

# En värdfiskstudie i tre vattendrag

Tjockskalig målarmussla i Södermanlands län



LÄNSSTYRELSEN  
Södermanlands län

Titel: En värdfiskstudie i tre vattendrag - Tjockskalig målarmussla i Södermanlands län

Utgiven av: Länsstyrelsen i Södermanlands län

Utgivningsår: 2022

Författare: Niklas Wengström

Kontaktperson: Alexander Gustavsson, Länsstyrelsen i Södermanlands län

Omslagsfoto: Glochidielarver. Länsstyrelsen i Södermanlands län

Diariennr: 7502-2021

Rapportnr: 2022:8

ISSN-nr: 1400-0792

Rapporten finns på: [www.lansstyrelsen.se/sodermanland/om-oss/vara-tjanster/publikationer](http://www.lansstyrelsen.se/sodermanland/om-oss/vara-tjanster/publikationer)  
eller kan beställas hos Länsstyrelsen i Södermanlands län, 611 86 Nyköping,

Tel: 010-223 40 00

# Innehållsförteckning

|                        |    |
|------------------------|----|
| Introduktion.....      | 4  |
| Bakgrund.....          | 4  |
| Målsättning.....       | 6  |
| Metod .....            | 7  |
| Värdfiskstudien .....  | 7  |
| Insamling av DNA ..... | 8  |
| Resultat .....         | 9  |
| Värdfiskstudie .....   | 9  |
| Nässelstaån.....       | 9  |
| Forsaån .....          | 9  |
| Vedaån .....           | 9  |
| Insamling av DNA ..... | 11 |
| Diskussion .....       | 12 |
| Slutsatser .....       | 13 |
| Referenser.....        | 14 |

# Introduktion

Sveriges Sportfiske- och Fiskevårds förbund har fått i uppdrag av Länsstyrelsen i Södermanland att genomföra en undersökning av värdfiskar för den tjockskaliga målarmusslan *Unio crassus* i Vedaån, Sibro och Forsaån. I projektet ingick också att samla in DNA från tjockskalig målarmussla från Forsaån, Natån och Nässelstaån. I denna rapport redovisas metoder och resultat från dessa undersökningar som genomförda sommaren och hösten 2018.

## Bakgrund

Den tjockskaliga målarmusslan är en sötvattenlevande art som främst lever i rinnande vatten. I Sverige har den en sydöstlig utbredning och förekommer i Skåne, Blekinge, Kronobergs, Kalmar, Östergötlands, Södermanlands och Örebro län. Arten är nationellt utrotningshotad och bedömd som starkt hotad enligt rödlistans kriterier. Försurning, övergödning och fysiska förändringar i artens livsmiljö är faktorer som beskrivs som de kända orsakerna till artens tillbakagång (Lundberg, Bergengren, & Von Proschwitz, 2007). En annan orsak som nämns i åtgärdsprogrammet är förlusten av värdfisk.



Figur 1. Glochidielarver på gäle hos Abborre. Foto: Länsstyrelsen i Södermanlands län.

Tjockskalig målarmussla har vad man kallar ett intermediärt värdfiskspektrum, vilket betyder att musslornas larver (glochidier) kan utvecklas till musslor på fler än en fiskart, till skillnad mot flodpärlmusslans glochidier som är värdfiskspecialister och som bara kan utvecklas till musslor på atlantlax *Salmo salar* eller öring *Salmo trutta*. Dammusselarter kallar man för värdfiskgeneralister eftersom deras larver kan utvecklas till musslor på många olika arter av sötvattenlevande fiskar.

Värdfiskstudier har tidigare genomförts i Södermanland inom LIFE-projektet Målarmusslans återkomst (UC4LIFE), som pågick mellan åren 2012–2016. I Södermanlands län undersöktes då Kilaån och Svärtaån. Undersökningen visade att flera olika fiskarter fungerar som värdfisk i dessa åar men att olika fiskarter verkar vara olika viktiga i de olika åarna. Skillnaden kan bero på att vattendragen har olika artsammansättning av fisk. Art-sammansättningen av fisk kan i sin tur bero på naturliga orsaker, exempelvis fiskarters habitatkrav och invandringshistoria efter istiden. Artsammansättningen av fisk kan även bero på mänsklig påverkan i vattendragen, till exempel kanalisering och vandringshinder som hindrar fisk att sprida sig inom och mellan avrinningsområden. Även utplantering av fisk kan påverka art-sammansättningen i sjöar och vattendrag.

