



Genetisk status och bevarandemål för lax och öring i Gullspångsälven

Stefan Palm & Johan Dannewitz

1. BAKGRUND	2
2. GENETISK STATUS, VILD GULLSPÅNGSLAX OCH –ÖRING	2
GENOMFÖRANDE.....	2
RESULTAT OCH DISKUSSION	3
3. UPPDATERADE REKOMMENDATIONER	4
4. GENETISKA MÅL (GYNNSAM BEVARANDESTATUS)	7
5. FLYTT AV KOMPENSATIONSODLING TILL GULLSPÅNGSÄLVEN?	8
6. GENBANK FÖR VILD GULLSPÅNGSLAX	10
7. ERKÄNNANDEN	11
8. REFERENSER	11
9. TABELLER OCH FIGURER	12

1. Bakgrund

Sötvattenslaboratoriet (SLU Aqua) har på uppdrag av Länsstyrelsen i Västra Götaland (Fredrik Nilsson) analyserat och kommenterat nedanstående punkter, vilka berör genetisk status, bevarande och förvaltning av lax och öring i Gullspångsälven:

1. Hur ser genetisk status ut för Gullspångslax och öring utifrån de senaste analyserna (data från 2015-2017)? Har det skett några förändringar jämfört med perioden 2000-2010?
2. Se över och uppdatera de rekommendationer som lämnades i tidigare rapport av Palm m.fl. 2012 (gäller endast de som berör den naturliga reproduktionen i Gullspångsälven).
3. Utred och föreslå om möjligt populationsgenetiska mål för att uppnå gynnsam bevarandestatus för lax och öring i Gullspångsälven.
4. Om kompensationsutsättningen av Gullspångslax och öring skulle flyttas från Klarälven till Gullspångsälven, vilka risker och möjligheter innebär det? Hur skulle det genetiska bevarandearbetet behöva utföras?
5. Ge synpunkter på hur den genbank av mjölke för vild Gullspångslax (från 13 st. hanar) som finns sparad i djupfrys bör användas.

Nedan följer efterfrågade analyser och kommentarer givna i ovanstående ordning. Notera att de rekommendationer som ges är författarnas, och inte utgör några officiella ställningstaganden från SLU.

2. Genetisk status, vild Gullspångslax och –öring

För information om Gullspångsstammarnas historik samt för en summering av tidigare genetiska studier av dessa hänvisas till tidigare rapport av Palm m.fl. 2012 (med angivna källor).

Genomförande

Tidigare analyserade genetiska rådata (mikrosatellit-DNA) och resultat t.o.m. 2010 (Palm m.fl. 2012) har kombinerats med nyare motsvarande data från Gullspångsälven 2015-2017 som analyserats vid Finska naturresursinstitutet, LUKE (opubl. data). Medan en kalibrering av laxmarkörer analyserade vid SLU respektive LUKE fanns genomförd sedan tidigare (Whitlock m.fl. 2018), behövdes en motsvarande kalibrering för öring. Det senare åstadkoms genom jämförelser av relativ förekomst och längd för de anlagsvarianter (alleler) som påträffats bland vildfödd öring från Gullspångsälven och som analyserats för samma mikrosatellitmarkörer vid båda laboratorierna. Även om kalibreringen inte innehöll direkta jämförelser på individnivå bedömdes resultaten så entydiga att en sammanslagning av genetiska data för öring kunde genomföras.

Tabell 1a och 1b visar vilka data som analyserats med avseende på olika antal mikrosatellitmarkörer. För lax varierar antalet använda markörer mellan olika statistiska analyser, då färre markörer tidigare analyserades vid SLU Aqua. För

jämförelser med äldre material från studien av Palm m.fl. (2012) finns därför endast 8 st. gemensamma markörer analyserade (jämfört med 17 st. gemensamma idag; Tabell 1a). För öring finns genomgående samma 9 gemensamma markörer analyserade (Tabell 1b). Statistiska analyser genomfördes med samma metoder och program som i den tidigare studien av Palm m.fl. (2012). Enda undantag var analyser av inbördes individuellt släktskap, vilka inför denna rapport genomfördes med programmet COLONY (Jones & Wang 2010).

Resultat och diskussion

Figurerna 2-5 illustrerar resultat från uppdaterade analyser, vilka inkluderar nya genetiska data från lax- och öringungar från 2015-2017 i Gullspångsälvens båda lekrområden (Åråsforsarna respektive Gullspångsforsen; Figur 1). Sammanfattningsvis kan följande konstateras:

- Mängden genetisk variation i bestånden (förväntad heterozygositet, allelic richness) har under senare år varit av samma storleksordning som tidigare (Figur 2). Detta synbarligen ”stabila” resultat återspeglar sannolikt en kombinerad effekt av (1) slumpmässig ”drift” i genetiskt effektivt små bestånd, som väntas ge minskad variationsgrad över tid, samt (2) motverkande genflöde via tidigare utsättningar och/eller felvandring från Klarälvsfisk, vilket väntas ge ökad variationsgrad. Samtidigt ska betonas att både laxen och öringen har överlappande generationer med generationsintervall som omfattar flera (uppskattningsvis ca 6-7) år, och att genetiska förändringar därför tar tid. Mer information om genetisk drift och genflöde följer nedan.
- Analyser av inbördes släktskap för individer insamlade 2015-2017 (där ett större antal genetiska markörer finns analyserade; Tabell 1a och 1b) visar att identifierade hel- och halvsyskon i första hand förekommer i samma lekrområde (resultat ej redovisade). Detta tyder på att den vuxna fisken (under samma år) leker antingen i Åråsforsarna eller i Gullspångsforsen. Ett flertal syskongrupper av både lax och öring fanns dock representerade i både L:a och St. Åråsforsen, vilket tyder på att lekfisken rör sig mellan dessa båda närliggande delområden och/eller att ungar födda i L:a Åråsforsen i hög grad ”driftar” nedströms till St. Åråsforsen. I vissa fall (främst för öring) förekommer även halvsyskon födda olika år, vilket indikerar förekomst av flergångslek. Även halvsyskon födda olika år kommer övervägande från antingen Åråsforsarna eller Gullspångsforsen. Detta tyder på att laxen (men också öringen) i hög grad återvänder till det delområde inom Gullspångsälven som de föddes i. Förekomst av ett sådant lokalt ”homing-beteende” indikeras också av delvis olika andelar av ”klarälvs gener” skattade för laxungar från båda lekrområdena (se nedan).
- Skattningar av det genetiskt effektiva antalet föräldrar (N_B) till analyserade årsungar av lax och öring från Åråsforsarna och Gullspångsforsen, baserade på ”linkage disequilibrium”, presenteras i Figur 3. Analyserna är genomförda med samma antal gemensamma genetiska markörer (8 resp. 9; Tabell 1a och 1b) för samtliga år, vilket gör resultaten jämförbara över tid. Resultaten visar att de lokala genetiskt effektiva populationsstorlekarna har förblivit mycket låga (ca 10 effektiva föräldrar per år och delområde för respektive art). Baserat på teoretiska studier av Waples m.fl. (2013,

