



Genetiska undersökningar inom det nationella åtgärdsprogrammet för bevarande av mal (*Silurus glanis*)



LÄNSSTYRELSEN
Södermanlands län

Titel: Genetiska undersökningar inom det nationella åtgärdsprogrammet för bevarande av mal (Silurus glanis)

Utgiven av: Länsstyrelsen i Södermanlands Län

Utgivningsår: 2021

Kontaktperson: Alexander Gustavsson

Författare: Stefan Palm, SLU Aqua

Foto försättsblad: Henrik Ekman

Diariennr: 511-5465-2021

Rapportnr: 2021:16

ISSN-nr: 1400-0792

Rapporten finns på: www.lansstyrelsen.se/sodermanland/publikationer

Eller kan beställas hos
Länsstyrelsen i Södermanlands län
611 86 Nyköping
Tel: 010-223 40 00



LÄNSSTYRELSEN
Södermanlands län

Förord

Malen, en fiskart som en gång var vanligt förekommande i Sverige, har under det senaste århundrandet blivit allt mer sällsynt i landet. Malen är idag listad som sårbar av ArtDatabanken och finns endast i ett fåtal vattensystem i de sydöstra delarna av landet. Sedan 2017 finns ett nytt åtgärdsprogram för arten där Länsstyrelserna, tillsammans med andra aktörer, arbetar med artens bevarande. Länsstyrelsen i Södermanlands län är nationell koordinator för artens åtgärdsprogram.

Stefan Palm, SLU Aqua, har av Länsstyrelserna i Södermanlands och Skåne län fått i uppdrag att analysera den genetiska statusen hos Sveriges malpopulationer inom ramen för artens åtgärdsprogram. Under det provfiske som vartannat år sker inom miljöövervakningen av mal har vävnadsprover insamlats från olika delar av artens naturliga utbredningsområde i landet. De genetiska analyserna av dessa prover syftar till att ge oss en bättre bild av de olika populationernas släktskap. Att utreda släktskapet mellan de olika populationerna är viktigt för att kunna ta väl grundade beslut kring framtida åtgärder.

Alexander Gustavsson

Nationell koordinator, Åtgärdsprogram för bevarande av malen

Länsstyrelsen i Södermanlands län



*Åtgärdsprogram
för hotade arter*

Innehåll

Sammanfattning.....	3
Bakgrund	4
Syften och frågeställningar	6
Material och metoder	6
Genetiska analyser	6
Identiska genotyper och återfångster.....	7
Längdbaserade åldersskattningar	8
Resultat och Diskussion	10
Genetisk struktur inom Båven	10
Genetisk struktur inom Möckeln	13
Ursprung hos mal i övre Helge å (norra Skåne)	15
Nedre Helge å (Kristianstads vattenrike)	18
Effektiva populationsstorlekar och förlust av genetisk variation	20
Slutsatser och rekommendationer	24
Erkännanden	25
Referenser	26

Sammanfattning

I denna rapport presenteras resultat från genetiska undersökningar inom det svenska åtgärdsprogrammet för mal (*Silurus glanis*). Genotypdata (10 mikrosatelliter) från tidigare DNA-analyser har kompletterats med nyinsamlad genetisk information från bestånden i Båven, Möckeln och Helge å. Huvudsakliga frågeställningar har varit att (1) studera förekomst av genetisk populationsstruktur inom Båvens och Möckelns vattensystem, (2) utreda det genetiska ursprunget för den mal som sedan 2007 etablerat ett bestånd i övre Helge å (norra Skåne), (3) följa utvecklingen i det sedan ca 20 år etablerade genetiska blandbeståndet i nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) samt (4) studera beståndens effektiva populationsstorlekar och genetiska variationsgrad över tid. Den sistnämnda analysen bygger på jämförelser av genetiska estimat för individer födda under olika tidsperioder, enligt approximativa åldersbestämningar från längd- och tillväxtdata.

Resultaten visar att det föreligger små, men i flera fall statistiskt säkerställda, genetiska skillnader mellan individer från olika delområden inom Båven och Möckeln. Dessa skillnader återspeglar troligen ett övervägande stationärt beteende i kombination med slumpmässiga genetiska förändringar (så kallad drift) i samband med artens pågående spridning inom vattensystemen. Sannolikt kommer dagens lokala genetiska skillnader att minska, i takt med att genutbytet och antalet reproduktivt framgångsrika individer inom vattensystemen blir större. Bedömningen är således att samtliga malar inom Båvens respektive Möckelns vattensystem tillhör samma biologiska population (gen-pool). Framtida genetiska studier behövs dock för att bekräfta (eller motsäga) denna tolkning.

Det nyetablerade beståndet i övre Helge å, norra Skåne, härstammar genetiskt sett från Möckeln (högre upp i samma vattensystem). Det är oklart om kolonisationen skett naturligt och/eller via olovlig flytt av individer nedströms. I det blandbestånd som sedan ett par decennier finns etablerat i nedre Helge å (Kristianstad vattenrike) har andelen genetiskt material från Båven ökat – från 30-40 % bland individer födda kring millennieskiftet till 70-80 % under senare tid. Tack vare malens pågående spridning nedströms i Helge å finns dock möjlighet att andelen genetiskt material med ursprung från Möckeln (idag endast <5 %) kommer att kunna öka framöver.

I likhet med tidigare studier är de genetiskt effektiva populationsstorlekarna i de svenska malbestånden oroväckande låga ($N_E < 50$). Vissa tecken på svaga ökning kan ses, men dessa är statistiskt osäkra. Vid dessa låga effektiva storlekar förväntas populationer förlora genetisk variation och ackumulera inavel i en takt som inte anses långsiktigt hållbar. En analys av andelen heterozygota individer i malbestånden över tid (baserat på fiskar födda från 1980 till 2010-talet) visar också att variationsgraden sjunker, undantaget de två lokala delbestånden i Emån emellan vilka visst genflöde har konstaterats (vilket tenderar att motverka förlust av ärftlig variation).

Sammantaget är de svenska malbestånden fortsatt genetiskt sårbara. De få inhemska populationerna är tydligt genetiskt distinkta samtidigt som variationsgraden är låg i jämförelse med mal från andra delar av Europa. Trots indikationer på populationstillväxt är de genetiskt effektiva populationsstorlekar fortsatt oroväckande låga. Som konsekvens förloras genetisk variation i en takt som inte är långsiktigt hållbar. Fortsatt genetisk övervakning rekommenderas för att följa utvecklingen samt utvärdera om genetiska mål inom det nationella åtgärdsprogrammet kommer att uppfyllas. Parallellt behövs åtgärder i syfte att gynna arten så att fler köns mogna individer kan bidra till reproduktionen.

Bakgrund

Mal (*Silurus glanis*, L.) är Europas största sötvattenslevande fiskart. I extremfall kan individer uppnå en längd av 270 cm och väga 130 kg (Boulêtreau & Santoul 2016). Den maximala livslängden i naturen har angivits vara 80 år (Mihálik 1982). I Sverige har artens utbredning minskat påtagligt sedan 1800-talets mitt, bland annat beroende på att viktiga reproduktionsområden förlorats genom sjösänkningar och vattenkraftsutbyggnad (Vinterstare 2017 med referenser). Ursprungliga bestånd förekommer endast i sjöarna Båven (Södermanlands län) och Möckeln (Kronobergs län) med angränsande vatten, samt i Emåns nedre del (Kalmar län). Sedan några decennier finns även av människan etablerade bestånd i Försjön (Kalmar län) samt i nedersta delen av Helge å (Skåne län). I det sistnämnda fallet återintroducerades arten efter att tidigare varit utdöd, medan populationen i Försjön härstammar från utsättning av en handfull individer under tidigt 1980-tal. Emellanåt fångas även enstaka malar i andra svenska vatten (t.ex. Mälaren) som ett resultat av o tillåtna omflyttningar. Det händer också att mal som lämnat sötvattensmiljön fångas längs östersjökusten (Palm et al. 2019).



Unga malar från provfiske i övre Helge å, norra Skåne (foto: Mikael Svensson)

Till och med år 2005 klassificerades malen som *Akut hotad* (CR) på den svenska rödlistan. Tack vare tecken på positiv populationsutveckling har bedömd hotstatus på nationell nivå därefter stegvis sjunkit. Under 2010 ändrades artens status i Sverige till *Starkt hotad* (EN), 2015 till *Sårbar* (VU) och sedan 2020 är malen klassificerad som *Nära hotad* (NT) (SLU Artdatabanken 2020). Internationellt är arten klassad som *Livskraftig* (LC) (Freyhof & Kottelat 2008). I flera områden i västra och sydvästra Europa dit mal spridits av människan betecknas arten som invasiv (Cucherousset et al. 2018).

I det nationella åtgärdsprogram (nedan förkortat till ÅGP) som fastställdes 2017 av Havs- och vattenmyndigheten (Vinterstare 2017) anges mål för malens utveckling på kortare och längre sikt, tillsammans med en bilagd förteckning över åtgärder som ska genomföras under programmets giltighetstid (2017–2021). Därefter ska en utvärdering och/eller revidering av programmet genomföras. Delar av åtgärdsprogrammet berör bevarandegenetiska mål och åtgärder av relevans för artens fortlevnad. Som långsiktigt mål (senast 2030) anges bland annat att artens genetiska status ska ha "förbättrats så att beståndet kan överleva framtida miljöförändringar".

De genetiskt inriktade åtgärder som finns listade för programperioden 2017–2021 omfattar DNA-provtagning i samband med provfisken och genetiska analyser i syftet att inhämta ytterligare kunskaper om storlek och genetisk status för landets ursprungliga malpopulationer, inklusive den återintroducerade populationen i nedre Helge å. Detta föreslås genomföras genom molekylära

släktskapsanalyser för att bland annat identifiera eventuella subpopulationer inom ovannämnda vattensystem samt via skattningar av populationernas genetiskt effektiva storlekar. I programmet listas även DNA-baserad ursprungsidentifiering av ”udda förekomster och enstaka fynd av mal” (Vinterstare 2017). Under innevarande programperiod har Länsstyrelserna där ursprungliga eller återintroducerade malpopulationer förekommer (Södermanland, Kronoberg, Kalmar, Skåne) genomfört ett flertal föreslagna åtgärder, i egen regi eller via uppdrag till andra aktörer. Arbetet inom malens ÅGP har finansierats av Havs- och vattenmyndigheten (HaV).

Den första mer heltäckande karteringen av malens genetiska populationsstruktur, med material från olika delar av centrala och östra Europa, publicerades för snart 20 år sedan (Triantafyllidis et al. 2002). Strax därefter inleddes analyser med samma DNA-markörer (så kallade mikrosatelliter) vid Sötvattenslaboratoriet, Drottningholm, dåvarande Fiskeriverket (idag SLU Aqua). En rapport om DNA-baserade föräldraskapsbestämningar för malar från nedre Helgeå (Nathanson & Prestegård 2005) följdes av en första studie av genetisk populationsstruktur hos svensk mal (Palm et al. 2008). Utöver dessa inledande rapporter finns från senare år två examensarbeten (Jansson 2012, Hällholm 2016) samt en internationellt publicerad vetenskaplig artikel (Palm et al. 2019) baserade på utökade material analyserade med samma genetiska markörer. Nyligen publicerade dessutom forskare från Uppsala universitet, Göteborgs universitet och Linnéuniversitet den första studien av svensk mal baserad på så kallad helgenomsekvensering (Jensen et al. 2021). Trots att data från den sistnämnda studien omfattade en oerhört mycket större del av malens arvs massa än tidigare, stämde resultaten överlag väl överens med de från analyser baserade på ett begränsat antal mikrosatelliter.

