

GENETISK ANALYS AV ÖRINGEN I VÄTTERN

*Innehåller analyser
av öring i elva tillflö-
den samt jämförelser
med Vätterns tidigare
nedströmslekande
öringstam*



- Genetisk analys av öringen
i Vättern

Rapport nummer 2021:143
Referens Linda Söderberg, Helena Königsson och Johan Östergren
Sveriges lantbruksuniversitet
September, 2021
Kontakt vatternvardsforbundet@lansstyrelsen.se
Webbplats www.vattern.org
ISSN 1102-3791
Upplaga Digital publicering
Tryckt på Länsstyrelsen i Jönköpings län, 2021

© Länsstyrelsen i Jönköpings län 2021 © Vätternvårdsförbundet 2021



Lokalt ledd utveckling

LEADER
VÄTTERN

Förord

I den här rapporten redovisas resultatet från den analys som genomfördes mellan åren 2019-2021 och som syftade till att utröna vätteröringens eventuella genetiska skillnader mellan olika tillflöden. Studien kompletterades även med en analys av genetiskt material från den nedströmslekande öringstam som slogs ut i samband med att vattenkraften i Motala ström byggdes ut. Studien utfördes Sveriges lantbruksuniversitet och insamlingen av det genetiska materialet som låg till grund för analyserna genomfördes av personal från Länsstyrelsen i Jönköpings län samt ett flertal konsulter som anlätats för elfiskeuppdrag. Vävnader från den utdöda öringstammen fanns lyckligtvis att få tag på i form av fjällprover i Sötvattenslaboratoriets arkiv. Studien bekostades genom bidrag från LEADER Vättern som fördelar medel ur europeiska havs- och fiskerifonden (EHFF). Förutom dessa medel har undersökningen även medfinansierats av de fyra länen runt Vättern.

Generellt observerades en hög grad av genetisk variation bland de stickproven som samlades in från tillflöden runt Vättern. Det antyder att öringbestånden i och runt Vättern har god status med ett tillräckligt högt antal lekfishar för att bibehålla en bra genetisk variation och stabila populationer. Studien visade även att det är en stor genetisk skillnad mellan de historiska proverna och de nutida i Vättern. Fler resultat finns naturligtvis i rapporten som du finner i sin helhet på nästa sida.

Så långt som möjligt insamlades det genetiska materialet i samband de återkommande elfisken som genomförs i Vätterns tillflöden. I vissa vattendrag behövdes dock dessa kompletteras med fler elfisken för att få ett tillräckligt stort material. I slutet av denna rapport finns protokoll från nio sådana kompletterande elfiskeundersökningar.

Mycket nöje!



Daniel Rydberg

*Fiskerikonsulent och projektledare
Länsstyrelsen i Jönköpings län*



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för akvatiska resurser

2021-04-30

Genetisk analys av öring i 11 tillflöden till Vättern samt en ny jämförelse med historiska prover från 1914-1918 .

Linda Söderberg¹, Helena Königsson², Johan Östergren¹

¹ Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser, Sötvattenslaboratoriet
Stångholmsvägen 2, 178 93 Drottningholm

² Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för vilt, fisk och miljö, Skogsmarksgränd, 901
83 Umeå

Innehållsförteckning

Bakgrund.....	2
Material och metoder.....	4
Resultat.....	8
Diskussion.....	19
Referenser.....	22
Bilaga 1.....	24
Bilaga 2.....	25

Bakgrund

Öring (*Salmo trutta*) är en ursprunglig art för Vättern och har troligen funnits där alltsedan senaste istiden. Förutom den mindre uppströmslekande öring som leker i mindre tillrinnande åar och bäckar fanns tidigare även en storvuxen nedströmslekande öring i Motala ström, vilken dock försvann i och med uppförandet av Motala kraftverk 1918 (Degerman 2004). Även den uppströmslekande öringen har minskat under 1900-talet, främst genom vattenkraftsutbyggnaden, försurning, förorening och fiske (Degerman 2004). Flera vattendrag runt Vättern har kalkats för att motverka försurningen, vandringshinder har tagits bort där möjlighet funnits eller så har fiskvägar byggts, vidare har restaurering av lekhabitat skett i flera vattendrag.

Då Motala ström byggdes ut anlades Borensults fiskodling för att kompensera skadan på det storvuxna öringbeståndet som försvann. Ursprunget på avelsmaterialet i Borensult är inte fastställt men det ska ha varit av ”lokalt ursprung”. Eftersom också öringbestånden i flera av de mindre vattendragen minskade utförde man stödutsättningar från Borensult även i dessa. Det har även genomförts odling av lokala stammar som har satts ut i det vattendrag det kom från, men även spridits till andra vattendrag bl.a. spreds Gagnåring (uppgift från Länsstyrelsen i Jönköpings län).

Idag leker öring i ca 60 vattendrag runt Vättern, främst på västra sidan av sjön. Öringen vandrar ut i Vättern för tillväxt, så kallad insjööring. Ofta är vattendragen på sjöns västra sida korta och strömmade då de påverkas av höglåtan. Trots att vattendragen är små är de dock viktiga lekområden för öringen i och med det höga vattenflödet och lutningen som ger bra strömhabitat. Många av vattendragen har också stort inflöde av grundvatten och blir därför inte för varma för öringens under extrema somrar. I några vattendrag är öringtätheterna så höga att en del av ynglen går ut i Vättern ganska direkt efter kläckning och växer upp i Vätterns strandzon (Vätternvårdsförbundet 2009). Då flera vattendrag tidigare haft definitiva vandringshinder av antropogent ursprung så kan det eventuellt finnas både sjövandrande och stationär öring i bäckarna. Förutom öring finns det ett flertal rödlistade arter i bäckarna på den västra sidan av Vättern. Många av dessa naturområden är också klassade som speciellt värdefulla och skyddsvärda.

Likt andra laxfiskar söker sig öringen tillbaka till den å/bäck där de är födda för att föröka sig (s.k. *homing*). Detta beteende medför att det kan bildas lokala populationer i respektive vattendrag där öringen leker, som i hög grad är demografiskt oberoende av varandra och mellan vilka distinkta genetiska skillnader kan utvecklas relativt snabbt.

Länsstyrelsen i Jönköping vill kartlägga öringen i delar av Vätterns tillflöden för att bl.a. se om det finns genetiska skillnader mellan de olika bäckar och åar som mynnar i Vättern. Kunskap om eventuell förekomst av olika stammar i Vätterns tillflöden är värdefullt för förvaltnings- och åtgärdsarbetet. Livskraftiga öringbestånd är dessutom viktigt för överlevnaden av den hotade flodpärlmusslan (*Margaritifera margaritifera*) som finns i vissa tillflöden, och vars reproduktion är beroende av öring som mellanvärd. Målet med den första delen av studien är att med 16 genetiska markörer (s.k. mikrosatelliter) jämföra öringar från 11 av Vätterns tillflöden. I ett fall (Svedån) ingår även en jämförelse av individer insamlade uppströms respektive nedströms ett definitivt vandringshinder (3 km från mynningen) som funnits sedan 1896.



Figur 1. Hjoån mellan mynningen och Herrkvarn

Foto: L. Söderberg

De 11 tillflödena kommer även att jämföras med tidigare analyserade stickprov tagna i vattendrag som mynnar i Mullsjön och övre Hjoån (samt nedre Hjoån nedan f.d. hindret vid Herrkvarn) från tiden innan dessa vattenhinder öppnades (Söderberg & Palm 2017) samt med två stickprov från Sommen (Dannewitz & Palm 2018) analyserade med 10 markörer. Anledningen till att Sommen tagits med i den första delen av studien är för att utröna om öring i detta vattensystem är lik Vätternöringen då man tror de nedströmslekande öringbestånd som finns i Sommen liknar de som fanns i Motala ström innan 1918.

Föreliggande rapport är en uppdatering av en tidigare rapport (Söderberg 2020) som presenterade resultaten från den första delen. I denna uppdaterade rapport har vi lagt till resultat från en analys av äldre prover från Vättern-Motala ström (insamlade 1914-1918), med syftet att undersöka genetiska likheter med dagens stammar av öring i Vättern eller de nedströmslekande stammarna som finns i Svartån (Laxberg) nedströms Sommen. Eftersom DNA-fragment i äldre prover kan vara nedbrutna och då svåra att analysera med mikrosatelliter (som användes för den första delen av studien), har vi i denna del använt oss av så kallade SNP markörer. Tidigare genetiska studier har visat att SNP-markörer kan fungera bra på äldre fiskfjäll (Östergren m.fl. 2021).

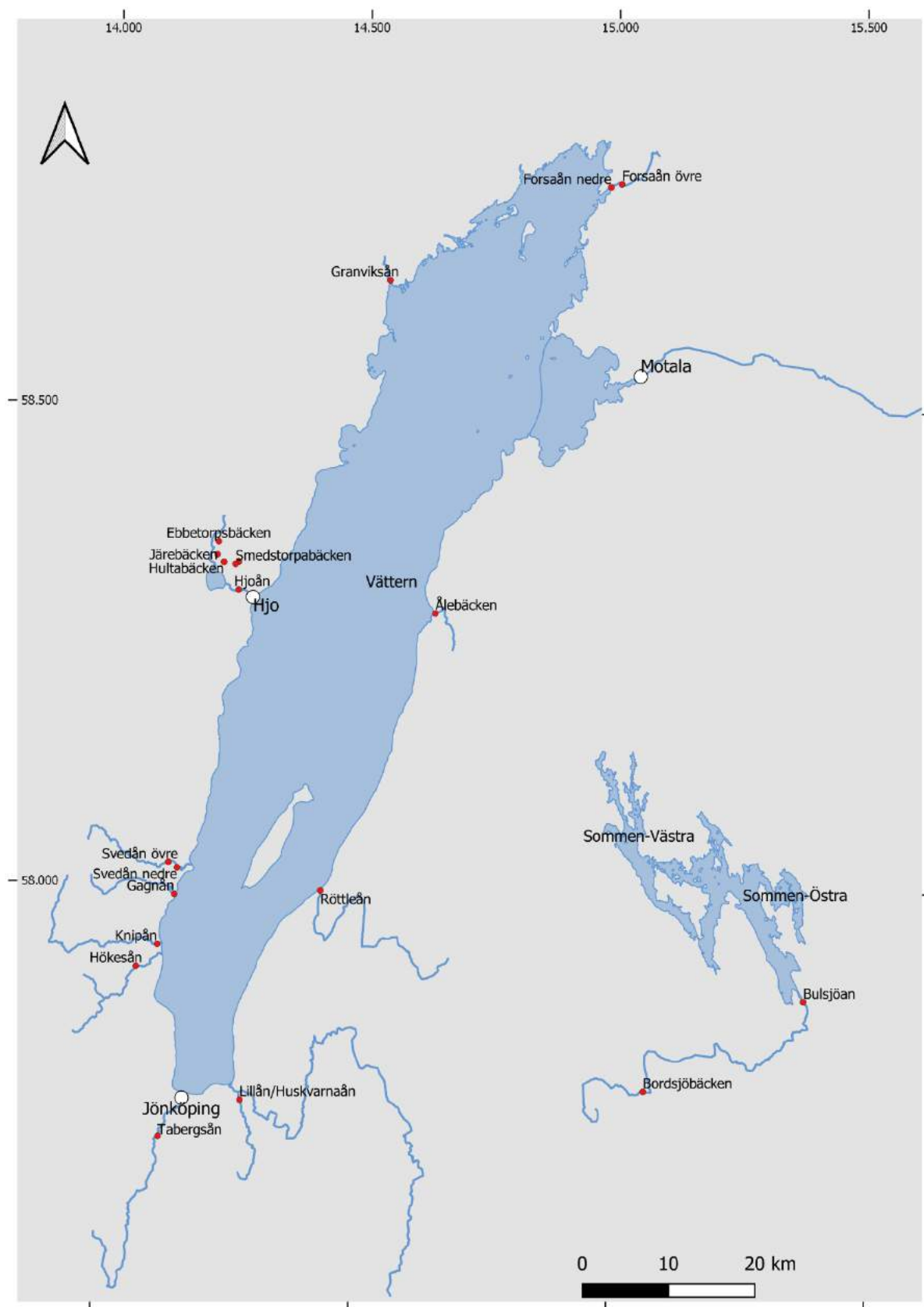
Material och metoder

Vävnad för genetisk analys (fenklipp i 95 % etanol) insamlades från 11 vattendrag (Figur 2) i samband med elfiske 2019 samt från Svartån vid Laxberg (Sommen) 2020. Insamlingen skedde på två lokaler i varje vattendrag, förutom i Svedån där totalt fyra lokaler ingick (två nedströms och två uppströms det definitiva vandringshindret). Totalt samlades det in 339 fenklipp 2019 (Tabell 1) och 30 fenklipp 2020. Det fanns även sju fenprover bevarade i etanol från mitten av 1990-talet från Laxberg i Sommen samt 25 torkade fjällprover från Vättern-Motala Ström 1914-1918 i SLU-Aquas biologiska arkiv.

Laborativa genetiska analyser (genotypbestämning) för den första delstudien genomfördes på Sötvattenslaboratoriet (SLU Aqua, Drottningholm) 2019 med 16 s.k. mikrosatellitmarkörer, varav 10 är väl etablerade inom genetikområdet och är tidigare använda vid sötvattenslaboratoriet (Dannewitz m.fl. 2003). De övriga 6 markörerna har nyligen börjat användas vid studier av öring vid samma laboratorium (Söderberg m.fl. 2019). Tidigare analyserad data är baserad på endast de 10 första markörerna.

SNP jämför skillnad vid en specifik plats i genomet och då är förekomsten av korta fragment av mindre betydelse. Arkiverade gamla fjäll med ofta delvis nedbrutet DNA fungerar bättre för SNP-analyser. Därför utfördes ytterligare en genetisk analys med 90 SNP för prover från Vättern-Motala ström 1914-1918, samt delar av det genetiska materialet från Vättern 2019 (Forsaån, Granviksån, Ålebäcken, Knipån, Huskvarnaån) och nya prover från Svartån, Sommen 2020. Stickprov för analys av SNP var utvalda baserade på STRUCTURE-resultaten i den första studien (Figur 5) och den geografiska placeringen i Vättern (Figur 2), vilket resulterade i 179 individer. Laborativa genetiska analyser för SNP utfördes vid institutionen för vilt, fisk och miljö (SLU Umeå) som även utvecklat SNP-chipet (dvs. satt ihop, testat och kalibrerat 90 SNP) för öring.

Vid elfiske kan det hända att man oavsiktligt provtar flera individer från samma familj. Om ett prov domineras av några få familjer (t.ex. ett stort antal helsyskon) kan detta påverka resultat från statistiska analyser (Waples m.fl. 2017; Östergren m.fl. 2020). Därför analyserades stickproven inledningsvis med programmet COLONY 2.0.6.3 (Jones & Wang 2010; 10 long runs, high precision, error rate på 0,001 och weak prior) för att identifiera potentiella helsyskongrupper. När sådana grupper hittades reducerades dessa till max två helsyskon per stickprov inför vidare statistiska analyser.



Figur 2. Karta över Vättern med provtagna lokaler från den första del studien samt två tidigare (Hjoån och Mullsjön respektive närliggande Sommen). Lokalerna Laxberg och Svartån är inte utmärkta på kartan.

Eftersom det samlats in prover vid två olika lokaler i varje vattendrag, med varierande inbördes avstånd, samt det faktum att en del uppströms belägna provtagningslokaler varit tillgängliga för sjövandrande fisk olika länge (Tabell 1) så undersöktes inledningsvis om lokalerna från samma vattendrag var genetiskt lika eller åtskilda. Analys av genetisk skillnad mellan stickprov utfördes med programmet FSTAT 2.0.6.3 (Goudet 1995). Lokalerna i Granviksån kunde dock inte jämföras då endast en individ samlades in vid mynningen. I övrigt var alla parvis testade lokaler från samma vattendrag, utom de i Forsaån, genetiskt lika varandra (ej statistiskt signifikanta; Tabell 1; Bilaga 1 – Figur I). De analyserades därför som ett enda sammanslaget stickprov. De båda stickproven från Forsaån var genetiskt skilda (Bilaga 1 – Figur I) och analyserades därför genomgående separat i den första studien men som ett prov i den andra studien.