2014) väntas detta resultat för öring (och sannolikt även lax) motsvara en genetisk effektiv populationsstorlek per generation (N_E ; den storhet som i första hand styr mängden genetisk drift och inavel) som är knappt dubbelt så hög ($N_E \approx 20$ per generation och delområde). Den genetiskt effektiva populationsstorleken för hela Gullspångsälven (Åråsforsarna + Gullspångsforsen) beror av flera faktorer, inklusive graden av genutbyte mellan de båda delområdena (Wang & Caballero 1999), och är därför svår att uppskatta. Vi bedömer ändå att totala N_E kan uppgå till någonstans mellan 20 och 40 för respektive art. Tidigare slutsatser om att bestånden är genetiskt och demografiskt sårbara kvarstår således (Palm m.fl. 2012); fler lekfishar (som lyckas med reproduktionen) behövs för att reducera risk för utdöende, minskad lokal anpassning, förlust av genetisk variation, ökad inavel, samt genetisk känslighet för ”felvandring” av odlad fisk.

- Resultat från uppdaterade skattningar av andelen ”ursprungliga Gullspångsgener” bland lax- och öringungar från olika år presenteras i Figur 4. Noterbart är att laxen i Åråsforsarna, med undantag för 2010, uppvisar en hög grad av ursprungligt genetisk material (95-100%), medan andelen är betydligt lägre (ca 70-80%) i Gullspångsforsen, där utsättningar av odlad Gullspångslax tidigare genomförts för att ”skynda på” etablering i det nyskapade lekområdet (Palm m.fl. 2012). För öringen är andelen ursprungliga gener ca 80-90% i båda lekområdena, vilket sammanfaller med motsvarande andel skattad för den odlade Gullspångsöring som (likt laxen) tidigare sattes ut i Gullspångsforsen (Figur 4). Resultaten indikerar att tidigare utsättningar är den huvudsakliga orsaken till genetisk påverkan, även om effekter av felvandring av Klarälvsfisk (t.ex. direktutsatt i Vänern; se nedan) inte kan uteslutas.
- Som tidigare konstaterats är stammarna av lax och öring, trots varierande inblandning av Klarälvs gener, genetiskt distinkta och skyddsvärda (Palm m.fl. 2012). Nya data från senare år (2015-2017) förändrar inte denna slutsats, vilket bland annat illustreras av de uppdaterade släktskapsträd som presenteras i Figur 5.

Baserat på ovanstående ger en sammantagen bedömning att genetisk status för bestånden av lax och öring i Gullspångsälven är fortsatt låg samt att inga påtagliga förändringar (positiva eller negativa) tycks ha ägt rum under senare år. Det ska dock betonas att behovet av att förbättra situationen ökar konstant, då oönskade effekter av pågående mikroevolutionära processer tenderar att ackumuleras över tid.

3. Uppdaterade rekommendationer

Nedan kommenteras tidigare givna rekommendationer som direkt eller indirekt berör Gullspångsälven (kursiv text kopierad från Palm m.fl. 2012, sid. 49-52):

- ***Sätt inte ut mer odlad fisk i Gullspångsälven. Beslutet att under 2004-2008 sätta ut odlad Gullspångslax och -öring togs för att påskynda etablering i den nyrestaurerade torrfåran. Ur ett produktionsperspektiv tycks åtgärden ha varit framgångsrik. Denna studie tyder dock på att utsättningarna samtidigt påverkat Gullspångsälvens vilda laxfiskbestånd så att dessa idag liknar de odlade***

Gullspångsstammarna mer än tidigare. För lax innebär detta att inslaget av "Klarälvsgener" på kort tid ökat påtagligt, medan utvecklingen för öring varit omvänd. Det är oklart vilka ekologiska konsekvenser den ökade andelen främmande gener med odlingsbakgrund hos Gullspångslax har medfört under senare år. Även om man kan förvänta sig påverkan på förmågan till överlevnad- och reproduktion i det vilda, kan detta inte påvisas utan detaljerade studier eller experiment. Likaså är det oklart i vilken grad den odlade G-öringen, trots att den framstår som jämförelsevis genuin i de delar av arvsmassan som här kunnat studeras, är påverkad av generationer av odling. För att bevara återstoden av Gullspångsälvens lax och öringstammar bör nu "naturen få ha sin gång" utan ytterligare utsättningar – detta gäller såväl direkt i Gullspångsälven som längre uppströms i vattensystemet. Ytterligare åtgärder i och utanför älven i syfte att öka den naturliga smoltproduktionen och antalet lekfishar kan också behövas för att minska beståndens sårbarhet och samtidigt ge ökad möjlighet till genetisk (åter-)anpassning.

Ingen ny information har tillkommit som skulle motivera att "förstärka" bestånden i Gullspångsälven via utsättning av odlad fisk. Ovanstående rekommendation gäller således fortfarande. Som nyligen diskuterats i ett separat biologiskt underlag från SLU Aqua (Magnusson m.fl. 2018) tycks det vara en kombination av flera faktorer som ligger bakom de vilda beståndens låga status (brist på lek- och uppväxtområden, bristande habitatkvalitet, korttidsreglering, fiskedödighet i Vänern). Inget av dessa problem kan långsiktigt avhjälpas via utsättningar, vilka dessutom medför olika genetiska risker.

- **Sätt endast ut lax och öring av lokalt ursprung i Klarälven.** *Kompensations-utsättningar i Vänern är fastställda i vattendomar. Att de odlade Gullspångsstammarna sedan mer än 40 år hanteras i Klarälven har motiverats med att man velat skydda återstoden av vild lax och öring i Gullspångsälven från påverkan av odlad fisk. Hanteringen av flera stammar parallellt vid avelsfisket i Forshaga, och på de odlingar som föder upp fisken, medför dock risk för sammanblandning och hybridisering. En uppenbar åtgärd för att reducera denna risk vore att upphöra med utsättning av Gullspångslax och -öring i Klarälven, och istället flytta denna del av verksamheten till annat vattendrag kring Vänern med separat odlingsanläggning. Parallellt med att framtiden för de odlade Gullspångsstammarna utreds, bör även inventeringar genomföras av potentiella lek- och uppväxtområden uppströms Gullspång och Skagern, som ett led i en fortsatt satsning på en återuppbyggnad av Gullspångsälvens vilda lax- och öringbestånd.*

Ovanstående rekommendation gavs i första hand med hänsyn till skyddet av de vilda stammarna av lax och öring i Klarälven, och gäller fortfarande. Se nedan (punkt 4) för kommentarer om vilket annat vattendrag utmynnande i Vänern som kan vara lämpligt för kompensationsodling av Gullspångsstammarna.

