

Havets genetik viktig i hållbar förvaltning

KERSTIN JOHANNESSON & CARL ANDRÉ, GÖTEBORGS UNIVERSITET / LENA KAUTSKY, STOCKHOLMS UNIVERSITET

Genetiska skillnader mellan olika populationer av marina organismer är betydligt mer omfattande än vad vi tidigare trott. Denna kunskap är av mycket stor betydelse för förvaltning av biologisk mångfald. I Östersjön finns t.ex. ett flertal genetiskt unika bestånd, men även västkustens fjordar hyser lokala bestånd som behöver förvaltas med stor omsorg för att inte riskera att försvinna helt.

■ Biologisk mångfald innehåller variation på tre nivåer: ekosystem, arter och gener. Det har länge varit känt att det hos många landlevande arter finns lokala bestånd som är genetiskt skilda. Inte minst gäller detta raser och sorter inom jordbruk och skogsbruk. Däremot har uppfattningen tidigare varit att havets organismer oftast inte har särskilt stora genetiska skillnader mellan geografiska områden eftersom larver och sporer sprider sig långa sträckor med havsströmmarna. Denna uppfattning håller dock på att omvärderas.

Genetiken kartlagd

Under de sista åren har fler och fler arter fått sin genetiska variation kartlagd genom DNA-analyser. Vi har sammanställt tillgängliga data för marina arter runt svenska kusten och gjort egna genetiska undersökningar av bl.a. torsk och tång. Sammantaget framträder ett spännande men också oroväckande mönster. Ett flertal av våra vanliga marina arter är starkt genetiskt förändrade i Östersjön i förhållande till Skagerrak-Kattegatt. Det finns också exempel på genetiskt lokala populationer av t.ex. torsk på svenska västkusten.

Kunskapen om hur bestånden avgränsas genetiskt är central för en hållbar förvalt-

