer för att mäta. DNA koncentrationer från planktonprover varierade mellan 0,4 – 59 ng/µl (genomsnitt 8 ng/µl); fåtal prover hade för låga DNA koncentrationer för att mäta. Ingen DNA kunde mätas i negativa kontroller.

Metabarkoding bibliotekpreparation och sekvensering

Metabarkoding fragment av COI genen (313 bp) amplifierades med mlCOIintF (GGWACWGGWTGAACWGTWTAYCCYCC; Leray et al. 2013) och dgHCOI2198 (TAIACYTCIGGRTGICCRAARAAYCA, Geller et al. 2013) primrar enligt protokollet utvecklad av den europeiska övervakningsprogram ARMS MBON (http://arms-mbon.github.io).

PCR reaktioner utfördes i 30 ul volym innehållande 3 ul KaPa Buffer A 10x, 0.6 ul MgCl2 25 mM, 0.8 ul dNTP 10 mM each, 0.6 ul BSA 20 mg/ml, 0.9 ul KaPa Taq 5 U/ul, 1.8 ul forward och revers primrar 10 uM, 2 ul DNA och 18,5 ul vatten. PCR cykling var 95 °C för 5 min; 16 cykler med 95 °C för 10 s, 62 °C -1°C /per cykel för 30s, 72 °C för 1 min; 24 cykler med 95 °C för 10 s, 46°C för 30s, 72 °C för 1 min och sista steg 72 °C för 7 min. Fem ul från varje PCR reaktion analyserades med hjälp av gel elektrofores för att säkerställa att PCR fungerade. Två PCR reaktioner gjordes för varje prov och poolades för att minimera slumpmässig variation i amplifieringen. PCR produkter rengjordes från rester av primer osv. med hjälp av magnetiska beads AMPure XP beads (Beckman Coulter) enligt Illumina protokol (https://support.illumina.com/documents/documentation/chemistry

_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf).

Rensade PCR produkter amplifierades i nästa PCR för att fästa barkoder (korta DNA sekvenser olika för varje prov) och primrar för sekvenseringen i en Illumina maskin. PCRen gjordes i 50 ul volym innehållande 25 ul KaPa HiFi HotStart ReadyMix 2x (Roche), 5 ul av Illumina Nextera XT i5 och i7 barkoder, 10 ul rensade PCR produkten och 10 ul vatten. PCR cykling var 95 °C för 2 min; 10 cykler med 95 °C för 30 s, 55 °C för 30s, 72 °C för 30 s min; och sista steg 72 °C för 5 min. PCR produkter (nu kallade "bibliotek") rensades igen med magnetiska beads och bibliotekkoncentrationer mättes med Qubit. Inför sekvenseringen poolades lika mängder DNA från varje bibliotek.

Varje PCR innehöll en negativ kontroll (vatten istället för DNA) tillsammans med negativa kontroller från fält och negativa kontroller från DNA extraktioner för att kontrollera kontaminering under provtagning, DNA extraktion och PCR. Analyserna inkluderade också en positiv kontroll - ett blandat DNA från 8 kända evertebratarter för att kontrollera att PCR fungerar tillfredställande.

Sekvensering utfördes av Core Facility at Sahlgrenska universitetssjukhus på Illumina MiSeq plattformen med 500 cykler (2 x 250 bp).

Bioinformatisk protokoll

Ett beräkningsprotokoll med detaljerade beskrivningar av bioinformatisk bearbetning av sekvenseringsdata och efterföljande identifiering av främmande arter har publicerats (Daraghmeh 2024). Vi beskriver kort proceduren samt parameterinställningar nedanför och hänvisar till det publicerade protokollet av Daraghmeh (2024) för all kod och programvara som används.

Råavläsningar (raw reads) behandlades i R v4.3.1 (R Core Team, 2021). Primersekvenser togs bort med cutadapt v4.5 (Martin, 2011) med en maximal missmatchning på 1 och 2 baspar (bp) (dvs. en maximal felfrekvens på 1,01 och = 0,5S och 0,5S). Därefter bearbetades läsningar med R-paketet DADA2 v1.28.0 (Callahan et al., 2016). Eftersom varje sekvenseringskörning uppvisar en distinkt felprofil, utfördes bearbetningen separat för de råa läsningarna av varje körning. Efter visuell observation av kvalitetsprofiler för varje körning, utfördes avläsningstrimning för att markören skulle behålla avläsningar med ett ungefärligt lägsta kvalitetspoäng på 30. Framåtläsningar trimmades till en längd av 200 bp och omvända avläsningar till 130 bp. Avläsningar som var kortare än detta förkastades. Därefter genererades en felmodell för de trimmade och filtrerade läsningarna. Pseudopooling användes för att

tillåta både högre känslighet för ASV-anrop och rimlig beräkningstid.