- **Se över smoltutsättningarna direkt i Vänern.** *Sedan 1987 har betydande mängder odlad lax- och öringsmolt satts ut på olika platser i sjön. Huvudanledningen har varit att öka överlevnaden på fisken och därmed gynna fisket. Från studier i andra områden finns emellertid resultat som tyder på att laxfisk som sätts direkt i havet*

felvandrar till diverse vattendrag för lek. Detta medför risk för genspridning på betydligt högre nivåer och längre geografiska avstånd än vad som förekommer naturligen. Av denna anledning förekommer till exempel idag inte längre några större direktutsättningar av laxsmolt i Östersjön.

I numerärt svaga bestånd, som de i Gullspångsälven, kan det räcka med att ett fåtal individer av främmande stam deltar vid lek för att de genetiska konsekvenserna ska bli påtagliga. Även om det är oklart i vilken omfattning direktutsatt fisk har påverkat Gullspångsälvens stammar, tyder den höga andelen Klarälvs gener i prov av vildfödd lax (2009) och öring (2005) på att Klarälvsfisk lekt i älven. Även andra vattendrag kring Vänern med vild stam (av öring) kan påverkas negativt. Det finns således anledning att, ur ett genetiskt försiktighetsperspektiv, se över dagens system med direkta smoltutsättningar (val av stammar, utsättningslokaler, m.m.). Inte minst kan lämpligheten av fortsatta direktutsättningar i Vänern med odlad lax och öring av Klarälvsstam starkt ifrågasättas, eftersom denna fisk kan felvandera till Gullspångsälven. Men även övriga direktutsättningar måste anses tveksamma ur ett genetiskt perspektiv.

Även denna rekommendation gäller fortfarande – främst motiverat av försiktighetsskäl. Som nämnts ovan (avsnitt 1) tyder erhållna genetiska resultat på att de tidigare utsättningarna av odlad Gullspångslax och -öring i Gullspångsforsen kan vara den huvudsakliga anledningen till de konstaterade inslagen av Klarälvs gener hos de vilda Gullspångsstammarna. Entydiga data från märkningsstudier i Vänern som visar på felvandring av direktutsatt fisk till Gullspångsälven tycks också saknas. Detta betyder dock inte att risken för oönskad felvandring inte finns eller kan ignoreras. Det bör dock tilläggas att det sedan flera år inte satts ut någon Klarälvs lax direkt i Vänern, och att detta endast skett vid ett fåtal tidigare tillfällen (Fredrik Nilsson, Länsstyrelsen Västra Götaland, pers. komm.).

- **Använd genetiska ”verktyg” i förvaltningen.** Det är viktigt med uppföljande studier av beståndens genetiska status. Fortsatt övervakning med genetisk metodik kan också ge värdefull kompletterande information vid uppföljningar av olika åtgärder i vattendragen. De tydliga genetiska stamskillnader som fortfarande föreligger gör det även möjligt att erhålla användbara skattningar av andelen lax (eller öring) med olika ursprung i stickprov från yrkes- och trollingfiskets fångster i Vänern. Kombinerat med annan information kan ursprungsbestämningar generera värdefull kunskap om stammarnas relativa förekomst i sjön, vandringsmönster, tillväxt, etc. Sådana resultat kan i sin tur ligga till grund för fördjupade beståndsanalyser och användas som underlag vid utformningen av framtida förvaltningsregler.

Detta uppdrag utgör i sig ett exempel på att denna tidigare rekommendation efterföljts, och denna generella rekommendation gäller även framöver. Utöver ovanstående analyser av genetisk status (punkt 1) har DNA-markörer även använts för att skatta andelen Gullspångslax i yrkesmässiga Vänernfångster av vildfödd lax (Magnusson m.fl. 2018) samt för att studera andelen lax/öring och antalet lekfiskar i samband med lekgropsinventeringar i Gullspångsälven (LUKE opubl. data, Fredrik Nilsson, Länsstyrelsen Västra Götaland, pers. komm.).

4. Genetiska mål (gynnsam bevarandestatus)

Baserat på generella riktlinjer och tidigare studier föreslår vi följande bevarandegenetiska mål för stammarna av lax och öring i Gullspångsälven, i syfte att dessa ska erhålla ”gynnsam bevarandestatus” ur detta perspektiv:

1. Den genetiskt effektiva populationsstorleken per generation och art bör kortsiktigt (kommande år) inte understiga 50.

Kommentar: Syftet med detta kortsiktiga mål ($N_E \geq 50$) är att reducera akut problematik och risker förknippade med förlust av genetisk variation, ökad inavel, minskad lokal anpassning samt känslighet för oönskad genetisk påverkan via ”felvandring” av odlad lax och öring. Som diskuteras ovan (avsnitt 1) har nuvarande N_E per generation skattats till endast omkring 20 för respektive art och delområde (Åråsforsarna respektive Gullspångsforsen), medan motsvarande storhet för hela älven bedöms kunna ligga inom intervallet 20-40. Dessa skattningar ligger således under ovanstående mål.

Ökade effektiva populationsstorlekar kan relativt fort erhållas genom att (1) öka överlevnaden under uppväxtfasen i älven (framförallt i Åråsforsarna) och därmed öka utvandringen av smolt och återvandringen av vuxen fisk (via minskad korttidsreglering, habitatförbättrande åtgärder), (2) en högre andel av familjegrupperna bland avkomman överlever till smoltstadiet (åter via minskad korttidsreglering samt habitatförbättrande åtgärder) och/eller (3) fler vuxna lekfiskar tillåts återvända efter tiden i Vätern (via fiskerestriktioner).

Ur ett mer långsiktigt perspektiv bör N_E -målet höjas ytterligare. Hur mycket högre detta mål bör vara beror bland annat på hur genetiskt isolerade bestånden är från andra vilda lax- och öringstammar kring Vätern, vilket i hög grad är okänt (behöver utredas). Det bör samtidigt betonas att en högre målsättning för N_E kommer troligen att kräva mer omfattande åtgärder som t.ex. ökade arealer av lek- och uppväxtområden i Gullspångsälven med tillflöden (Magnusson m.fl. 2018).

Fortsatt genetisk övervakning krävs för att utvärdera effekten av genomförda förvaltningsåtgärder och måluppfyllelse.

