



Aqua reports 2019:18

Genetisk analys av avelsfisk

Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar

Linda Söderberg, Johan Östergren och Stefan Palm



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Department of Aquatic Resources

Genetisk analys av avelsfisk

Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar

Linda Söderberg, Johan Östergren och Stefan Palm

Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser,
Stångholmsvägen 2, 178 93 Drottningholm

november 2019

Aqua reports 2019:18

ISBN: 978-91-576-9694-6 (elektronisk version)

E-post till ansvarig författare:

joan.ostergren@slu.se

Rapportens innehåll har granskats av:

Jens Olsson, **Sveriges lantbruksuniversitet**, Institutionen för akvatiska resurser

Björn Rogell, **Sveriges lantbruksuniversitet**, Institutionen för akvatiska resurser

Vid citering uppge:

Söderberg, L., Östergren, J., Palm, S. (2019). Genetisk analys av avelsfisk. Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar. Aqua reports 2019:18. Institutionen för akvatiska resurser, **Sveriges lantbruksuniversitet**, Drottningholm Lysekil Öregrund. 53 s.

Nyckelord:

DNA, mixed stock analys - MSA, ursprung, genetisk märkning, kompensationsodling,

Rapporten kan laddas ned från:

<http://pub.epsilon.slu.se/>

Finansiär:

Vattenfall, Statkraft, Ljungans vattenregleringsföretag, SLU (SLU ID: SLU.aqua.2018.5.2-353), Ångermanälvens vattenregleringsföretag

Chefredaktör:

Noél Holmgren, prefekt, institutionen för akvatiska resurser, Lysekil

Framsida: Kramning av hona 675 på SLU i Älvkarleby. Foto: Erik Petersson.

Baksida: Kramning av hane 691 på SLU i Älvkarleby. Foto: Erik Petersson.

Sammanfattning

I flera av Sveriges stora älvar sker odling och utsättning av lax och havsöring som kompensation för minskad naturlig reproduktion orsakad av vattenkraften. All kompensationsodlad utsatt fisk ska vara fenklippt, och en mindre andel ska enligt vattendom även vara märkt på annat sätt. Längre har så kallade Carlin-märken använts för storskalig s.k. ”driftsmärkning” av laxungar (smolt). Av olika skäl har dock återrapporteringen av märkt fisk sjunkit, och Carlin-märkena har även visat sig kunna påverka fisken negativt. Som alternativ till yttre märken kan man dra nytta av att all fisk är ”genetiskt märkta” från födseln. Genom DNA-prov från avelsfisk kan man göra diverse uppföljningar av odlingsverksamheten som att identifiera felvandrare och familjegrupper, samt avgöra om avelspar är helsyskon. Med tiden går det även att identifiera den återvändande lekfishens föräldrar från tidigare års avel.

I denna rapport presenteras resultat efter DNA-analys av lax och havsöring från sex respektive fem kompensationsodlingar i Sverige. Målsättningen har varit att lägga grunden för ett ”genetiskt märkningsprogram” för dessa arter.

Samtliga odlade stammar uppvisade jämförelsevis hög genetisk variation, vilket kan förklaras av att nya avelsfiskar fångas in till aveln varje år och att ”felvandring” mellan älvar förekommer (dvs. fisken simmar upp i annan älv än där den är född). Inom aveln 2017 och 2018 var det mest älvseget material som användes, men det förekom även en andel felvandrare. Den genetiska likheten var högre mellan fisk från olika år inom samma älv jämfört med andra älvar. Generellt var de odlade stammarna från närliggande älvar mer genetiskt lika, vilket är samma mönster som förekommer bland vilda bestånd av lax och havsöring. Havsöringen från Luleälven var dock genetiskt mest lik den från Dalälven och Ljusnan, trots det geografiska avståndet, vilket sannolikt återspeglar äldre omflyttningar av fisk (och därmed genetiskt material).

Ett flertal helsyskongrupper av varierande storlek kunde identifieras bland lekfishen, och i några fall hade helsyskon av slumpen också parats med varandra. Skellefteälven har låtit DNA-analysera sina avelslaxar under flera år; bland avelsfisken 2018 från denna älv gick det därför att identifiera 89 (utav 100) laxar som avkomma till tidigare analyserade föräldrar från aveln 2014.