Tabell 1. Lokaler i de 11 vattendragen där öring samlades in 2019 med uppgift om hur länge lokalen varit tillgänglig för öring från Vättern. Kolumnen om utsättningar indikerar om det har skett kända utsättningar i vattendraget. N = antal öringar som provtogs vid respektive lokal samt genomsnittlig genetisk skillnad (mätt som parvist F_{ST}) mellan de båda lokalerna inom samma vattendrag (**= $P < 0,01$; NA – F_{ST} kan inte beräknas).

Vattendrag	Lokal	Lokal tillgänglig	Utsättning	N	Fst
Forsaån	Ned bro Stenshult - övre	Sedan 2008		15	0.056**
	Väg 50 - nedre			15	
Granviksån	Granviks vårdshus			15	NA
	Mynningen		Ja	1	
Ålebäcken	Ned g:a landsvägsbro			15	-0.004
	Nedan kvarndamm			15	
Hjoån	Ned Herrekvarn	Sedan 2001		15	0.009
	Ned Strömsholmsdamm	Sedan 1991		15	
Röttleån	Turbinfundamentet		Ja	15	0.015
	Vid gångbron	Sedan 1920	Ja	15	
Svedån nedre	Baskarps kraftverk			15	0.006
	Kröken stenmuren			14	
Svedån övre	Ovan pegeln	Inte sedan 1896		15	0.003
	Torrfåran	Inte sedan 1896		15	
Gagnån	Harrlekplatsen		Ja	15	-0.003
	Ö. Bjälkatorpet		Ja	15	
Knipån	Lilla Simontorp		Ja	15	0.013
	Väg Kivarp/Dykärr	Sedan 2010	Ja	15	
Hökesån	Ovan Laggaredammen	Sedan 2005		15	0.008
	Reningsverket		Ja	15	
Tabergsån	Bron Bårarp			11	-0.004
	Ned hembygdsgården			14	
Lillån-Huskvarnaån	Bråneryds induströmr		Ja	15	-0.003
	Ravingatan		Ja	14	

FSTAT 2.0.6.3 användes även för beräkningar av genetisk variation (förväntad heterozygotigrad H_E , allelic richness A_R) och skattningar av F -statistik för de sammanlagt 13 stickproven analyserade med mikrosatelliter (Tabell 2). För några av de 13 stickproven avvek F_{IS} -skattningarna från förväntan (noll). Eftersom det vid tidigare analyser av öring från Hjoån funnits tecken på förekomst av en s.k. *noll-allel* (d.v.s. en mutation i primersekvensen förhindrar att anlagsvarianten kan registreras) uppströms vandringshindret vid Grebbans och Herrekvarn kvarn (Söderberg & Palm 2017), analyserades den genetiska datan för de 13 stickproven med MICROCHECKER 2.2.3 (Shipley 2003).

För att få en bild av hur genetiskt lika stickproven var och om det fanns grupperingar av mer lika lokaler inom materialet användes programmet STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard & Wen 2004). Detta program identifierar grupper av individer i material av okänd sammansättning

genom att identifiera så kallade ”genetiska kluster” (K). Klustren uppfyller kriterier för genetiskt homogena grupper eller populationer, där avvikelser från s.k. Hardy-Weinberg-proportioner och kopplingsjämvikt är minimerade. Analyser med STRUCTURE gjordes på olika nivåer men alla hade samma grundinställning (100 000 burn-in iterations, 100 000 MCMC repetitioner med 20 upprepningar (*runs*)). STRUCTURE analys utfördes (1) med genetiska data från de 13 stickproven med 16 markörer (för varje kluster $K=1$ till $K=13$), (2) med 10 markörer där även de tidigare analyserade proven från Hjoån och Mullsjön samt närliggande Sommen var inkluderade (med $K=1$ till $K=21$), (3) för att analysera endast de stickprov som tidigare inte gick att separera med samma inställningar som ovan (med $K=1$ till $K=6$; 16 markörer) och slutligen (4) de åtta stickprov analyserade med SNP historiska och nutida (med 90 markörer; $K=1$ till $K=8$). För att avgöra vilket antal kluster som var mest troligt användes STRUCTURE HARVESTER (Earl & von Holdt 2012). Resultat för samtliga 20 repetitioner slogs samman med programmen CLUMPP och DISTRUCT (Rosenberg 2002; Jakobsson & Rosenberg 2007).



Foto: J. Persson, O. Renman

Figur 3. Vänstra bilden är tagen mellan Vättern och Herrkvarn i Hjoån där öring observerades vid fototillfället. Den högra bilden visar nedre delen av Hjoån nära mynningen.

STRUCTURE visar om det finns grupperingar i materialet men inte hur stickproven förhåller sig till varandra. För att speciellt undersöka hur klustren som identifierades av STRUCTURE förhåller sig till varandra gjordes en Principalkomponentanalys (PCA) dels för de 13 i denna studie och dels med tidigare individer i Vätterns biflöden med programmet GENETIX 4.05.2 (Belkhir m.fl 2004). För de 8 stickproven analyserade med SNP-chip gjordes dels PCA för alla analyserade individer men även för populationerna (denna analys utfördes med GenAlEx; Peakall & Smouse 2006; 2012).

PHYLIP 3.6.9.5 (Felsenstein 2004) användes för att beräkna genetiska avstånd mellan stickprov (chord distance Cavalli-Sforza & Edwards 1967). De genetiska avstånden användes sedan för att konstruera dendrogram (”släktträd”) vilka utvärderades statistiskt med hjälp av s.k. consensus-träd (baserade på 1000 st. bootstrap-replikat). Dendrogram gjordes i fyra olika

konstellationer (1) för de 13 stickproven från den första studien (på 16 markörer), (2) de 13 stickproven tillsammans med prov från närliggande lokaler i Hjoåns vattensystem och Sommen (10 markörer), (3) ett dendrogram (baserat på 10 markörer) med ett betydligt större antal stickprov av sötvattenlevande öring från hela Sverige, alla dessa stickprov har en provstorlek på minst 20 individer och har tidigare analyserats vid Sötvattenslaboratoriet. Slutligen (4) gjordes ett dendrogram för de 8 stickproven i den andra delstudien baserat på data från analysen med SNP-chippet.

För att undersöka samband mellan geografiska och genetiska avstånd, d.v.s. om stickprov från närliggande vattendrag var mer genetiskt lika varandra än de som ligger längre bort och vice versa gjordes en analys av *isolation-by-distance*, IBD, och Mantel-test med GENEPOP ON THE WEB (Raymond & Rousset 1995, Rousset 2008). Testet undersöker om det finns en statistiskt säkerställd korrelation mellan parvisa genetiska avstånd ($F_{ST}/(1-F_{ST})$) och motsvarande geografiska avstånd (km). Data utgjordes av de 12 stickprov (16 markörer) från lokaler där öringen har möjlighet att vandra ut i Vättern (Svedån uppströms vandringshindret var inte med i analysen) äldre stickprov och stickprov från Sommen och Svartån var inte med i denna analys.

Resultat

Vid fyra lokaler hittades helsyskongrupper med mer än två individer per syskongrupp, vilka reducerades slumpmässigt så att maximalt två helsyskon per grupp fanns kvar. Denna reduktion resulterade i att totalt 318 individer av ursprungligen 339 analyserade återstod (Tabell 2). Syskonreduktionen av proverna från Vättern 2019 var utförd innan SNP-analysen så inga helsyskon skickades till Umeå för SNP-analys, dock har ingen analys för syskon gjorts på de prover som bara analyserades med SNP.

Graden av genetisk variation i stickproven för de 13 vattendragen analyserade med mikrosatelliter var normal till hög för sötvattenlevande öring sett till både förväntad heterozygositet, H_E , och allelic richness, A_R . Förväntad heterozygositet H_E för 16 markörer varierade mellan 0,54 (Forsaån övre) till 0,71 (Granviksån) med ett medelvärde av 0,66 (std=0,04; Tabell 2). För att kunna jämföra dessa med övriga lokaler som tidigare undersökts vid Sötvattenslaboratoriet utfördes beräkningarna även för 10 markörer. I detta fall varierade H_E mellan 0,51 för Forsaån övre till 0,66 för fyra stickprov (Röttleån, Svedån nedre, Knipån, Tabergsån) och medel var 0,62 (std: 0,04; Tabell 2), vilket är över medel i övriga Sverige 0,56 (std=0,08). Det enda stickprov i studien som hade ett H_E lägre än medlet för tidigare undersökta stickprov i Sverige var Forsaån övre (Figur 4). Flera av de närliggande lokalernas stickprov (övre Hjoån, Mullsjön och Sommen) hade låg genetisk variation, under eller långt under stickprov från övriga Sverige (Figur 4).

Allelic richness (A_R), ett annat mått på genetisk variation, beskriver genomsnittliga antalet anlagsvarianter (alleler) som finns i prov av jämförbar storlek, visade på samma mönster för de 13 vattendragen analyserade med mikrosatelliter som H_E . A_R för 16 markörer varierade mellan 4,10 för Forsaån övre till 6,25 för Tabergsån med ett medel på 5,55 (std=0,59; Tabell 2). Samma analys med 10 markörer gav ett medelvärde på 4,70 (std=0,44), vilket var klart högre än medelvärdet för tidigare undersökta stickprov från andra delar av Sverige (3,95; std=0,73). Forsaån övre är fortfarande den lokal som hade lägst genetisk variation och det enda stickprov med A_R (3,61) under medelvärdet (Tabell 2; Figur 4). Hökesån hade det högsta A_R (5,16) i studien och samtidigt det fjärde högsta som uppmätts för sötvattenlevande öring analyserad vid Sötvattenslaboratoriet. Hökesån var tätt följt av Tabergsån, Röttleån och Knipån - vilka alla hade hög genetisk variation (Tabell 2; Figur 4). Bordsjöbäcken vid Sommen har det lägst beräknade A_R av alla stickprov från hela Sverige (Dannewitz & Palm 2018).

Tabell 2. Antal analyserade öringar efter syskonreduktion (N) för stickprov från den första studien (16 markörer) samt närliggande lokaler från tidigare studier (Hjoå-systemet 2014 (H), Sommen 2018 (S); 10 markörer). Mängd genetisk variation är uttryckt som H_E , A_R . F_{IS} anger avvikelse från förväntade genotyp-proportioner i en stor population med slumpvis parning ($F_{IS} = 0$) där negativa värden anger överskott av heterozygoter medan positiva värden anger motsvarande underskott. För samtliga de genetiska parametrarna (H_E , A_R , F_{IS}) anges skattningar baserade på 16 respektive 10 markörer.

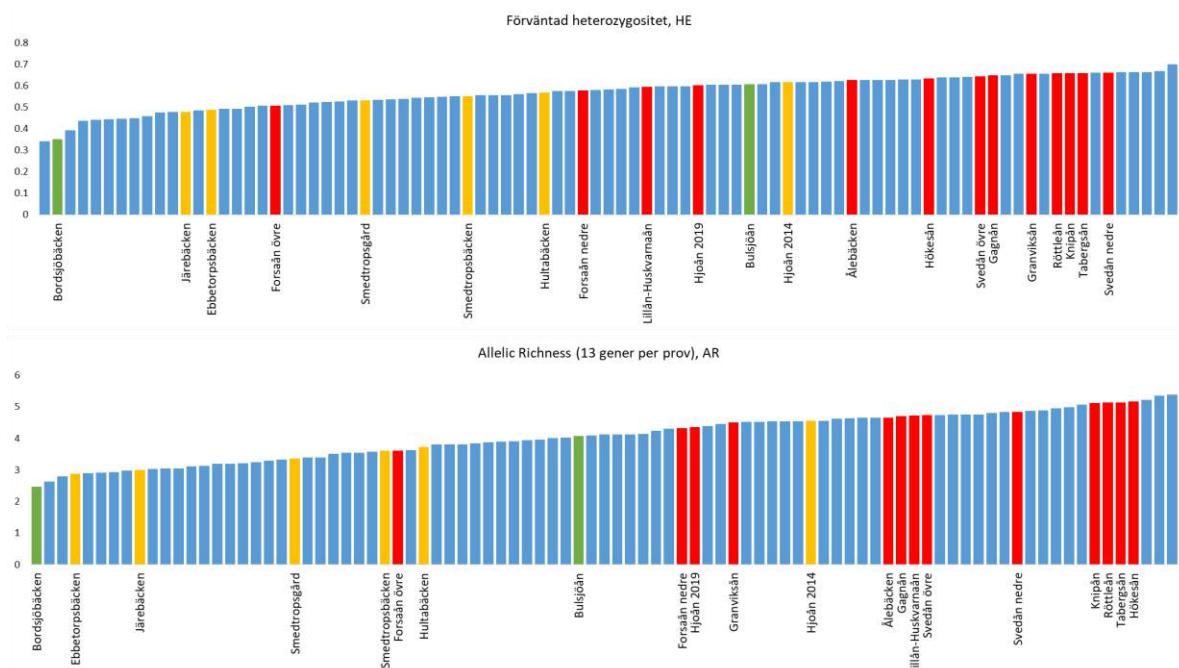
Vattendrag	År	N	H_E^{10}	H_E^{16}	$A_R^{10\text{§}}$	$A_R^{16\text{¶}}$	F_{IS}^{10}	F_{IS}^{16}
Forsaån övre	2019	15	0,51	0,54	3,61	4,10	-0,035	-0.027
Forsaån nedre	2019	15	0,58	0,62	4,32	4,96	-0,015	0.010
Granviksån	2019	13	0,65	0,71	4,50	6,09	-0,034	-0.015
Ålebäcken	2019	30	0,63	0,66	4,66	5,36	0,051	0.054 *
Hjoån	2019	23	0,60	0,64	4,36	5,18	-0,071	-0.041
Röttleån	2019	30	0,66	0,70	5,14	6,16	0,076*	0.075**
Svedån nedan	2019	27	0,66	0,69	4,84	5,72	0,043	0.048*
Svedån över	2019	25	0,64	0,67	4,74	5,42	-0,032	-0.017
Gagnån	2019	30	0,65	0,66	4,71	5,65	-0,045	-0.024
Knipån	2019	30	0,66	0,69	5,12	6,04	0,019	0.000
Hökesån	2019	27	0,63	0,66	5,16	5,83	-0,005	-0.007
Tabergsån	2019	24	0,66	0,70	5,15	6,25	0,064	0.028
Lillån-Huskvarnaån	2019	29	0,60	0,64	4,72	5,40	-0,042	0.014
Hjoån (H)	2014	15	0,62		4,55		-0,001	
Järebäcken (H)	2014	15	0,48		3,01		-0,013	
Ebbetorpsbäcken (H)	2014	13	0,49		2,91		0,002	
Hultabäcken (H)	2014	30	0,58		3,76		-0,063	
Smedtorpsgård (H)	2014	23	0,53		3,31		-0,025	
Smedstorpabäcken (H)	2014	30	0,55		3,63		-0,029	
Bordsjöbäcken (S)	2018	27	0,35		2,46		0,107*	
Bulsjöån (S)	2018	25	0,61		4,07		-0,015	