2. Andelen ”klarälvsgener” hos vildfödd lax och öring i Gullspångsälven ska inte öka ytterligare.

Kommentar: Trots dokumenterad påverkan av gener från Klarälvsstammarna är laxen och öringen i Gullspångsälven genetiskt distinkta och ekologiskt särpräglade, med fenotypiska karaktärer som sannolikt utgör lokala anpassningar och anses värdefulla ur ett fiskevårdsperspektiv. Genetisk påverkan via utsättning eller felvandring av odlad fisk på högre nivåer än den ”naturliga bakgrundsnivån” riskerar att sänka stammarnas överlevnads- och produktionsförmåga samt förändra deras egenskaper. Detta innebär i sin förlängning också att unik genetisk mångfald inom arterna förloras.

Även detta mål kräver fortsatt genetisk övervakning.

5. Flytt av kompensationsodling till Gullspångsälven?

Vi har tidigare rekommenderat att kompensationsodlingen av Gullspångslax- och öring bör flyttas från Klarälven, där avelsfiske och smoltutställningar sedan mitten av 1960-talet har bedrivits parallellt med motsvarande aktiviteter för Klarälvsstammarna (Palm m.fl. 2012). Denna rekommendation gavs både för att skydda de vilda och odlade stammarna av Klarälvslox och -öring samt de odlade Gullspångsstammarna mot ytterligare genetisk sammanblandning.

Att flytta kompensationsodlingen av Gullspångsstammarna från Klarälven till Gullspångsälven vore alltså fördelaktigt för Klarälvens lax- och öringstammar. Men samtidigt skulle det innebära uppenbara risker för Gullspångsälvens skyddsvärda och hotade vilda bestånd.

I likhet med nästan all övrig kompensationsodling av lax och öring i Sverige (Östersjön, västkusten, stora sjöar) bedrivs verksamheten i Vänern genom s.k. ”sea ranching” där nya återvändande vuxna lekfiskar samlas in via årligt avelsfiske. Detta kräver att de odlade smolten sätts ut i älven eller älvmyningen.

Enligt vattendom uppgår utsättningskyldigheten för Gullspångslax och -öring sammantaget till 25 000 smolt per år (FUG 2018). Som jämförelse producerar Gullspångsälven idag årligen uppskattningsvis endast ca 1 100 laxsmolt och 600 öringsmolt (Fredrik Nilsson, Länsstyrelsen Västra Götaland, opublicerade data). Även om sjööverlevnaden kan förväntas vara lägre för odlad laxfisk än för vildfödd, skulle en traditionell odlingsverksamhet förlagd till Gullspångsälven förväntas resultera i att stora mängder odlad lax och öring återvänder till älven. Överskottet av dessa odlade lekfiskar skulle högst sannolikt söka sig till de begränsade lekområdena i Åråsorsarna och Gullspångsforsen, där de skulle dominera antalsmässigt jämfört med sina vildfödda släktingar.

Av flera anledningar vore detta ett hot mot de vilda Gullspångsstammarna som inom några få generationer kan förväntas bli genetiskt ”utspädda”. Detta är i sig ett problem då ett betydande antal studier har visat att odlad laxfisk avviker från sina vilda släktingar i beteenden, fysiologi och morfologi (t.ex. Einum & Fleming 2001). Dessa skillnader beror sannolikt både på ”arv och miljö”. Vad gäller genetiska förändringar vid odling, vilka kan påverka överlevnad och reproduktiv framgång i naturen, är dessa oundvikliga av följande anledningar:

- I naturen är dödligheten från ägg till smolt hög, och det finns utrymme för en stark naturlig selektion där bättre anpassad avkomma överlever i högre grad. I odling är syftet däremot att undvika (alltför hög) dödlighet, och odlingsmiljön skiljer sig dessutom påtagligt från naturen. I odling sätts det naturliga urvalet därmed delvis ur spel, medan egenskaper som normalt inte gynnas (t.ex. att vara mindre försiktig) kan vara fördelaktiga. Urvalet av avelsfisk kan också resultera i ärftliga förändringar, exempelvis när man (medvetet eller omedvetet) tenderar att

använda fisk som anländer vid en viss tidpunkt, som är av en viss storlek, uppvisar ett visst beteende, etc.

- När människan avgör vilka individer som ska para sig med varandra sätts naturliga partnervalsbeteenden ur spel. I naturen förekommer dessutom att unga öring- och laxhanar (särskilt) kan bidra med avkomma, medan sådana ”tidigt köns mogna hanar” inte brukar användas på odlingarna. Det finns även en risk att lekfisk från andra vattendrag, som annars skulle ha lämnat älven innan lek, används i aveln då dessa individer inte kan identifieras visuellt.
- Även om antalet använda avelsfiskar idag oftast följer rekommendationer om minimiantal (t.ex. ”minst 50 hanar och 50 honor per år”) vilka är avsedda att reducera problem med förlust av genetisk variation och inavel, är antalet vildfödda lekfiskar (inkl. tidigt köns mogna hanar) i större vattendrag oftast betydligt större.

Utöver genetiska aspekter kan en dominans av odlad fisk på lekområdena medföra ökad konkurrens och olika former av störningar, t.ex. om fisk född i odling uppvisar avvikande lekbeteende. Ett avelsfiske beläget vid mynningen skulle vidare, beroende på hur det utformas, sannolikt påverka fiskens lekvandring genom att fisk hindras eller måste hanteras vid fångst och återutsättning. Att använda en sluten avelsbesättning (lekfisk som hålls i dammar) vore av denna anledning ett delvis bättre alternativ, men skulle inte reducera övriga ovanstående risker. Potentiell sjukdomsspridning från odlad till vild fisk utgör ett ytterligare problemområde.

Eftersom de potentiella nackdelarna är betydligt fler än fördelarna avråder vi från att flytta dagens kompensationsodling av Gullspångsstammarna från Klarälven till Gullspångsälven. Ett bättre alternativ vore att förlägga smoltutsättningar och avelsfiske till annat vattendrag vid Väneren som idag saknar egen laxfiskproduktion. Om sådana vattendrag finns, och vilket som i så fall är bäst lämpat, behöver utredas vidare.

Ett ytterligare alternativ (om juridiskt möjligt) kan vara att helt ersätta dagens kompensationsodlade Gullspångslax och -öring med en motsvarande utsättningsmängd från Klarälvsstammarna. Dessa smolt kan i så fall även fortsättningsvis sättas ut i Klarälven, där man vid första vandringshindret (Forshaga) redan idag kan separera återvändande vuxen odlad fisk från vild inför transport till lekområdena längre uppströms. Mot detta kan anföras att det kan finnas ett visst bevarandevärde av att behålla de odlade Gullspångsstammarna som en form av ”levande genbank”. I händelse av att den vilda laxfischen dör ut kan t.ex. dessa odlade stammar användas för återintroduktioner. För laxen kan dessutom honor från odling befruktas med mjölke från den frusna genbanken (se avsnitt 6).

