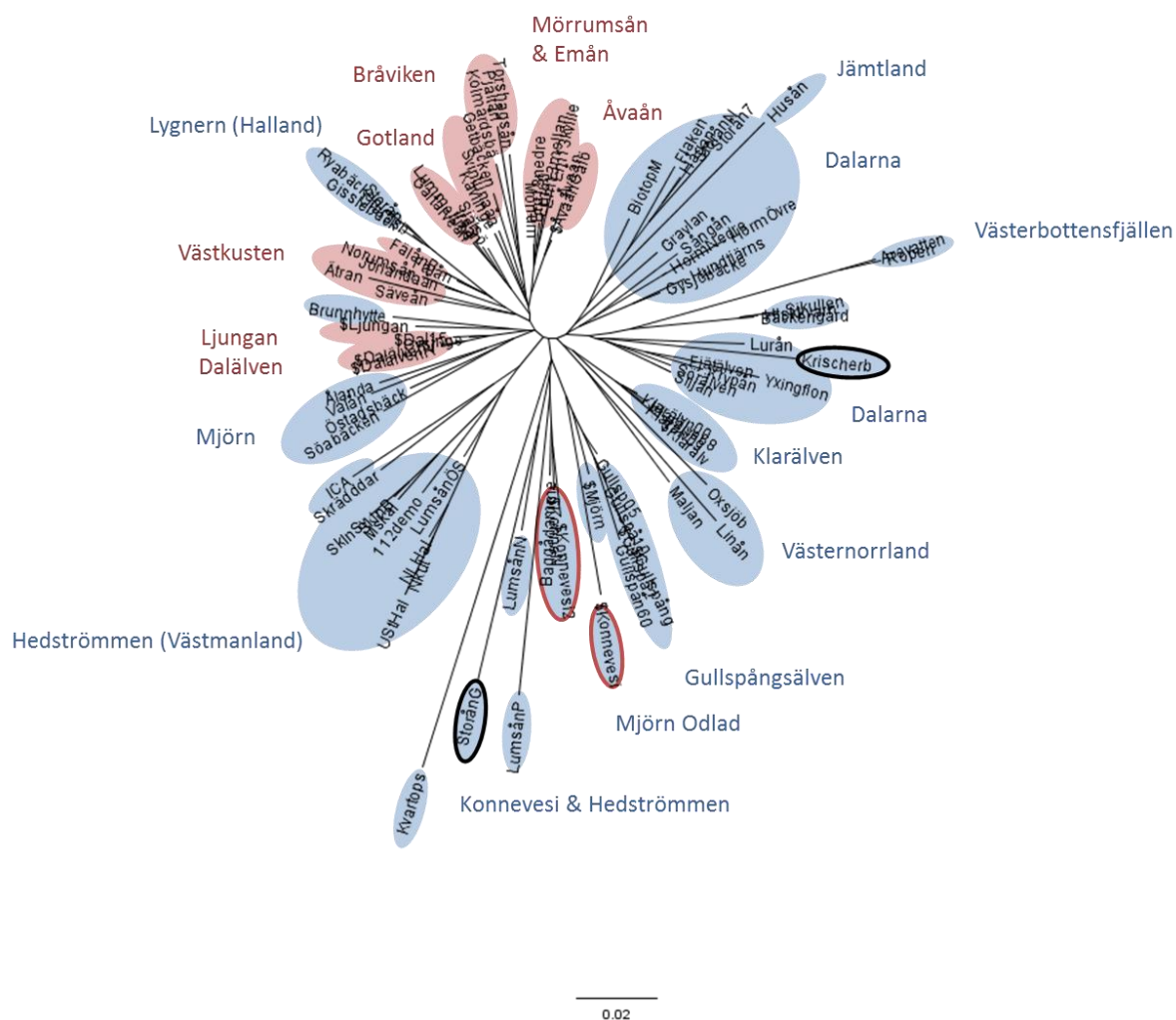


Genetisk analys av öring från Rämhyttans fvo

Johan Östergren, SLU, Sötvattenslaboratoriet

En analys av DNA från 21 öringar från Krischerboån, samt två öringar från Storån, Gomens utlopp, genomfördes med tio mikrosatelliter (genetiska markörer). Syftet var att undersöka följande frågeställningar; 1) utgör öring i Krischerboån en egen stam eller härstammar de från utsatt Konnevesiöring? och 2) härstammar öringarna från Storån från utsatt Konnevesiöring eller är de närmare släkt med de från Krischerboån?