Summary

Hatchery reared salmon and sea trout are released in several of Sweden's major rivers, as compensation for reduced natural reproduction due to hydropower exploitation. To separate hatchery fish from wild conspecifics, all farmed fish released must have their adipose fin removed. In addition, according to water court decisions, a small amount of the released fish must be individually tagged. For many years, external tags (i.e. Carlin-tags) were used for large-scale tagging of smolts. However, for several reasons the reporting rates of recaptured tags in the Baltic Sea have declined significantly, and therefore it has been a reduction in the use of the Carlin-tags.

As an alternative to external tags, one can utilise the fact that all individuals are "genetically labeled" from birth by individually unique DNA-profiles. Collection of DNA-samples from spawners allows for various follow-ups of breeding activities such as identification of full-siblings among spawners and of strayers from other rivers. Over time, it is also possible to assign parents to returning offspring.

In this report we presents results following DNA analysis of salmon and sea trout spawners from six and five compensatory hatcheries in Sweden, respectively. The aim has been to lay the foundations for a "genetic labeling program" for these species.

All hatchery stocks showed comparatively high levels of genetic variation, which can be explained by the fact that new spawners are collected each year (i.e. sea ranching) and that straying between rivers occurs (i.e. some fish migrate to another river than where it was born). Brood stocks in 2017 and 2018 mainly consisted of "homers" although some strayers could be identified. Genetic similarity was higher between years within rivers than it was between rivers. Generally, hatchery stocks in neighboring rivers were also genetically more similar to each other – a pattern seen in wild salmon and sea trout. However, sea trout from northern Lule River deviated by being genetically most similar to sea trout from the distant southern rivers Dalälven and Ljusnan. These similarities could reflect earlier transfers of fish (genetic material) between hatcheries.

A number of full-sibling groups of varying sizes were identified among the analysed spawners, and in some cases full-sibs had also been artificially fertilised. The hatchery at River Skellefteälven have had their brood-stock genetically analysed for several years; for the fish stripped in 2018 it was possible to identify parents (from 2014) to 89 % of the returning spawners.

Innehållsförteckning

1	Inledning	7
2	Material och metoder	11
2.1	Insamling	11
2.2	Laborativa analyser	11
2.3	Statistiska analyser	12
2.3.1	Genetisk variation	12
2.3.2	Syskonanalys	13
2.3.3	Ursprungsanalys	14
2.3.4	Föräldraskapsbestämning	15
3	Resultat och diskussion	16
3.1	Lax	16
3.1.1	Genetisk variation	16
3.1.2	Syskonanalys	19
3.1.3	Ursprung för avelslaxen	19
3.1.4	Föräldraskapsbestämning	23
3.2	Havsöring	24
3.2.1	Stammarnas genetiska variation	24
3.2.2	Syskonanalys	26
3.2.3	Ursprung för avelsöringen	28
4	Fortsatt arbete	31
5	Tack	32
6	Referenser	33
	Bilaga 1.	35
	Bilaga 2.	37
	Bilaga 3.	38

1 Inledning

Lax (*Salmo salar*) och havsöring (*Salmo trutta*) återvänder i hög grad till det vattendrag där de är födda (Stuart 1957). Detta beteende (s.k. homing) har lett till utveckling av genetiskt distinkta populationer, vilka antas vara evolutionärt anpassade till det specifika vattendraget eller geografiska området. Som konsekvens har individer som återvänder till sitt ursprungsområde ofta högre reproduktiv framgång än fisk från andra vattendrag (Mobley m.fl. 2019). Det förekommer även en låg grad av naturlig ”felvandring” mellan vattendrag (Jonsson m.fl. 2003; Quinn 2004) vilket möjliggör upphov till nya populationer, samtidigt som det kan ha en stabiliserande effekt på befintliga bestånd genom att motverka inavel (Walter m.fl. 2009).

Runt Östersjön fanns historiskt (ca 100 år sedan) drygt 80 vattendrag med vild lax. Idag finns ca 30 vildlaxvattendrag kvar, varav 16 i Sverige. Minskningen av antalet laxförande vattendrag beror på mänskliga aktiviteter, inte minst vattenkraftsbyggnad. Även havsöringen, som utöver större älvar också förekommer i många mindre vattendrag (där lax ofta saknas), har påverkats negativt genom att mängden lämpliga habitat har minskat.