*= $P < 0,05$; **= $P < 0,01$

§ A_R baserat på 13 individer

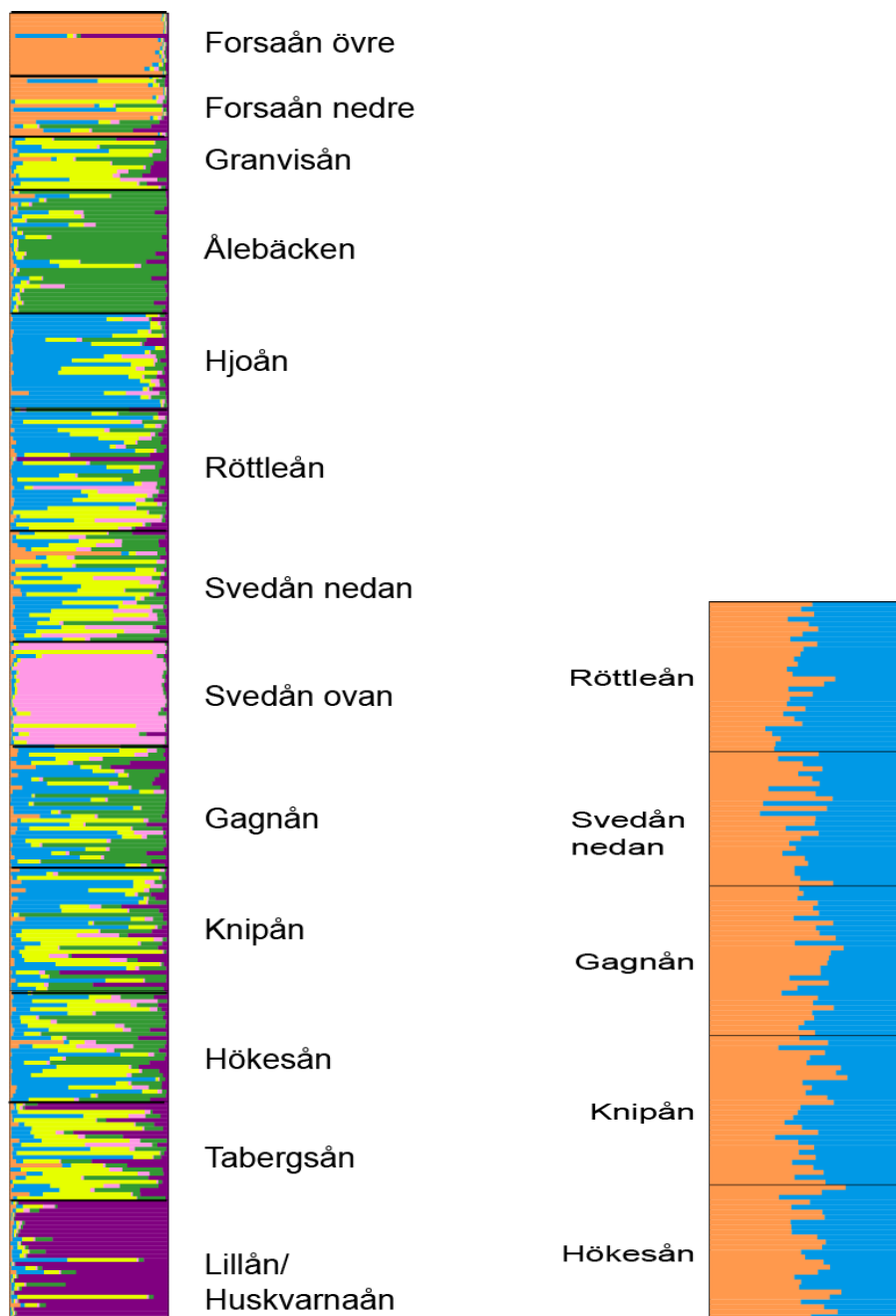
¶ A_R baserat på 12 individer

”*Inbreeding coefficient*”, F_{IS} , beskriver avvikelserna från de förväntade proportionerna av genotyper vid s.k. Hardy-Weinberg-jämvikt (utförd för den första delstudien). För analyser med 16 markörer fanns det flera lokaler som uppvisade signifikant positiva värden ($F_{IS} > 0$) vilket betyder att de har ett överskott av homozygota genotyper. I Ålebäcken och Röttleån var det enskilda markörer som drev upp värdet (en i Ålebäcken och tre i Röttleån). En analys med Mikrochecker för varje enskilt stickprov visar att vissa markörer har en *noll allel* (d.v.s att primersekvensen inte kan binda in pga. mutation). *Noll alleler* hittades för Ålebäcken markör SsoSI311, Röttleån och Lillån-Huskvarnaån markör Ssa289. Svedån visade inga indikationer på en *noll allel* men var ändå signifikant positiv vilket tyder på att det är mer än förväntad andel homozygoter. Vid analys med 10 markörer uppvisade bara Röttleån och Bordsjöbäcken signifikant positiva värden för F_{IS} .



Figur 4. Figuren visar H_E (övre delfiguren) respektive A_R (nedre delfiguren) för sötvattenslevande öring (10 mikrosatellitmarkörer). Namngivna prov (röda staplar) är från den första del studien, samt från tidigare studerade Hjoån (uppströms Herrkvarn samt Mullsjöområdet; orangea staplar) samt Sommen och Bordsjöbäcken (gröna staplar). Generellt var mängden genetisk variation bland öringen som kan vandra ut i Vättern hög jämfört med sötvattenslevande bestånd från andra områden (blå staplar).

Vid analys av grupperingar bland de 13 lokalerna med 16 markörer delade STRUCTURE upp materialet i sex genetiska kluster ($K=6$; Figur 5). Fyra kluster representerar enskilda åar som var genetiskt skilda från övriga lokaler. Svedån uppströms vattenhindret bildade som väntat ett eget kluster (rosa). Stickprovet från Forsåån representerades av ett eget kluster (orange). Ålebäcken var genetiskt skild från övriga (grönt kluster) och likaså Lillån-Huskvarnaån (lila kluster). Hjoån tillhörde ett blått kluster, men även halva Röttleån och Knipån hade mycket blått i sig. Tittar man närmare på Röttleån och Knipån visade det sig att de är stickproven från de nedre lokalerna som var mestadels ”blå” medan den övre delen är mer blandade. Tabergsån och Granviksån, lokaliserade i södra respektive norra Vättern (Figur 2), var mestadels ”gula”. I Tabergsån fanns även inslag av det närliggande lila klustret från Lillån-Huskvarnaån. Övriga stickprov (Röttleån, Svedån nedan hindret, Gagnån, Knipån, Hökesån) uppvisade en blandning av blått, grönt och gult där man genetiskt inte kan åtskilja dessa stickprov. Dessa fem stickprov analyserades för $K=1-5$ och resultatet angav det mest troliga $K=2$ men det var en jämn fördelning av två kluster över alla stickprov (Figur 5). Detta stöds även av avsaknaden av parvisa genetiska skillnader mellan stickproven (F_{ST} ; Bilaga B – Figur I).

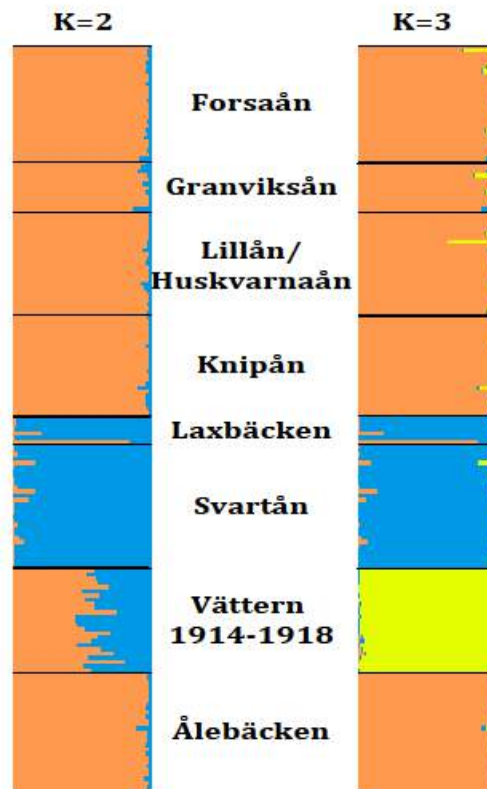


Figur 5 Resultat från analyser med STRUCTURE; varje liggande stapel representerar en individ. Individer och stickprov som är genetiskt lika varandra domineras av samma färg. I den vänstra delfiguren från första analysen är det sex genetiska kluster ($K=6$), färgerna motsvarar varsitt kluster där lokalerna i Forsaån övre (orange), Ålebäcken (grön) Svedån ovan (rosa) och Huskvarnaån (lila) bildar egna kluster. Även Tabergsån och Granviksån domineras av ett kluster (gult) och Hjoån av ett annat (blått). Resterande stickprov består av en blandning av flera olika kluster. Högra delfiguren från den tredje analysen med endast de fem stickprov som i ovanstående analys (vänstra delfiguren) bestod av blandningar av genetiskt material från flera kluster här visas resultat för mest sannolika $K=2$.

När man undersöker de 13 stickproven i studien och de närliggande och Sommen (den andra analysen med STRUCTURE, resultat ej visade) så delar STRUCTURE upp materialet i två kluster ($K=2$), där stickproven vid Sommen bildar ett kluster och de runt Vättern och Mullsjön är ett eget. När man tar det näst mest sannolika antalet kluster, $K=3$, så delas det i tre delar; till Sommen, de ovan det gamla vandringshindret i Hjoån och de som mynnar i Vättern.

Urval till analysen med SNP-chippet var baserad på resultatet från den första analysen i STRUCTURE (vänstra panelen i Figur 5) och den geografiska placeringen i Vättern. De var främst de nordliga stickproven, en representant för det västliga klustret och ett av sydliga stickproven som var väldigt särskilda från de andra som valdes.

Enligt den fjärde analysen med STRUCTURE är K=2 för de åtta stickproven som analyserades med SNP-chippet, där de sex nutida Vättern var ett kluster och Sommen både 1990 tal och 2020 var ett annat kluster och de historiska Vättern-Motala ström var delat mellan de två kusterna (Figur 6, vänstra panelen). Nästan lika troligt var K=3 där materialet delades upp i nutida Vättern, historiska Vättern-Motala ström och Sommen (Figur 6, högra panelen).

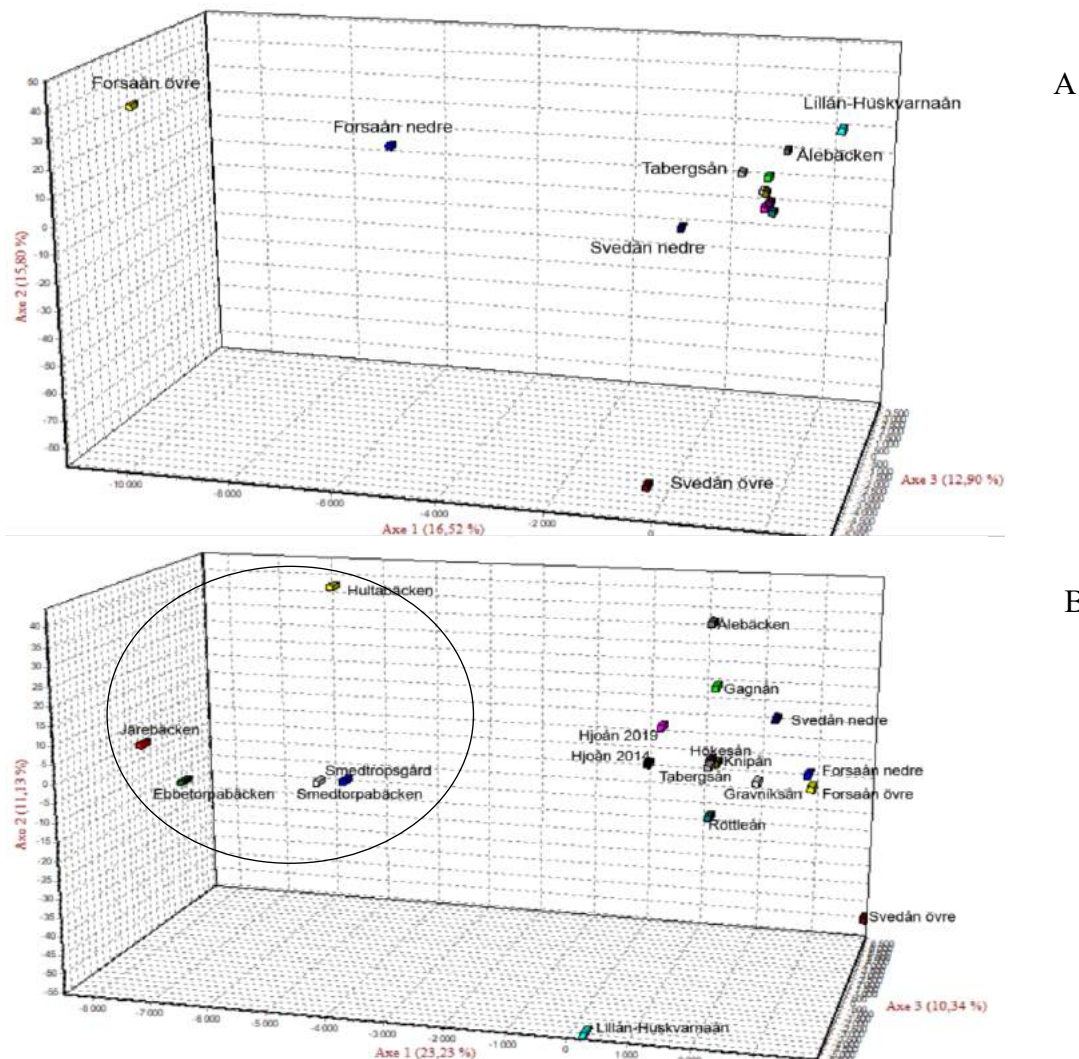


Figur 6. STRUCTURE-resultat för de åtta stickproven analyserade med SNP. Den vänstra med K=2 där de två proverna från Svartån är ett kluster och de nutida från Vättern är ett kluster medan de historiska från Vättern är delat mellan kusterna. I den högra panelen är K=3 där delas nutida och historiska från Vättern i varsitt kluster och de från Svartån är kvar som ett eget kluster.

Eftersom STRUCTURE inte kan separera ett antal av stickproven gjordes även en principalkomponentanalys (PCA) för att åskådliggöra hur de 13 stickproven förhåller sig till varandra. I PCAn för den första studien förklarar komponent 1 16,5% av skillnaden mellan stickproven, medan komponent 2 förklarar 15,8% och komponent 3 förklarar 12,9%. I ett diagram med samtliga stickprov tydliggörs skillnaden mellan Forsaån övre lokalen, Svedån ovan hindret och övriga, men även hur Röttleån, Gagnån, Knipån och Hökesån bildar ett tätt kluster med liten skillnad mellan sig. Svedån nedan hindret var här lite avvikande medan Granviksån och Hjoån ingår i det täta klustret (Figur 7A).

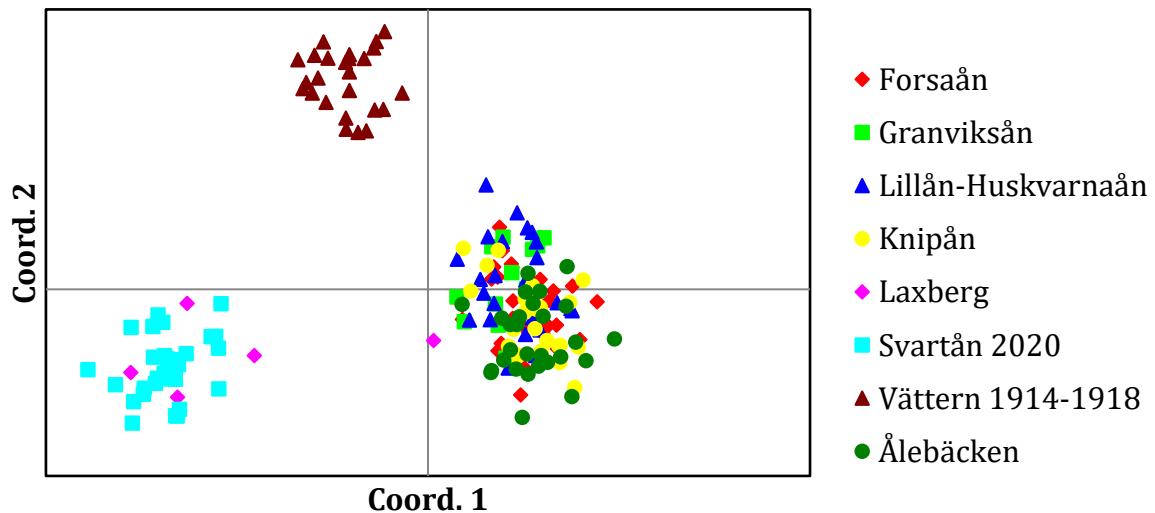
Resultaten från PCA med 10 markörer för nutida Vättern och närliggande stickprov inkl. Sommen visade att endast stickproven från Sommen sticker ut vilket också stödjer tidigare resultat som visade att dessa stickprov är väl avskilda från övriga stickprov (resultat ej visat). Borträknat stickproven från Sommen får man en bild av hur de nutida stickproven runt Vättern förhåller sig mot de runt Mullsjön. De stickprov som ligger ovan vandringshindret i

Hjoån bildade en egen grupp (Figur 7B). I övrigt var det framförallt stickproven från Svedån ovan vandringshindret, Lillån-Huskvarnaån och Ålebäcken som avvek från de andra (Figur 7B).