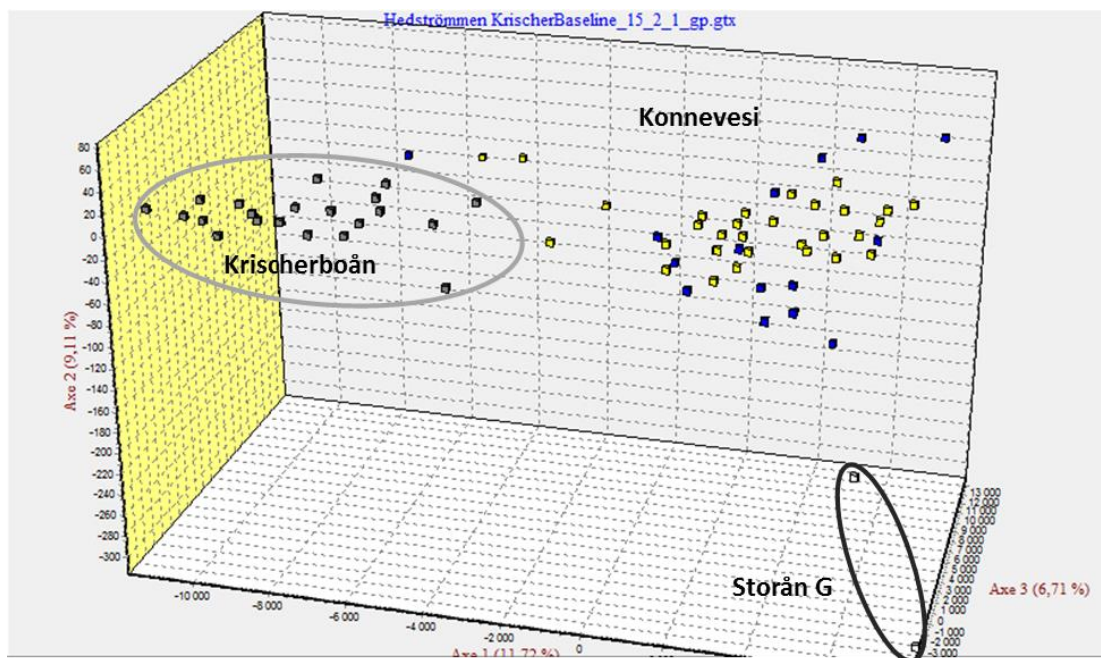
Vid en jämförelse med DNA från andra öringar i Sverige med ett så kallat dendrogram (figur 1) förhöll sig provet från Krischerboån och Storån som relativt egna, dvs. de låg inte särskilt nära något annat prov. Krischerboån låg närmast öring från andra delar av Dalarna.



Figur 1. Genetiskt "släkträd" för öring från Sverige (orotat så kallat neighbor-joining dendrogram baserat på tio mikrosatelliter och parvisa "chord-distanser") med de analyserade proven från Krischerboån och Storån inringade med svart. Öring från odling är markerade med dollartecken (\$) och Konnevesiöring inringade med rött.

En genetisk ursprungs- och sannolikhetsanalys där öringar från Krischerboån och Storån jämfördes med Konnevesiöringar genomfördes också (med programmet GENECLASS2). Analysen visade att det inte är sannolikt att någon av öringarna från Storån är nära besläktad med Konnevesiöring. Däremot gick det inte, med denna metod, att utesluta att vissa av de analyserade Krischerboåöringarna kan ha eventuell härstamning från Konnevesiöring. Tittar man emellertid på genetisk skillnad med hjälp av F_{ST} så har provet från Krischerboån som helhet ett värde som kan betraktas som mycket högt i sammanhanget, i jämförelse med Konnevesi ($F_{ST} = 0,17$). Detta höga värde talar emot att dessa öringar direkt härstammar från utsättningar av Konnevesiöring. Som exempel kan nämnas att provet från Krischerboån är mer likt, men fortfarande signifikant skilt från, Siljanöring ($F_{ST} = 0,12$). Krischerboåöringen hade vidare betydligt lägre genetisk diversitet ($H_e = 0,54$) jämfört med Konnevesi ($H_e = 0,65$), vilket också stödjer att det inte förekommer någon genetisk inblandning i det förra provet, eftersom diversiteten i så fall borde vara mer lika i de bägge proven.

Resultatet från DNA-analysen kan delvis illustreras av nedanstående faktoriella korrespondensanalys (figur 2), där man tydligt ser att individerna från Storån inte ligger nära varken Konnevesiöring eller öring från Krischerboån. Man kan även se att det finns enstaka Konnevesiöringar som i figuren ligger relativt nära Krischerboån, samtidigt som det inte finns något överlapp grupperna emellan.



Figur 2. Faktoriell korrespondensanalys gjord med programmet Genetix baserat på 10 mikrosatelliter. Varje symbol (färgad kub) motsvarar en individ (genotyp). Öring från Krischerboån (grå elips) och Storån (svart elips) är inringade och kan jämföras med öring från två prov av Konnevesi från Persbo-Klotens fiskodling (gula och blåa kuber).

Slutsatser

Öringarna från Krischerboån verkar tillhöra en egen population, skild från övriga öringpopulationer i Sötvattenslaboratoriets referensdatabas, inklusive öring av Konnevesistam provtagen i Persbo-Klotens fiskodling. De två individerna från Storån är inte Konnevesiöringar, och inte heller genetiskt lika öringen från Krischerboån.