För att kompensera fisket för reproduktionsförluster orsakade av vattenkraftsbyggnad sker odling av lax och havsöring i sju utbyggda svenska älvar som mynnar i Bottniska viken (Figur 1). Sådan ”kompensationsodling” sker även på västkusten (Lagan, Göta älv) samt i några av våra större sjöar. För de flesta av de utbyggda älvarna finns en av vattendoms reglerad skyldighet att sätta ut fisk för kompensation. Av domarna framgår oftast hur mycket av olika fiskarter (i regel lax och öring, men ibland även andra arter som sik) som ska frisläppas, samt om fisken ska vara märkt (i vissa fall även hur den ska vara märkt). Sedan omkring 15 år ska all odlad lax och havsöring i Sverige vara fettfeneklipt innan den sätts ut, för att man enkelt ska kunna skilja mellan odlad och vildfödd fisk. Information om andelen fettfeneklipt lax och öring i fångster används som kunskapsunderlag vid fiskförvaltning, men metoden kan inte användas för att avgöra ifrån vilken älv eller odling den märkta fisken härstammar.

Sedan kompensationsodling i stor skala inleddes under mitten av 1900-talet har det skett en ständig teknisk utveckling av verksamheten. Exempelvis har foder, odlingsmiljö, och hantering av fisk förändrats och förbättrats över tid. En viktig del i verksamheten har varit uppföljning av frisläppta lax- och havsöringsungar genom märkningsprogram, där man främst nyttjat så kallade Carlin-märken vilka sätts utvändigt på fisken. Under senare år har även inre passiva radiomärken (pit-tags) börjat användas för uppföljningar och forskningsprojekt i vissa älvar där man med hjälp av antennlösningar registrerar den återvändande fisken.

Yttre fiskmärken (t.ex. Carlin) har fördelen att de syns med ögat och samtidigt ger detaljerad information om var och när individen märktes och sattes ut. Metoden kräver dock ett fungerande rapporteringssystem samt att stora mängder fisk märks för att man ska kunna erhålla tillräcklig information från återfångster. Carlin-märkning kan även påverka fisken negativt genom en ökad mängd yttre skador och sänkt överlevnad (Palm m.fl. 2018). Sedan inledningen av 2000-talet har användningen av Carlin-märkning av lax och havsöring minskat påtagligt i de svenska kompensationsodlade älvarna, samt i andra länder kring Östersjön. Inte bara användningen utan även andelen återrapporterade märken har sjunkit kraftigt, vilket antas bero på en kombination av försämrad naturlig havsöverlevnad, ett minskande yrkesmässigt fiske samt en sjunkande rapporteringsvilja (Palm m.fl. 2018). När mängden och återrapporteringen av Carlin-märken minskar behöver man nya metoder för att utvärdera fångster, återfångster och vandringsmönster hos lax och havsöring.

Ett alternativ till yttre fiskmärken är att utnyttja det faktum att alla individer bär på en unik genuppsättning och därmed är ”genetiskt märkta” från födseln. Om man konsekvent samlar in och analyserar vävnadsprov (t.ex. fjäll eller en fenbit) från samtliga avelsfiskar, d.v.s. föräldrarna till den smolt som senare släpps ut, kan man med hög säkerhet identifiera vilka som är föräldrarna till nästa generation av återvändande avelsfiskar vilka fångas och provtas ca 3-5 år senare (Palm & Söderberg 2017). Utifrån genetisk analys kan man även identifiera felvandrare från andra älvar, samt skatta individernas inbördes släktskap inom populationer (älvar).

I kraftverksbolagens odlingsverksamhet vill man långsiktigt bevara de älvsegna stammarna genetiska variation och särart, samt begränsa inavelseffekter. Inavel har ofta en negativ effekt på populationer över tid, den kan t.ex. minska tillväxt, fertilitet och överlevnad hos avkomman (Kincaid 1976; Su m.fl. 1996). På odlingarna är det således önskvärt att kunna ta hänsyn till de parade individernas släktskap. Även felvandring på onaturligt höga nivåer – en särskild risk när avelsfiske sker nära älvmynningen – är ett problem, då detta över tid förväntas reducera de odlade stammarnas genetiska särart.