Figur 7. Resultat från principalkomponentanalys (PCA) i första studien: Diagrammen visar i vilken grad stickproven avviker från andra, samt hur mycket (i %) av denna variation som förklaras av respektive komponent. Panel A: denna studie (stickprov: Röttleån, Gagnån, Knipån, Hökesån, Gravniksån och Hjoån är inte namngivna då de bidrar ett så tätt kluster) samt panel B: denna studie samt stickprov ovan tidigare vandringshinder i Hjoån

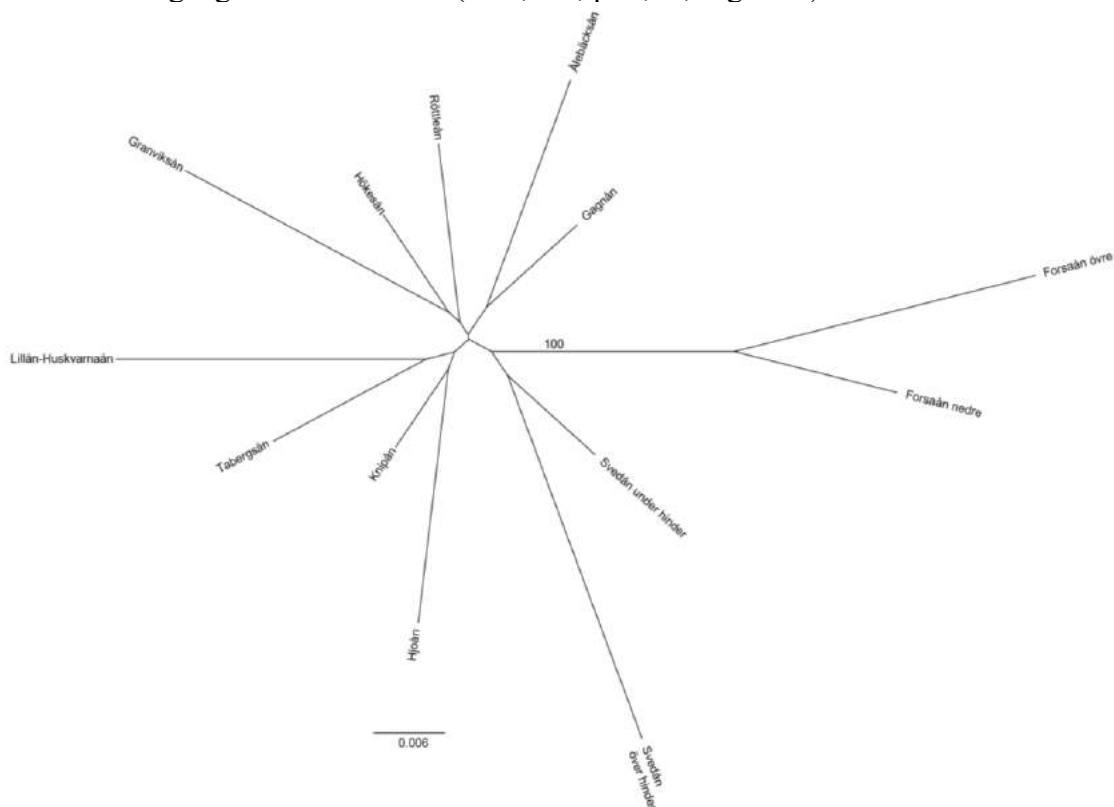
Stickproven analyserade med SNP visade att de historiska stickproven från Vättern-Motala ström var väl åtskilda från de vid Sommen även om en individ från Laxberg fångad på 1990-talet var mer lik stickproven från Vättern (denna bild är på individnivå medan tidigare PCA på första delen var på stickprovsnivå; Figur 8). Parvisa genetiska jämförelser (F_{ST}) stödjer tidigare resultat och visar på att den nedströmslekande öringen i Svartån från Sommen 2020 och nedströmslekande i Motala ström och uppströmslekande öring i Vättern idag alla är mycket olika varandra ($F_{ST}=0,28$; Bilaga 2 Figur III). Det finns en antydning att öringen från Vättern-Motala ström 1914-1918 är mer lika den havsvandrande öringen i Norrfors än de är närliggande Sommen och Vättern (F_{ST} ; Bilaga 2 Figur III).



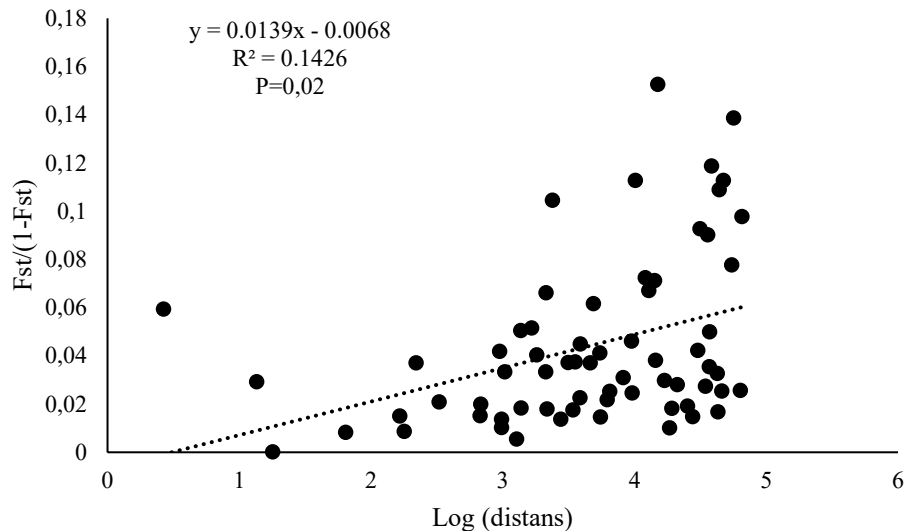
Figur 8. Resultat från PCA för studien med SNP, diagrammet visar i vilken grad de provtagna individerna avviker från andra, samt hur mycket (i %) av denna variation som förklaras av respektive komponent (axel).

Även dendrogrammet visar att de flesta stickproven är mycket lika varandra, i den första studien var det bara de två undersökta lokalerna i Forsaån som hade statistiskt stöd för att vara mer genetiskt lika varandra (16 markörer; Figur 9), vilket stöds av att de är ett eget kluster i STRUCTURE. För övriga stickprov fanns det inget statistiskt stöd för deras placering i dendrogrammet.

Trots att signifikans saknas för den genetiska differentieringen (F_{ST} ; Bilaga 2) mellan flera av stickproven samt att både analysen gjord med STRUCTURE och dendrogrammet hade svårt att skilja stickproven åt visade korrelationsanalysen mellan genetiska och geografiska distanser (Mantel test) att fanns det en positiv signifikant korrelation för att det genetiska avståndet ökar med det geografiska avståndet ($r^2=0,142$, $p=0,02$; Figur 10).

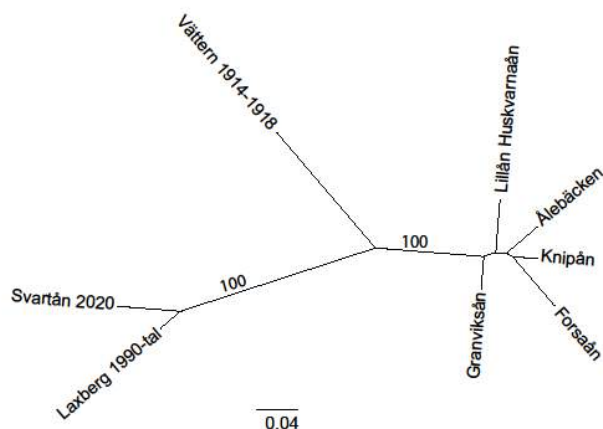


Figur 9. Dendrogram baserat på parvisa genetiska avstånd mellan de 13 prover som ingår i första studien (16 markörer). Siffrorna anger graden av statistisk säkerhet (%) baserat på 1000 bootstraps (endast värden >80% utritade).



Figur 10. Korrelation mellan geografiskt avstånd och genetisk distans för de 12 stickprov (16 markörer) i första studien med möjlighet att vandra ut i Vättern.

Dendrogrammet för analysen med snippar visar att de historiska proverna från Vättern 1914-1918 placerar sig mellan de nutida från Vättern och Sommen systemet (Figur 11) vilket stödjer STRUCTURE resultaten ($K=3$). Av stickproven från nutida Vättern var de från Granviksån mer basalt placerade i förgreningen, de hade ett statistiskt stöd på 56 % för sin mer basala placering medan de andra stickproven från Vättern 2019 saknade statistiskt stöd.



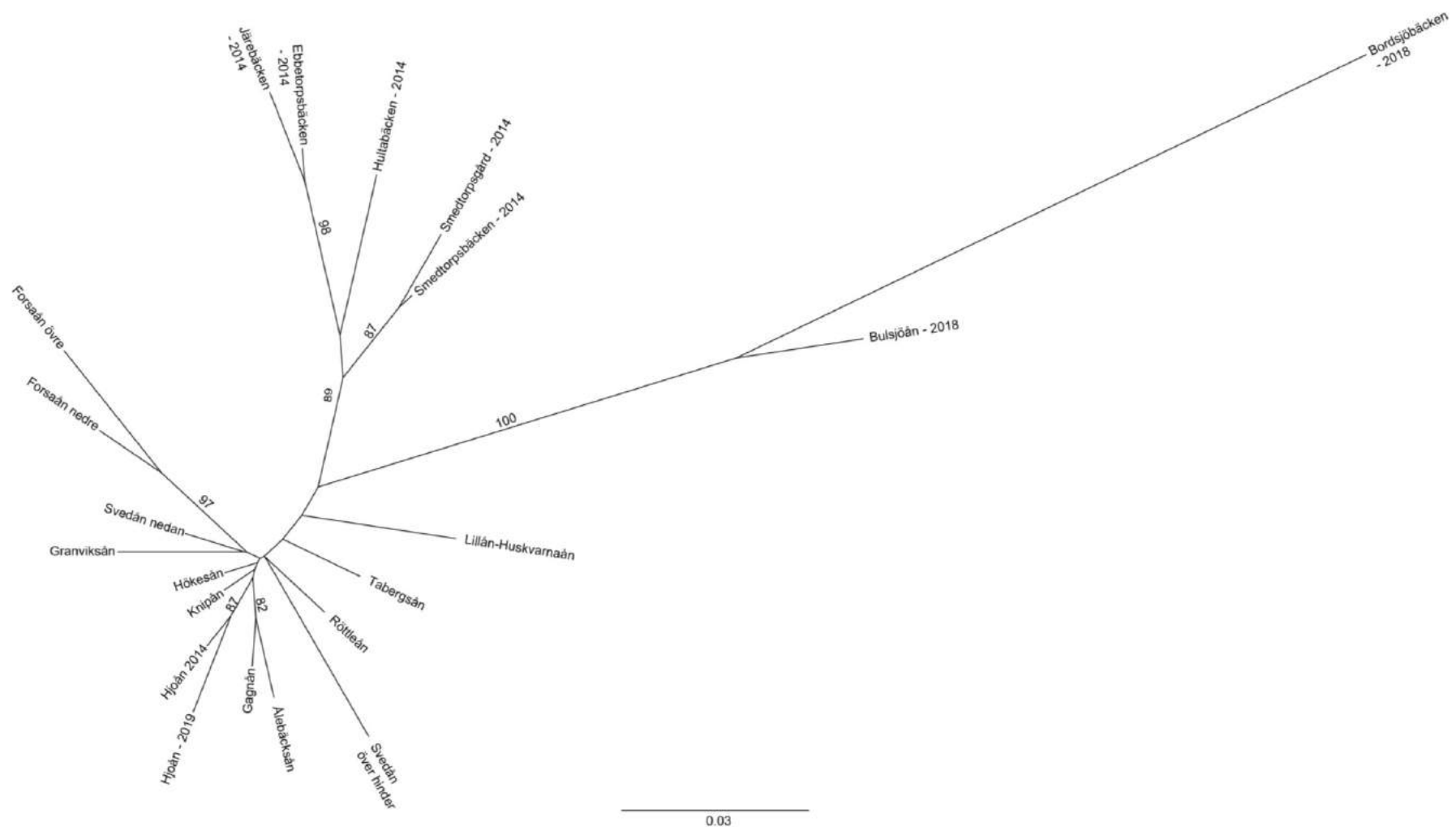
Figur 11. Även detta dendrogram är baserat på parvisa genetiska avstånd här mellan de åtta stickproven som ingick i SNP analysen. Siffrorna anger graden av statistisk säkerhet (%) baserat på 1000 bootstraps (endast värden >80% utritade).

Vid jämförelse av genetiska distanser mellan stickproven i studien och stickprov från närliggande populationer utförda på 10 markörer så var nutida stickproven runt Vättern fortfarande mer lika varandra (Figur 12). I dendrogrammet är stickproven från Gagnån och Ålebäcken genetiskt mer lika varandra än stickprov från andra vattendrag vilket stöds av

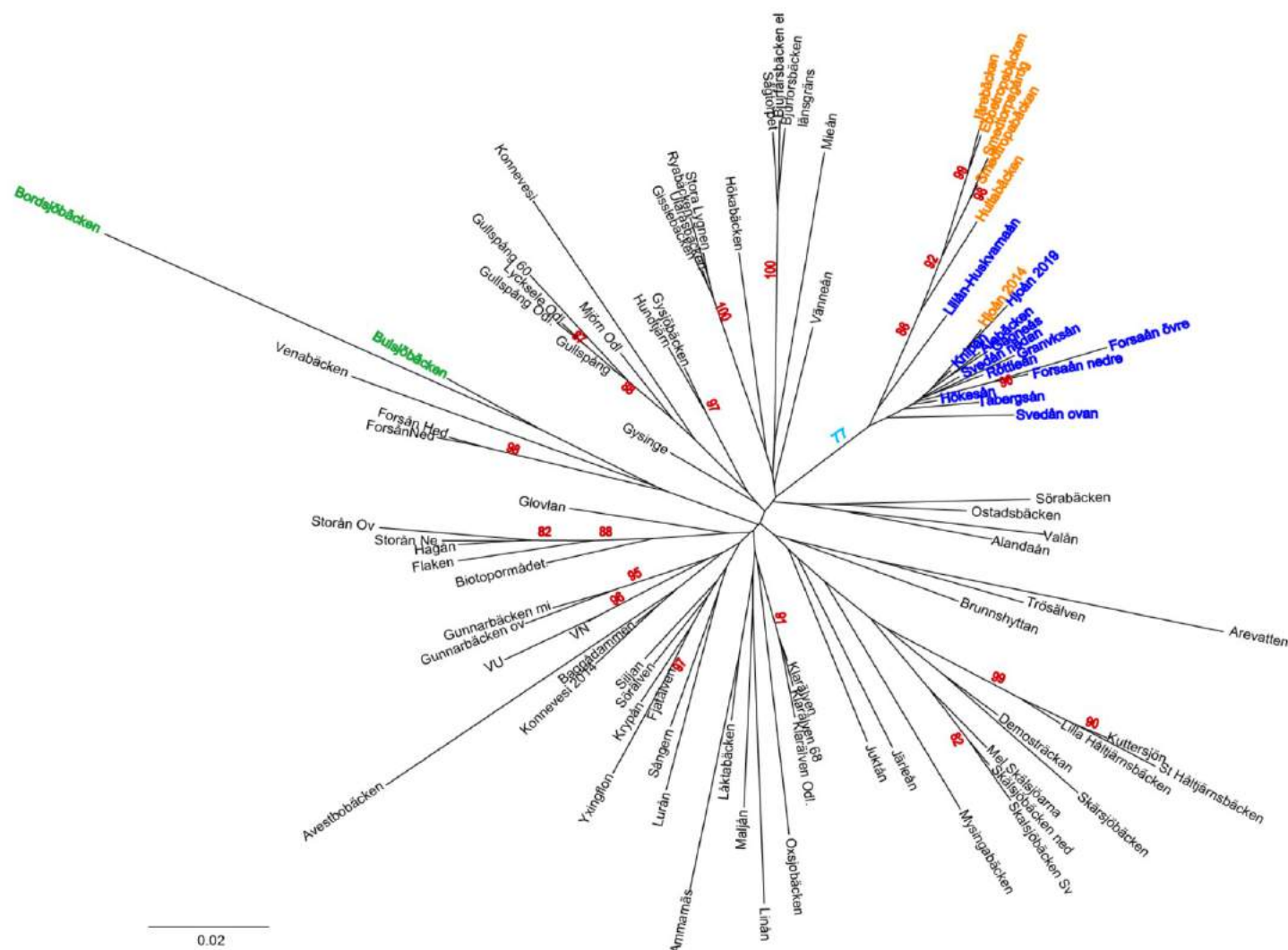
PCA-analysen gjorda på 10 markörer (jämför Figur 7B; 9), det stöds dock inte av resultatet från STRUCTURE-analysen gjorda med 16 markörer (Figur 5).