Framåt- och bakåtavläsningar av parade ändar slogs samman med en minsta överlappning på 10 bp, vilket medgav en maximal missmatch på 1 bp och kasserade läsningar som inte kunde slås samman. Därefter slogs ASV-tabeller för varje körning samman. Chimära sekvenser som identifierats av DADA2:s removeBimeraDenovo-funktion togs bort, liksom singletons, dvs sekvenser med en total läsmängd på 1 över hela datamängden. Läsnummer som återstår i varje prov spårades genom varje steg i pipelinen och visas i Appendix 2.

Eftersom mitokondriella pseudogener (NUMT) utgör en utmaning för DNA-metabarcoding-studier som bygger på nukleotidskillnader i mitokondriella amplikoner (Andújar et al., 2021; Schultz et al., 2022) togs förmodade NUMTs bort från vår COI's ASV-dataset. See Ranwez et al. (2018) och Daraghmeh (2024) för detaljer.

Dekontaminering (blank correction) genomfördes

Genom att förkasta potentiella kontamineringssekvenser med R paketet decontam v1.20.0 (Davis et al. 2018). Sekvenser som identifierades av decontam med flera läsningar i negativa kontroll prover eller som blev klassifierad som kontaminant taxa (e.g., Insecta, Homo sapiens, etc.) kasserades.

Ytterligare R-paket som används under alla tidigare beskrivna steg inkluderar ggplot2 v3.4.3 (Wickham, 2016), Biostrings v2.68.1 (Pagès et al., 2020), ShortRead v1.58.0 (Morgan et al., 2009), hiReadsProcessor v1.29.1 (Malani, 2021), dplyr (Wickham et al., 2023) och seqinr v4.2.30 (Charif & Lobry, 2007).

Taxonomy tilldelades för ASV:erna med hjälp av två referensdatabaser via två klassificeringsverktyg. Barcode of Life Data System (BOLD) (Ratnasingham & Hebert, 2007) nåddes med BOLDigger-commandline v2.2.1 (Buchner & Leese, 2020) och toppträffen valdes med BOLDigger-metoden. Tröskkeln för indentifiering sattes till över 98 % på artsnivå.

Screening för främmande arter

För att hitta främmande arter jämfördes de identifierade arterna med fyra artlistor (referensbibliotek).

1. Artdatabankens checklist med 4.119 introducerade arter.
2. Artdatabankens checklist med 14.919 temporära/icke observerade arter.
3. Artdatabankens check list med 59.133 bofasta & reproducerande) arter har filtrerats bort i alla matchnngar med artnamn. Därefter granskades resterade observationer manuellt för arter som är varken

registrerad som bofast, temporärt, eller introducerad.

4. WRiMS-databasen (Costello et al., 2024) med förmodade NIS i följande målområden och närområden (för detaljer se Daraghmeh 2024):
    a. *Baltic Sea IHO*
    b. *NorthSea_IHO*
    c. *Danish EEZ*
    d. *Swedish EEZ*
    e. *Swedish Part of Kattegat*
    f. *Swedish Part of Skagerrak*

Alla individuella listor slogs sedan samman i R med paket som nämns ovan och xlsx v0.6.5-paketet (Dragulescu & Arendt, 2020) för att generera en slutlig lista som innehåller unika taxa som finns i Artdatabanken och WRiMS. Eftersom artnamnen i referensuppsättningarna som används för taxonomisk klassificering inte alltid motsvarar de accepterade namnen i WoRMS och därför WRiMS, matchades tilldelningarna på artnivå först mot WoRMS-databasen (Ahyong et al., 2024) för att erhålla respektive accepterade namn för varje art.

Datahantering

All råsekvensdata är offentligt tillgängliga i European Nucleotide Archive (ENA) under projektnummer PRJEB87280 (https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/view/PRJEB87280).

Artsobservation tillsammans med de genetiska sekvenserna är tillgängliga och sökbart via SBDI portalen från Maj 2025.

Bilaga 3

Antal avläsningar i analysen

Tabellen nedanför visar antal avläsningar som återstår per prov efter varje steg i den bioinformatiska analysen.