Sammanfattningsvis har tidigare studier av svensk mal påvisat klara genetiska skillnader mellan individer från de ursprungliga förekomsterna i Båven, Möckeln och Emån. I Emåns nedre lopp förekommer dessutom två genetiskt åtskilda delpopulationer på olika avstånd från havet (Palm et al. 2008, Palm et al. 2019). Samma undersökningar har även bekräftat att den nyetablerade populationen i nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) utgör ett genetiskt blandbestånd baserat på individer från Båven, Möckeln och Emån som satts ut i området mellan 1999 och 2006, medan populationen i Försjön i östra Småland härstammar från malar flyttade under 1980-talet från Emåns nedersta delbestånd (Nathanson & Prestegård 2005, Jansson 2012, Palm et al. 2019). Emellanåt påträffas enstaka malar längs Östersjökusten och i sjöar där arten ansetts utdöd (t.ex. Mälaren) eller inte förekommit tidigare. Med ett enda undantag – en sannolik migrant från annan (hittills okänd) del av Östersjöområdet – har DNA-analyser av sådana ”udda” förekomster visat att dessa malar härstammar från antingen Båven eller Emån, vilket visar att olovliga omflyttningar och utsättningar har ägt rum (Palm et al. 2019).

Trots tydliga genetiska populationsskillnader bildar de svenska malarna en distinkt grupp i jämförelse med de populationer från övriga Europa som studerades av Triantafyllidis et al. (2002). Svensk mal uppvisar dessutom jämförelsevis låga nivåer av genetisk variation och oroväckande små effektiva populationsstorlekar ($N_e < 50$), vilka understiger rekommenderade miniminivåer för bevarande över kortare tidsintervall (Palm et al. 2019). Även vid helgenomsekvensering observerades påfallande låga nivåer av genetisk variation hos de individer från Båven, Emån och Möckeln som analyserades (Jensen et al. 2021).

Syften och frågeställningar

I denna rapport presenteras resultat från genetiska analyser genomförda vid Sötvattenslaboratoriet, Drottningholm, som en del av det nationella ÅGP-arbetet. En preliminär resultatgenomgång presenterades vid det "nationella malmöte" som hölls digitalt i oktober 2020, med representanter för berörda Länsstyrelser, Havs- och vattenmyndigheten, universitet, Sportfiskarna och Kristianstads vattenrike.

Baserat på samma markörsystem som i tidigare studier (t.ex. Palm et al. 2019) har nyinsamlade vävnadsprover från Båven, Möckeln och Helge å analyserats tillsammans med äldre data.

Huvudsakliga frågeställningar och syften har varit att:

- Studera förekomst av eventuell genetisk populationsstruktur inom Båven och Möckeln med angränsande vatten baserat på nya/utökade material;
- Utredda ursprung för den mal som sedan 2007, i ökande omfattning, påträffats i Helge å, nedströms Möckeln i norra Skåne, nära länsgränsen mot Kronoberg;
- Följa utvecklingen i det sedan ca 20 år etablerade genetiska blandbeståndet i nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) med avseende på antal föräldrafiskar och avkomma med genetiskt ursprung från Emån, Båven respektive Möckeln;
- Följa de svenska malbeståndens genetiska variationsgrad och effektiva populationsstorlekar över tid (så kallad "genetisk övervakning"; Johannesson & Laikre 2020).

Rapporten avslutas med ett avsnitt som innehåller slutsatser och rekommendationer inför framtida åtgärder och fortsatta undersökningar. Notera att delar av resultaten gällande övre Helge å (norra Skåne) har redovisats tidigare i form av ett separat PM (Palm 2019).

Material och metoder

Det nyanalyserade materialet härstammar från provfisken i Båven, Möckeln och Helge å under perioden 2012–2019. Vävnadsprov (en liten fenbit bevarad i 95 % etanol) har tagits i samband med mätning och märkning. Totalt omfattar materialet 371 individer med tillfredställande DNA-kvalitet (tabell 1), varav ett mindre antal (22 st.) med identiska genotyper dock identifierats som sannolika återfångster (se kriterier nedan) och utesluts från vidare analys. Ovannämnda individer har kombinerats med data för ytterligare 1 236 malar från samma vatten (samt Emån och Försjön) från tidigare studier (Palm et al. 2019). Totalt omfattar det kombinerade materialet 1 607 individer, varav 1 444 återstod efter att förmodade/möjliga återfångster utesluts (tabell 1).

Genetiska analyser

Genotypbestämning har genomförts med avseende på samma tio nukleära nedärvda DNA-markörer, s.k. mikrosatelliter, och laborativa metoder (DNA-extraktion, PCR, fragmentanalys) som vid tidigare studier av svensk mal (se Palm et al. (2019) för detaljer). Den enda skillnaden är att tidigare apparatur för DNA-fragmentanalys (ABI Prism 310 Genetic Analyzer) ersatts med en modernare variant (ABI 3500 Genetic Analyzer). För att säkerställa att nya och gamla data (fragmentlängder) tolkats identiskt genomfördes inledningsvis ett antal jämförelser mellan gamla och nya genotyper för samma individer.

Statistiska analyser av genotypdata har genomförts med programmen FSTAT (Goudet 2001), GENETIX (Belkhir et al. 2001), STRUCTURE (Pritchard et al. 2000, Hubisz et al. 2009) samt POPTREE2 (Takezaki et al. 2010). För skattning av genetiskt effektivt antal föräldrar till analyserade avkommor födda olika år (kohorter; se nedan) användes COLONY 2.0 (Wang 2009, Jones & Wang 2010).

Identiska genotyper och återfångster

För en långlivad art som mal, där vävnadsprov för genetisk analys tas från individer som återutsätts levande, finns möjlighet att samma individ provtas och analyseras flera gånger under sin livstid. Detta gäller särskilt om antalet individer i populationen är begränsat. Vid populationsgenetiska analyser kan en hög andel återfångster i materialet leda till oönskade konsekvenser som fel vid beräkningar av parametrar, samt att utfall för vissa statistiska test förefaller mer säkra än de egentligen är. Samtidigt innebär inte identiska "DNA-profiler" (samma genotyp sett över samtliga analyserade markörer) att det alltid måste röra sig om samma individ. Om de provtagna individerna är nära släkt (till exempel helsyskon) och/eller populationen uppvisar en låg genetisk variationsgrad, kan två individer av slumpen råka bära på samma genotyp för de markörer som studeras. Ju färre DNA-markörer (mindre del av arvsmassan) som studeras, desto mer sannolikt är detta alternativ och *vice versa* (se till exempel Waits et al. 2001).

I det totala materialet (nya och gamla data sammantaget) påträffades ett flertal "kluster" bestående av två eller flera individer med inbördes identisk genotyp för de 10 analyserade mikrosatelliterna. I några fall handlade detta uppenbart om olika individer, trots identisk genotyp (till exempel fiskar från olika vattensystem). I de allra flesta fall krävdes dock en mer detaljerad analys. Följande regelsystem har tillämpats för identifiering och uteslutning av potentiella återfångster inom kluster av identiska genotyper:

- Återfångster måste vara från lokaler emellan vilka vandring är möjlig;
- Återfångster får inte vara PIT-märkta med olika nummer;
- Återfångster från samma år får endast uppvisa ± 3 cm skillnad i uppmätt kroppslängd;
- Återfångster från olika år får inte uppvisa negativ längdtillväxt;
- Tillväxten mellan efterföljande år får maximalt vara +10 cm (+20 cm i nedre Helge å);
- Differensen för längdbaserade skattningar av födelseår (se nedan) får inte överstiga 4 år.

Det ska betonas att identifieringar av återfångster enligt ovan endast är approximativa. Högst sannolikt har vissa sanna återfångster (av samma individ) i vissa fall inte uteslutits. Samtidigt kan det förekomma fall av falska återfångster (olika individer med identisk genotyp) som uteslutits felaktigt. Exempelvis finns flera observationer från övre Helge å (norra Skåne) där PIT-märkta individer ökat med mer än 3 cm i längd under samma tillväxtsäsong (Mikael Svensson, SLU ArtDatabanken, personlig kommentar). Samtidigt bör nämnas att merparten av de potentiella återfångsterna inom samma säsong har skett inom relativt korta tidsintervall (dagar/veckor när provfiske utförts), och då endast en andel av den årliga längdtillväxten rimligen ägt rum.

Trots ovanstående osäkerheter är effekterna av dessa sannolikt begränsade på de resultat som presenteras nedan. Exempelvis fann Palm et al. (2019) endast mycket små skillnader vid jämförelser av skattningar för olika genetiska parametrar beräknade med och utan förmodade återfångster.

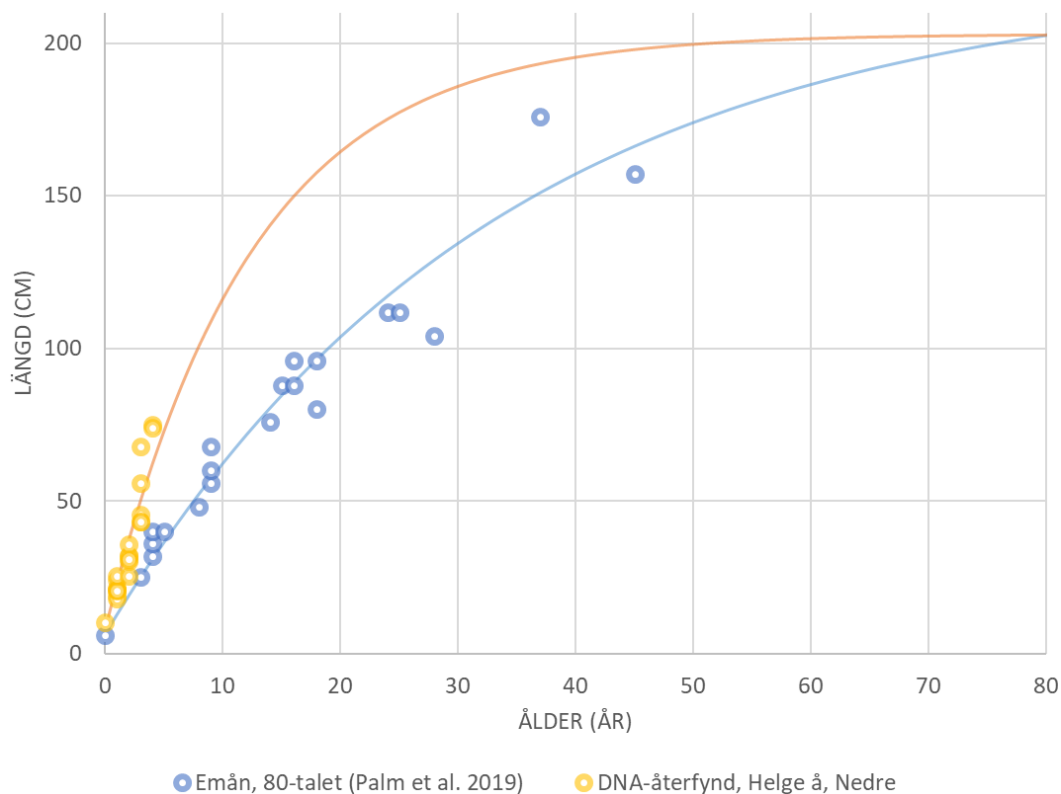
Längdbaserade åldersskattningar

För att följa en populations genetiska status (till exempel dess variationsgrad och/eller effektiva populationsstorlek) över tid kan man antingen utgå från individer grupperade till fångstår eller födelseår (kohorter). För en långlivad art som mal är det senare alternativet att föredra, då en liten (ung) individ fångad ett visst år kan vara född senare än en större (äldre) individ fångad flera år senare. För klassificering till födelseår behövs åldersbestämningar, vilket för mal kan ske via läsning av åldersringar hos kotor, fenstrålar eller otoliter (Alp et al. 2011). Detta kräver dock avlivad fisk vilket i regel inte är möjligt då malen är fredad i Sverige sedan 1994.

En annan, betydligt mer osäker metod, är att utgå från fiskens storlek och tillväxtkurvor från tidigare studier. Endast små/unga malar (säg, <25 cm) kan med relativ säkerhet åldersbestämmas utifrån sin kroppslängd. Även osäkra åldersskattningar har dock ett värde, och en tillväxtfunktion för att skatta åldern har därför använts även för längre/äldre individer (figur 1). Funktionen är baserad på ett tidigare åldersbestämt material från Emån (Nathanson 1986) där tillväxten förmodas vara relativt lik den i Båven och Möckeln (Palm et al. 2019). Däremot visar DNA-identifierade återfångster från nedre Helge å på en klart högre tillväxt i detta område (Jansson 2012); därför har en separat tillväxtfunktion använts för åldersbedömning av mal från detta område (figur 1).