I åtgärdsprogrammet från 2006 finns en rad förslag på åtgärder som kan tänkas genomföras i län med förekomst av arten (Lundberg, Bergengren, & Von Proschwitz, 2007). Åtgärdslistan har reviderats och den gäller sedan 2016. I listan finns en åtgärd som handlar om värdfiskstudier. Kännedom om värdfiskar bör vara ett minikrav när man planerar åtgärder för den tjockskaliga målarmusslan eftersom glochidier är beroende av en eller flera funktionella värdfiskar (Modesto, o.a., 2018). Kunskap om genetiskt släktskap mellan populationer i olika avrinningsområden hade också underlättat naturvårdsarbetet med arten. Framför allt vid åtgärder som återintroduktion eller stödutsättning av arten genom att flytta musslor från en plats till en annan (Eveleens & Febria, 2022). Flytt av musslor är den enklaste metoden för att återintroducera arten till vattendrag där den tidigare förekommit eller för att hjälpa upp förekomsten i åar där den fortfarande finns men i glesa bestånd med låga tätheter (mindre än en mussla per m<sup>2</sup>). Artificiell infektion och odling av musslor är metoder som är mer resurskrävande i jämförelse med att flytta musslor. Om en flytt av musslor sker inom samma vattendrag kan man anta att den genetiska skillnaden mellan individer är låg jämfört populationer i olika avrinningsområden. I UC4LIFE samlades genetiskt material in från Kilaån och Vedaån i Södermanlands län. Detta material har nu utökats med tre vattendrag i och med detta projekt.

## Målsättning

Målet med projektet har varit att undersöka vilka värd fiskar den tjockskaliga målarmusslan har i Vedaån, Sibro och Forsaån samt att samla in genetiskt material från arten i Nässelstaån, Natån och Forsaån. Målsättningen har varit att få en ökad kunskap om värd fiskar i Södermanland som kan jämföras med resultaten från UC4LIFE och undersökningar i andra län. Detsamma gäller kunskapen om genetiskt släktskap mellan populationer inom artens utbredningsområde i Sverige.



Figur 2. Tjockskaliga målarmusslor. Foto: Helena Herngren.

# Metod

## Värdfiskstudien

Glochidier från den tjockskaliga målarmusslan kan sätta sig på gälarna och på fenorna på en fisk. Det vanligaste är dock att de sätter sig på gälarna. Fisk som skall undersökas samlas in med hjälp av ett elfiske i områden med känd förekomst av musslor. Alla fångade fiskar sövs och gälarna undersöks genom att lyfta gällocket försiktigt och studera gälarna med hjälp av en stereolupp. Båda sidorna undersöks och förekomst av glochidier noteras i ett protokoll enligt följande klassificering:

0 = Noll glochidier

1 = <10 glochidier

2 = 10 – 100 glochidier

3 = >100 glochidier

Utifrån klassificeringen kan man räkna ut ett viktat medelvärde mellan 0–3, där värden över 1,5 är bra då det indikerar att antalet larver har varit högt. Det viktade medelvärdet räknas ut på följande sätt, antalet fiskar av en art multipliceras med respektive klass. Summan av alla produkter divideras med det totala antalet fångade fiskar av en art.

Den tjockskaliga målarmusslan förekommer ofta i blandbestånd med andra musselarter och eftersom flera av dessa arter har sin reproduktiva period samtidigt på året som den tjockskaliga målarmusslan är det svårt att avgöra vilken musselarts glochidier som sitter på fisken man undersöker. För att artbestämma varje glochidie kan man använda DNA-tekniska metoder. Det är relativt kostsamt att analysera enskilda glochidier och därför har vi valt att använda metoden Next Generation Sequencing (NGS). Med den metoden kan alla glochidier från en fiskart analyseras på en gång. Metoden är kostnadseffektivt samtidigt som metoden svarar på frågor som exempelvis, vilka musselarters glochidier infekterar abborre i Forsaån?