Populationen vid Hjoån var genetiskt lika 2014 och 2019 ($F_{ST}=0,019$, NS; Bilaga 2 – Figur II) vilket visar på att den är stabil över tid. Stickproven vid Hjoån är lika stickproven från i övriga vattendrag runt Vättern. Stickproven tagna i Mullsjön och högre upp i Hjoåsystemet ovanför de numera bortrivna vandringshindren (det sista togs bort 2016; Söderberg & Palm 2017) var genetisk skilda från övriga Vättern (Figur 12). Mest skilda från de vattendrag som mynnar i Vättern var stickproven från Sommen, vilket stöds av samtliga tidigare analyser (Bilaga 2; F_{ST} upp till 0,435).

Trots att stickproven ovan vandringshindret i Hjoån och stickproven från Vättern 2019 var genetiskt olika är de mer lika varandra än öring från övriga Sverige som har analyserats vid Sötvattenslaboratoriet (Figur 13). De sitter på samma gren i dendrogrammet, vilken har ett stöd på 77%. Dock var stickproven från området vid Sommen avvikande och sitter i en helt annan del av dendrogrammet, de liknar mest Forsån och Venabäcken. Forsån och Venabäcken ligger båda nordväst om Mälaren (Venabäcken tillhör Köpingsåns avrinningsområde och Forsån tillhör Arbogaåns, båda avrinningsområdena angränsar till Hedströmmen tidigare analyserad på Sötvattenslaboratoriet; Söderberg m.fl. 2017).



Figur 12. Dendrogram baserat på parvisa genetiska avstånd mellan de prover som ingår i första studien och närliggande stickprov runt Mullsjön och Sommen baserat på 10 markörer. Siffrorna anger graden av statistisk säkerhet (%) baserat på 1000 bootstraps (endast värden >80 % utritade).



Figur 13. Dendrogram över alla sötvattenlevande öringar som analyserats vid Sötvattenslaboratoriet med en stickprovsstorlek större än 20 provtagna individer. Stickprov från denna studie är markerade i blått, prover från Hjoån och Mullsjön är markerade i orange medan öringen från Sommen är markerad i grönt. Bootstraps-värden på >80 % utritade. Grenen med Vättern och Mullsjön har statistiskt stöd på 77 % (ljusblått).

Diskussion

Generellt observerades en hög grad av genetisk variation bland stickproven som samlats in runt Vättern 2019 och analyserats med 16 mikrosatelliter, detta gäller även Svedån ovan vandringshindret. Det antyder att öringbestånden runt Vättern har god status med ett tillräckligt högt antal lekfishar för att bibehålla en bra genetisk variation och stabila populationer. Dock uppvisar Forsaån den övre lokalen en låg genetisk variation jämfört med övriga stickprov runt Vättern, vilket kan vara ett resultat av att populationen är liten och varit isolerad en längre tid. Den övre lokalen i Forsaån har även en lägre genetisk variation än flera av de tidigare undersökta stickproven tagna högre upp i Hjoån och Mullsjö som vid provtagningstillfället varit skilda från Vättern sedan mitten av 1850-talet. Lokalerna högre upp i Hjoån och Mullsjön har troligen varit större än den övre lokalen i Forsaån och de kan ha haft ett visst genetiskt utbyte med varandra för att bibehålla en högre genetisk variation medan den övre lokalen i Forsaån varit liten och isolerad. En liten isolerad population som har ett lågt antal lekfishar över längre tid får ofta en reducerad genetisk variation, i små populationer kan det även ske en slumpmässig förlust av genetisk variation (s.k. genetisk drift). Den genetiska variationen i samtliga stickprov runt Vättern var dock hög i jämförelse med stickproven från området vid Sommen. Det indikerar att öringen runt Sommen består av mindre och kanske även mer isolerade populationer.

Stickproven från Sommenområdet (både uppströmslekande och nedströmslekande) är väl skilda från alla stickprov i Vätternområdet. Även de historiska proverna från Vättern-Motala ström 1914-1918 är tydligt skilda från de nutida proverna från Vättern. Mest lika varandra är de prover som mynnar i Vättern och speciellt de på den västrasidan av Vättern där de inte kan skiljas åt med de använda genetiska markörerna. De populationer uppströms i Hjoån som länge vart avskilda från själva Vättern avviker från de övriga runt Vättern.

De historiska proverna från Vättern-Motala ström är väl skilda från de övriga stickproven både de nutida från Vättern och Sommen. Om den storvuxna öringen från Motala ström var en del av det odlingsmaterial som användes i odling i Borensnäs från 1920-tal till odlingen lades ner 1961 så har det inte påverkat de öring bestånden som finns idag. Huruvida dessa utsättningar har förändrat de nutida stammarna vet vi inte men vi kan med denna studie visa att det är stor genetisk skillnad mellan de historiska proverna och de nutida i Vättern. Den genetiska skillnaden mellan de historiska öring proverna och de nutida är så stor att öringen i Motala ström troligen aldrig var lik varken de uppströmslekande öringen i Vättern eller den nedströms lekande öringen i Sommen ens innan Motala ström byggdes ut (Bilaga 2 Figur III). Det finns en antydning att öringen som fanns i Motala ström är mer lik den havsvandrande öringen idag även om det fortfarande är en markant genetisk skillnad mellan dessa.

Man har trott att den nedströmslekande öringen från Sommen skulle likna den gamla stammen av stora nedströmslekande öring från Motala ström men de är väl skilda genetiskt från de historiska proverna. Både de genetiska analyserna på SNP och mikrosatelliter visar i alla statistiska analyser att öringen från Sommen är mycket annorlunda från öringen i Vättern. De uppströmslekande öringen från Bordsjöbacken och Bullsjöbacken sitter på en helt annan gren i det stora dendrogrammet med öring från hela Sverige och är enligt detta mer lika Venabäcken i Köpingsånsavrinningsområde och Forsån (båda undersökta i samband med öring i Hedströmmensavrinningsområde; Söderberg m.fl 2017).

Av de stickprov som analyserades med 16 mikrosatellitmarkörer är det mest genetiskt särskilda stickprovet det från Svedån ovan vandringshindret som bildar ett eget kluster. Att stickprovet från lokalen i Svedån ovan vandringshindret är avvikande var väntat då det varit avskild från övriga stickprov sedan 1800-talet. Detta stickprov återfinns även mer basalt på grenen med Vätternöring i det stora dendrogrammet (Figur 13). Svedån nedan och Svedån ovan vandringshindret är genetiskt skilda men trots detta är Svedån ovan hindret mest likt

Svedån nedan hindret. Mest skilda från varandra är dock Svedån ovan vattenhindret och Forsaån den övre lokalen.

Av de stickprov där öring kan vandra ut i Vättern är Forsaån (övre) mest avvikande jämfört med övriga stickprov. Den är trots skillnaden mot de andra vätternstammarna mest lik öringen från Vättern både jämfört med öringar från övriga Sverige och de historiska proverna. År 2008 revs vandringshindret vid Ängafallet och då blev även den övre lokalen i Forsaån tillgänglig för vandrande fisk (uppgift från Länsstyrelsen i Jönköpings län). Forsaån den nedre lokalen liknar genetisk främst Forsaån den övre lokalen men har en viss inblandning av det genetiska kluster som återfinns i flera av stickproven som finns runt Vättern i övrigt. Med tanke på hur genetisk avvikande öringen vid Forsaån är tillsammans med den förhållandevis låga genetiska variationen, samt att den varit avskild en längre tid, tyder på att Forsaån hyser stationär öring (så väl som öring som nu vandrar ut i Vättern). Forsaån ligger även geografiskt lite mer avskilt än många andra vattendrag. Det faktum att den övre lokalen varit skild från övriga Vättern en längre tid samt möjligheten att populationen här (med stationär öring) har varit förhållandevis liten betyder att populationen i Forsaån kan ha påverkats av genetisk drift. Genetisk drift kan också förklara varför detta stickprov är så avvikande från de övriga stickproven runt Vättern. Forsaån är en av de lokaler som återfinns närmast Motala ström men har genetiskt ingen likhet med de historiska proverna.

Ålebäckens stickprov avviker även de mot de övriga och formar ett eget kluster men övriga stickprov har inslag av Ålebäcken i sitt genetiska material. Ålebäcken har alltid varit tillgänglig för uppvandrande fisk, men det har inte skett några utsättningar som har kunnat påverka öringen i Ålebäcken. Trots skillnaden mot andra stickprov liknar öringen i Ålebäcken genetiskt sett mest den från Gagnån enligt vissa analyser. En förklaring till att Ålebäcken avviker är att den ligger relativt ensamt mitt på den östra sidan av Vättern, vilket kan innebära att den får ett begränsat genutbyte samt att slumpmässiga genetiska förändringar (genetisk drift) påverkat öringen på denna lokal. Ålebäcken ligger söder om Motala ström och relativt nära men har inte heller den någon likhet med det historiska provet. Ålebäcken har god genetisk variation trots låga smoltantal och den genetiska skillnaden den uppvisar mot andra stickprov.

Stickprovet från Lillån-Huskvarnaån bildar ett eget kluster som avviker från övriga stickprov runt Vättern. I Lillån-Huskvarnaån har det pågått utsättningar och lek- och uppväxtområdena har alltid varit tillgängliga för uppvandrande fisk från Vättern. Trots närhet till andra undersökta vattendrag verkar Lillån-Huskvarnaån inte vara påverkad av öringen från dessa vattendrag, inte heller är den påverkad av utsättningar från andra undersökta Vätternöringar eller odlade stammar. Stickprovet från Lillån-Huskvarnaån är som de andra nutida stickproverna mer genetiskt lik öringen från övriga Vättern än de historiska proverna. Ur dendrogrammet för öring från hela Sverige (Figur 13) kan man tyda att öringen från Lillån-Huskvarnaån liknar öringen i Hjoån ovan vandringshindret som vart avskilda från Vättern sedan 1850-talet, detta skulle kunna bero på att de varit likartade slumpmässiga förändringar vid de olika lokalerna, man har använt Hjoåöring för utsättning i Lillån-Huskvarnaån eller möjligen (men mindre sannolikt) att de likande varandra innan Hjoåns vattensystem avgränsades med vattenhinder.

Hjoån på västra sidan av Vättern, mitt emot Ålebäcken, blev tillgängligt för uppvandrande fisk till första lokalen vid Strömsholmsdammen 1991 och till Herrekvarn 2001. Stickprovet från Hjoån skiljer sig till stor del från stickproven från de andra lokalerna. De två stickproven från Hjoån (2014 och 2019) liknar varandra genetiskt vilket visar på en stabil population över tid. Hjoån nedströms Herrekvarn, d.v.s. det stickprov som var med i denna studie, och de från Hjoån 2014, är skilda från stickprov som ligger högre upp i systemet (som vid provtagningstillfället varit skilda från Vättern i 150 år) men det finns inga indikationer på att

de förhållandevis stora öringar som fångats vid Herrekvarn och rapporterades om i Söderberg & Palm (2017) skulle vara mer närbesläktade med öring i de övriga vattendragen runt Vättern, utan snarare att det är Hjoåöring som vandrat tillbaka.

Enligt analyser gjorda i STRUCTURE och parvisa jämförelser (F_{ST}) är även Granviksån i norra delen av Vättern olik övriga stickprov (på 16 markörer). Stickprovet från Tabergsån i södra delen av Vättern liknar Granviksån mest vilket dock inte stärks av de andra analyserna där både stickproven från Granviksån och Tabergsån varierar gällande vilket annat stickprov de är mest likt samt huruvida de är lika varandra eller inte. Det har inte förekommit utsättningar i Tabergsån, men däremot har det genomförts utsättningar i Granviksån. Då dessa öringar är genetiskt mer lika trots det större geografiska avståndet skulle det kunna vara så att man har använt Tabergsåöring för utsättning i Granviksån. Båda dessa stickprov har även genetiskt inslag av de andra kluster som identifierats av STRUCTURE. I den andra genetiska analysen med SNP är stickprovet från Granviksån likt de övriga stickproven från nutida Vättern. I SNP-analysen är Granviksån mer basalt placerat i dendrogrammet jämfört med de övriga nutida stickproven från Vättern, och har 56 % statistiskt stöd för sin placering närmare Sommen och de historiska proverna jämfört med de andra stickproven från Vättern.

Hökesån, Knipån och Gagnån ligger nära varandra och är inte genetiskt skilda, även närliggande Svedån nedan hindret och Röttleån tvärsöver sjön tillhör samma genetiska kluster även om de är genetiskt skilda (F_{ST}) från övriga stickprov. Gagnåns öring har nyttjats mycket för utsättningar (men ån har också varit föremål för omfattande utsättningar). Detta tillsammans med den geografiska närheten mellan vattendragen skulle kunna förklara likheten mellan dessa stickprov. Hökesån, Knipån, Gagnån och Svedån nedan hindret är även de vattendrag i studien där flodpärlmussla förekommer (uppgift från Länsstyrelsen i Jönköpings län). Om öringtätheterna i något av dessa vattendrag minskar så pass att det hotar flodpärlmusslans överlevnad så finns det närliggande vattendrag med genetiskt lika öringar (baserat på neutrala markörer) som kan vara lämpliga för stödutsättningar. Knipån var mer lik de övriga från Vättern 2019 än de historiska så troligen är hela detta kluster skilda från de historiska proverna från Motala ström.

Det förekommer *noll alleler* vid ett par markörer (Ålebäcken, Röttleån och Lillån-Huskvarnaån) som förklarar avvikelser i F_{IS} . Tabergsån och Svedån nedan har även de höga F_{IS} -värden men ingen antydning av *noll allel*. Röttleån har en *noll allel* men den verkar inte förklara så mycket av det avvikande värdet då det förblir det samma utan denna markör (dock inte signifikant). Höga värden för F_{IS} skulle kunna bero på att samtliga vattendrag var provtagna på två ställen och även om det inte finns signifikant genetiska skillnader mellan stickproven inom vattendraget kan de provtagna lokalerna representera två skilda delpopulationer. Dessa tre vattendrag är även de som har högst genetisk variation sett till H_E vilket stödjer att de är olika delpopulationer fastän de inte är genetiskt olika.

Även om vissa områden inte kan särskiljas genetiskt finns det en generellt genetisk struktur bland öringen i Vättern som man ska värna om. Då vissa områden har låga smolt antal bör arbetet för att gynna öringen med återställande av bra lekhabitat samt åtgärder för att göra uppvandring möjlig fortsätta för att undvika framtida förluster av genetiskt material. Det finns även ett antal saker som skulle kunna göras för att få en bättre bild av öringen runt Vättern.

1. Undersöka fler lokaler genetiskt med neutrala markörer.
2. Eftersom det finns indikationer på att det kan finnas delpopulationer i en del åar och att lokalerna i Forsaån till och med är genetiskt skilda vore det av intresse att undersöka dessa området mer i detalj. En studie med flera individer från respektive områden, skulle kanske kunna påvisa statistiskt skilda populationer inom vissa åar/bäckar som t.ex. Röttleån.

3. Området över Herrekvarn som nu är tillgängligt för uppvandrande fisk skulle kunna undersökas igen för att se om Vätternöringen tagit sig upp högre i systemet för lek.

Tack

Tack till Märta Frösell för hjälp på lab, Anders Kagervall för GIS, samt Ola Renman och John Persson för fotografering av Hjoån. Tack till Östergötlands län, Örebro län, Västra Götalands län och Jönköpings län för finansiering av studien samt tack till David Spjut vid länsstyrelsen Jönköping för bakgrundsbeskrivning. Jag är även tacksam för kommentarer på den första rapporten från Mikael Andersson, Erik Degerman och Stefan Palm.