Tabell 1. Antal DNA-analyserade malar per år och totalt. Översta raden (1982–2012) utgör individer/data från tidigare studier. Siffrorna inom parentes utgör antal innan reduktion av identiska genotyper som kan utgöra samma individ provtagen mer än en gång (se texten). Notera att inga nya individer från Emån och Försjön i Kalmar län har DNA-analyserats inom ÅGP, samt att en individ från övre Helge å (död individ från Broby, provtagen 2012) har tillkommit jämfört med tidigare separat analys för detta område (Palm 2019).

Insamlingsår	Båven	Möckeln	Helge å, nedre	Helge å, övre	Emån	Försjön	Summa
1982–2012	95 (98)	270 (329)	145 (166)		492 (521)	93 (122)	1095 (1236)
2012				1 (1)			
2013	23 (23)		2 (3)	3 (3)			
2014	14 (14)		3 (3)	13 (13)			
2015	18 (21)		7 (8)				
2016		32 (34)	3 (3)	10 (10)			
2017	12 (12)	5 (7)	3 (3)				
2018	24 (25)	33 (36)					
2019	69 (69)	42 (49)	20 (20)	12 (14)			
Summa (ÅGP)	160 (164)	112 (126)	38 (40)	39 (41)			349 (371)
Summa (totalt)	255 (262)	382 (455)	183 (206)	39 (41)	492 (521)	93 (122)	1444 (1607)



Figur 1. Tillväxtfunktioner av Von Bertalanffy-typ som använts för längdbaserade åldersbedömningar. Den blå kurvan är baserad på äldre åldersbestämningar av död mal från Emån (Nathanson 1986), medan den gula är baserad på återfångster av DNA-identifierad mal (återutsatt levande) från nedre Helge å, där tillväxten är klart högre än i Emån under 1980-talet (Jansson 2012).

Resultat och Diskussion

Redovisningen inleds med separata analyser av utökade/nya material från Båven, Möckeln och de båda områdena med mal i nedre och övre Helge å (norra Skåne). Därefter behandlas övergripande genetisk struktur samt skattningar av genetiskt effektiva populationsstorlekar och genetisk variationsgrad över tid inom de ursprungliga och nyligen etablerade populationerna (inklusive Emån och Försjön).

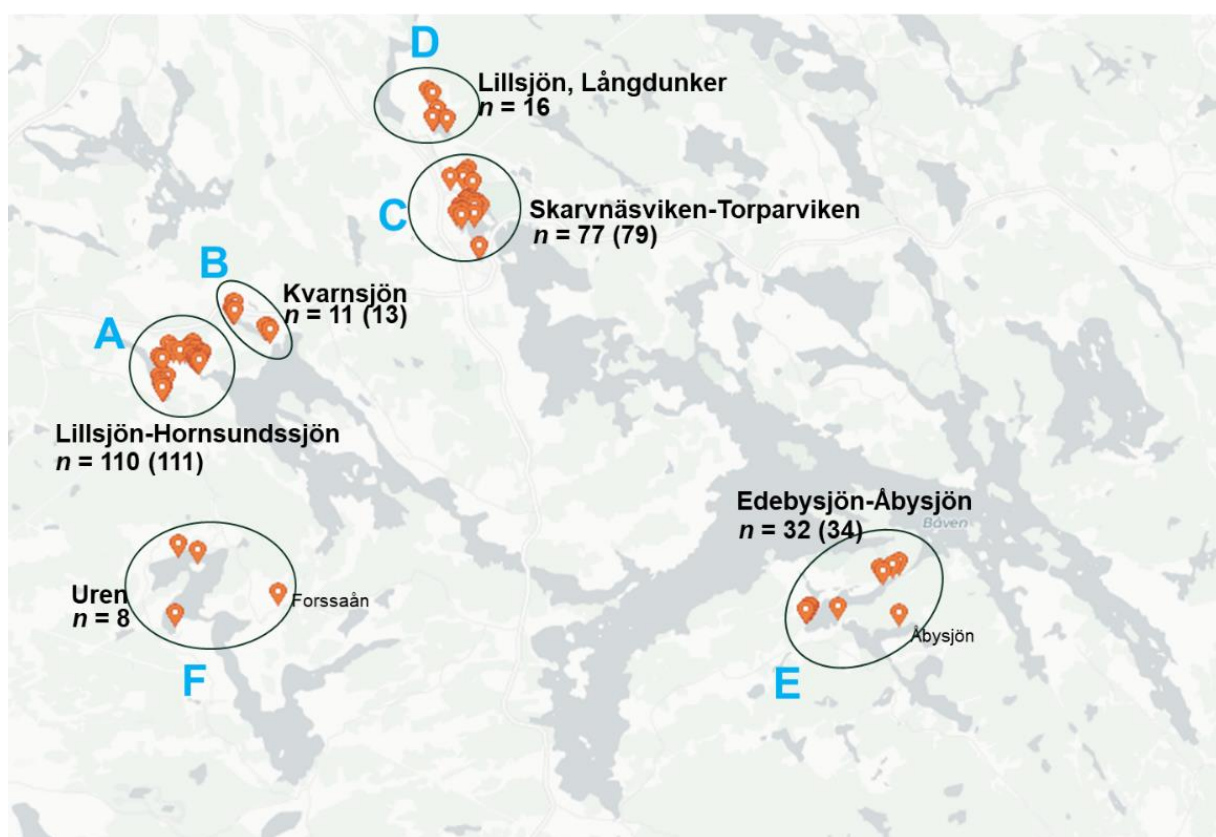
Genetisk struktur inom Båven

De material som ingått i tidigare genetiska analyser av mal från Båven har inte medgett några detaljerade jämförelser mellan delområden inom vattensystemet (Palm et al. 2008, Palm et al. 2019). Vid parvisa genetiska jämförelser av individer från de sex delområdena A–F (figur 2) i det utökade materialet påvisades i de flesta fall endast mindre genetiska skillnader ($F_{ST} \approx 0,01 - 0,02$), varav några var statistiskt signifikanta (figur 3). Provet från Edebysjön-Åbysjön (E) avvek dock mer tydligt från övriga områden ($F_{ST} \approx 0,03 - 0,06$; figur 3). Samma delområde (E) uppvisade lägst grad av genetisk variation, medan individerna från Kvarnsjön (B) uppvisade högst variationsgrad (figur 4).

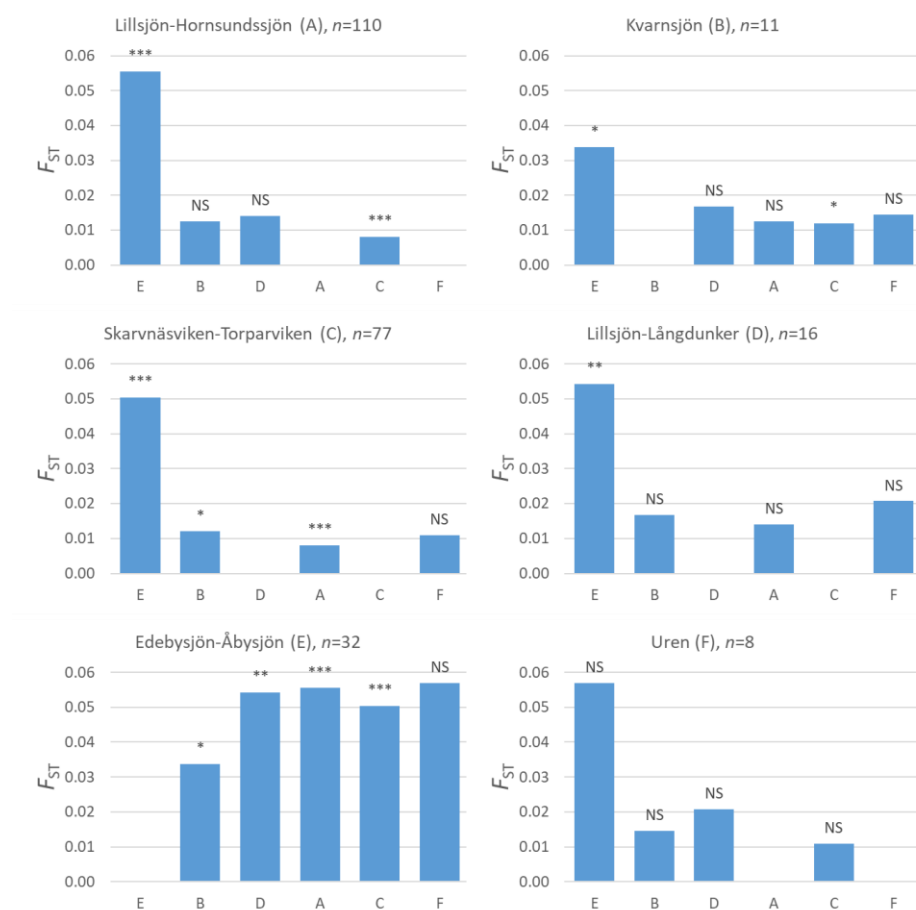
De relativt små, men i flera fall statistiskt signifikanta, genetiska skillnaderna mellan individer från olika delar av Båven tyder på att individerna i hög grad är stationära, ett beteende som bland annat observerats hos mal i Spanien (Carol et al. 2007). Även pågående märkningsstudier av mal i Båven tyder

på att malen uppehåller sig i samma del av sjön under längre tidperioder; till och med 2020 hade ingen återfångad individ bytt delområde, även om kortare förflyttningar inom respektive område förekommit. Sommaren 2021 hade dock två större hanar (>170 cm) märkta 2018-2019 förflyttat sig från delområde A till delområde C (Figur 2), en vandring på minst 30 km (Rickard Gustafsson, Sportfiskarna, personlig kommentar).

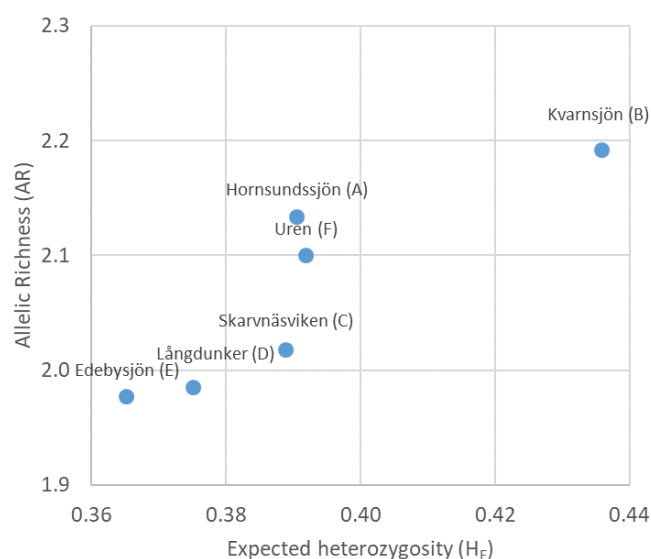
En möjlig tolkning av den något högre variationsgraden bland individerna från Kvarnsjön (delområde B) är att detta utgör ett "genetiskt kärnområde" med fler revir och framgångsrika lekfishar, där det under längre tid funnits fler köns mogna individer än i andra delar av Båven. Dock saknas längre tidsserier med provfiskedata från Kvarnsjön som kan ge stöd för en sådan tolkning (Rickard Gustafsson, personlig kommentar). Den något avvikande genetiska sammansättningen hos mal från Edebysjön-Åbysjön återspeglar troligen genetisk drift i samband med att denna del av sjön koloniserats av ett begränsat antal individer. Dessa genetiska skillnader bedöms således vara tillfälliga; ytterligare migration till området förväntas resultera i minskade skillnader och lokalt ökad variationsgrad.



Figur 2. Båven med angränsande vatten: orange-röda symboler anger provfiskelokaler, med inringade lokala delområden som analyserats separat (A–F). Siffror inom parentes anger antal individer per delområde innan reduktion av förmodade återfångster med identiska genotyper (se texten).