## Insamling av DNA

DNA-prover från tjockskalig målarmussla har inhämtats från Nässelstaån, Natån och Forsaån (Tabell 2). Prover från vattendragen kommer ingå i en större genetisk kartläggning av arten i Sverige som genomförs av Centrum för genetisk identifiering (CGI) vid Naturhistoriska riksmuseet (NRM).

Musslorna samlades in genom vadning med vattenkikare och plockades upp från vattendraget. Musslorna lades på ett hårt underlag i väntan på att de skulle sticka ut foten (Figur 3). Foten är den kroppsdel som musslorna använder för att gräva ned sig med men även förflytta sig med.

När foten är väl synlig (Figur 3) har en liten bit (ca 5x3 mm) av den klippts av med hjälp av en skalpell. Den lilla köttbiten har konserverats i 95 % alkohol. Proven har sedan skickats till Naturhistoriska riksmuseet för analys. Musslorna visade inga tecken på onormalt beteende efter ingreppet. Vi jämförde behandlade och obehandlade musslor och det var ingen skillnad grupperna emellan i tid när de började filtrera, förflytta sig och gräva ned sig efter att de blivit utlagda på botten.



Figur 3. En bild på en tjockskalig målarmussla där man ser hur foten sticker ut ur skalet. Foto: Niklas Wengström.

# Resultat

## Värdfiskstudie

### Nässelstaån

På två lokaler i Nässelstaån fångades totalt 69 fiskar fördelat på fem arter (Tabell 1). Abborre dominerade fångsten följt av lake, benlöja, gers och nissöga. Infektionsgraden var högst på abborre med 75 % respektive 72 % beroende av lokal. Infekterad lake hittades bara på den ena lokalen och benlöja fångades bara på en av lokalerna, detsamma gäller gers och nissöga. Det var ett relativt lågt viktat medelvärde för abborre på båda lokalerna även om det var högre än för någon av de andra infekterade arterna (Tabell 1).

DNA-analysen av glochidierna på abborre och benlöja visade att abborrarna var infekterad av glochidier från spetsig målarmussla (*Unio tumidus*) och att benlöjorna var infekterade av den tjockskaliga målarmusslan.

### Forsaån

I Forsaån fångades totalt 36 fiskar fördelat på tre arter (Tabell 2). Björkna dominerade till antal följt av abborre och mört. Abborre hade den högsta infektionsgraden 66 % följt av mört 33 % och björkna 4 %. Det var ett relativt lågt viktat medelvärde för alla arter (Tabell 1).

DNA-analysen kunde bara genomföras på glochidier från abborre och de var infekterad av spetsig målarmussla. Det fanns även spår av flat dammussla (*Pseudanodonta complanata*) men signalen var så pass svag att de som analyserade proven antar att ingen av de glochidier som var med i proven tillhörde flat dammussla utan att det har kommit med e-DNA. Flat dammussla finns i Forsaån så det är rimligt att provet kan ha kontaminerats av e-DNA.

### Vedaån

På två lokaler i Vedaån fångades totalt 49 fiskar fördelat på sex arter (Tabell 1). På lokalen *Baggebol* fångades fyra abborrar och infektionsgraden var 50 %, det viktade medelvärdet var lågt 0,5.

På lokalen *nedströms E4* dominerade benlöja till antal fångade fiskar följt av abborre, björkna, lake, mört och gers. Infektionsgraden var relativt låg för alla arter på lokalen och det viktade medelvärdet var mycket lågt (Tabell 1).

DNA-analysen av glochidier från abborre visade att fisken var infekterad av spetsig målarmussla. Abborre var den enda fiskart det gick att hitta och fripreparera glochidier från.

Tabell 1. En sammanställning av alla elfisken som genomfördes i samband med värd fiskstudien i Södermanland 2018.