6. Genbank för vild Gullspångslax

Länsstyrelsen har efterfrågat synpunkter på hur den frusna genbank för Gullspångslax som finns sparad bör användas. Genbanken består av djupfrusen mjölke från laxhanar härstammade från den ”levande genbank” för Gullspångslax som hölls i jämtländska Kälarne t.o.m. 2010. Denna levande genbank grundlades med vildfödd stirr fångad i Åråsforsarna 1987-1989. Under en period höll man även en motsvarande levande genbank för Gullspångsöring (Palm m.fl. 2012).

Den frusna mjölken är insamlad från 13 laxhanar. Det är dock okänt (för oss) om dessa hanar ingick bland de vildfångade individer som grundlade den levande genbanken eller om de härstammar från en senare generation, hur stor mängd mjölke per hane som finns sparad, samt vilken kvalitet den aktuella mjölken håller idag. Samtliga dessa frågor är viktiga för bedömningar och rekommendationer om hur genbanken bör eller kan nyttjas.

Generellt kan en genbank användas för att rädda, förstärka eller ”genetiskt förbättra” hotade bestånd, samt för att återskapa helt förlorade stammar (SLU 2014):

- a. I ett akut krisläge, om stammens populationsstorlek är så pass reducerad att dess långsiktiga överlevnad bedöms hotad, kan sparad mjölke användas för att befrukta återstående honor;
- b. Om ett bestånds anpassnings- och produktionsförmåga bedöms nedsatt av genetiska skäl kan genbanken användas för att ”restaurera” stammen genom stödutsättning av avkomma (ögonpunktad rom, yngel, äldre ungar, smolt) som tagits fram via konstbefruktning av rom med genbanksmjölke;
- c. Om ett laxbestånd förändrats påtagligt genetiskt sett över tid, tack vare utsättning eller felvandring, kan en genbank användas för att ”förbättra” stammen genetiskt sett genom utsättning av konstbefruktad avkomma;
- d. Om inga levande individer återstår kan frusen mjölke användas för att (delvis) genetiskt återskapa en utdöd stam. Detta kan ske via användning av stamfrämmande honor och kontrollerade återkorsningar under flera generationer.

Vad gäller Gullspångsälven är det i nuläget främst punkt c ovan som skulle kunna anföras som ett argument för att nyttja genbanken. Även om beståndssituationen är problematisk (Magnusson m.fl. 2018) bedömer vi att det i dagsläget inte råder någon ”akut utdöenderisk”, där utsättningar av genbanksavkomma är motiverade (punkt a). Det saknas vidare data som tyder på att laxens låga beståndsstatus beror av genetiska skäl (punkt b), även om sådana effekter inte kan uteslutas (de är i praktiken mycket svåra att studera och belägga).

Vad gäller genetisk påverkan (punkt c) är det konstaterat att tidigare utsättningar av odlad Gullspångslax resulterat i ett ökat inslag av gener från Klarälvslox (Palm m.fl. 2012). De uppdaterade genetiska analyser som genomförts (avsnitt 1) tyder dock på

att det i första hand är laxen i Gullspångsforsen som är påverkad, medan den i Åråsforsarna bär på en mer ursprunglig genetisk sammansättning.

Mot denna bakgrund rekommenderar vi att man i dagsläget därför inte nyttjar genbanken för Gullspångslax utan avvaktar ”naturens gång” (parallellt med åtgärder för att förbättra laxens beståndssituation, som habitatvård, fiskeregleringar, etc.). Genbanken bör dock behållas som en viktig reserv, utifall att läget skulle förvärras eller nya fakta framkommer.

7. Erkännanden

Tack till Fredrik Nilsson, Länsstyrelsen, för hjälp med faktauppgifter. Arbetet har skett på uppdrag med finansiering via Länsstyrelsen i Västra Götaland.

8. Referenser

- Einum S, Fleming IA (2001) Implications of stocking: ecological interactions between wild and released salmonids. *Nordic Journal of Freshwater Research* 75: 56-70.
- FUG (2018) *Svensk kompensationsodling av lax och öring - med förslag till riktlinjer för godkänd smolt* (Bilaga 1). Fiskeutredningsgruppen, Länsstyrelserna i Västra Götaland, Västernorrland och Norrbotten, 29 sid.
- Jones OR, Wang J (2010) COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551-555.
- Magnusson K, Kagervall A, Palm S, Sundblad G, Sandström A, Dannewitz J (2018) *Status och skyddsbehov för vild lax och öring i Vänermed fokus på Gullspångsälvens bestånd*. Biologiskt underlag till Havs- och vattenmyndigheten, 40 sid.
- Palm m.fl. (2012) Populationsgenetisk kartläggning av Vänerlax. *Aqua reports* 2012:4, 64 sid.
- SLU (2014) *Genbanken för lax – en utvärdering och förslag på framtida hantering*. Utlåtande (2014-11-06) från Hans Lundqvist och Jan Nilsson (Institutionen för vilt fisk och miljö) samt Johan Dannewitz, Stefan Palm och Johan Östergren (Institutionen för akvatiska resurser), Sveriges lantbruksuniversitet. 5 sid.
- Wang J, Caballero A (1999) Developments in predicting the effective size of subdivided populations. *Heredity* 82: 212-226.
- Waples RS, Luikart G, Faulkner JR, Tallmon DA (2013) Simple life-history traits explain key effective population size ratios across diverse taxa. *Proceedings of the Royal Society B* 280: 20131339.
- Waples RS, Antao T, Luikart G (2014) Effects of overlapping generations on linkage disequilibrium estimates of effective population size. *Genetics* 197: 769–780.
- Whitlock R, Mäntyniemi S, Palm S, Koljonen M-L, Dannewitz J, Östergren J (2018) Integrating genetic analysis of mixed populations with a spatially-explicit population dynamics model. *Methods in Ecology and Evolution* 9:1017-1035.

9. Tabeller och figurer

Tabell 1a. Analyserade genetiska data, Gullspångslax.