Figur 3. Parvisa jämförelser av allelfrekvenser (kvantifierade som F_{ST}) mellan mal från sex delområden inom Båvens vattensystem (A–F; figur 2). Asterisker anger grad av statistisk signifikans (efter Bonferroni-korrektion för multipla tester, $k=15$): * $p<0,05$; ** $p<0,01$; *** $p<0,001$; NS = ej signifikant ($p>0,05$). Notera skillnaderna i stickprovsstorlekar vilken innebär att den statistiska styrkan för olika signifikanstester förväntas variera.

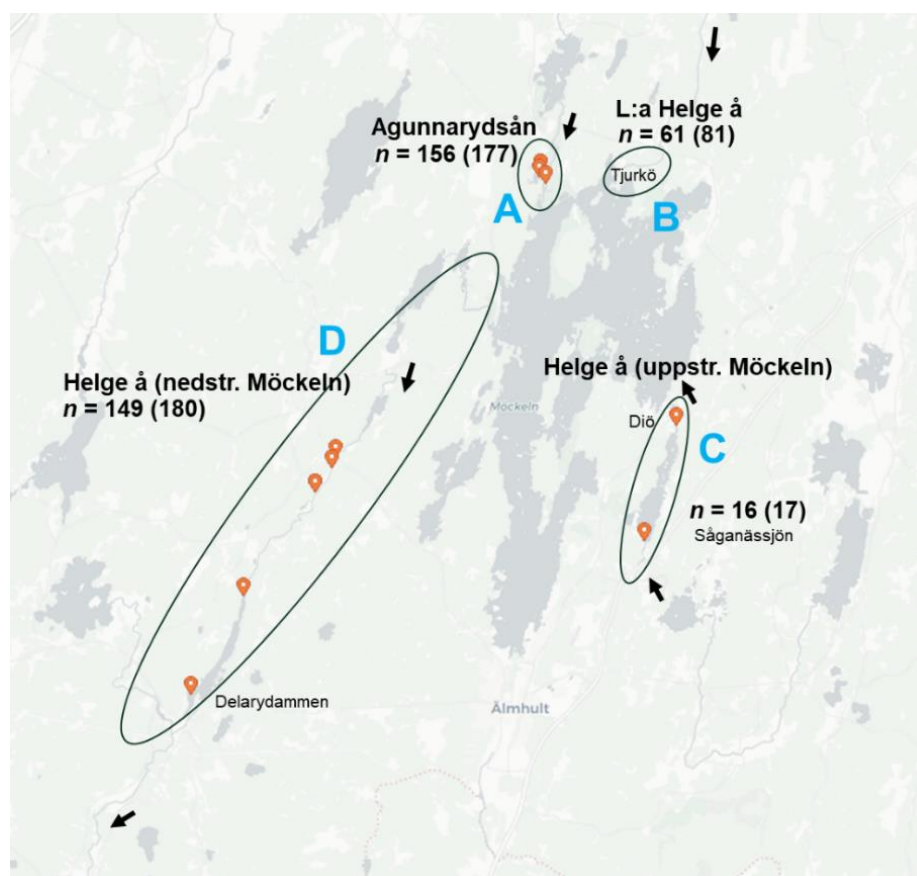


Figur 4. Genetisk variation (förväntad heterozygositet, H_E , samt "allelrikedom" = antal anlagsvarianter med hänsyn till materialstorlek, AR) för mal från delområden A–F i Båven (figur 2).

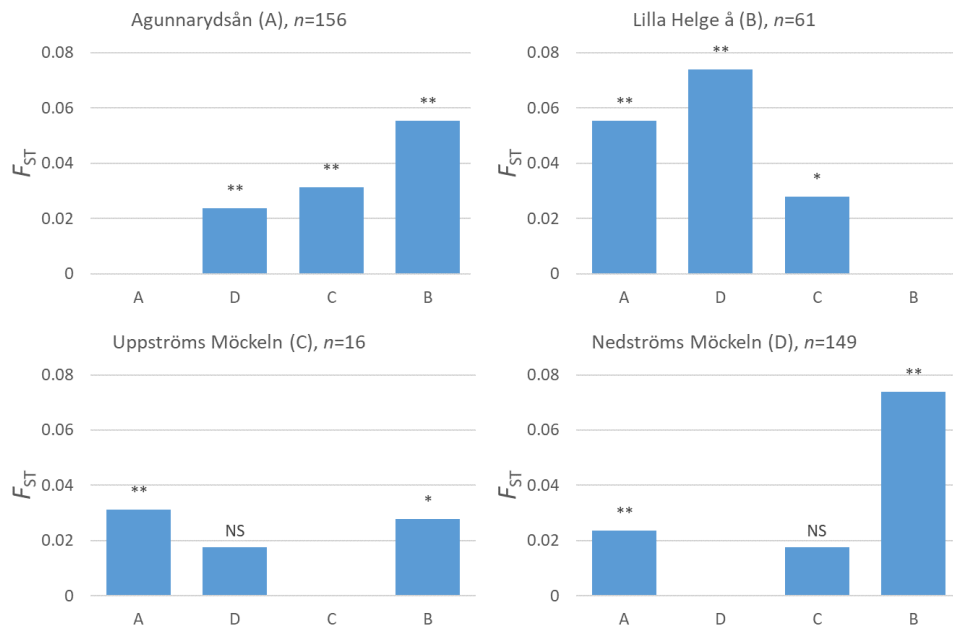
Genetisk struktur inom Möckeln

Tidigare analyser har indikerat förekomst av små men statistiskt signifikanta genetiska skillnader mellan individer från olika delar av Möckeln (Palm et al. 2008, Jensen et al. 2021). Vid analys av det utökade materialet i denna studie visade också en majoritet av parvisa genetiska jämförelser mellan individer från delområdena A–D i Möckeln (figur 5) på signifikanta skillnader av begränsad storlek ($F_{ST} \approx 0,01 - 0,03$), undantaget tillflödet Lilla Helge å (B) där divergensen mot övriga områden var något större ($F_{ST} \approx 0,03 - 0,07$; figur 6). Lägst heterozygositet och antal anlagsvarianter observerades bland individer från Helge å uppströms Möckeln (C), dit 53 individer (20–50 cm) flyttades upp förbi ett vandringshinder under 2008 (Lessmark 2015), medan malen i tillrinnande Agunnarydsån uppvisade högst genetisk variationsgrad (figur 7).

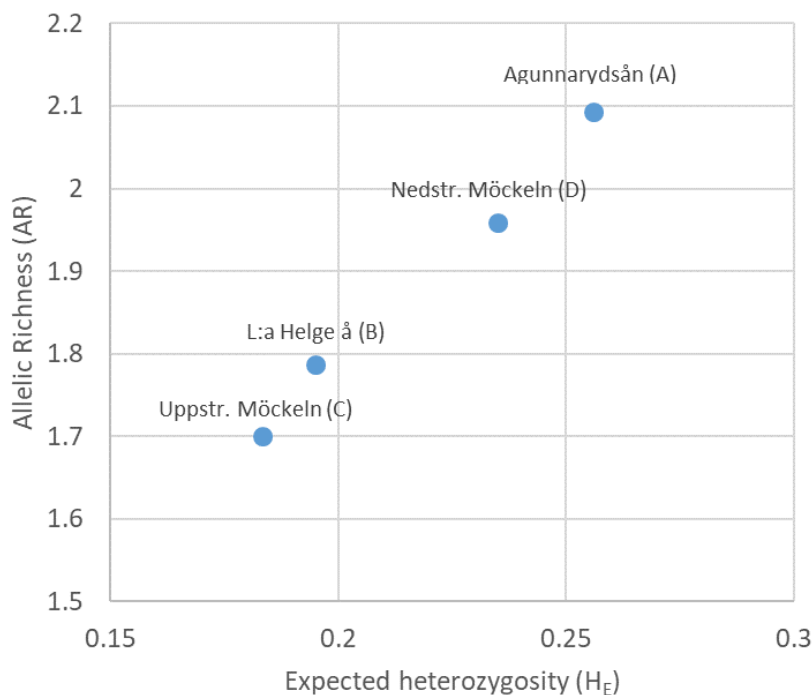
Sannolikt återspeglar dessa relativt små genetiska skillnader mellan mal från Möckelns till- och avrinningar ett relativt stationärt beteende kopplat till slumpmässiga händelser (genetisk drift) i samband med artens spridning i vattensystemet (på naturlig väg och via människan). Den något högre genetiska variationsgraden i Agunnarydsån stämmer väl överens med observationer av att malen tidigare, under 1980-talet, var koncentrerad främst till detta område, medan dess spridning nedströms i Helge å har inletts senare (Palm et al. 2008). Likt för Båven kan dessa små genetiska skillnader som påvisats mellan delområdena i Möckeln tänkas minska framöver, i takt med att antalet individer och migrationen inom delar av vattensystemet ökar.



Figur 5. Möckeln med angränsande vatten: orange-röda symboler anger provfiskelokaler, med inringade lokala delområden som analyserats separat (A-F). Små svarta pilar anger flödesriktning. Siffror inom parentes anger antal individer per delområde innan reduktion av förmodade återfångster med identiska genotyper (se texten). Notera att koordinater saknas för äldre prov inom delområde B.



Figur 6. Parvisa jämförelser av allelfrekvenser (kvantifierade som F_{ST}) mellan mal från fyra delområden inom Möckelns vattensystem (A–D; figur 3). Asterisker anger grad av statistisk signifikans (efter Bonferroni-korrektion för multipla tester, $k=6$): * $p<0,05$; ** $p<0,01$; *** $p<0,001$; NS = ej signifikant ($p>0,05$). Notera skillnaderna i stickprovsstorlekar vilken innebär att den statistiska styrkan för olika signifikanstester förväntas variera.



Figur 7. Genetisk variation (förväntad heterozygositet, H_E , samt "allelrikedom" = antal anlagsvarianter med hänsyn till materialstorlek, AR) för mal från fyra delområden i Möckeln (A–D, figur 2).

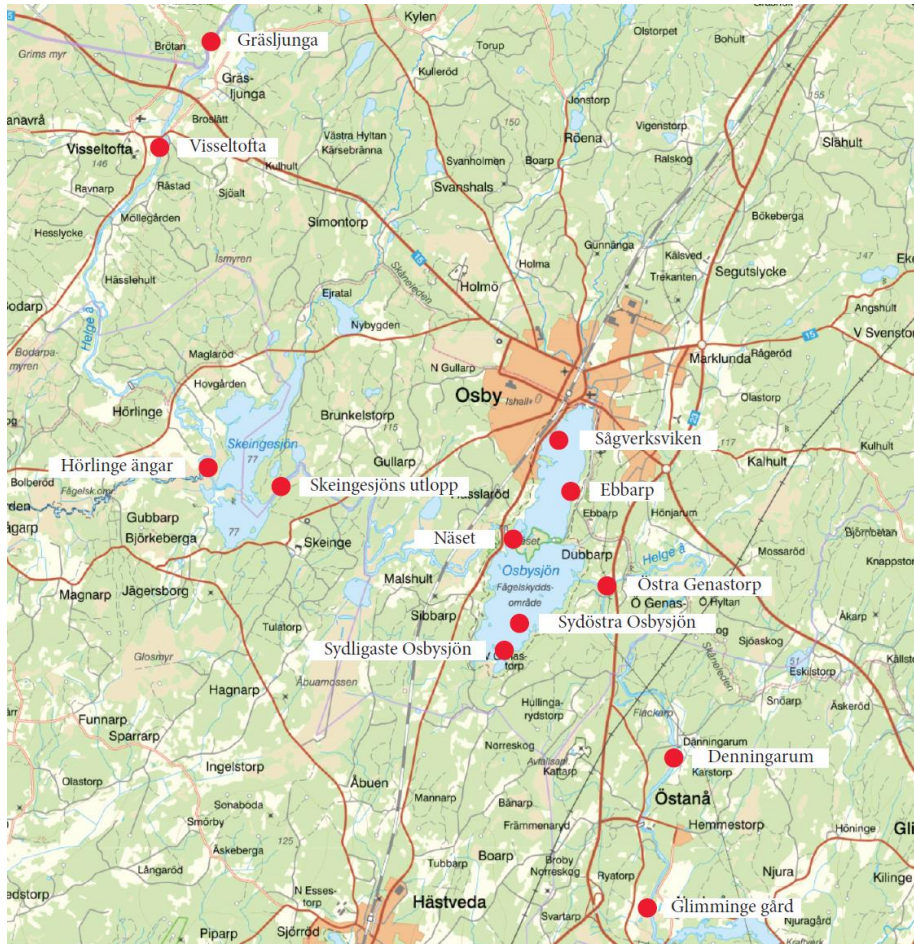
Ursprung hos mal i övre Helge å (norra Skåne)

En mer detaljerad analys av genetiskt ursprung för mal i de övre delarna av Helge å (norra Skåne) har tidigare presenterats av Palm (2019). Från denna del av Helge å är förekomst av mal känd sedan 1700-talet, men efter 1960-talet var arten troligen försvunnen (Nathanson 1987). Sedan ca 15 år förekommer mal åter i området kring Osby (figur 8), härfter benämnt "övre Helge å".