Referenser

- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. (1996-2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France)
- Cavalli-Sforza L.L. & Edwards A.W.F. (1967). Phylogenetic Analysis Models and Estimation Procedures. American journal of human genetics 19: 233-257
- Dannewitz J. & Palm S. (2018). Genetisk analys av öring från Sommen och angränsande vatten. PM 7 s
- Dannewitz J., Petersson E., Prestegaaard T. & Järvi T. (2003). Effects of sea-ranching and family background on fitness traits in brown trout *Salmo trutta* reared under near-natural conditions. Journal of Applied Ecology 40:241-25
- Degerman E. (2004). Fisk, fiske och miljö i de fyra stora sjöarna från istid till nutid. Fiskeriverkets sötvattenslaboratorium och Naturvårdsverket Rapport 252 s
- Earl D.A. & vonHoldt B.M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources 4:359-361
- Felsenstein J. (2004). PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle
- Goudet J. (1995). FSTAT (Version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity 86:485-486
- Jakobsson M. & Rosenberg N.A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. Bioinformatics 23:1801-1806
- Jones O. & Wang J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. Molecular Ecology Resources 10:551-555
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6:288-295
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GENALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics 28:2537-2539
- Pritchard J.K. & Wen W. (2004). Documentation for structure Software: Version 2. University of Chicago Press. Chicago
- Raymond M. & Rousset F. (1995). GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. Journal of Heredity 86:248-249

- Rosenberg N.A. (2002). DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes* 4:137-138
- Rousset F. (2008). Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8:103-106
- Söderberg L., Palm S., Degerman E. & Östergren J. (2017). Genetisk analys av öring i Hedströmmen. Rapport 22 s.
- Söderberg L. & Palm S. (2017). Genetisk analys av öring från Hjoåns vattensystem. PM 11 s
- Söderberg L., Östergren J. & Palm, S. (2019). Genetisk analys av avelsfisk. Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar. *Aqua reports* 2019:18. Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm Lysekil Öregrund. 53 s
- Söderberg L (2020). Genetisk analys av öring i 11 tillflöden till Vättern. PM 21 s
- van Oosterhout C., Hutchinson W.F & Shipley P. (2003). MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes* 4:535-538
- Vätternvårdsförbundet, Rapport 104 (2009). Åtgärdsplan för fisk & fiske i Vätterns tillflöden, Vätternvårdsförbundet, 2009
- Waples R.S. & Anderson E.C (2017). Purging putative siblings from population genetic data sets: a cautionary view. *Molecular Ecology* 26:1211-1224
- Östergren J., Palm S., Gilbey J. & Dannewitz J. (2020). Close relatives in population samples: evaluation of the consequences for Genetic Stock Identification. *Molecular Ecology Resources* 20:498-510
- Östergren J., Palm S., Gilbey J., Spong G., Dannewitz J., Königsson H., Persson J. & Vasemägi A. (2021). A century of genetic homogenization in Baltic salmon – evidence from archival DNA. *Proceedings of the Royal Society B* 288: 20203147

Bilaga 1.

Figur I. Parvisa genetiska skillnader (F_{ST}) mellan stickprov baserat på 16 markörer (över diagonalen), gult markerar jämförelse mellan lokaler inom respektive vattendrag (NS= inte signifikant; *= $P<0,05$; **= $P<0,01$; *** $P<0,001$).

	Forsaån; Stenshult (över)	Forsaån; Väg 50(nedre)	Granviksån	Ålebäcken; landsvägsbro	Ålebäcken; Kvarndamm	Hjoån; Herrkvarn	Hjoån; Strömsholmsdammen	Röttleån; Turbinfundamentet	Röttleån; gångbro	Svedån (nedan); Baskarps kr.	Svedån (nedan); Stenmuren	Svedån (ovn); Pegeln	Svedån (ovan); Torrfåran	Gagnån; Harreleplats	Gagnån; Ö. Bjälkatorpet	Knipån; Simontorp	Knipån; väg	Hökesån; Laggaredammen	Höksån; Reningsverk	Tabergsån; Bron	Tabergsån; Hembyggd	Huskvarnaån/Lillån; Bråneryd	Huskvarnaån/Lillån Raving
Forsaån; Stenshult (över)		0.056	0.095	0.106	0.104	0.132	0.145	0.100	0.090	0.095	0.085	0.146	0.150	0.112	0.108	0.105	0.109	0.094	0.122	0.092	0.096	0.123	0.129
Forsaån; Väg 50(nedre)	**		0.032	0.047	0.041	0.065	0.072	0.047	0.046	0.027	0.033	0.085	0.076	0.039	0.029	0.024	0.048	0.018	0.037	0.028	0.024	0.071	0.073
Granviksån	**	**		0.039	0.030	0.063	0.053	0.021	0.008	0.018	0.021	0.068	0.059	0.027	0.024	0.027	0.017	0.007	0.025	0.017	0.015	0.053	0.037
Ålebäcken; landsvägsbro	***	***	**		-0.004	0.041	0.036	0.033	0.048	0.040	0.035	0.090	0.098	0.024	0.020	0.026	0.031	0.025	0.031	0.033	0.028	0.070	0.063
Ålebäcken; Kvarndamm	***	***	*	NS		0.057	0.063	0.026	0.048	0.044	0.042	0.104	0.100	0.021	0.014	0.033	0.039	0.015	0.029	0.026	0.022	0.059	0.053
Hjoån; Herrkvarn	***	***	***	***	***		0.009	0.045	0.054	0.053	0.029	0.081	0.093	0.024	0.024	0.018	0.020	0.032	0.028	0.029	0.040	0.063	0.067
Hjoån; Strömsholmsdammen	***	***	***	***	***	NS		0.049	0.047	0.049	0.029	0.070	0.088	0.023	0.024	0.013	0.028	0.037	0.020	0.032	0.048	0.071	0.074
Röttleån; Turbinfundamentet	***	***	NS	***	**	**	***		0.015	0.039	0.016	0.080	0.078	0.017	0.010	0.018	0.022	0.013	0.033	0.015	0.023	0.041	0.042
Röttleån; gångbro	***	***	NS	**	**	***	**	NS		0.017	0.010	0.057	0.057	0.038	0.027	0.024	0.018	0.017	0.032	0.018	0.024	0.042	0.043
Svedån (nedan); Baskarps kr.	***	***	NS	**	*	***	***	**	NS		0.006	0.058	0.046	0.045	0.026	0.019	0.030	0.020	0.038	0.019	0.015	0.067	0.072
Svedån (nedan); Stenmuren	***	***	NS	***	**	**	*	*	NS	NS		0.051	0.056	0.032	0.015	0.011	0.018	0.016	0.023	0.006	0.017	0.054	0.059
Svedån (ovn); Pegeln	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***	***		0.003	0.087	0.075	0.068	0.052	0.060	0.065	0.056	0.080	0.094	0.100
Svedån (ovan); Torrfåran	***	**	***	***	**	**	**	**	***	*	***	NS		0.092	0.073	0.072	0.061	0.063	0.074	0.061	0.074	0.091	0.099
Gagnån; Harreleplats	***	**	NS	*	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	***	***		-0.003	0.005	0.014	0.006	0.018	0.015	0.024	0.053	0.046
Gagnån; Ö. Bjälkatorpet	***	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	***	***	NS		0.005	0.019	-0.002	0.016	0.009	0.016	0.044	0.048
Knipån; Simontorp	***	**	NS	**	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS	***	***	NS	NS		0.013	0.006	-0.004	-0.006	0.009	0.033	0.035
Knipån; väg	***	***	NS	***	*	NS	**	NS	NS	NS	NS	***	***	NS	NS	NS		0.015	0.006	0.010	0.017	0.039	0.032
Hökesån; Laggaredammen	***	**	NS	**	NS	**	**	NS	NS	NS	NS	***	**	NS	NS	NS	NS		0.008	-0.002	0.012	0.043	0.044
Höksån; Reningsverk	***	***	NS	***	*	*	NS	*	NS	*	NS	***	***	NS	NS	NS	NS	NS		0.005	0.027	0.041	0.038
Tabergsån; Bron	***	**	NS	***	***	**	*	NS	NS	NS	NS	**	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS		-0.004	0.017	0.017
Tabergsån; Hembyggd	***	**	NS	***	*	*	**	NS	NS	NS	NS	***	**	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS		0.053	0.043
Huskvarnaån/Lillån; Bråneryd	***	***	***	***	***	***	***	***	**	***	***	***	***	***	***	*	***	***	***	NS	***		-0.003
Huskvarnaån/Lillån Raving	***	***	**	***	***	***	***	**	***	***	***	***	***	***	***	**	**	***	***	NS	**	NS	

Bilaga 2.

Figur 1. Parvisa genetiska skillnader (F_{ST}) mellan stickprov i den första studien baserat på 16 markörer över diagonalen, signifikansnivå för respektive jämförelse under diagonalen (NS= inte signifikant; * = $P < 0,05$; ** = $P < 0,01$).

	Forsaån övre	Forsaån nedre	Granviksån	Ålebäcken	Hjoån	Röttleån	Svedån nedre	Svedån övre	Gagnån	Knipån	Hökesån	Tabergsån	Lillån-Huskvarnaån
Forsaån övre		0.056	0.095	0.101	0.132	0.085	0.083	0.141	0.106	0.098	0.101	0.089	0.122
Forsaån nedre	**		0.032	0.044	0.067	0.041	0.027	0.080	0.034	0.032	0.025	0.025	0.072
Granviksån	**	**		0.036	0.058	0.010	0.018	0.065	0.027	0.019	0.015	0.016	0.048
Ålebäcken	**	**	**		0.048	0.036	0.040	0.098	0.021	0.030	0.024	0.029	0.063
Hjoån	**	**	**	**		0.043	0.036	0.079	0.022	0.014	0.025	0.037	0.068
Röttleån	**	**	*	**	**		0.015	0.064	0.020	0.014	0.018	0.017	0.039
Svedån nedre	**	**	*	**	**	**		0.051	0.028	0.015	0.021	0.014	0.062
Svedån övre	**	**	**	**	**	**	**		0.082	0.058	0.062	0.069	0.096
Gagnån	**	**	**	**	**	**	**	**		0.008	0.009	0.018	0.049
Knipån	**	**	NS	**	**	**	**	**	*		0.000	0.006	0.032
Hökesån	**	**	NS	**	**	**	**	**	**	NS		0.010	0.040
Tabergsån	**	**	**	**	**	**	**	**	**	*	**		0.036
Lillån-Huskvarnaån	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	

Figur II. Parvisa genetiska skillnader (F_{ST}) mellan stickproven i Vättern från den första studien och närliggande vattensystem baserat på 10 markörer över diagonalen, under diagonalen visas signifikansnivå för respektive jämförelse (NS= inte signifikant; *= $P<0,05$; **= $P<0,01$).

	Forsaån övre	Forsaån nedre	Granviksån	Ålebäcken	Hjoån	Röttleån	Svedån nedre	Svedån övre	Gagnån	Knipån	Hökesån	Tabergsån	Lillån-Huskvarnaån	NdHerrkvarn14	Jarebacken14	Ebbetorpsbacken14	Hultabacken14	Smedtorpsgard14	Smedstorpabacken14	Bordsjobacken18	Bullsjoan18
Forsaån övre		0.053	0.082	0.079	0.149	0.072	0.091	0.147	0.094	0.090	0.081	0.089	0.111	0.092	0.219	0.204	0.171	0.169	0.154	0.433	0.231
Forsaån nedre	NS		0.036	0.043	0.072	0.036	0.030	0.082	0.024	0.025	0.006	0.024	0.070	0.043	0.153	0.155	0.106	0.128	0.109	0.402	0.195
Granviksån	**	NS		0.036	0.074	0.009	0.018	0.072	0.020	0.023	0.016	0.020	0.050	0.027	0.133	0.133	0.077	0.105	0.070	0.348	0.155
Ålebäcken	**	**	**		0.043	0.042	0.041	0.109	0.015	0.024	0.019	0.023	0.077	0.024	0.119	0.120	0.063	0.103	0.097	0.364	0.183
Hjoån	**	**	**	**		0.060	0.040	0.083	0.032	0.022	0.029	0.045	0.091	0.019	0.160	0.146	0.114	0.099	0.084	0.410	0.210
Röttleån	**	**	NS	**	**		0.009	0.064	0.024	0.019	0.021	0.018	0.045	0.028	0.120	0.105	0.081	0.085	0.065	0.349	0.189
Svedån nedre	**	*	NS	**	**	**		0.053	0.026	0.008	0.011	0.016	0.067	0.025	0.135	0.127	0.077	0.090	0.085	0.347	0.160
Svedån övre	**	**	**	**	**	**	**		0.082	0.049	0.064	0.070	0.097	0.081	0.182	0.171	0.155	0.128	0.122	0.384	0.181
Gagnån	**	**	*	NS	**	**	**	**		0.010	0.007	0.013	0.065	0.019	0.121	0.119	0.064	0.096	0.078	0.358	0.187
Knipån	**	*	NS	**	**	NS	NS	**	NS		-0.002	0.001	0.038	0.009	0.115	0.098	0.067	0.053	0.061	0.328	0.150
Hökesån	**	NS	NS	**	**	NS	NS	**	NS	NS		0.004	0.046	0.007	0.109	0.109	0.069	0.081	0.065	0.351	0.167
Tabergsån	**	**	NS	**	**	*	**	**	**	NS	NS		0.043	0.015	0.123	0.111	0.064	0.072	0.060	0.320	0.157
Lillån-Huskvarnaån	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**		0.058	0.116	0.097	0.105	0.085	0.070	0.328	0.189
NdHerrkvarn14	**	**	*	**	NS	**	**	**	**	NS	NS	**	**		0.120	0.111	0.068	0.053	0.040	0.372	0.178
Jarebacken14	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**		0.020	0.066	0.133	0.103	0.435	0.249
Ebbetorpsbacken14	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	NS		0.080	0.099	0.091	0.422	0.237
Hultabacken14	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**		0.107	0.083	0.380	0.196
Smedtorpsgard14	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**		0.018	0.398	0.200
Smedstorpabacken14	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	NS		0.383	0.216
Bordsjobacken18	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**		0.234
Bullsjoan18	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	

Figur III. Parvisa genetiska skillnader (F_{ST}) baserat på SNP-data mellan historiska prover från Vättern-Motala ström och nutida från Vättern, Sommen samt havsvandrande öring från Umeälven (över diagonalen), samtliga jämförelser är statistiskt signifikanta $p < 0,001$ (under

diagonalen).