Lokal	Insamlingsår	Årsklass(er)*	Ursprung	Stadium	Antal fiskar	Antal genetiska markörer		
						Analyserade (lab.)	Gemensamma	Stickprovskod
Åråsforsarna	1966	1965	vildfödd (?)	adult	24	9 (SLU)	8	GL66
- " -	1969	1968	- " -	stirr?	21	- " -	8	Ar69
- " -	1987-89	1988	vildfödd	stirr**	32	- " -	8	Ar8789
- " -	2005	2005	- " -	stirr	21	- " -	8	Ar05
- " -	2010	2010	- " -	- " -	42	- " -	8	Ar10
- " -	2015	2015	- " -	- " -	101	17 (LUKE)	8	Ar15
- " -	2016	2016 (2015)	- " -	- " -	150	17 (LUKE)	8	Ar16
- " -	2017	2017 (2016)	- " -	- " -	129	17 (LUKE)	8	Ar17
Gullspångsforsen	2005	2004, 2005	odlad	- " -	28	9 (SLU)	8	\$Gu05
- " -	2009-10	2010	vildfödd	- " -	35	- " -	8	Gu0910
- " -	2015	2015	- " -	- " -	60	17 (LUKE)	8	Gu15
- " -	2016	2016	- " -	- " -	46	17 (LUKE)	8	Gu16
- " -	2017	2017 (2016)	- " -	- " -	11	17 (LUKE)	8	Gu17
Forshaga (Klarälven)	2009	2004	odlad	adult	40	9 (SLU)	8	\$GL09
Summa					740			

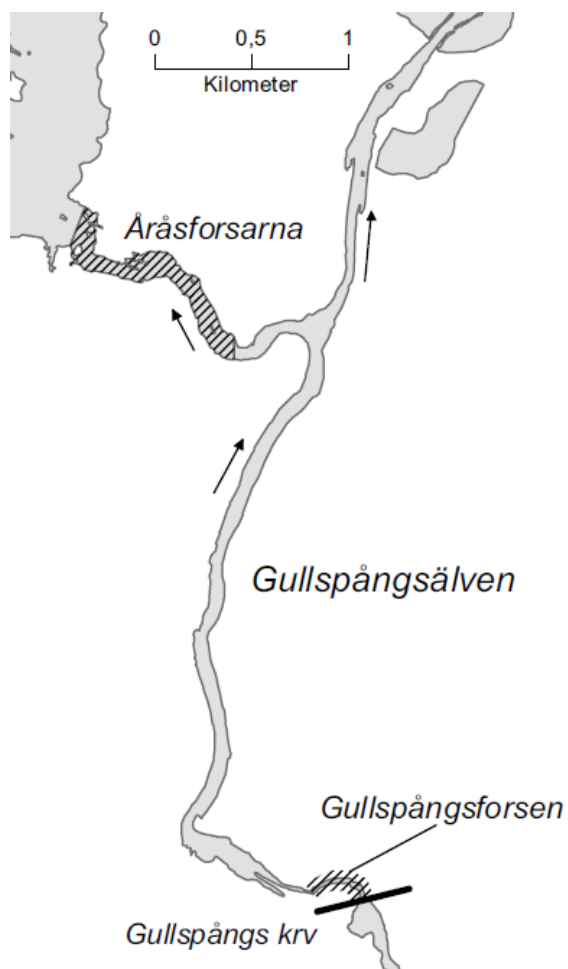
* ålder hos stirr uppskattad från längd. Årsungar (0+) dominerar i samtliga fall

** vildfångad som stirr 1987-89, flyttad till Kälarne, provtagen 1995

Tabell 1b. Analyserade genetiska data, Gullspångsöring.

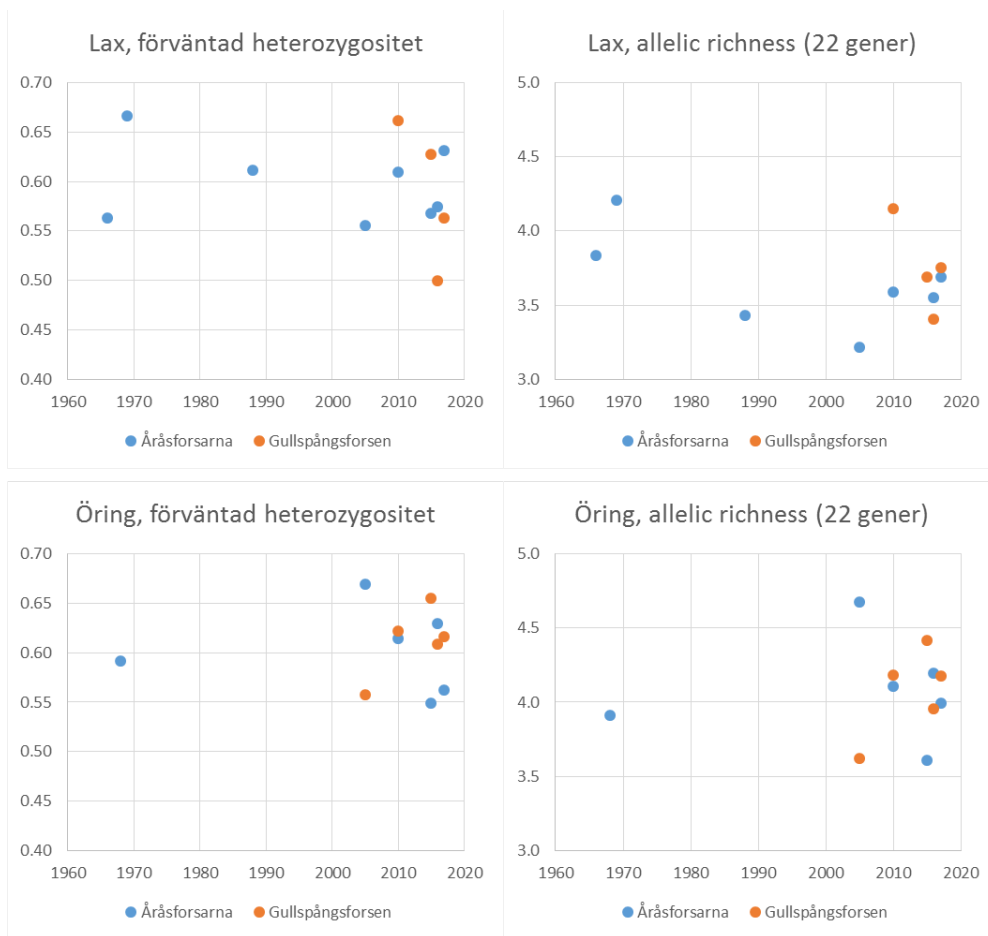
Lokal/er	Insamlingsår	Årsklass(er)*	Ursprung	Stadium	Antal fiskar	Antal genetiska markörer		
						Analyserade (lab.)	Gemensamma	Stickprovskod
Åråsforsarna	1966, 1968-69	1966	vildfödd (?)	stirr	23	10 (SLU)	9	GÖ6669
- " -	2005	2005	vildfödd	- " -	14	- " -	- " -	Ar05
- " -	2010	2010	- " -	- " -	23	- " -	- " -	Ar10
- " -	2015	2015	- " -	- " -	27	16 (LUKE)	- " -	Ar15
- " -	2016	2016 (2015)	- " -	- " -	48	- " -	- " -	Ar16
- " -	2017	2017 (2016, 2015)	- " -	- " -	65	- " -	- " -	Ar17
Gullspångsforsen	2005	2004, 2005	odlad	- " -	16	10 (SLU)	- " -	\$Gu05
- " -	- " -	2005	vildfödd	- " -	12	- " -	- " -	Gu05
- " -	2009-10	2010	- " -	- " -	31	- " -	- " -	Gu0910
- " -	2015	2015	- " -	- " -	43	16 (LUKE)	- " -	Gu15
- " -	2016	2016	- " -	- " -	34	- " -	- " -	Gu16
- " -	2017	2017	- " -	- " -	22	- " -	- " -	Gu17
Forshaga (Klarälven)	2009	2004	odlad	vuxen	51	10 (SLU)	- " -	\$GÖ09
Letälven (Åstorp)	2016	2016	vildfödd	stirr	21	16 (LUKE)	- " -	Le16
Skagersholmsån	2016	- " -	- " -	- " -	22	- " -	- " -	Sk16
Summa					452			