Unga malar från provfiske i övre Helge å, norra Skåne (foto: Mikael Svensson)

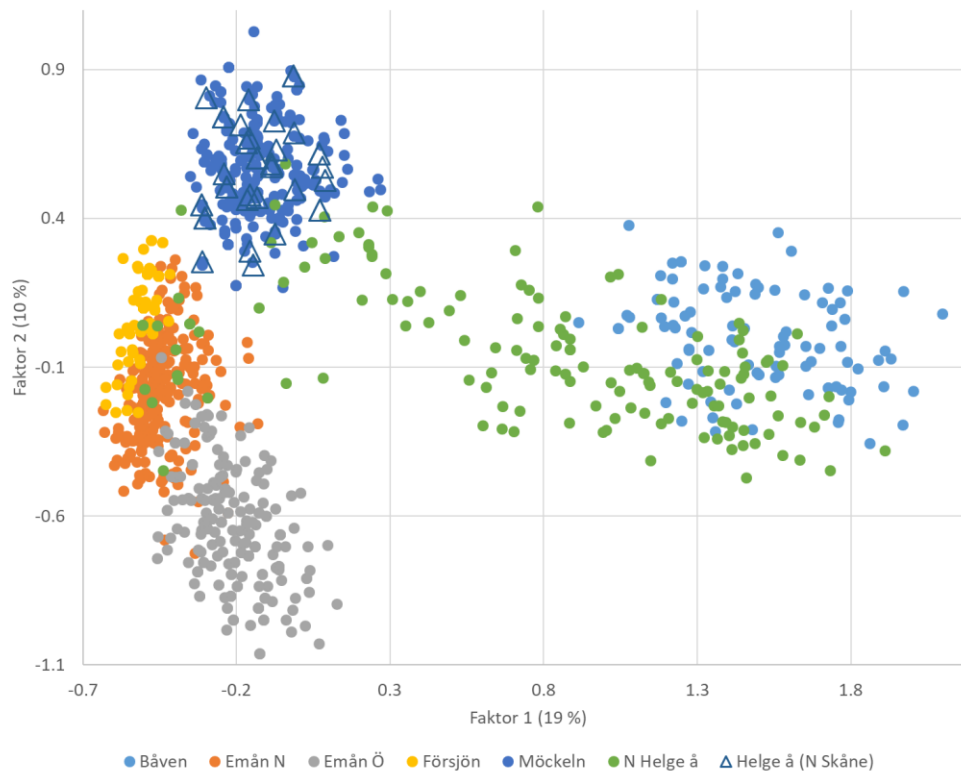
Samtliga statistiska analyser av genetiska data visar att de individer som idag förekommer har sitt ursprung från Möckeln längre uppströms i samma avrinningsområde. Detta framgår bland annat av en s.k. faktoriell korrespondensanalys vilken omfattar all hittills analyserad svensk mal, och där individer från övre Helge å helt överlappar med dem från Möckeln högre upp i samma vattensystem (figur 9). En påfallande genetisk likhet mellan malar från dessa båda områden syns även i ett motsvarande dendrogram där delområdena i Båven och Möckeln hanterats som separata stickprov (figur 10). Av ytterligare analyser och resultat som redovisas av Palm (2019) framgår vidare att malen i övre Helge å uppvisar en något lägre grad av genetisk variation än i Möckeln, vilket kan förklaras av att antalet individer som grundat beståndet varit begränsat (en så kallad founder-effekt). Det bedöms dock svårt att via DNA utröna om kolonisationen från Möckeln skett på naturlig väg och/eller om malar från Möckeln olovligen flyttats nedströms i Helge å.



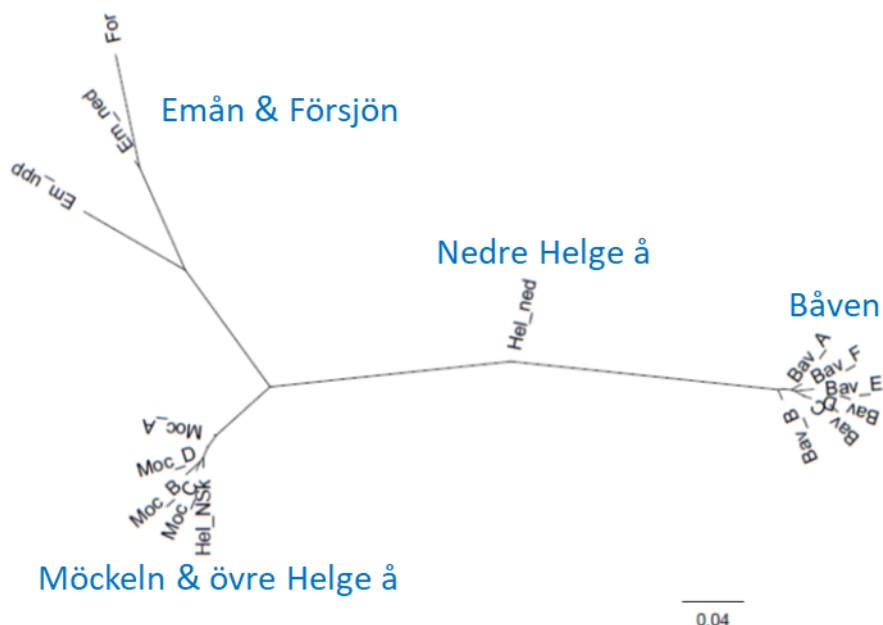
Figur 8. Provfiskelokaler i övre Helge å (röda symboler) i området kring Osby, norra Skåne. Denna del av Helge å ligger nedströms Möckeln där mal finns naturligt, och uppströms nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) där arten har återintroducerats. Karta från Palm (2019).



Typiskt malhabitat i övre Helge å, norra Skåne (foto: Mikael Svensson)



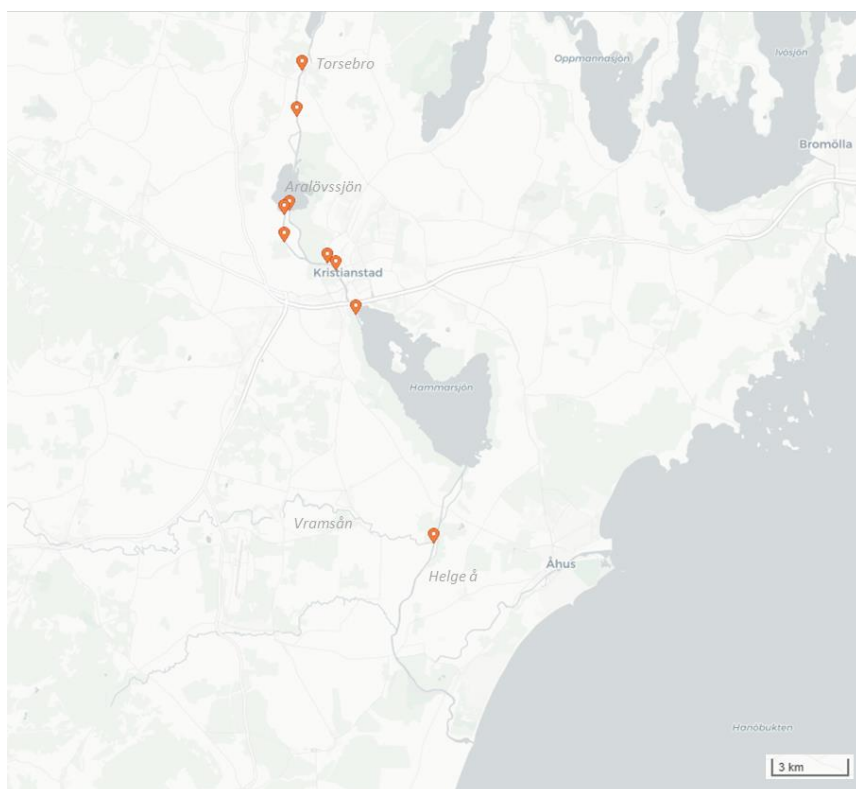
Figur 9. Faktoriell korrespondensanalys (programmet GENETIX). Varje symbol representerar en individuell mal (genotyp). Notera särskilt överlappet mellan individer från Möckeln och övre Helge å (N:a Skåne). Figur kopierad från Palm (2019).



Figur 10. Neighbor-joining dendrogram ("släktskapsträd") baserat på parvisa genetiska avstånd (Nei's DA) mellan stickprov från svenska malbestånd: delområden inom Båven (Bav, A–F; figur 2), delområden inom Möckeln (Moc, A–D, figur 9), övre Helge å, norra Skåne (Hel_NSk), nedre Helge å (Hel_ned), nedre och övre delbeståndet i Emån (Em_ned & Em_upp) samt Försjön (For).

Nedre Helge å (Kristianstads vattenrike)

Populationen i nedre Helge å nära åns utlopp i havet (figur 11) utgör en genetisk blandning till följd av utsättningar under perioden 1999–2006 med individer från Båven, Emån och Möckeln i syfte att återetablera arten. Den ursprungliga populationen dog ut under 1960-talet, sannolikt beroende på akut syrebrist efter omfattande utsläpp av cellulosafiber (Svensson et al. 2013). Tidigare genetiska analyser av individer fångade mellan 2001 och 2011 har visat att avkomma med föräldrar från Emån och Båven dominerat, medan andelen gener från Möckeln varit låg. Samtidigt tycks antalet föräldrafiskar ha varit högst begränsat i populationen (Jansson 2012, Palm et al. 2019).

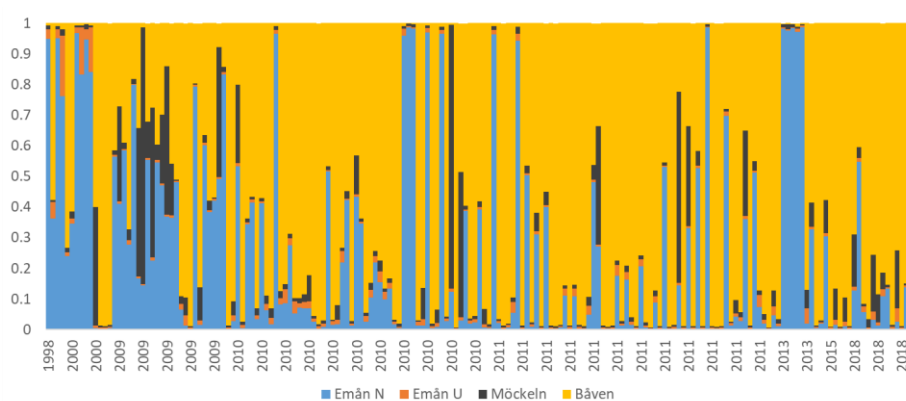


Figur 11. Provfiskelokaler i nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) där vävnadsprov av mal för genetisk analys samlats in. Första hindret för uppströms vandring finns vid Torsebro (kraftverksdamm försedd med laxtrappa vilken mal sannolikt har svårt att passera uppströms). Notera att mal analyserats från ytterligare lokaler i samma del av Helge å (dessa saknar dock koordinatuppgifter).