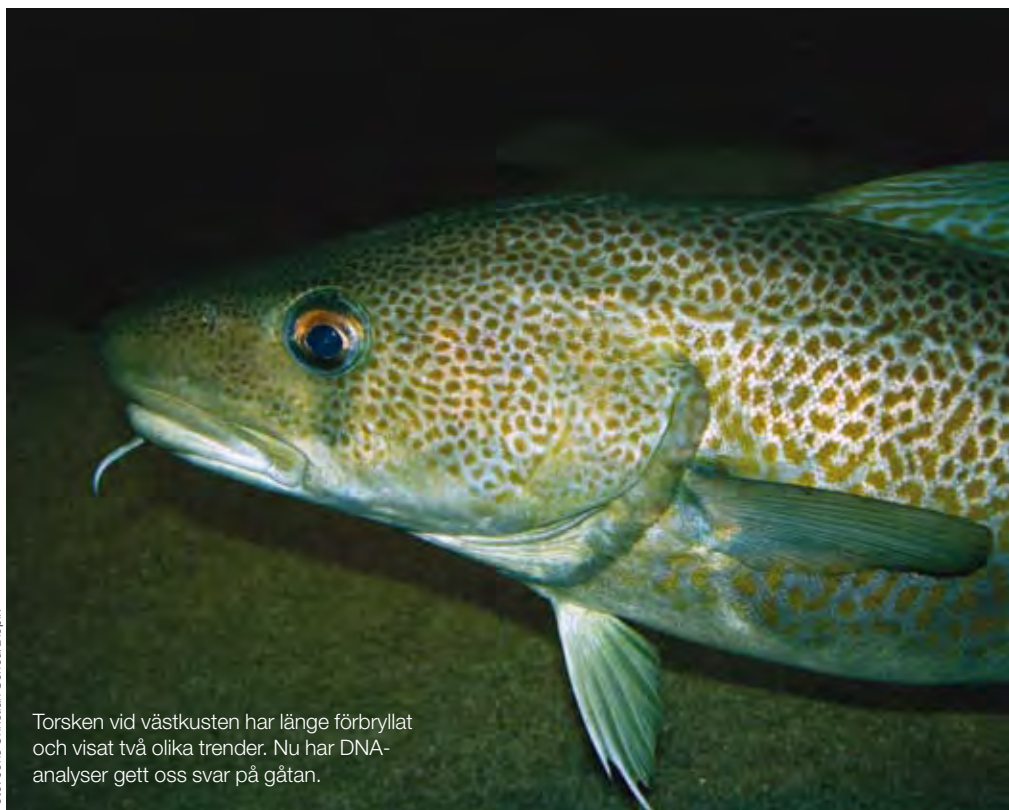


Foto: Jens Christian Schou/Biopix

Torsken vid västkusten har länge förbryllat och visat två olika trender. Nu har DNA-analyser gett oss svar på gåtan.

ning. Idag matchar den genetiska kartan dåligt avgränsningarna i förvaltningen – gränser som snarare har en politisk än en biologisk förklaring.

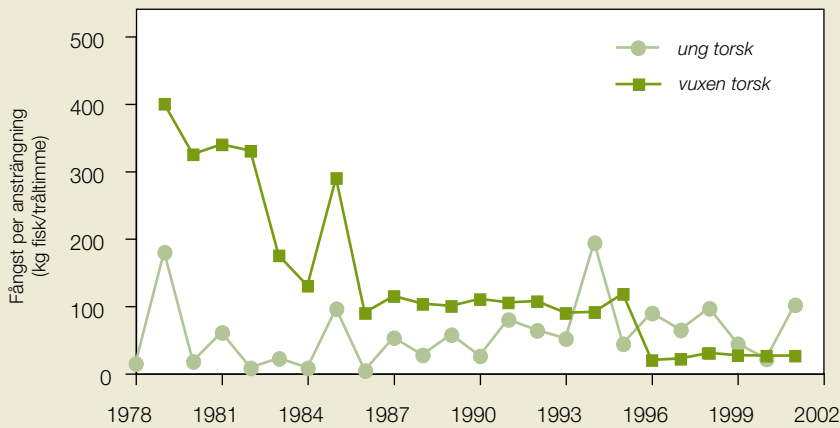
Fiskbestånd av olika ursprung

Något som förbryllat yrkesfiskare och forskare under en längre tid är att torsken vid svenska västkusten visat två olika trender. Stor torsk har reducerats kraftigt i området medan det fortsatt funnits god tillgång på ung torsk. Förväntningarna på att småtorsken ska förbättra bestånden har år efter år grusats.

DNA-analyser av både vuxen och ung

torsk visar att medan den större torsken har en lokal anknytning så domineras småtorsken av individer från Nordsjön. Dessa driver in till Västerhavet med strömmar, men när de blir lekmogna vid cirka två års ålder vandrar de tillbaka till centrala Nordsjön. Vid västkusten har det tidigare troligen funnits flera lokala torskbestånd, men många av dessa är idag förmodligen uttraderade. I Gullmarsfjorden finns dock fortfarande ett lokalt bestånd kvar, och man kan med genetiska markörer tydligt skilja detta bestånd från Nordsjötorsken. Likaså finns det lokala bestånd av torsk i norska fjordar i norra Skagerrak.