* ålder hos stirr uppskattad från längd. Årsungar (0+) dominerar i samtliga fall



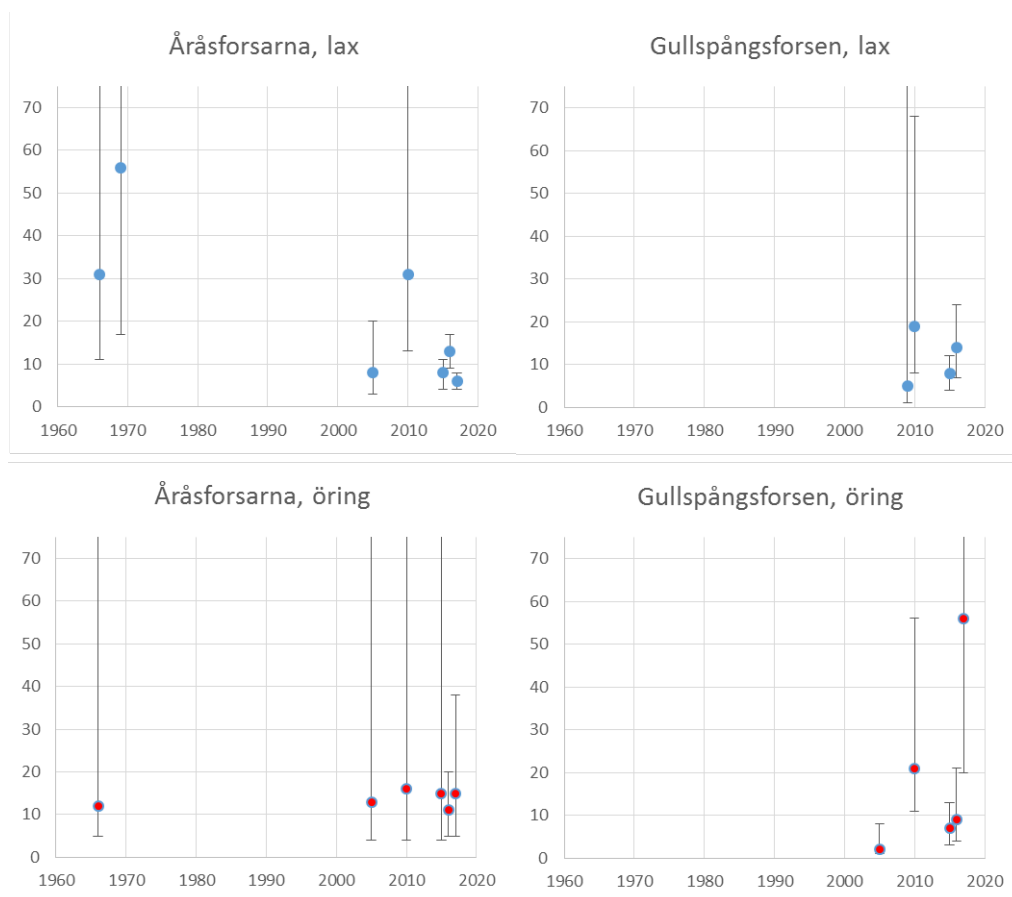
Figur 1. Gullspångsälvens nedersta del (nedströms Gullspångs kraftverk) med nuvarande lekområden för lax och öring: Åråsforsarna (ca 4,7 ha) och Gullspångsforsen (ca 0,4 ha).

Genetisk status hos lax och öring i Gullspångsälven



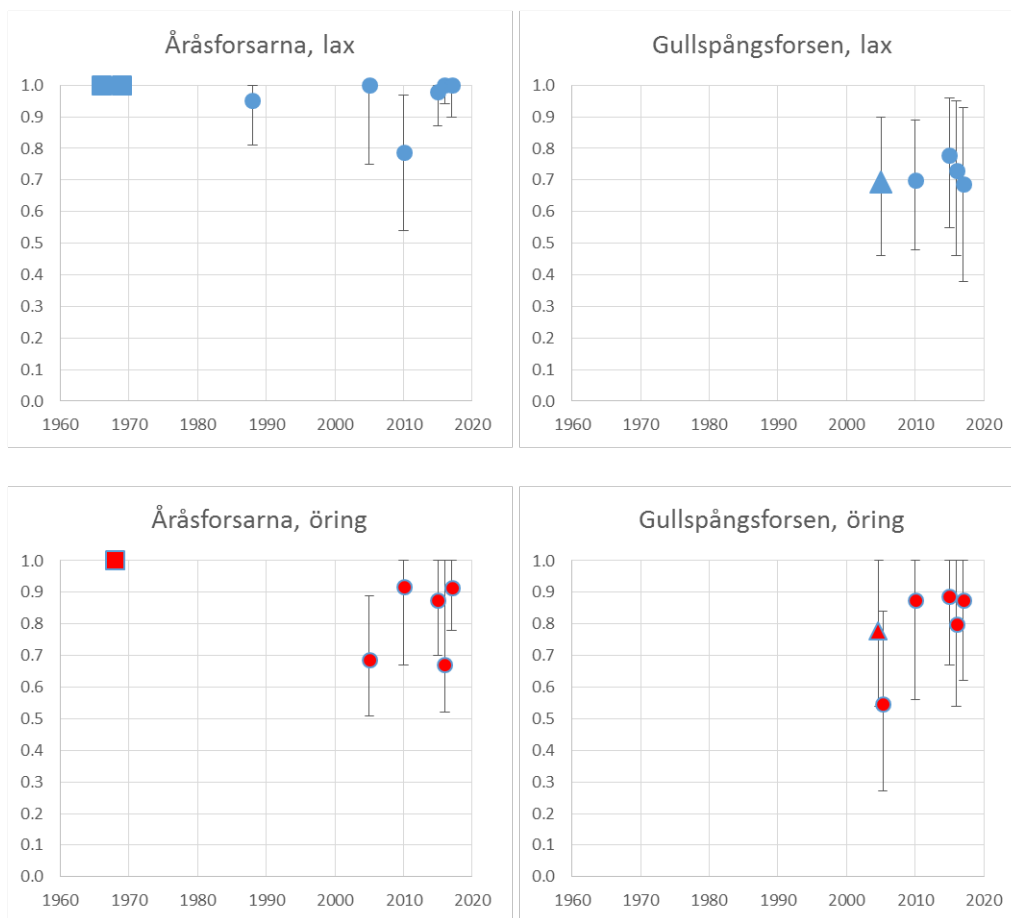
Figur 2. Genetisk variation (förväntad heterozygositet, allelic richness) för vildfödd lax (övre raden; 8 markörer) och öring (nedre raden, 9 markörer) från Gullspångsälven.