| Datum      | Vattendrag  | Lokal             | Art     | Antal | Infektionsgrad (%) | Viktat medelvärde |
|------------|-------------|-------------------|---------|-------|--------------------|-------------------|
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Inlopp Naten      | Abborre | 20    | 75                 | 1,3               |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Inlopp Naten      | Gers    | 2     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Inlopp Naten      | Lake    | 3     | 33                 | 0,33              |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Uppströms vägbron | Abborre | 29    | 72                 | 0,96              |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Uppströms vägbron | Benlöja | 8     | 25                 | 0,25              |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Uppströms vägbron | Lake    | 6     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-26 | Nässelstaån | Uppströms vägbron | Nissöga | 1     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-27 | Forsaån     | Nedströms vägbron | Abborre | 9     | 67                 | 0,89              |
| 2018-06-27 | Forsaån     | Nedströms vägbron | Björkna | 24    | 4                  | 0,041             |
| 2018-06-27 | Forsaån     | Nedströms vägbron | Mört    | 3     | 33                 | 0,33              |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Baggebol          | Abborre | 4     | 50                 | 0,5               |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Abborre | 9     | 33                 | 0,44              |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Benlöja | 29    | 31                 | 0,31              |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Björkna | 2     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Gers    | 1     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Lake    | 2     | 0                  | 0                 |
| 2018-06-28 | Vedaån      | Nedströms E4      | Mört    | 2     | 0                  | 0                 |

## Insamling av DNA

I Nässelstaån och Forsaån samlades 15 respektive 17 musslor in för provtagning. Av de 15 proverna från Nässelstaån kunde bara 11 prover analyseras. Alla prover från Forsaån kunde analyseras. I Natån däremot gick det inte att hitta tillräckligt många musslor för att de skulle kunna ingå i analysen, ett minimikrav för populationsgenetiska studier är att fler än 4–5 individer skall ingå (Tabell 2).

Resultaten från den stora svenska populationsgenetiska analysen där 25 olika vattendrag ingick visade att det var mycket små genetiska skillnader mellan de populationerna. Det var endast de sydvästliga populationerna i Skåne och Blekinge som visar på en avvikande genetisk struktur jämfört de övriga populationerna i Sverige. Enligt analysen var det låg genetisk differentiering mellan svenska populationer och det var en svag trend att diversiteten minskar ju längre norrut man kommer (Källman, 2020). Det fanns även tecken på inavel i populationerna men här fanns det ingen geografisk skillnad.

Tabell 2. Sammanställning över DNA-proverna i Södermanlands län.

| Vattendrag  | Antal prov |
|-------------|------------|
| Nässelstaån | 15         |
| Natån       | 2          |
| Forsaån     | 17         |

## Diskussion

Projektets syfte var att få en ökad kunskap om den tjockskaliga målarmusslans värdfiskar i de tre ingående vattendragen och att jämföra data med den kunskap som togs fram i UC4LIFE (Lundberg & Österling, 2016). Vidare var målet att samla in DNA från tjockskalig målarmussla från vattendragen, data som skulle ingå i ett större sammanhang där släktskapet mellan svenska populationer av tjockskalig målarmussla undersöks.

Vad det gäller värdfiskfrågan i projektet så hittades endast glochidier från tjockskalig målarmussla på benlöja från Nässelstaån, alla andra glochidier visade sig vara spetsig målamussla. Det bör dock påpekas att alla de infekterade fiskarter som samlades in har visat sig vara potentiella värdfiskar i undersökningar genomförda i UC4LIFE projektet (Lundberg & Österling, 2016). När Kilaån och Svärtaån undersöktes inom UC4LIFE konstaterades att benlöja, stensimpa och lake är de viktigaste värdfiskarna för den tjockskaliga målarmusslan i dessa vattensystem. Med denna undersökning kan vi endast bekräfta att benlöja är en viktig värdfisk i Södermanland.

Vår insamling av infekterad fisk genomfördes i slutet av juni och vi har med största sannolikhet inte varit ute vid rätt tillfälle eftersom ett stort antal glochidier som analyserats tillhörde en annan art än tjockskalig målarmussla. Den tjockskaliga målarmusslans reproduktiva period kan sträcka sig från april till och med juli men med pauser inom perioden. Perioden är temperaturberoende och den kan skilja sig mellan år och vattendrag. I ett framtida projekt vore det önskvärt att undersöka fiskar vid flera tillfällen från maj och en bit in i juni.