Sedan några år har vissa av de svenska kompensationsodlingarna påbörjat DNA-analys av avelsfisk. (Östergren 2014; Östergren & Lind 2015; Lind & Östergren

2016; Söderberg & Palm 2017; 2018a; 2018b). I flera fall har provtagning och genetisk analys genomförts under ett eller två år, och i Skellefteälven (Kvistforsens laxodling) har man undersökt avelslaxen genetiskt varje år sedan 2014 (Östergren & Lind 2015; Lind & Östergren 2016; Söderberg & Palm 2017; 2018a).

I denna rapport presenteras resultat av DNA-analyser av avelsfisk (lax och havsöring) insamlade under 2017 och 2018 från sju kompensationsodlingar, varav sex i Östersjön och en på västkusten (Figur 1). Vi beskriver den genetiska variationen/strukturen bland dagens odlade stammar, samt identifierar återvandrande helsyskon och felvandrade individer. För en av de kompensationsodlade laxstammarna (Skellefteälven), presenteras även resultat från genetiska föräldraskapsbestämningar, där återvändande individer från 2018 kunnat kopplas till fyra år tidigare kramad och analyserad avelsfisk.

Detta arbete utgör startpunkt för ett ”genetiskt märkningsprogram”, där ett grundläggande syfte är att stegvis bygga upp en databas med genetisk information från kompensationsodlingarna som kan användas för att härleda ursprung (älv, år, föräldrar) för odlad lax och havsöring. De data som erhålls kan användas för att bygga upp stamtavlor (pedigreer) som kan användas till grund för utvärderingar (odlingstekniker eller förvaltningsstrategier, effektiv populationsstorlek, familjeberoende tillväxt och dödlighet, etc.), potentiella förbättringar av avelsarbetet, samt framtida forskningsprojekt.



Figur 1. Karta över fiskodlingar i Sverige som odlar lax och/eller havsöring. Denna studie fokuserar på analys av avelsfisk från följande odlingar: Laholm (Lagan), Brobacken (Dalälven), Ljusneströmmar (Ljusnan), Omega Lax (tidigare Ovasjön-Galtströmmen, Ljungan), Bergforsen (Indalsälven), Långsele (Ångermanälven), Kvistforsen (Skellefteälven) och Heden (Luleälven).

2 Material och metoder

2.1 Insamling

Studien omfattar kompensationsodlad lax och havsöring från följande vattendrag: Dalälven, Ljungan, Indalsälven, Ångermanälven, Skellefteälven, Luleälven, Lagan (Figur 1; Tabell 1). Vävnadsprover samlades in i samband med kramning av avelsfisk (Tabell 1; Tabell 3; Tabell 6). Två av odlingarna samlade in genetiskt material 2017 inom detta projekt (Dalälven och Ångermanälven), medan sju odlingar tog prover 2018. För studien fanns även genetiskt material insamlat 2017 från fyra odlingar men som ursprungligen har analyserats inom andra projekt (Lagan, Ljusnan, Indalsälven och Skellefteälven). Vävnaden bestod av fjäll (Dalälven 2018) eller fena (övriga) i form av fenklipp tagna manuellt (sparade i 95 % etanol) eller med särskild märkningsprovtagare (sparade i 70 % etanol). I samband med den genetiska analysen flyttades fenvävnaden från märkningsprovtagare över till 95 % etanol för att bevaras bättre. Fenprov från havsöring tagna med provtagare var i de flesta fall så små att all vävnad förbrukades för denna studie.

Utöver vävnadsprov erhöles information om fiskens kön, honornas storlek (vikt, ibland även längd) samt parningsschemat (vem/vilka fiskar som den aktuella individen parats med). Från några av odlingarna erhöles även viktuppgifter för hanar. Från Dalälven, Lagan och Ljungan levererades information om fisken var fettfeneklipt eller inte. Bland laxen från Skellefteälven och Luleälven, samt öringen från Luleälven, var all fisk fettfeneklipt, medan individuell information om fenklippning i övriga fall saknades.

2.2 Laborativa analyser

Laborativa genetiska analyser (DNA-extraktion, PCR och fragmentanalys) utfördes för lax med 18 DNA-markörer (s.k. mikrosatelliter) enligt tidigare utarbetade pro-

tokoll (Palm m.fl. 2008; Whitlock m.fl. 2018). För havsöring användes 16 mikrosatellit-markörer, varav tio använts under en längre tid vid Sötvattenslaboratoriet (Dannewitz m.fl. 2003). Övriga sex markörer har nyligen optimerats för vårt laboratorium, men har använts inom tidigare studier av öring från olika delar av Östersjön (Koljonen m.fl. 2014; Östergren m.fl. 2016).