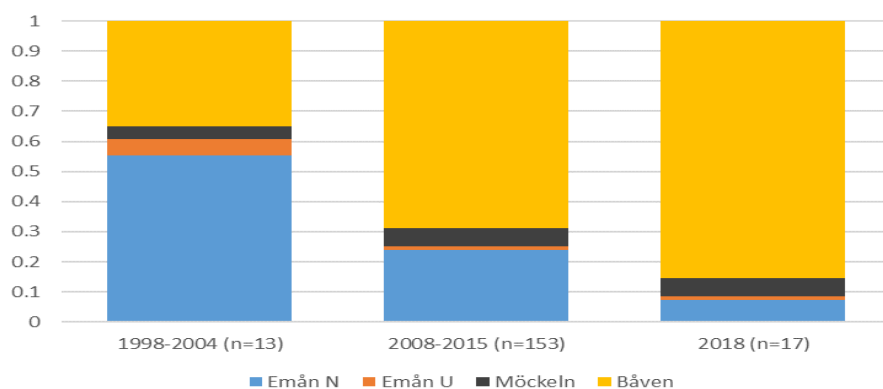
Figur 12 visar skattad andel genetiskt material med härstamning från Båven, Emån respektive Möckeln hos totalt 183 individer fångade i nedre Helge å, där tidigare data (malar fångade 2001–2012) har kombinerats med det utökade ÅGP-materialet insamlat 2013–2019 (tabell 1). Sortering på uppskattat födelseår visar att gener från Emån dominerade initialt och att det genetiska bidraget från Båven därefter ökat successivt för att under senare år dominera (ca 70–80 %). Samtidigt förekommer enstaka individer födda sent som helt bär på gener från Emån (figur 12). Den höga andelen ”Båven-gener” stämmer väl överens med resultatet av den nyligen genomförda helgenomsekvenseringen där andelen genetiskt material från Båven skattades till 72 % bland sex analyserade individer från nedre Helge å (Jensen et al. 2021).

Den låga andelen gener från Möckeln (ca 5 %) är inte förvånande då endast en mindre andel av individerna som satts ut i nedre Helge haft denna härstamning (ca 12 % av de utsatta malarna t.o.m. 2011; Jansson 2012). Under kommande år kommer dock sannolikt individer med genetiskt ursprung från Möckeln i ökande omfattning vandra nedströms förbi de sammanlagt åtta kraftverksdammar som åtskiljer Helge å:s nedersta del från de nyligen koloniserade områdena längre uppströms (se ovan). Vid provfiske hösten 2021 fångades två malar (359 och 686 mm) mellan de två nedersta kraftverken vid Knislinge och Torsebro. Detta område kan i teorin nås av mal från nedre Helgeå via en laxtrappa vid dammen i Torsebro, men då trappan är i dåligt skick förefaller detta mindre sannolikt (Mikael Svensson, pers. komm.). Eftersom klara genetiska skillnader föreligger mellan malen i Helge å:s olika delar (t.ex. figur 9 och 10) bedöms goda möjligheter finnas att under kommande år följa en eventuellt ökande genspridning nedströms via genetiska data för nya årsklasser från nedre Helge å.

(a)



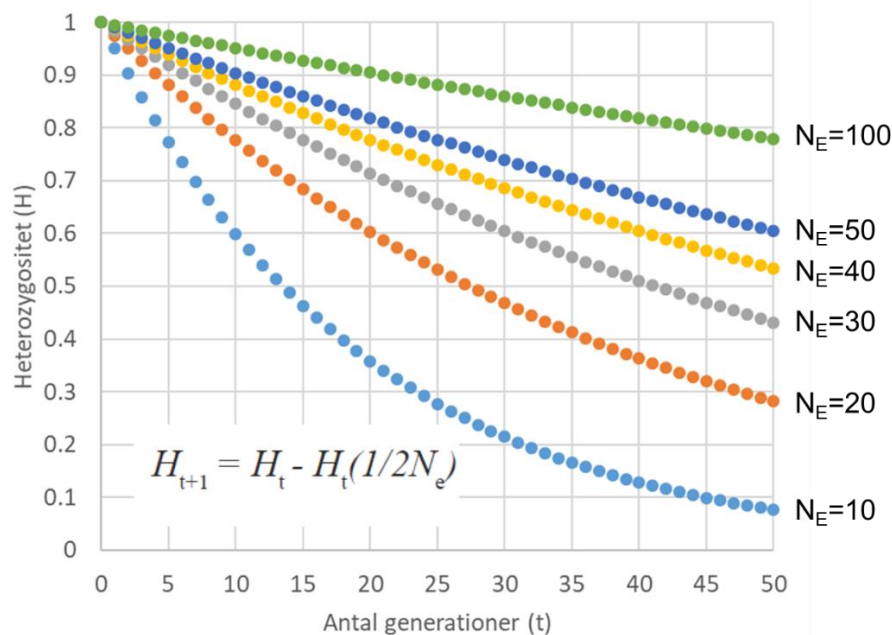
(b)



Figur 12. Andel genetiskt material hos mal från nedre Helge med ursprung från Båven, nedre och övre Emån samt Möckeln (skattningar med programmet STRUCTURE). (a) Varje vertikal stapel motsvarar en individ, sorterade med avseende på skattat födelseår (enligt storleksbaserade åldersbedömningar). (b) samma data som i delfigur (a) men i form av medelvärden för individer från kohorterna 1998–2004, 2008–2015, respektive 2018.

Effektiva populationsstorlekar och förlust av genetisk variation

Den genetiskt effektiva populationsstorleken (N_E) i en reproduktivt isolerad population avgör med vilken takt inavlen ökar och genetisk variation förloras; ju lägre N_E desto snabbare inavelsökning samt förlust av ärftlig variation och *vice versa* (se till exempel figur 13). En begränsad effektiv populationsstorlek förväntas även leda till att det naturliga urvalet som leder till genetisk anpassning blir mindre effektivt. Av flera skäl utgör N_E därför en nyckelparameter vid bevarande av ärftlig variation av betydelse för arters och lokala populationers fortlevnad på såväl kortare som längre sikt (Allendorf et al. 2013, Ryman et al. 2019).

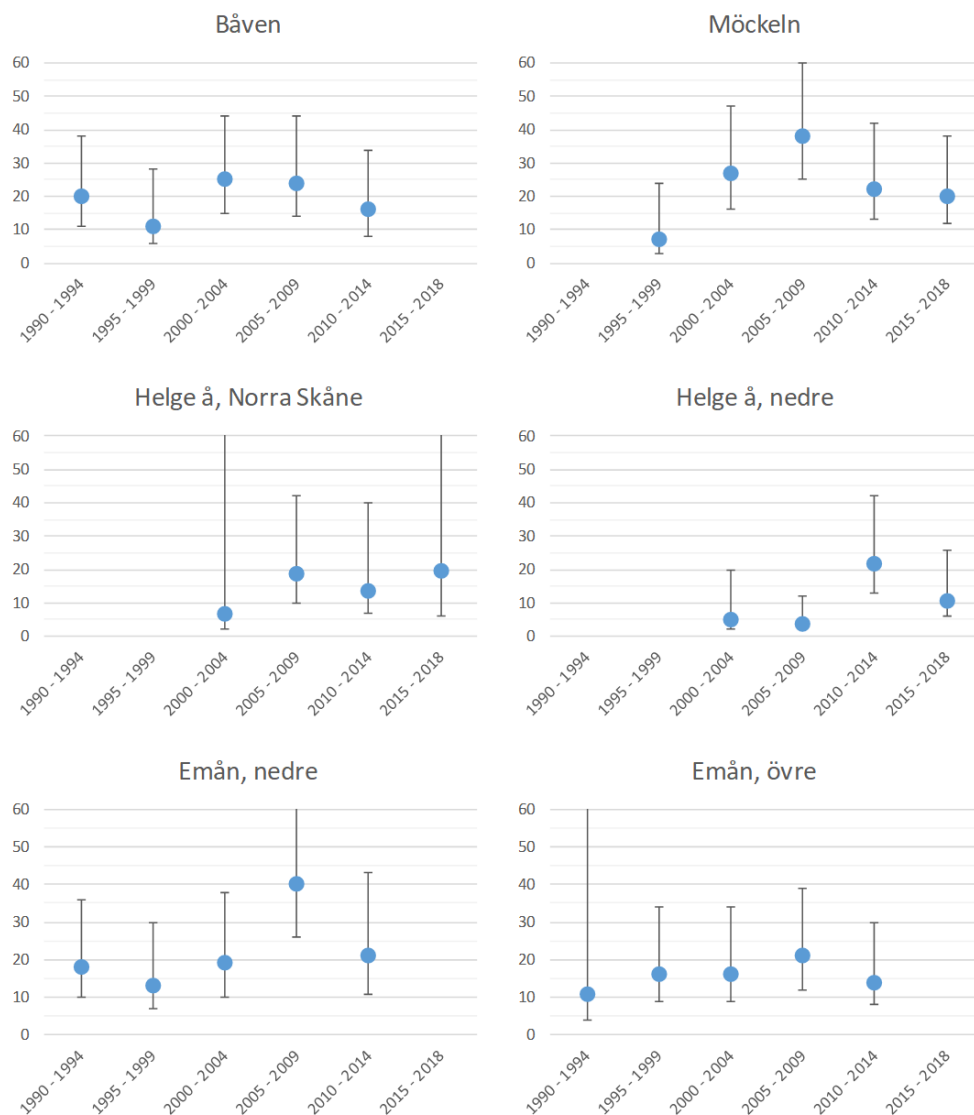


Figur 13. Förväntad minskning av heterozygositet (H) hos selektivt neutrala loci i reproduktivt isolerade populationer av olika (begränsade) effektiva populationsstorlekar (N_E) över tid (t , antal generationer). Den motverkande effekten av nya mutationer förväntas vara försumbar vid dessa låga effektiva storlekar.

Tidigare genetiskt baserade skattningar av effektiva populationsstorlekar hos dagens svenska malbestånd har varit anmärkningsvärt låga ($N_E \approx 20-30$) (Palm et al. 2019). I figur 14 presenteras nya/uppdaterade skattningar av effektiv populationsstorlek baserade på de utökade materialen från Båven, Möckeln och Helge å tillsammans med motsvarande resultat för äldre data från Emån. Skattningarna har delats upp för grupper av individer från fem efterföljande årsklasser (kohorter) uppskattningsvis födda mellan tidigt 1990-tal (Båven, Möckeln, Emån) eller 2000-tal (Helge å) fram till 2010-talet, för att kunna studera eventuella trender. Likt tidigare är N_E -skattningarna överlag påfallande låga (<50) trots att årsklasser födda under senare tid har tillkommit. Svaga tendenser till öknings för N_E över de studerade tidsperioderna syns i några fall, men den statistiska osäkerheten för respektive skattning är ofta stor (figur 14).

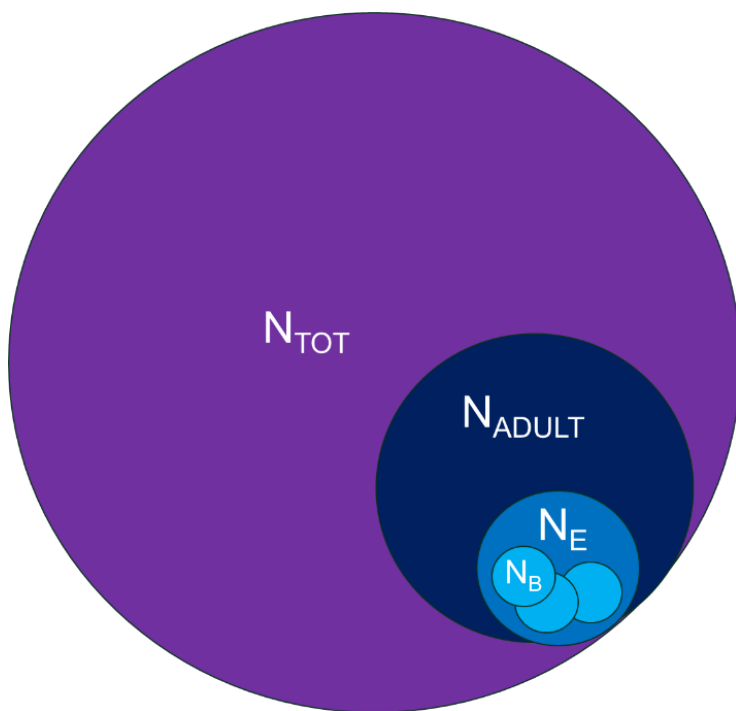
En låg effektiv populationsstorlek kan återspegla ett lågt antal (könsmogna) individer i populationen, en skev könskvot och/eller stor variation i reproduktiv framgång bland föräldrarna. Palm et al. (2019) lyfte

bland annat fram brist på lämpliga lekhabitat samt revirhävande beteende hos hanar som möjliga förklaringar till de svenska malpopulationernas låga effektiva populationsstorlekar. Under svenska miljöbetingelser bedöms malens könsmognad inte inträffa förrän vid omkring 8–12 års ålder (Vinterstare 2017). En ytterligare möjlighet som diskuterades av Palm et al. (2019) var därför att andelen könsmogna individer ännu var låg, trots tecken på ökande populationsstorlekar, och att N_E kunde tänkas öka framöver när andelen könsmogna fiskar ökat. Möjligen kan de svagt positiva trender för N_E som syns i figur 14 återspegla en sådan utveckling. Andra möjliga förklaringar finns dock. Exempelvis kan varmare somrar ha resulterat i att avkomma från en ökande andel av de lekande fiskarna (fler familjegrupper) överlevt det juvenila stadiet. En ytterligare relaterad möjlighet är att högre vattentemperaturer gett en gradvis högre andel lekmognande individer bland den vuxna fisken.