Insamlingen av DNA från den tjockskaliga målarmusslan i Nässelstaån, Natån och Forsaån gick bra även om det var mycket tidskrävande att vänta på att musslorna skulle sticka ut foten. Det går även att svabba musslorna vilket är mindre tidskrävande, det bör vara en metod att föredra i framtiden. Det låga antalet musslor från Natån är svårt att göra något åt utan vi bara konstatera att det är svårt att uppskatta populationsgenetiska parametrar utifrån ett sådant litet material. Proverna skickades till CGI vid NRM för analys, i analysen ingick även data från Skåne, Blekinge, Kronoberg, Kalmar, Östergötland, Södermanland och Örebro län. Analysen visar på små genetiska skillnader mellan populationerna i Sverige med undantag

från några få vattendrag i Blekinge och Södra Småland (Källman, 2020). Enligt resultaten av släktskapsstudien skulle samtliga data i analysen motsvara 2–5 populationer i Sverige av den tjockskaliga målarmusslan (Källman, 2020). Med tanke på artens begränsade spridningsförmåga i landskapet och relativt korta generationstid är det konstigt att antalet populationer är så lågt. Vad orsakerna till det låga antalet är kan vi bara spekulera om. Kan det vara så att populationerna utsätts för liknande selektionstryck i de olika vattendrag? Eller är de använda metoderna inte tillräckligt bra för att detektera populationsgenetiska skillnader? I studien, som använde microsatelliter, efterfrågas andra metoder med bättre upplösning och detektionsgrad (Källman, 2020). Ett möjligt alternativ till microsatelliter är "single nucleotide polymorphisms" (SNPs) som ger en bredare täckning av genomet och med färre fel (Farrington, King, Baker, & Gibbons, 2020).

I samband med värdfiskstudien och DNA insamlingen har Sportfiskarna även tagit med sig 30 musslor vardera från vattendragen Vedaån och Forsaån och satt dem i Sportfiskarnas musselodlingslokaler i Göteborg. Projektets syfte är att få en ökad kunskap om hur man kan odla tjockskalig målarmussla, d.v.s. vilka fiskar infekteras av musslans larver och hur man tar hand om utkläckta juvenila tjockskaliga målarmusslor. Resultaten från det projektet kommer redovisas i en separat rapport.

## Slutsatser

Kunskapen om den tjockskaliga målarmusslans ekologi i de tre undersökta åarna har ökat. Vi har en något bättre uppfattning om vilka värdfiskar som kan vara viktiga även om frågan är långt ifrån utredd. Benlöjan visar sig vara en viktig värdfisk, ett mönster vi ser på fler platser i musslans utbredningsområde. Vi har också fått en ökad förståelse för hur släktskapet mellan olika åsystem ser ut och det verkar som att populationerna i Forsaån och Vedaån inte skiljer sig åt något nämnvärt genetiskt. Det är viktiga data för den framtida förvaltningen av arten, men även i den här frågan skulle det behövas fler undersökningar och kanske med andra metoder för en större förståelse för hur släktskapet ser ut mellan och inom olika vattensystem och vad det är som påverkar att vissa populationer i Sverige visar tecken på inavel.

# Referenser

- Eveleens, R. A., & Febria, C. M. (2022). A systematic review of the global freshwater mussel restoration toolbox. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems* , 186-198.
- Farrington, S. J., King, R. W., Baker, J. A., & Gibbons, J. G. (2020). Population genetics of freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera*) in central Massachusetts and implications for conservations. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 1945-1958.
- Källman, T. (2020). *Genetisk analys av tjockskalig målarmussla från Sverige*. Stockholm: Centrum för genetisk identifiering vid Naturhistoriska riksmuseet .
- Lundberg, S., & Österling, M. (2016). *Målarmusslans återkomst - till nytta för människa, djur och natur. Handbok UC4LIFE*. Malmö: Länsstyrelsen i Skåne län.
- Lundberg, S., Bergengren, J., & Von Proschwitz, T. (2007). *Åtgärdsprogram för bevarande av tjockskalig målarmussla*. Stockholm: Naturvårdsverket.
- Modesto, V., Ilarri, M., Souza, A. T., Lopes-Lima, M., Douda, K., Clavero, M., & Sousa, R. (2018). Fish and mussels: Importance of fish for freshwater mussel conservation. *Fish and Fisheries*, 244 -259.



LÄNSSTYRELSEN  
Södermanlands län

Länsstyrelsen Södermanlands län

Besöksadress: Stora Torget 13 • Postadress: 611 86 Nyköping

010-223 40 00 • [sodermanland@lansstyrelsen.se](mailto:sodermanland@lansstyrelsen.se) • [www.lansstyrelsen.se/sodermanland](http://www.lansstyrelsen.se/sodermanland)