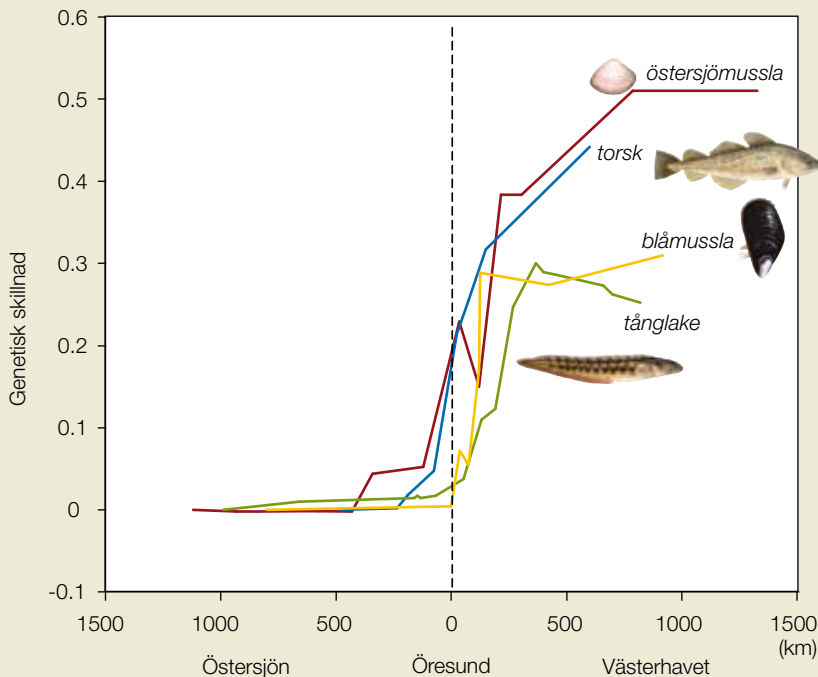
TORSKFÅNGST I SKAGERRAK – KATTEGATT



➤ Medan tillgången på vuxen torsk har minskat kraftigt i Skagerrak och Kattegatt under de sista 25 åren, så verkar ungtorsk inte visa motsvarande negativa trend. DNA-analyser visar att en stor del av småtorsken kommer som larver från Nordsjön och att denna torsk vandrar tillbaka till Nordsjön istället för att förstärka de kustnära bestånden. Bilden visar fångst per ansträngning av stor och liten torsk i Skagerrak och Kattegatt.



GENETISKA FÖRÄNDRINGAR MELLAN ÖSTERSJÖN OCH VÄSTERHAVET



➤ Exempel på arter som visar stora genetiska förändringar där Östersjön övergår i Västerhavet. Alla arter uppvisar inte detta mönster, men en majoritet av de arter som är genetiskt analyserade har någon form av genetisk förändring i Östersjön. Kunskapen om dessa förändringar är centrala för förvaltning av dessa arter.

För att rädda små, lokala bestånd är det av central betydelse att man kan skilja dem från de större som dominerar det kommersiella fisket. Fisket ska alltså inte ske på blandade bestånd.

Ett liknande exempel gäller Rügensillen som vandrar från ett begränsat lek område vid tyska Östersjökusten till Skagerrak, där de speciellt sommartid blandar sig med bestånd av Nordsjösill. För att vårda Rügensillen bör därför sillfisket i Skagerrak ske under perioder när så lite sill som möjligt från Rügen finns där.

Särpräglad Östersjötorsk

Torsken i Östersjön är i ännu högre grad genetiskt särpräglad. Redan på 1960-talet visades att blodgruppen hos Östersjöns torsk var olik den i Nordsjön. Idag finns detaljerade DNA-studier som påvisar kraftiga genetiska skillnader mellan torsken i Kattegatt och i södra Östersjön. Så stora skillnader kan bara upprätthållas om bestånden är kraftigt separerade under sin fortplantning. Östersjötorsken har också en rad anpassningar till sin speciella miljö som saknas hos torsk i Kattegatt och i övriga Nordsjön. Den leker t.ex. på sommaren istället för på vintern som i Nordsjön, och den har ägg som flyter vid lägre salthalt vilket förhindrar att de sjunker ned i Östersjöns syrefria bottenvatten.

Naturligtvis har dessa resultat en mycket stor betydelse för hur man ska förvalta Östersjötorsken. Det är inte arten torsk som ska rödlistas och räddas i första hand – torsk finns det relativt gott om i t.ex. Barents hav. Däremot behövs kraftiga insatser för att rädda det unika beståndet i Östersjön, och troligen också de lokala bestånden i bland annat Gullmarsfjorden. Fiskar vi slut på den sista Östersjötorsken så får vi nog vänta länge innan ett nytt bestånd har etablerats och anpassats till denna speciella miljö, om det någonsin sker. Ett tragiskt öde eftersom vi samtidigt vet att Östersjön under 1980-talet var kapabel att producera torsk för mer än 200 miljoner kronor per år. Vilken fiskodling!