2.3 Statistiska analyser

2.3.1 Genetisk variation

Programmet FSTAT (Goudet 1995) användes för beräkning av mängd genetisk variation (förväntad heterozygotigrad H_E och allelic richness A_R) samt F -statistik. Alla beräkningar i FSTAT baserades på samtliga markörer (18 för lax och 16 för havsöring). För att åskådliggöra genetiska skillnader och likheter mellan olika stammar gjordes ett dendrogram ("släktskapsträd") för respektive art. Dendrogrammen var baserade på parvisa genetiska avstånd (Cavalli-Sforza & Edwards 1967) och konstruerades enligt neighbor-joining metoden med programmet PHYLIP (Felsenstein 2004). För att skatta graden av statistiskt stöd för olika grenar (grupperingar) i dendrogrammen användes s.k. bootstrapping (1000 replikat). För lax användes endast 17 markörer så att dendrogrammet även kunde inkludera tidigare analyserade prov (Whitlock m.fl. 2018). För havsöring baserades dendrogrammet (2017 och 2018 års analyserade data) på samtliga 16 markörer. För jämförelse med ytterligare, tidigare analyserade, material konstruerades även ett dendrogram baserat på 10 markörer.

Tabell 1. Beskrivning av prover som finns insamlade och analyserade för respektive art, odling och år, samt planerade provtagningar där överenskommelse finns (kryss inom parentes). Denna rapport är fokuserad på resultat för prover från 2017-2018. Ljusnan har ännu inte bestämt om man ska DNA-analysera lax och/eller öring kramad 2020-2022 (gråmarkerade kryss). Notera att för Indalsälven 2017 (havsöring) och Skellefteälven 2017 (havsöring) är inte samtliga avelspar analyserade (dessa prover har analyserats inom separat projekt). Även Ljusnan 2017 (havsöring) kommer från ett tidigare projekt, men i detta fall finns samtliga avelspar analyserade.

Vattendrag	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	
LAX	Lagan			X	X	X	(X)*	(X)*	(X)*	(X)*	*
	Dalälven				X	X	(X)	(X)*	(X)*	(X)*	*
	Ljusnan	X	X			*	(X)*	(X)	(X)	*	
	Indalsälven					X	(X)	(X)	(X)*	(X)*	*
	Ångermanälven				X	X	(X)	(X)*	(X)*	(X)*	*
	Skellefteälven	X	X	X	X*	X*	(X)*	(X)*	(X)*	(X)*	*
	Luleälven					X	(X)	(X)	(X)*	(X)*	*
ÖRING	Dalälven				X	X	(X)	(X)	(X)*	(X)*	*
	Ljusnan				X			(X)	(X)*	(X)*	
	Ljungan					X	(X)	(X)	(X)	(X)*	*
	Indalsälven				X	X	(X)	(X)	(X)*	(X)*	*
	Ångermanälven				X	X	(X)	(X)	(X)*	(X)*	*
	Skellefteälven				X			(X)	(X)	(X)*	*
	Luleälven					X	(X)	(X)	(X)	(X)*	*

* markerar år när avkomma till tidigare analyserade föräldrar från samma älv kan förväntas återvända (beror på om ett- eller tvåårig smolt sätts ut). Första året kan endast fisk med ett år i havet föräldraskapsbestämmas.

2.3.2 Syskonanalys

För att undersöka förekomst av helsyskon inom respektive prov användes programmet COLONY 2.0.6.3 (Jones & Wang 2010). Vid syskonanalys med detta program behöver man ta hänsyn till föräldrarnas parningsmönster, d.v.s. om man i föregående generation konstbefruktat en hona med en hane (monogami; mono) eller om man använt flera hanar för samma hona eller *vice versa* (polygami; poly). Hur man parar lax och havsöring skiljer sig åt mellan olika odlingar och ibland även mellan år på samma odling. Modellen anpassades efter det parningsmönster som odlingarna använt. I de fall där lekfisken härstammade från kramningsår där man använt olika parningsmönster användes genomgående inställningen polygami (Tabell 2).