	Okänt ursprung Norrfors	Krycklan	Renforsen	Vindelälven ovan VGS	Åman	Forsaån	Granviksån	Lillån- Huskvarna ån	Knipån	Ålebäcken	Laxberg	Svartån	Vättern- Motala ström
Okänt ursprung Norrfors		0,073	0,034 0,119	0,043 0,089	0,063 0,123	0,137 0,204	0,086 0,165	0,118 0,195	0,110 0,193	0,122 0,187	0,136 0,212	0,188 0,278	0,149 0,211
Krycklan	0,001												
Renforsen	0,001	0,001		0,056	0,103	0,186	0,136	0,167	0,152	0,169	0,164	0,232	0,209
Vindelälven ovan VGS	0,001	0,001	0,001		0,084	0,176	0,127	0,158	0,143	0,154	0,174	0,243	0,200
Åman	0,001	0,001	0,001	0,001		0,187	0,144	0,164	0,153	0,164	0,184	0,239	0,240
Forsaån	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001		0,078	0,113	0,055	0,080	0,257	0,322	0,235
Granviksån	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001		0,065	0,055	0,064	0,208	0,301	0,196
Lillån/Huskvarnaån	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001		0,076	0,069	0,253	0,314	0,219
Knipån	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,004	0,001		0,044	0,236	0,306	0,224
Ålebäcken	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,002	0,001	0,001		0,242	0,307	0,243
Laxberg	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001		0,039	0,236
Svartån	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,025		0,282
Vättern-Motalaström	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	

GAGNÅN HARRLEKPLATSEN

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag GAGNÅN	Lokalnamn HARRLEKPLATSEN	Koordinater (RT90) 643080-140179	Höjd över havet (m) 90
Åtgärdsområde (kalk) 052	Syfte	Bottentopografi Intermediär	Täthet död ved 9 st/100m2	Beskuggning (%) 30
Dominerande närmiljö Baruskog	Dominerande påverkan Bäver	Påverkansgrad (0-3) 1 Måttlig	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 8,2 km	Avstånd till sjö nedströms 0,1 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190807	Utförare Vfk	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 2	Voltstyrka 600	Avfiskad yta 110 m2
Vattentemperatur 13,7 C	Vattenhastighet Strömmande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,45 m
Medeldjup 0,17 m		



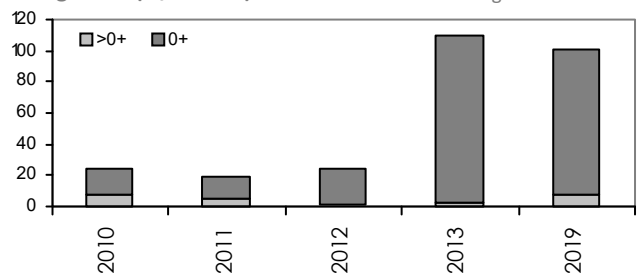
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Bergsimpa	9	1		10	50	76		9,2
Bäcknejonöga	4	1		5	116	128		4,8
Elritsa	0	2		2	68	69		2,9
Signalkräfta	1	0		1	85	85		1,3
Småspigg	3	1		4	48	54		4,1
Öring	85	18		103	40	144	92,6	100,8

Öringtäthet (st/100 m2)

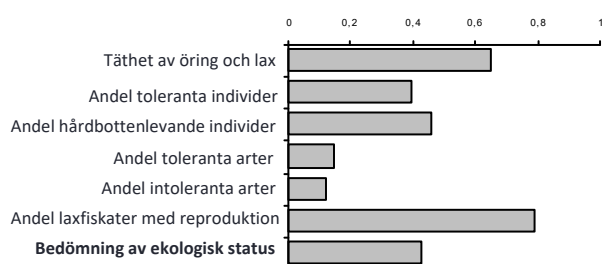
Förväntad täthet enligt VIX:

68

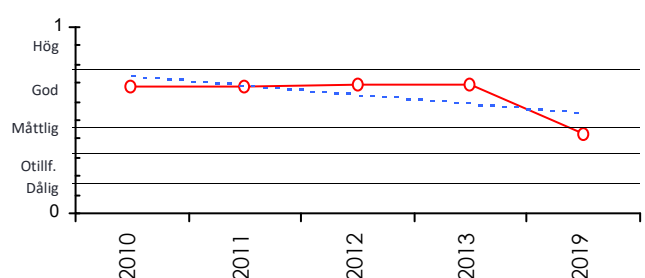


Index ekologisk status (VIX):

0,43



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

God

Lokalen bedöms uppnå god status. VIX sjönk kraftigt under 2019 vilket är anmärkningsvärt då tätheten av öring var hög och på samma nivå som under år 2013. Förekomsten av flera andra arter sänker VIX. Predikterat förekomst av öring ligger även långt under uppmätta nivåer vilket indikerar att skattning av VIX fungerar dåligt för lokalen. VIX-klassningen av lokalen bedöms därför som osäker. Medel-VIX ligger med marginal på god status. Den sammantagna bedömningen är därför att statusen är oförändrad i jämförelse med tidigare år och att VIX för år 2019 underskattar statusklassningen som bör vara god.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

På lokalen finns stora mängder öringar vid inventeringarna år 2013 och 2019 trots inte ett helt optimalt öringhabitat. Under år 2019 fångades även andra mer försurningskänsliga arter som bergsimpa, elritsa och kräfta vilket sammantaget indikerar på att ingen försurningspåverkan föreligger.

TABERGSÅN BRON BÅRARP

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag TABERGSÅN	Lokalnamn BRON BÅRARP	Koordinater (RT90) 640275-139985	Höjd över havet (m) 98
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte	Bottentopografi Intermediär	Täthet död ved -9 st/100m2	Beskuggning (%) 30
Dominerande närmiljö Äng	Dominerande påverkan Jordbruk allmänt	Påverkansgrad (0-3) 2 Kraftig	Klassning öringbiotop Intermediär	Typ av population Strömlevande
Avstånd till sjö uppströms 6 km	Avstånd till sjö nedströms 5,4 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190805	Utförare Vfk	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 2	Voltstyrka 200	Avfiskad yta 293 m2
Vattentemperatur 15 C	Vattenhastighet Strömmande	Vattennivå Medel
Grumlighet Klart	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,8 m
Medeldjup 0,5 m		



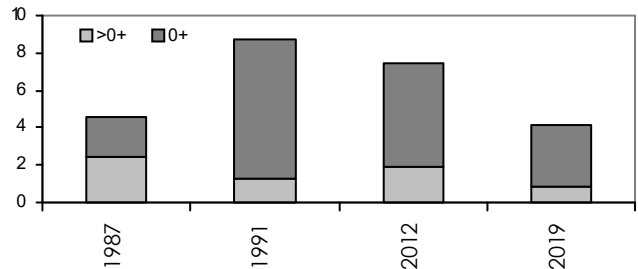
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Bergsimpa	5	2		7	68	92		2,8
Elritsa	1	0		1	68	68		0,5
Signalkräfta	0	1		1	92	92		0,5
Öring	9	2		11	56	157	3,3	4,2

Öringtäthet (st/100 m2)

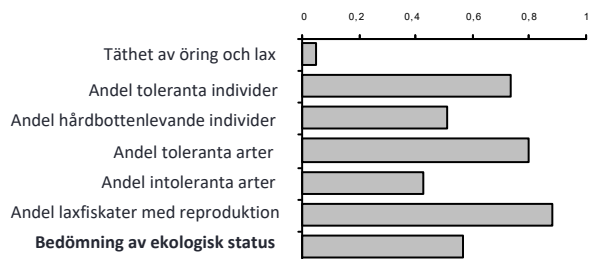
Förväntad täthet enligt VIX:

28

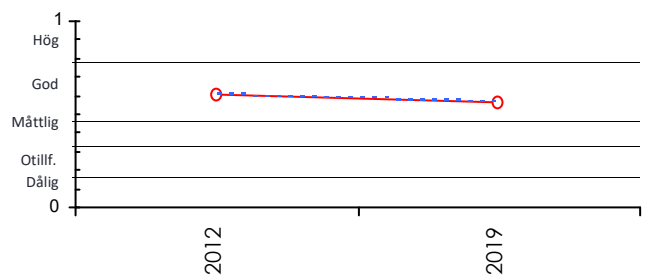


Index ekologisk status (VIX):

0,57



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

God

Lokalen bedöms uppnå god ekologisk status. Ny lokal där området nedströms bron fiskades. Nedre delen djup och långsamflytande. Övre del bättre öringhabitat med sten/små block som bottenstrukt. Trots brister i habitatet finns öring. Vid de två elfiskena som genomförts i anslutning till bron blir skattningen av statusen god.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

2 Ringa

En svårbedömd lokal ut försurningsynpunkt då habitat i stora delar är olämpligt för öring. Enstaka öringungar påträffades dock under fisket samt enstaka större kräftor och elritsa. Få årsungar. Den sammantagna bedömningen, baserat på fångade fiskar, är att försurningspåverkan är ringa.

LILLÅN (HUSKVARNA) KYRKOGRÅRDEN NEDRE

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag LILLÅN (HUSKVARNA)	Lokalnamn KYRKOGRÅRDEN NEDRE	Koordinater (RT90) 640535-140980	Höjd över havet (m) 119
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte	Bottentopografi	Täthet död ved 2 st/100m2	Beskuggning (%) -9
Dominerande närmiljö Lövskog	Dominerande påverkan Ingen påverkan	Påverkansgrad (0-3)	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 10 km	Avstånd till sjö nedströms 3,3 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190910	Utförare Calluna	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 3	Voltstyrka 600	Avfiskad yta 150 m2
Vattentemperatur 13,5 C	Vattenhastighet Strömmande	Vattennivå Låg
Grumlighet Grumligt	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,5 m
Medeldjup 0,15 m		

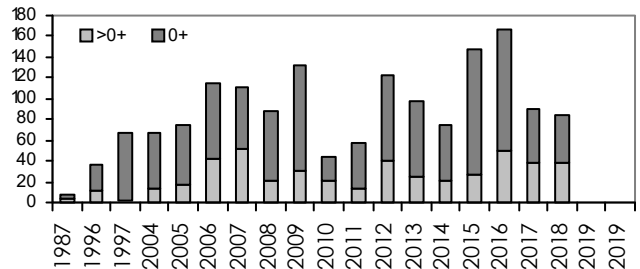
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Ingen fångst	0	0	0	0				0

Öringtäthet (st/100 m2)

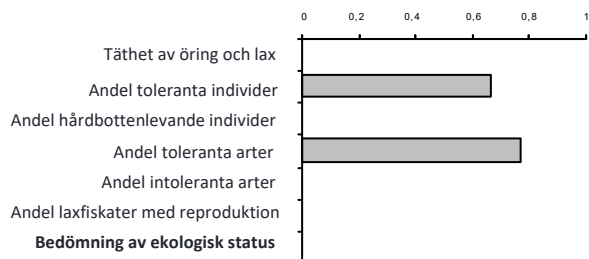
Förväntad täthet enligt VIX:

14

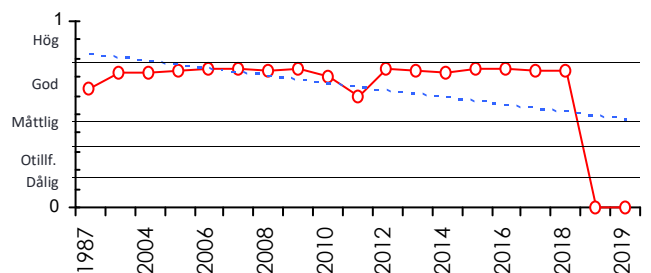


Index ekologisk status (VIX):

0



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

Dålig

Ingen fångst! Resultatet är slående jämfört med tidigare års relativt höga tätheter. Den av VIX föreslagna statusen Dålig känns representativ utifrån det fisktomma elfiskeresultatet. I ett försök att se var gradienten gick påträffades den första öringen först 1,2 km nedströms lokalen (drygt 4 km från utloppet i Vättern).

Bedömning av förurningspåverkan (1-4):

0 Går ej att bedöma

Ingen fångst gör att förurningspåverkan inte går att bedöma.

LILLÅN RAVINGATAN

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag LILLÅN	Lokalnamn RAVINGATAN	Koordinater (RT90) 640694-140935	Höjd över havet (m) 94
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte	Bottentopografi Intermediär	Täthet död ved 4 st/100m2	Beskuggning (%) 30
Dominerande närmiljö Lövskog	Dominerande påverkan Vattendraget tidigare torrlagt	Påverkansgrad (0-3) 2 Kraftig	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 10 km	Avstånd till sjö nedströms 0,9 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190830	Utförare Lst	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 3	Voltstyrka 400	Avfiskad yta 86 m2
Vattentemperatur 14 C	Vattenhastighet Lugnflytande	Vattennivå Låg
Grumlighet Grumligt	Vattenfärg Färgat	Maxdjup 0,25 m

Medeldjup
0,15 m

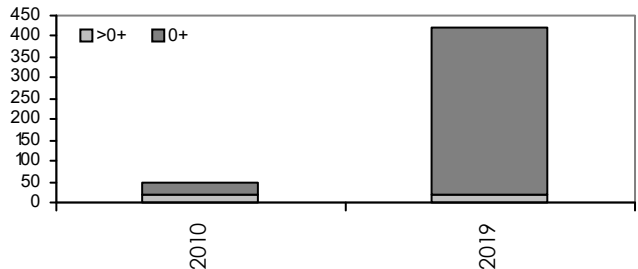
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Lake	1	0	0	1	250	250		1,2
Nejonöga obst.	2	0	0	2	110	115		2,3
Signalkräfta	0	0	1	1	45	45		1,4
Öring	183	87	45	315	45	140	399,7	420,2

Öringtäthet (st/100 m2)

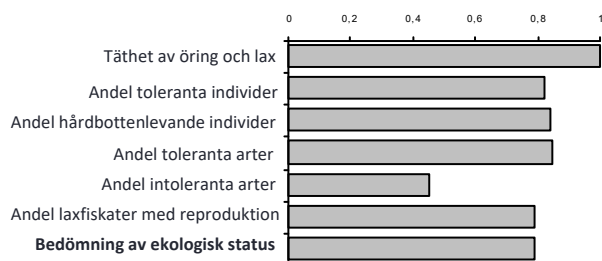
Förväntad täthet enligt VIX:

12

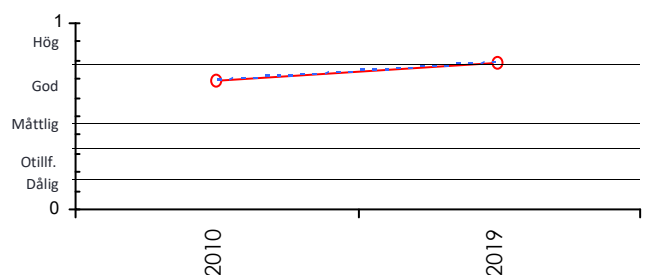


Index ekologisk status (VIX):

0,79



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

Måttlig

Jämfört med resultatet 2010 var tätheterna av öring betydligt högre 2019. Dock kändes tätheterna inte naturliga och fisken var i dålig kondition. Ett tunt lager med sediment täckte botten. Den av VIX föreslagna statusen God känns inte representativ för lokalen 2019. Även om tätheterna av öring var högre än vid det tidigare fisket kändes det som en onaturlig aggregation, något fiskens dåliga kondition berättade om. Lokalen anses ha måttlig status.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

Hög täthet av framför allt äldre öring. Förekomst av öringårungar samt en mindre signalkräfta gör att försurningspåverkan bedöms vara obetydlig.

GRANVIKSÅN MYNNINGEN

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag GRANVIKSÅN	Lokalnamn MYNNINGEN	Koordinater (RT90) 650158-142692	Höjd över havet (m) 89
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte	Bottentopografi Jämn	Täthet död ved 3 st/100m2	Beskuggning (%) 60
Dominerande närmiljö Lövskog	Dominerande påverkan Artificiell markanvändning	Påverkansgrad (0-3) 1 Måttlig	Klassning öringbiotop Olämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 0,6 km	Avstånd till sjö nedströms 0,1 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190810	Utförare Vfk	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 2	Voltstyrka 600	Avfiskad yta 115 m2
Vattentemperatur 17,6 C	Vattenhastighet Lugnflytande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,65 m
Medeldjup 0,35 m		



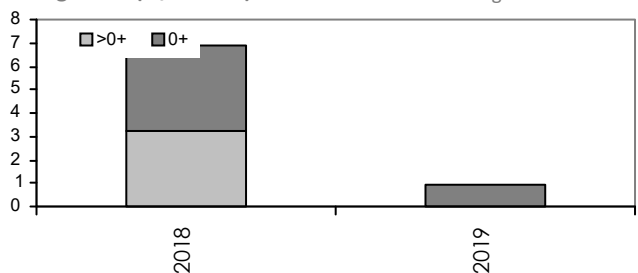
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Abborre	2	1		3	118	138		3,5
Signalkräfta	1	1		2	84	87		2,6
Öring	1	0		1	62	62	0,9	0,9

Öringtäthet (st/100 m2)

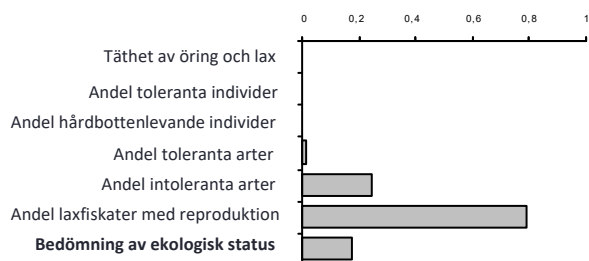
Förväntad täthet enligt VIX:

45

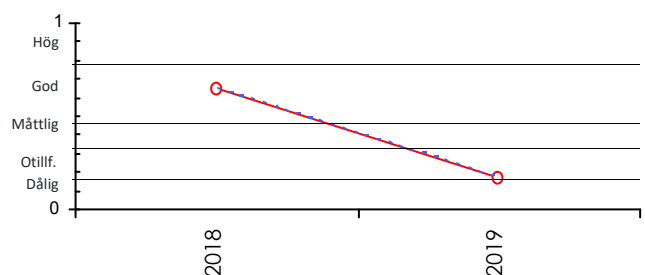


Index ekologisk status (VIX):

0,18



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

Måttlig

Lokalen bedöms uppnå måttlig ekologisk status. Ny lokal som avgränsas av tät vegetation/grenar ej möjlig att elfiska. Nedre del av lokalen i praktiken indämd del av Vättern. Olämplig elfiskelokal som underskattar VIX. Dålig förekomst av öring i lokalen förklaras av olämpligt habitat. Sammantaget bedöms VIX underskatta lokalens status som bedöms vara måttlig.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

2 Ringa

Ny lokal där försurningspåverkan är svår att skatta då lokalen är direkt olämplig som elfiskelokal om öring är målarten. Endast enstaka öring, kräfta och abborre fångades. Med hänsyn till detta samt att den nära uppströms lokalen producerar öring är den samlade bedömningen att endast en ringa försurningspåverkan kan föreligga i lokalen. Detta baseras främst på fiskfångsten i lokalen.