Sample_ID	input	cutadapt	filtered	denoisedF	denoisedR	merged
Stenungsund1_WA_V_P1	112915	108572	97017	96332	96450	94257
Stenungsund10_WA_V_P1	112915	205408	176688	175869	175065	172669
Wallhamn1_WA_V_P1	112915	145096	96178	95325	94558	92654
Wallhamn2_WA_V_P1	112915	165492	141065	140188	140091	137298
Wallhamn3_WA_V_P1	112915	131433	105754	104907	104960	102794
Wallhamn4_WA_V_P2	120967	92636	67132	66821	66752	65228
Wallhamn5_WA_V_P2	120967	100426	79370	78993	78984	77348
Wallhamn6_WA_V_P2	120967	93484	73106	72798	72585	71312
Wallhamn7_WA_V_P2	120967	111325	89321	88777	88843	87222
Wallhamn8_WA_V_P2	120967	105740	88465	88095	88008	86644
Stenungsund2_WA_V_P1	112915	124719	107408	106676	106360	104201
Wallhamn9_WA_V_P2	120967	73820	60656	60227	60303	59039
Wallhamn10_WA_V_P2	120967	93489	68803	68346	68411	66630
UddevallaSke1_WA_V_P2	120967	101889	73664	73359	73263	72584
UddevallaSke2_WA_V_P2	120967	112800	69840	69483	69435	68645
UddevallaSke3_WA_V_P2	120967	95503	51278	50943	50918	50112
UddevallaSke4_WA_V_P2	120967	106377	74672	74232	74274	72983
UddevallaSke5_WA_V_P2	120967	116731	93839	93348	93312	92211
Wallhamn1_WA_H_P2	120967	102352	69823	69217	69351	67088
Wallhamn2_WA_H_P2	120967	124882	109585	108742	108661	105614
Stenungsund3_WA_V_P1	112915	156931	145764	144845	144809	142354
Wallhamn3_WA_H_P2	120967	136918	106776	105949	105912	103440
Wallhamn4_WA_H_P2	120967	117436	105583	104763	104666	101411
Wallhamn5_WA_H_P2	120967	118094	105419	104705	104568	101602
Wallhamn6_WA_H_P2	120967	106421	92679	91838	91700	88863
Wallhamn7_WA_H_P2	120967	92868	79985	79363	79389	76669
Wallhamn8_WA_H_P2	120967	98184	81372	80794	80765	78798
Wallhamn9_WA_H_P2	120967	107273	96344	95502	95517	92548
Wallhamn10_WA_H_P2	120967	112234	97138	96473	96408	94073
Stenungsund1_WA_H_P2	120967	96305	85053	84416	84401	81813
Stenungsund4_WA_V_P1	112915	141340	126939	126119	126111	123987
Stenungsund2_WA_H_P2	120967	106834	97058	96453	96363	94084
Stenungsund3_WA_H_P2	120967	91320	81349	80772	80730	78988
Stenungsund4_WA_H_P2	120967	98504	82744	82243	82119	80330
Stenungsund5_WA_H_P2	120967	105264	86545	86057	85916	83745
Stenungsund6_WA_H_P2	120967	101335	83985	83545	83481	81717
Stenungsund7_WA_H_P2	120967	109046	88735	88183	88086	85498
Stenungsund8_WA_H_P2	120967	104678	92487	92031	91957	89782
Stenungsund9_WA_H_P2	120967	104446	69142	68619	68613	66483
Stenungsund10_WA_H_P2	120967	105585	79456	78999	78945	76758
Stenungsund5_WA_V_P1	112915	144535	129579	128742	128675	126815
UddevallaRod1_WA_H_P2	120967	99367	85645	85050	84927	83066
UddevallaRod2_WA_H_P2	120967	101086	74357	73765	73724	71941
UddevallaRod3_WA_H_P2	120967	108747	95172	94553	94427	92562
UddevallaRod4_WA_H_P2	120967	119757	95586	94906	94741	92898
UddevallaRod5_WA_H_P2	120967	133001	114492	113689	113570	110964
UddevallaRod6_WA_H_P2	120967	96369	70716	70024	70157	68551
UddevallaRod7_WA_H_P2	120967	105819	80242	79724	79592	77877
UddevallaRod8_WA_H_P2	120967	68832	55856	55229	55371	54147
UddevallaRod9_WA_H_P2	120967	124084	97301	96681	96466	94654
UddevallaRod10_WA_H_P2	120967	100022	80377	79841	79741	77955
Stenungsund6_WA_V_P1	112915	137683	107032	106119	106149	104335
Stenungsund7_WA_V_P1	112915	166851	147420	146556	146563	144166
Stenungsund8_WA_V_P1	112915	140306	122294	121546	121567	119176

Länsstyrelsen
Västra Götaland

lansstyrelsen.se/vastragotaland