



Naturhistoriska  
riksmuseet

## RAPPORT

Datum  
2018-05-09

Dnr  
4.1-xxx-2018

1(3)



Centrum för genetisk identifiering

# DNA-analys av vävnadsprover från musslor

Naturhistoriska riksmuseet

---

Postadress:  
Box 50007  
104 05 Stockholm

Besöksadress:  
Frescativägen 40  
114 18 Stockholm

Telefon: 08-519 540 00  
Telefax: 08-519 540 85  
registrator@nrm.se

Centrum för genetisk identifiering vid Naturhistoriska riksmuseet är en uppdragsfinansierad verksamhet som erbjuder myndigheter och organisationer hjälp med genetiska analyser av biologiskt material.

### Uppdraget

Centrum för genetisk identifiering (CGI) har 2017 fått i uppdrag av UC Life Denmark att DNA-analysera 23 st vävnadsprover från musslor för artbestämning.

### Resultatredovisning

Some preliminary results from swedish and danish *Unio crassus*-populations. The methodology follows Feind (Feind et al. 2018). Analysis was done using Genalex and Genepop.

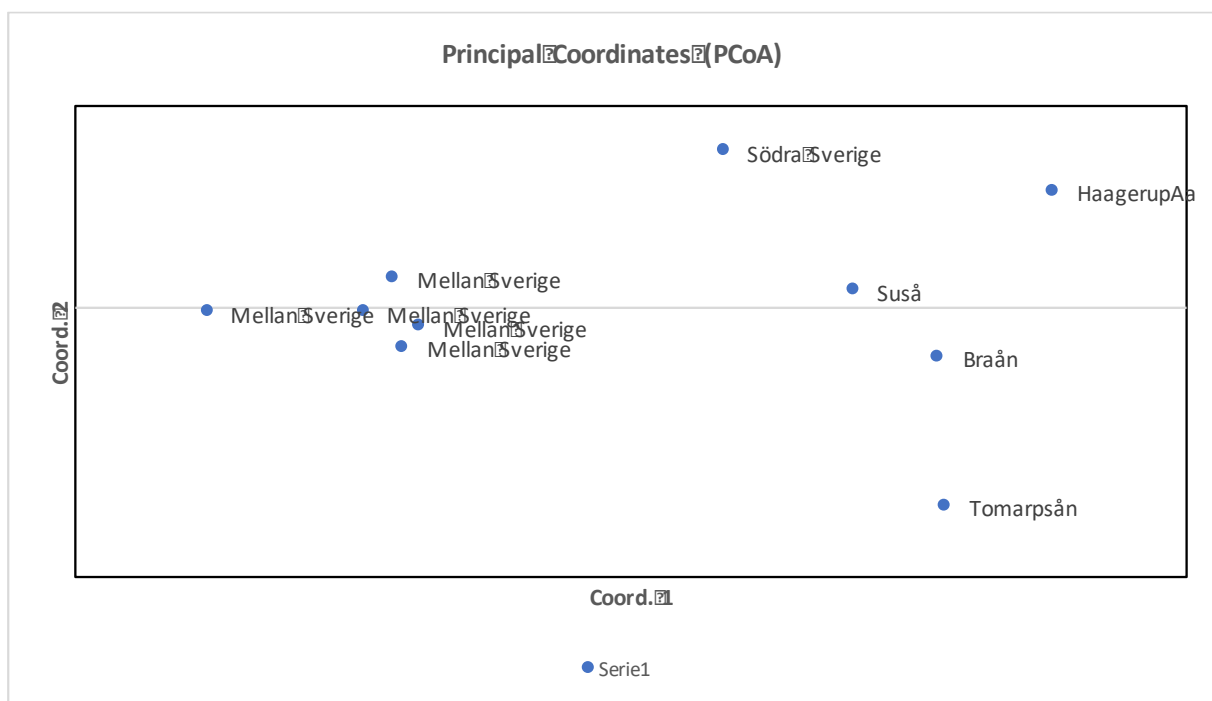


Figure 1. PCA-plot based on genetic distances

Table 1. Percentage of variation explained in PCA-plot (fig. 1)

Axis	1	2
%	49.73	21.06
Cum %	49.73	70.79

Table 2. Descriptive statistics for the populations of interest.

Population		N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Braån	Mean	5.111	4.000	3.067	1.074	0.564	0.535	0.586	-0.035
	SE	0.754	0.850	0.663	0.240	0.134	0.110	0.120	0.102
Haagerup	Mean	7.778	4.111	2.817	1.029	0.481	0.510	0.544	0.063
	SE	1.690	0.889	0.634	0.232	0.132	0.108	0.116	0.146
Suså	Mean	4.000	3.667	2.911	1.049	0.467	0.557	0.633	0.274
	SE	0.601	0.782	0.622	0.205	0.149	0.087	0.096	0.205
Tomarpsån	Mean	5.444	3.556	2.395	0.883	0.475	0.458	0.545	0.107
	SE	1.082	0.915	0.585	0.218	0.153	0.091	0.111	0.233

Na = No. of Different Alleles

Ne = No. of Effective Alleles =  $1 / (\text{Sum } \pi^2)$

I = Shannon's Information Index =  $-1 * \text{Sum } (\pi * \text{Ln } (\pi))$

Ho = Observed Heterozygosity = No. of Hets / N

He = Expected Heterozygosity =  $1 - \text{Sum } \pi^2$

uHe = Unbiased Expected Heterozygosity =  $(2N / (2N-1)) * \text{He}$

F = Fixation Index =  $(\text{He} - \text{Ho}) / \text{He} = 1 - (\text{Ho} / \text{He})$

Where  $\pi$  is the frequency of the  $i$ th allele for the population &  $\text{Sum } \pi^2$  is the sum of the squared population allele frequencies.

Table 3. Genotypic differentiation, p-value for each population pair across all loci (Fisher's method)

Population pair	Chi2	df	P-Value
Braån/Haagerup Aa	25.729627	16	0.057953
Haagerup Aa/Suså	17.941794	14	0.209445
Braån/Tomarpsån	34.034541	14	0.002039
Haagerup Aa/Tomarpsån	53.070184	14	0.000002
Suså/Tomarpsån	14.107101	10	0.168162
Braån/Suså	10.265027	16	0.852426

Resultat och DNA-extrakt lagras hos NRM.

Niclas Gyllenstrand  
Intendent

## Referenser

Feind, S., Geist, J. & Kuehn, R., 2018. Glacial perturbations shaped the genetic population structure of the endangered thick-shelled river mussel (*Unio crassus*, Philipsson 1788) in Central and Northern Europe. *Hydrobiologia*, 810(1), pp.177–189.