ÅLEBÄCKEN NED G:A LANDSVÄGSBRO

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag ÅLEBÄCKEN	Lokalnamn NED G:A LANDSVÄGSBRO	Koordinater (RT90) 646331-143209	Höjd över havet (m) 92
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte Regional kalkeffektuppföljning	Bottentopografi Intermediär	Täthet död ved 2 st/100m2	Beskuggning (%) 40
Dominerande närmiljö Lövskog	Dominerande påverkan Jordbruk allmänt	Påverkansgrad (0-3) 1 Måttlig	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 10 km	Avstånd till sjö nedströms 0,3 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190910	Utförare Vfk	Metod Kvantitativt
Antal utfiskningar 3	Voltstyrka 200	Avfiskad yta 129 m2
Vattentemperatur 15 C	Vattenhastighet Strömmande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,4 m
Medeldjup 0,11 m		



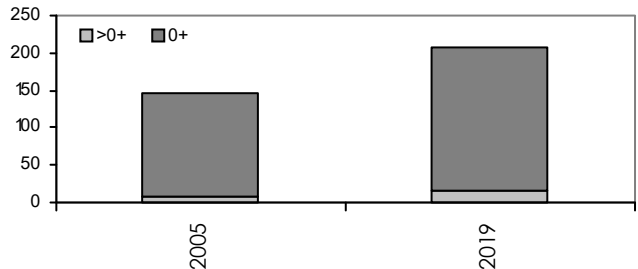
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Signalkräfta	1	1	0	2	33	67		1,7
Öring	208	48	9	265	53	166	192,9	207,6

Öringtäthet (st/100 m2)

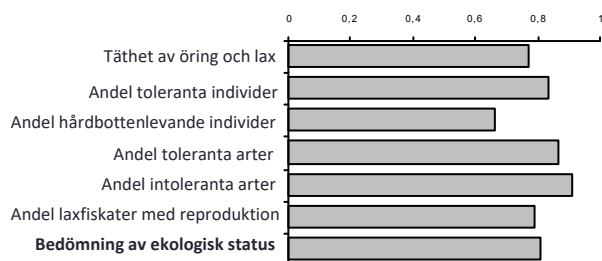
Förväntad täthet enligt VIX:

97

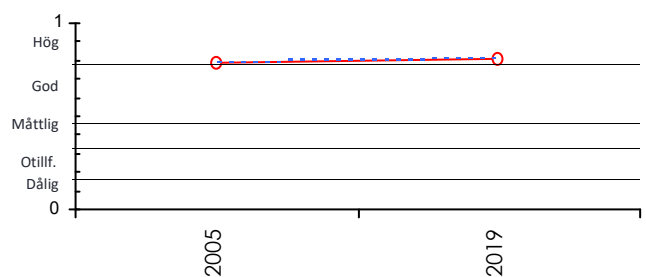


Index ekologisk status (VIX):

0,81



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

God

Lokalen bedöms uppnå god ekologisk status. En lokal i Östergötland som är kraftig påverkad av jordbruk och boskapsskötsel. Vattendraget är dessutom uträdat och ligger längs en åker. Öringtätheten är dock mycket hög. Sammantaget är bedömningen att VIX överskattas och statusen bör, med tanke på habitatet och brist på andra fiskarter än vandrande bestånd av öring, klassas som god

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

Ny lokal i Östergötland i uträdat vattendrag som påverkas kraftigt av jordbruk/boskapsskötsel. Tätheten av öring är mycket hög. Några signalkräfter fångades och ett flertal kräftyngel kunde observeras. Den sammantagna bedömningen är därför att ingen försurningspåverkan föreligger på lokalen.

NYKYRKEBÄCKEN HENEBACKEN/NYKYRKE

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag NYKYRKEBÄCKEN	Lokalnamn HENEBACKEN/NYKYRKE	Koordinater (RT90) 644685-140700	Höjd över havet (m) 95
Åtgärdsområde (kalk) 050	Syfte	Bottentopografi Intermediär	Täthet död ved -9 st/100m2	Beskuggning (%) 50
Dominerande närmiljö Barrskog	Dominerande påverkan Vattendraget tidigare torrlagt	Påverkansgrad (0-3) 3 Mycket kraftig	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 10 km	Avstånd till sjö nedströms 0,1 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190826	Utförare Lst	Metod Kvalitativt
Antal utfiskningar 1	Voltstyrka 400	Avfiskad yta 99 m2
Vattentemperatur 16,1 C	Vattenhastighet Lugnflytande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Färgat	Maxdjup 0,15 m
Medeldjup 0,07 m		

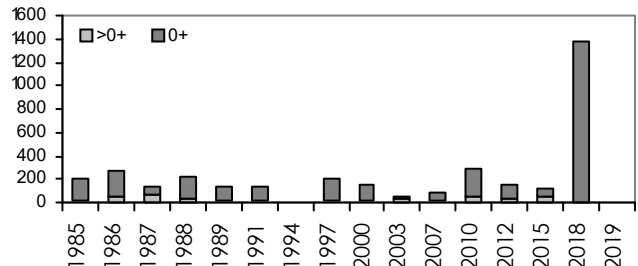
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Nejonöga obst. 12				12	35	85		30,3
Öring	4			4	58	69	8,4	8,4

Öringtäthet (st/100 m2)

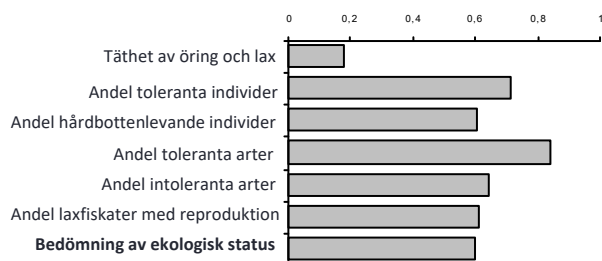
Förväntad täthet enligt VIX:

23

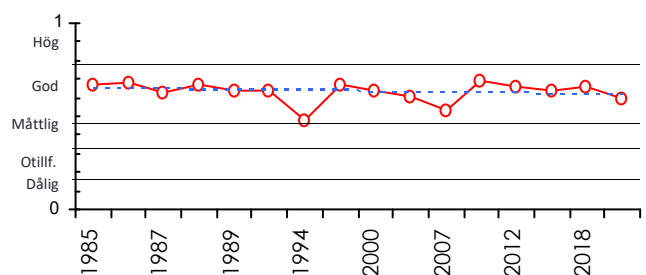


Index ekologisk status (VIX):

0,6



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

Måttlig

Jämfört med tidigare år var tätheten av ensamrig öring extremt låg. Vattendraget var kraftigt torkdrabbat vid fisket 2019 och samma förhållanden rådde även 2018, vilket förklarar resultatet. Den av VIX föreslagna statusen God känns inte aktuell med det torkläget som var vid fisketillfället 2019. De senaste årens torra somrar har haft uppenbart negativa effekter. Lokalen anses ha måttlig status, men kan behöva sänkas ytterligare om trenden fortsätter.

Bedömning av förurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

Mycket låg täthet av både äldre öring och öringårsungar. Fiskfaunan har påverkats mycket negativt av torka både 2018 och 2019, vilket gör lokalen mer svårbedömd. Förurningspåverkan bedöms, liksom tidigare, vara liten.

NYKYRKEBÄCKEN SKINNARETORPET

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag NYKYRKEBÄCKEN	Lokalnamn SKINNARETORPET	Koordinater (RT90) 644675-140565	Höjd över havet (m) 160
Åtgärdsområde (kalk) 050	Syfte	Bottentopografi Jämn	Täthet död ved 0 st/100m2	Beskuggning (%) 40
Dominerande närmiljö Äng	Dominerande påverkan Jordbruk allmänt	Påverkansgrad (0-3) 3 Mycket kraftig	Klassning öringbiotop Intermediär	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 10 km	Avstånd till sjö nedströms 1,4 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190826	Utförare Lst	Metod Kvalitativt
Antal utfiskningar 1	Voltstyrka 400	Avfiskad yta 42 m2
Vattentemperatur 19,6 C	Vattenhastighet Lugnflytande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Färgat	Maxdjup 0,12 m
Medeldjup 0,05 m		

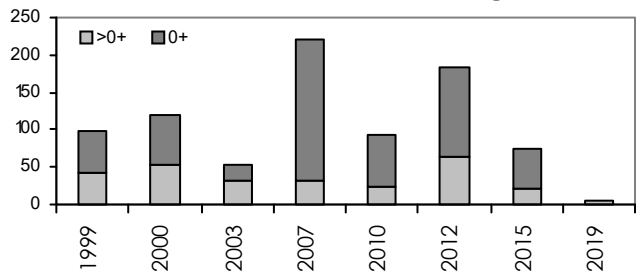
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Öring	1			1	100	100	0	4,3

Öringtäthet (st/100 m2)

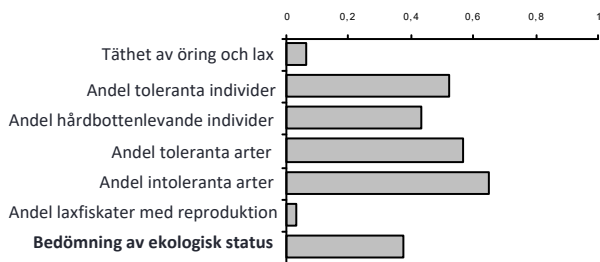
Förväntad täthet enligt VIX:

23

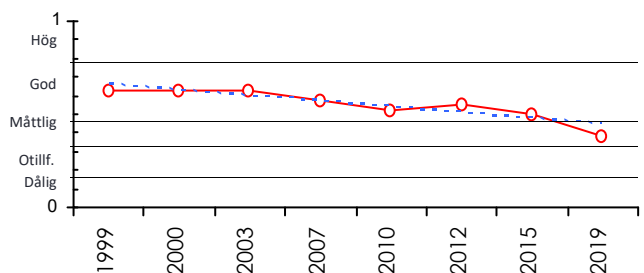


Index ekologisk status (VIX):

0,38



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

Otillfredsställande

Jämfört med tidigare år var tätheten av ensamrig öring extremt låg. Vattendraget var kraftigt torkdrabbat vid fisket 2019 och samma förhållanden rådde även 2018, vilket förklarar resultatet. Nykyrkebäcken vid lokalen, som är belägen i en kohage, hade i och med torkan modifierats av kreaturen (som behövt gå längre ut i vattnet för att dricka) och liknade snarare en leråker än en bäck. Den av VIX föreslagna statusen God känns inte representativ med det torkläget och skicket på vattendraget som var vid fisketillfället 2019. De senaste årens torra somrar har haft uppenbart negativa effekter. Endast en öring fångades. Lokalen anses ha otillfredsställande status.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

Mycket låg täthet av öring. Årsungar av öring och andra försurningskänsliga arter saknas. Fiskfaunan har påverkats mycket negativt av torka både 2018 och 2019, vilket gör lokalen mer svårbedömd. Försurningspåverkan bedöms, liksom tidigare, vara liten.

RÖTTLEÅN GÅNGBRON

Lokaldata

Huvudavrinningsområde Motala ström (067)	Vattendrag Röttleån	Lokalnamn GÅNGBRON	Koordinater (RT90) 643105-141873	Höjd över havet (m) 104
Åtgärdsområde (kalk)	Syfte	Bottentopografi Ojämn	Täthet död ved 5 st/100m2	Beskuggning (%) 40
Dominerande närmiljö Artificiell mark; vägar etc.	Dominerande påverkan Artificiell markanvändning	Påverkansgrad (0-3) 1 Måttlig	Klassning öringbiotop Lämplig	Typ av population Vandrande
Avstånd till sjö uppströms 0,2 km	Avstånd till sjö nedströms 0,4 km	Vandringshinder		

Data elfisketillfället

Fiskedatum 190806	Utförare Vfk	Metod Kvalitativt
Antal utfiskningar 1	Voltstyrka 200	Avfiskad yta 58 m2
Vattentemperatur 15,4 C	Vattenhastighet Strömmande	Vattennivå Låg
Grumlighet Klart	Vattenfärg Klart	Maxdjup 0,5 m
Medeldjup 0,22 m		



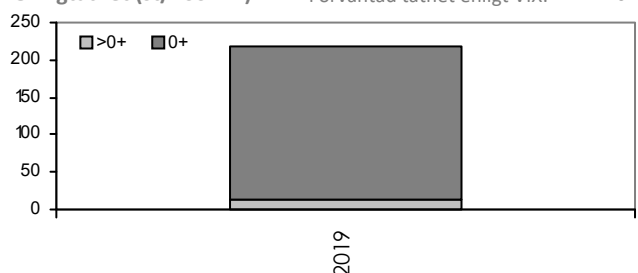
Fångst

Fiskart	Antal per omgång				Längd (mm)		Beräknad täthet (st/100m2)	
	1	2	3	Tot	min	max	0+	Tot
Signalkräfta	1			1	85	85		4
Öring	61			61	47	149	204,7	217,2

Öringtäthet (st/100 m2)

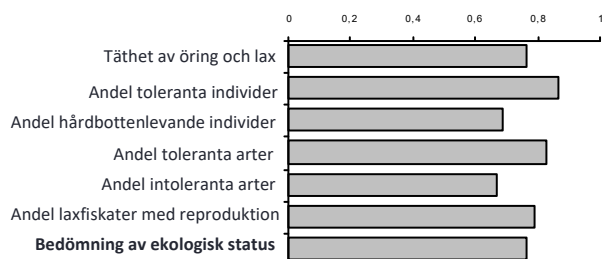
Förväntad täthet enligt VIX:

104

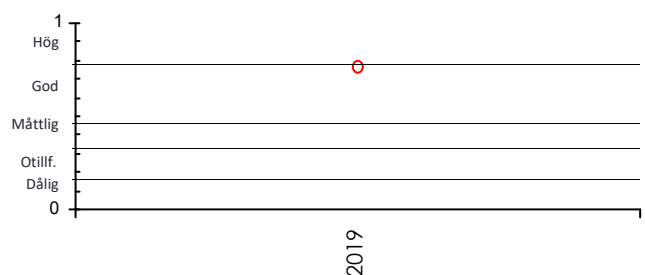


Index ekologisk status (VIX):

0,77



Förändring av ekologisk status



Bedömning av ekologisk status:

God

Lokalen bedöms uppnå god ekologisk status. Ny lokal vid gångbro kopplat till genanalyser av öring därav bara ett utfiske. Lokalen startar 5 meter ned gångbro och slutar vid utvidgning cirka 10 meter nedan vattenfall. Bitvis bra öringhabitat. Bedömning av VIX bedöms som osäker speciellt då VIX ofta överskattas på lokaler med vandrande öringsbestånd. Sammantaget bedöms därför VIX för 2019 överskatta den ekologiska statusen som bör vara god.

Bedömning av försurningspåverkan (1-4):

1 Opåverkad

Ny lokal med bitvis bra öringhabitat. Stor förekomst av öring vilket ligger över predikerat värde samt en större signalkräfta. Svårbedömd då lokalen endast fiskats en gång. Med tanke på att den närliggande lokalen nedströms har även bestånd av flera kräftor/kräfttyngel gör att den sammantagna bedömningen att ingen försurningspåverkan föreligger.