Figur 14. Skattningar av effektiv populationsstorlek (95 % konfidensintervall) för individer uppdelade i grupper av fem efterföljande årsklasser (baserat på längdbaserade åldersskattningar). Värdena väntas utgöra ett mellanting av N_B per år och N_E per generation (se figur 15), men kan enligt teoretiska beräkningar baserade på litteraturuppgifter för andra arter (Waples et al. 2013) samt livshistoriedata för svensk mal ligga relativt nära N_E (Palm et al. 2019).

Som framgår av en schematisk illustration (figur 15) förväntas N_E generellt vara betydligt lägre än det totala antalet individer (N_{TOT}) samt även det antalet vuxna (köns mogna) individer i en population (N_{ADULT} , ofta även benämnt N_{CENSUS}). Den rådande bilden är att antalet vuxna individer i de svenska malbestånden är betydligt högre än vad ovanstående N_E -skattningar anger (Vinterstare 2017). Hur N_E förhåller sig till N_{ADULT} hos mal är dock i hög grad okänt. För Möckelnområdet har antalet vuxna malar (>70 cm) uppskattats till omkring 700 individer baserat på fångst-återfångstförsök utförda 2014-2019 (Prof. Per Larsson, Linnéuniversitetet, pers. komm.). Givet de genetiskt baserade skattningarna av $N_E \approx 20-30$ för Möckeln (figur 14), indikerar detta en kvot mellan N_E och N_{ADULT} lägre än 0,05. Som jämförelse har genomsnitt för samma kvot för andra arter beräknats till 0,11 och 0,14 (med stor bakomliggande variation) baserat på omfattande litteratursammanställningar (Frankham 1995, Palstra & Ruzzante 2008). Märkningsförsöken i Möckeln indikerar en omfattande konkurrens under lektiden där större individer dominerar, och endast en mindre andel av beståndet tycks leka årligen (Per Larsson, personlig kommentar). Det senare kan vara en bidragande orsak till den låga kvoten mellan N_E och N_{ADULT} .

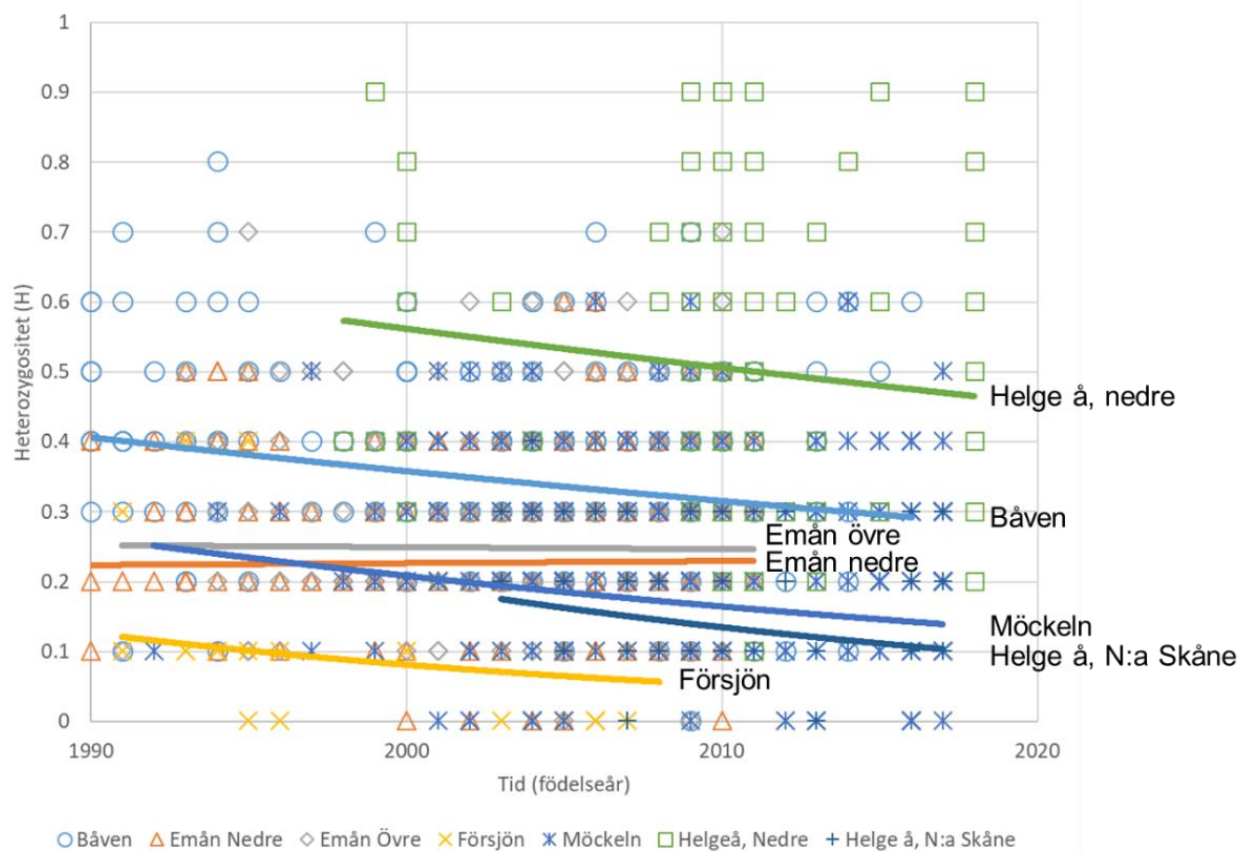


Figur 15. Schematisk figur som illustrerar hur totala populationsstorleken (N_{TOT}) kan förhålla sig till antalet vuxna individer av köns mogen ålder (N_{ADULT}), till den genetiskt effektiva populationsstorleken per generationsintervall (N_E) samt till det genetiskt effektiva antalet föräldrar per år (N_B).

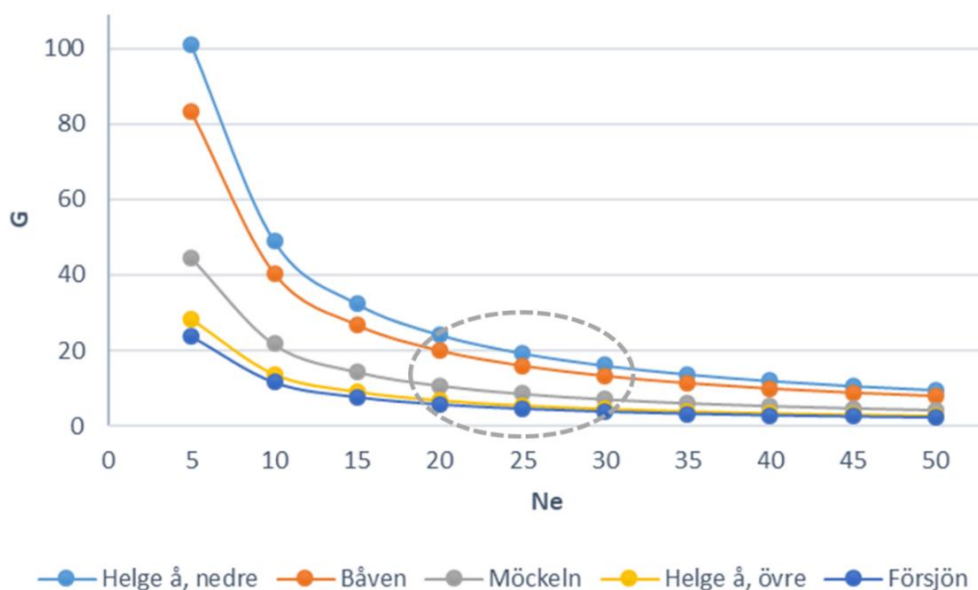
Som illustreras i figur 13 förväntas heterozygositeten minska över tid i en reproduktivt isolerad population av begränsad (genetiskt effektiv) storlek. För att undersöka om det förekommer dylika minskningar i de genetiskt sett små malpopulationerna genomfördes en analys där individernas genomsnittliga heterozygositet (H ; andelen av de 10 mikrosatelliterna som befanns vara heterozygota) plottades mot uppskattat födelseår och tillpassades exponentialfunktioner av samma form som i figur 13. Som framgår av figur 16 syns gradvisa minskningar för H (med undantag för Emån). Ingen av de negativa trenderna är dock statistiskt signifikant, även om linjära regressionstester på log-transformerade H -värden resulterade i låga p -värden (0,07) för Båven och Möckeln. Från samma analys

syns även de klara skillnaderna i populationernas genomsnittliga heterozygositet, där blandbeståndet från nedre Helge å har högst H , följt av Båven, Emåns båda populationer, Möckeln, övre Helge å samt Försjön (figur 16). Avsaknaden av negativa trender för de båda populationerna i Emån beror sannolikt på förekomst av visst genflöde mellan dessa, vilket motverkar förluster av heterozygositet. Enstaka individer som utgör genetiska korsningar mellan populationerna i Emån har identifierats vid tidigare studier; dessa återspeglar sannolikt en tidigare flytt av mal uppströms samt viss naturlig vandring nedströms (Palm et al. 2008, Palm et al. 2019).

Baserat på resultaten i figur 16 går det att identifiera möjliga kombinationer av N_E och G (generationsintervallet $\approx$ medelåldern bland föräldrarna) som förväntas resultera i den observerade minskningstakten för H inom respektive population (Emån utesluten). Som visas i figur 17 motsvarar $N_E \approx 20$ –30 ett generationsintervall av storleksordningen 10–20 år, vilket inte framstår som orimligt givet artens sena könsmodnighet och långa livslängd. Det bör dock betonas att samtliga ingående parametrar är behäftade med osäkerheter vilka inte har tagits hänsyn till vid dessa beräkningar.



Figur 16. Heterozygositet över tid i svenska malpopulationer. Varje symbol motsvarar en enskild individ, där värdet på y-axeln visar andelen heterozygota mikrosatelliter (utav 10 analyserade) medan x-axeln anger födelseår (skattat utifrån fångstår och längdbaserad åldersskattning). Endast individer med fullständig genotyp samt skattat födelseår (via längdbaserad ålder) från och med 1990 är inkluderade. Heldragna linjer utgör tillpassade exponentialfunktioner som anger förlust av H i en reproduktivt isolerad population (se exempel i figur 14).



Figur 17. Kombinationer av effektiv populationsstorlek (N_e) och generationsintervall (G , antal år) som tillsammans förväntas ge den förlust av heterozygositet per år som skattats empiriskt i figur 16. Det inringade område motsvarar i grova drag de nivåer på N_e som erhållits via oberoende skattningar (se figur 14). Populationerna i Emån är inte inkluderade då dessa beroende på förekomst av genflöde (då gäller inte de teoretiska förhållanden mellan H , N_e och G som är illustrerade i figur 13 och vilka tillämpas i figur 16).