Unik smaltång

Det är inte bara torsken i Östersjön som genomgår en mindre genetisk revolution när man passerar Öresund. Ny forskning visar att i Östersjön finns genetiskt unika bestånd av en rad marina arter. Detta innebär att hotbilden mot Östersjöns biologiska



➤ Smaltång (*Fucus radicans*) och blåstång (*Fucus vesiculosus*) är mycket nära släkt. Deras olikheter framgår dock tydligt i de områden där de växer sida vid sida. Smaltångens (till vänster) busklikna och smalbladiga bål, samt avsaknaden av flytblåsor är karaktärsdrag. Smaltång dominerar utofter svenska kusten ifrån Öregrund till Umeå, medan blåstången är ensam av de två utofter övriga svenska kusten. Smaltången är hittills bara funnen i Östersjön och den kan vara en art som också bara finns här.

mångfald är än mer allvarlig än vi tidigare trott.

Ett lika spännande som märkligt exempel är smaltången, en ny art av tång som till helt nyligen ansågs vara en dvärgform av blåstång. Smaltången är den helt dominerande fleråriga arten av brunalg i Bottenhavet. Liksom sin nära släkting blåstången bildar den tångskogar som hyser ett rikt liv av andra arter. Men smaltången är alltså inte en dvärg av blåstång utan en helt egen art med den ovanliga egenskapen att huvudsakligen föröka sig genom kloning, d.v.s. genom att små utskott av tången lossnar, faller ned till botten och fäster med nya fästorgan. Den är mycket nära släkt med blåstång, och har troligtvis helt nyligen uppstått i Östersjön från blåstång. Om så är fallet så har vi här en unik art för Östersjön.

Saknar genetisk variation

Eftersom smaltången klonar sig i stora delar av sitt utbredningsområde, saknar den nästan helt genetisk variation i dessa bestånd. Utefter svenska kusten av Bottenviken utgör en och samma klon 80 procent av alla individer. Om denna klon inte klarar en framtida miljöförändring, t.ex. en klimatförändring som orsakar lägre salt-halt i Bottenhavet, kan alltså stora delar av smaltångens bestånd raderas ut i ett svep. Eftersom det i smaltångens undervattensskogar lever många andra arter får detta ekosystem sig en rejäl knäck om smaltången skulle försvinna. Miljömyndigheterna måste i detta fall se till att, så gott det går, skydda bestånd av smaltång. Om storskaliga klimatförändringar hotar kanske också en genbank måste läggas upp för att kunna återskapa försvunna bestånd.

Variation inom små avstånd

Den vanliga blåstången uppvisar också stora genetiska skillnader mellan bestånden i Östersjön och Västerhavet. Men vad som förvånar än mer är att bestånd av blåstång på betydligt mindre avstånd från varandra, bara 10 meter, kan uppvisa genetiska skillnader. Detta förklaras av att spermier och ägg är kortlivade och att det befruktade ägget snabbt sjunker till botten. Därmed sprider sig blåstångens gener ovanligt dåligt.

Med genetisk variation på så små avstånd som hos blåstång kan man förvänta sig att det också finns kraftiga lokala anpassningar till olika miljöer. Mycket riktigt så varierar också blåstången i form och storlek mellan olika miljöer, även om en del av dessa olikheter kan förklaras av direkt miljöpåverkan. Det som är gene-



Foto: Patrik Larsson

Strandsnäckor finns på klippor och stenar utmed svenska västkusten. Ett par av arterna uppvisar stora genetiska skillnader redan på några meters avstånd, ofta genom lokala anpassningar på mikroskala som en följd av att strandmiljön är extremt variabel.