Genetisk status hos lax och öring i Gullspångsälven



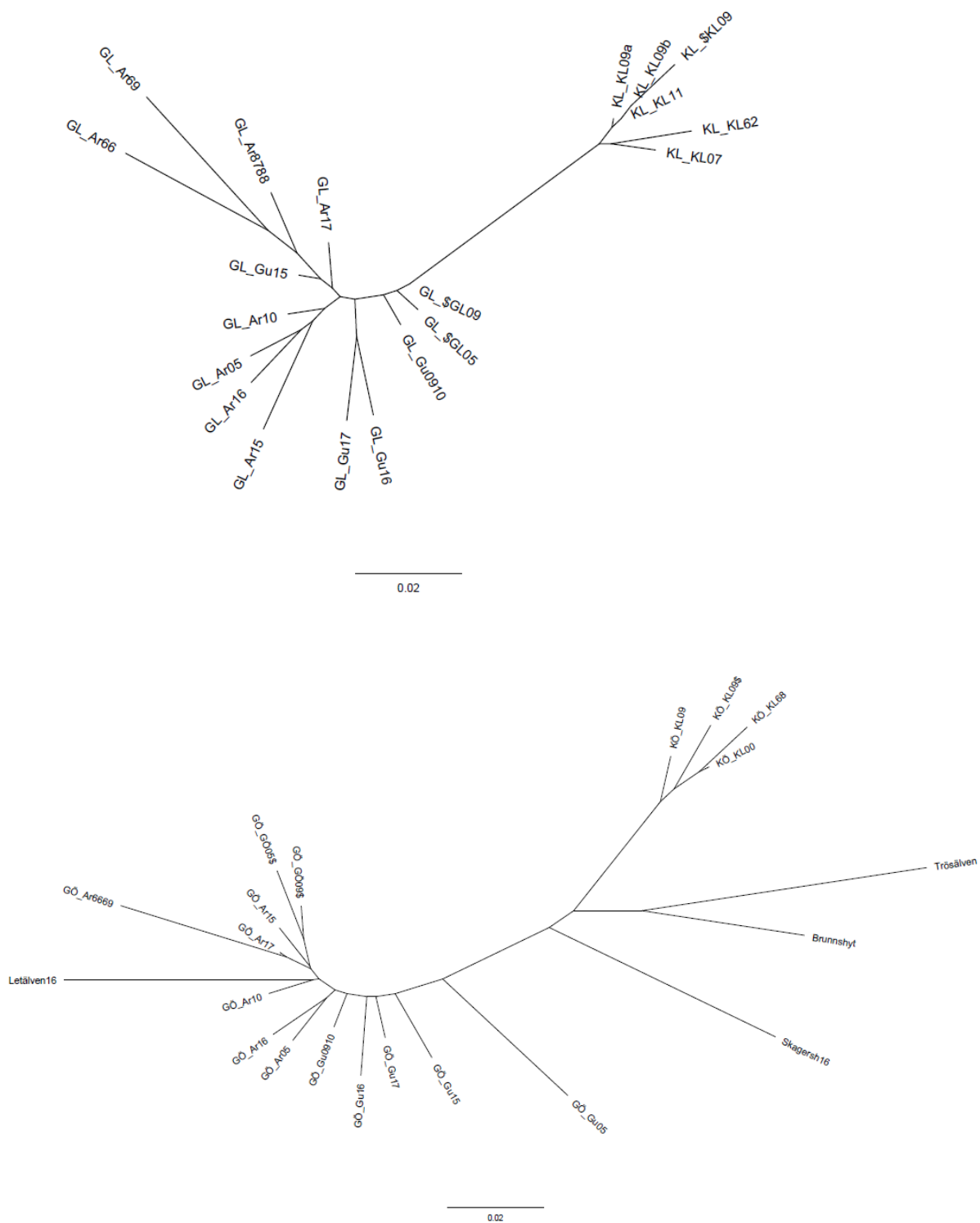
Figur 3. Skattningar (med 95% konfidensintervall) av genetiskt effektivt antal föräldrar (N_B) till analyserade årsklasser av lax (övre raden; 8 markörer) och öring (nedre raden; 9 markörer) vildfödda i Åråsforsarna och Gullspångsforsen.

Genetisk status hos lax och öring i Gullspångsälven



Figur 4. Skattad andel "ursprungliga gullspångsgener" (95% konf. int.) för stickprov av vildfödd lax (8 markörer) och öring (9 markörer) från Gullspångsälven. Trianglar anger prov från odlad Gullspångsfisk tidigare utsatt för att "skynda på" etableringen av lax och öring i den då restaurerade Gullspångsforsen. Kvadrater anger de äldre referensprov från Åråsforsarna (1960-talet) som, tillsammans med motsvarande referensprov för Klarälvslox och -öring (Palm m.fl. 2012), använts för att skatta andelen ursprungliga gener i senare insamlade prov.

Genetisk status hos lax och öring i Gullspångsälven



Figur 5. Släktskapsträd ("dendrogram" baserade på parvis Chord distance, Neighbor-Joining metoden) för lax (överst; 8 markörer) och öring (underst; 9 markörer) från Vänerområdet. För öring ingår, utöver Gullspångsälven och Klarälven, även fyra stickprov från lokaler längre uppströms i Gullspångsälvens vattensystem (Skagersholmsån, Letälven, Brunnshtyttebäcken samt Trösälven).