Slutsatser och rekommendationer

Malen i Sverige är genetiskt sårbar. De få populationerna är tydligt distinkta samtidigt som deras genetiska variationsgrad är låg i jämförelse med mal från andra delar av Europa. Trots indikationer på populationstillväxt är de genetiskt effektiva populationsstorlekarna (N_e) fortsatt oroväckande låga ($N_e < 50$). Som konsekvens förloras genetisk variation i en takt som inte är långsiktigt hållbar. Hittills har således inte åtgärdsprogrammets långsiktiga mål om en mer gynnsam genetisk status (senast år 2030) infriats. Det är ännu oklart om de låga nivåerna på N_e beror av alltför få könsmogna individer, brist på lämpliga lekhabitat och/eller ytterligare faktorer.

I syfte att erhålla ökade lokala effektiva populationsstorlekar bör bl.a. utvärderingar genomföras av behovet av konstgjorda leknästen och/eller förbättrade lekområden. Eventuellt kan även systematiska förflyttningar av individer inom samma vattensystem behövas för att påskynda etablering av mal i enskilda delområden samt för att öka genutbytet dessa emellan. Däremot rekommenderas generellt inte förflyttningar av mal mellan vattensystem, då detta är förknippat med genetiska risker (t.ex. minskad lokal anpassning) och potentiell spridning av parasiter och sjukdomar (Palm et al. 2019).

Fortsatt genetisk övervakning rekommenderas i kombination med åtgärder som syftar till att öka antalet reproduktivt framgångsrika lekfiskar i Båven, Möckeln, Emån och Helge å. DNA-analyser kan även nyttjas för att identifiera ursprung hos mal som olovligen satts ut i nya svenska vatten (Palm et al. 2019). Sådana analyser har även potential att påvisa eventuella illegala utsättningar med mal från andra delar av Europa. Givet malens långa generationsintervall kan genetiska undersökningar genomföras

med längre intervall än för andra arter (till exempel vart 5:e år). Fortsatt vävnadsprovtagning (liten fenbit i sprit) rekommenderas dock i samband med samtliga provfiske. För att följa utvecklingen vad avser N_E bör särskilt analys av mindre/unga individer födda under senare år prioriteras. Baserat på ackumulerade fångst-återfångst data från pågående PIT-märkningar rekommenderas vidare att metoden som här använts för att skatta individernas ålder och födelseår (figur 1) utvärderas och eventuellt modifieras så att den bättre passar individernas tillväxt i respektive population.

Val av markörsystem vid framtida DNA-undersökningar – mikrosatelliter (som hittills) eller nyutvecklade SNP-markörer (Jensen et al. 2021) – bör avgöras med hänsyn till vilka frågeställningar man vill belysa och behovet av ”genetisk upplösning”, ekonomiska kostnader samt tillgång till referensdata från tidigare år (se bl.a. Jensen et al. 2021, för en mer utförlig diskussion). Om valet faller på mer högupplösta SNP-markörer kan kompletterande analyser av äldre vävnadsprov eller DNA-extraktioner erfordras för att generera referensdata från tidigare år och årsklasser.

De utökade genetiska studier som genomförts inom ÅGP-arbetet har visat att det förekommer statistiskt säkra genetiska skillnader mellan individer från olika delar av Båven och Möckeln. Dessa lokala skillnader (skilda frekvenser för samma anlagsvarianter) är dock små och förklaras troligen av en kombination av ett stationärt beteende och (slumpmässig) genetisk drift beroende på att ett begränsat antal individer står för reproduktionen. Bedömningen är därför att all mal inom Båvens respektive Möckelns vattensystem tillhör samma biologiska population (gen-pool). En motsvarande tolkning gjordes även av Jensen et al. (2021) för Möckeln, trots påvisad förekomst av flera genetiska ”släktskapskluster” av individer i denna sjö. Vid fortsatt insamling av vävnadsprover från Båven och Möckeln bör dessa insamlas så representativt som möjligt från de olika delområdena. På så vis kan framtida genetiska undersökningar belysa om de genetiska skillnaderna verkligen minskat och om ovanstående bedömning/tolkning är korrekt.

Malen i övre Helge å (norra Skåne) härstammar från Möckeln, men uppvisar något lägre genetisk variationsgrad vilket tyder på att populationen grundats av ett fåtal individer som vandrat och/eller flyttats nedströms. För det återintroducerade genetiska blandbeståndet i nedre Helge å (Kristianstads vattenrike) syns en ökning över tid av andelen genetiskt material från Båven. Antalet genetiskt effektiva lekfiskar är dock lågt, och det är alltför tidigt att dra några slutsatser om denna dominans av gener från Båven kommer att bestå. Om (när) individer härstammande från Möckeln sprider sig nedströms och reproducerar sig i nedre Helge å bedöms goda möjligheter finnas att följa detta förlopp via framtida DNA-analyser.

Erkännanden

Arbetet har genomförts på uppdrag av Länsstyrelserna i Södermanland och Skåne, som en del av ÅGP-arbetet med mal i Sverige. Uppdraget har bekostats av Havs- och vattenmyndighetens 1:11-anslag (åtgärder för havs- och vattenmiljö).

Författaren tackar Linda Söderberg (SLU, Sötvattenslaboratoriet) som utfört samtliga laborativa analyser av nytillkommet material samt kalibrerat gamla och nya mikrosatellitdata. Tack även till Helena Herngren (Länsstyrelsen Södermanland), Andreas Jezek (Kristianstads vattenrike), Mikael Svensson (SLU, Artdatabanken), Per Larsson (Linnéuniversitetet) samt Rickard Gustafsson (Sportfiskarna) för värdefull bakgrundsinformation, samt till personal som samlat in vävnadsprover i fält. Mikael Svensson (SLU, Artdatabanken), Anna Fohrman (Länsstyrelsen Skåne) och Alexander Gustavsson (Länsstyrelsen Södermanland) gav värdefulla kommentarer på en tidigare version av texten.

Referenser

- Allendorf FW, Luikart G, Aitken SN (2013) Genetics and the Conservation of Populations, 2nd edn., Allendorf FW, Luikart G, Aitken SN (2013) *Genetics and the Conservation of Populations*, 2nd edn., Vol. Wiley-Blackwell Publishing, Oxford, UK
- Alp A, Kara C, Uckardes F, Carol J, Garcia-Berthou E (2011) Age and growth of the European catfish (*Silurus glanis*) in a Turkish Reservoir and comparison with introduced populations. *Rev Fish Biol Fisher* 21:283-294
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2001) Genetix 4.02, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Boulêtreau S, Santoul F (2016) The end of the mythical giant catfish. *Ecosphere* 7:1-5
- Carol J, Zamora L, Garcia-Berthou E (2007) Preliminary telemetry data on the movement patterns and habitat use of European catfish (*Silurus glanis*) in a reservoir of the River Ebro, Spain. *Ecol Freshw Fish* 16:450-456
- Cucherousset J, Horky P, Slavík O, Ovidio M, Arlinghaus R, Boulêtreau S, Britton R, García-Berthou E, Santoul F (2018) Ecology, behaviour and management of the European catfish. *Rev Fish Biol Fisher* 28:177-190
- Frankham R (1995) Inbreeding and extinction - a threshold effect. *Conservation Biology* 9:792-799
- Freyhof J, Kottelat M (2008) *Silurus glanis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2008: e.T40713A10356149. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2008.RLTS.T40713A10356149.en>. Downloaded on 08 July 2021. In:
- Goudet J (2001) FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3.2). <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.
- Hubisz MJ, Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2009) Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Mol Ecol Resour* 9:1322-1332
- Hällholm S (2016) Action plan and strategies for conservation of European catfish (*Silurus glanis*) in Lake Båven. Degree project in Biology. Uppsala University. 41 pp.
- Jansson J (2012) En limnisk gigant: Inventering och genetiska studier av europeisk mal (*Silurus glanis*) i nedre Helgeå. Examensarbete biologi. Högskolan Kristianstad. 46 sid.
- Jensen A, Lillie M, Bergström K, Larsson P, Höglund J (2021) Whole genome sequencing reveals high differentiation, low levels of genetic diversity and short runs of homozygosity among Swedish wels catfish. *Heredity*:1-13
- Johannesson K, Laikre L (2020) Miljöövervakning av genetisk mångfald. Slutrapportering av uppdrag (dnr. HaV 3642-2018, 3643-2018). 38 pp.
- Jones OR, Wang JL (2010) COLONY: A program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Mol Ecol Resour* 10:551-555
- Lessmark O (2015) Malöövervakning i Möckelnområdet 2015 och strömhastighetens betydelse för beståndstäthet och storlek på mal. Länsstyrelsens rapportserie. Meddelande 2015:16. 14 pp.
- Mihálik J (1982) Der Wels *Silurus glanis*. Wittenberg Lutherstadt: A. Ziemsen Verlag.
- Nathanson JE (1986) Projekt malen – slutrapport för åren 1982–86. 34 pp.

- Nathanson JE (1987) Malens utbredning i Sverige. *Information från Sötvattenslaboratoriet Drottningholm* 1: 1–68.
- Nathanson JE, Prestegard T (2005) Släktskapsanalys och beståndsidentifiering av mal (*Silurus glanis*), en studie från nedre Helgeå. Fiskeriverkets Sötvattenslaboratorium. 6pp.
- Palm S (2019) Genetisk ursprungsanalys av mal från Helge å, Norra Skåne. PM från Sveriges lantbruksuniversitet, 7 pp.
- Palm S, Prestegard T, Dannewitz J, Petersson E, Nathanson JE (2008) Genetisk kartläggning av svenska malbestånd. Fiskeriverket & Uppsala universitet. 10 sid.
- Palm S, Vinterstare J, Nathanson JE, Triantafyllidis A, Petersson E (2019) Reduced genetic diversity and low effective size in peripheral northern European catfish *Silurus glanis* populations. *J Fish Biol* 95:1407-1421
- Palstra FP, Ruzzante DE (2008) Genetic estimates of contemporary effective population size: what can they tell us about the importance of genetic stochasticity for wild population persistence? *Molecular ecology* 17:3428-3447
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959
- Ryman N, Laikre L, Hössjer O (2019) Do estimates of contemporary effective population size tell us what we want to know? *Molecular Ecology* 28:1904-1918
- SLU Artdatabanken (2020) Rödlistade arter i Sverige 2020 (The 2020 Swedish Red List; in Swedish with English summary). In: <https://www.artdatabanken.se/globalassets/ew/subw/artd/2-var-verksamhet/publikationer/31-rodlista-2020/rodlista-2020>
- Svensson M, Kjellberg A, Lessmark O, Almer B, Wagnström J (2013) Beskrivning av förväntade effekter av återintroduktion av mal i nedre delen av Skräbeåns vattensystem. Rapport Ivösjöns Fiskevårdsförening. 33 sid.
- Takezaki N, Nei M, Tamura K (2010) POPTREE2: Software for constructing population trees from allele frequency data and computing other population statistics with Windows interface. *Mol Biol Evol* 27:747-752
- Triantafyllidis A, Krieg F, Cottin C, Abatzopoulos TJ, Triantaphyllidis C, Guyomard R (2002) Genetic structure and phylogeography of European catfish (*Silurus glanis*) populations. *Molecular Ecology* 11:1039-1055
- Waits LP, Luikart G, Taberlet P (2001) Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: Cautions and guidelines. *Molecular Ecology* 10:249-256
- Wang JL (2009) A new method for estimating effective population sizes from a single sample of multilocus genotypes. *Molecular Ecology* 18:2148-2164
- 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 of London B: Biological Sciences* 280:20131339
- Vinterstare J (2017) Åtgärdsprogram för mal (*Silurus glanis*). (Action program for European catfish in Sweden; in Swedish with English summary). *Havs- och vattenmyndighetens rapport* 2017:33. 62 pp.

Länsstyrelsen i Södermanlands län ger årligen
ut ett stort antal rapporter och publikationer som
samlas i Länsstyrelsens publikationsarkiv.

Rapporter och andra publikationer kan hämtas på
följande webbadress:
www.lansstyrelsen.se/sodermanland/sv/publikationer



www.lansstyrelsen.se/sodermanland