tiska skillnader i anpassningar är dock desto viktigare, och kan betyda att lokala blåstångsbestånd, specialanpassade till en viss miljö, kan vara svåra att ersätta. Under den ur evolutionär synvinkel korta tid som blåstång levt konstant under vattenytan i Östersjön har den förlorat förmågan att tåla uttorkning och infrysning. Dessa egenskaper är väsentliga för artens överlevnad på västkusten liksom på övriga tidvattenskuster. Östersjöplantor av blåstång skulle därför inte överleva om de flyttades till Västerhavet. Försök har gjorts att återinplantera blåstång i områden där den eliminerats av miljöstörningar. Att sådana försök hittills har misslyckats kan eventuellt förklaras av att unika genetiska egenskaper saknats hos de plantor man använt från andra miljöer. Även här behöver vi alltså beakta att en tångplanta från ett bestånd inte kan förutsättas ha samma egenskaper som en tångplanta från ett annat bestånd.

Strandsnäckor med eget protein

Hos strandsnäckor har vi studerat detta fenomen i detalj och visat att hos några av de svenska strandsnäcksorterna finns på bara några få meters håll mycket viktiga genetiska olikheter som kan betyda skillnaden mellan liv eller död. I fallet levandefödande strandsnäcka (*Littorina saxatilis*) finns ett litet protein som katalyserar en central kemisk reaktion i cellen i samband med att snäckorna torrläggts vid lågvatten och vackert väder. Detta protein har två olika varianter, den ena varianten är helt dominerande högt uppe på klippstranden

där snäckorna ofta utsätts för uttorkning. Den andra varianten finns nära vattenlinjen, där snäckorna sällan blir torrlagda. Om man flyttar snäckor från vattenlinjen någon meter upp på klippan, eller tvärtom, så minskar deras överlevnad med i grova drag 40 procent, enbart på grund av att de har fel sorts protein och därmed alltså fel gen som bestämmer proteinets konstruktion. Det kan tyckas konstigt att snäckor ifrån en relativt torr miljö högt upp på stranden inte skulle trivas bättre om de flyttades ned en bit där de oftare kan befinna sig under vatten. Skälet är att det protein det handlar om är bra att ha när man ofta sitter indragen i skalet och då behöver spara på energi så mycket som möjligt. Det här snåla proteinet är dock sämre i situationer när man inte behöver spara, eftersom man då växer sämre i förhållande till andra individer.

Kraftfullt redskap för förvaltning

Naturligtvis kan man inte förvalta arter på en skala av några få meter, men kunskapen om enskilda arters genetiska variation över olika rumsskalor är nödvändig för en långsiktigt uthållig förvaltning. Med DNA-analys har vi fått ett kraftfullt redskap för att ta fram denna kunskap. 🐌

LÄSTIPS

Johannesson K & André C. 2006. *Invited review: Life on the margin - genetic isolation and loss of variation in a peripheral marine ecosystem.* Molecular Ecology. 15: 2013-2030.

Stenseth NC, PE Jorde, Kung-Sik Chan, H Knutsen, C André, M Skogen & K Lekve. 2006. *Ecological and genetical impact of larval drift: the Atlantic Cod as an example.* Proc Royal Soc Lon Ser B. 273: 1085-1092.

Ruzzante D, Mariani S, Bekkevold D, Andre C, Mosegaard H, Clausen L, Dahlgren T, Hutchinson W, Hatfield E, Torstensen E, Brigham J, Simmonds J, Laikre L, Larsson L, Stet R, Ryman N, Carvalho G. 2006. *Biocomplexity in a highly migratory marine pelagic fish.* Proc Royal Soc Lon Ser B. 273: 1459-1464.

Tatarenkov A, Bergström L, Jönsson RB, Serrao EA, Kautsky L & Johannesson K 2005. *Intriguing asexual life in marginal populations of the brown seaweed Fucus vesiculosus.* Molecular Ecology 14: 647-651