Tabell 2. Information om vilket parningsmönster (avseende föregående generation) som använts vid analys med COLONY för avelsfisk från 2017 och 2018. Hona/Hane anger antalet parade individer av respektive kön.

Vattendrag	År	lax	Hona/ Hane	Öring	Hona/ Hane
Lagan	2018	Mono	64/64		0/0
Dalälven	2017	Poly	97/97	Poly	46/46
Dalälven	2018	Poly	117/117	Poly	41/52
Ljusnan	2017		0/0	Poly	96*
Ljungan	2018		0/0	Mono	55/55
Indalsälven	2018	Mono	100/100	Mono	100/100
Ångermanälven	2017	Poly	19/38	Poly	40/40
Ångermanälven	2018	Poly	90/90	Poly	50/50
Skellefteälven	2018	Poly	50/50		0/0
Luleälven	2018	Mono	218/218	Mono	56/56

*Könsuppgifter saknas (totalt 96 individer analyserade).

2.3.3 Ursprungsanalys

2.3.3.1 Lax

För att bestämma vilken älv de provtagna avelslaxarna härstammade ifrån användes programmet ONCOR (Kalinowski m.fl. 2008). Med hjälp av en genetisk referensdatabas (s.k. *baseline*) kan man med detta program dels skatta den mest sannolika andelen individer (med konfidensintervall) från olika stammar i ett prov (s.k. *Mixed Stock Analysis*, MSA) samt beräkna konditionella sannolikheter att enskilda individer härstammar från de stammar som ingår i referensdatabasen (s.k. *Individual Assignment*, IA). Vid IA bedömdes individer med en sannolikhet högre än 95 % som ”säkra” medan övriga bedömdes som ”osäkra”. Varje odling analyserades separat, och olika referensdatabaser användes för lax från Östersjön respektive västkusten (Lagan). För Östersjöloxen användes genetiska data för samtliga sju svenska kompensationsodlade stammar analyserade med 17 markörer. För 38 vilda (dokumenterat oklippta) laxar från Dalälven analyserades även ursprunget för varje enskild individ med IA med hjälp av en större referensdatabas omfattande både vild och odlad lax från hela Östersjöområdet (Whitlock m.fl. 2018). För Lagan användes en referensdatabas bestående av 17 huvudvattendrag med vilda och odlade populationer från svenska västkusten analyserade med samtliga 18 markörer (Söderberg m.fl. under bearbetning).

2.3.3.2 Havsöring

För havsöring saknades inför denna studie en genetisk referensdatabas som inkluderade samtliga odlade svenska Östersjöstammar. Däremot fanns från tidigare studier genetiska data för ett betydande antal svenska havsöringspopulationer (dock inte alla), analyserade för 10 markörer.

För att med hjälp av simuleringsanalys identifiera individer som var osannolika att härstamma från någon av de odlade stammar som ingick i denna studie (Tabell 1) användes i ett första steg programmet GENECLASS 2.0 (Piry m.fl. 2004). I korthet jämfördes varje individs genotyp (16 markörer) med 10 000 simulerade individer för respektive stam (enligt Paetkau m.fl. 2004); den minoritet av individerna som befanns ha låg sannolikhet ($p < 0,01$) att härstamma från någon av de sju kompensationsodlade svenska stammarna bedömdes som potentiella ”felvandrare” från okända populationer (vilda, odlade finska, etc.) och dessa uteslöts därför från den nya referensdatabas som konstruerades för att identifiera felvandrare mellan svenska odlade stammar av havsöring.

Med ONCOR utvärderades först den nya databasen för odlad havsöring (16 markörer), med s.k. 100 % simulering samt self-assignment (leave-one-out-test). Dessa analyser ger information om hur väl grupper av datorsimulerade individer (100 % simulering) respektive enskilda individer (self-assignment) från en viss population kan härledas tillbaka till sitt korrekta ursprung. Motsvarande analyser har tidigare genomförts av motsvarande databas för Östersjölax (Östergren & Lind 2015; Östergren m.fl. under granskning). ONCOR användes därefter för att via IA, på samma sätt som för lax (se ovan), skatta det mest sannolika ursprunget bland de odlade stammarna.

2.3.4 Föräldraskapsbestämning

För föräldraskapsbestämningar av lax från Skellefteälven användes programmet MYKISS (Kalinowski 2008) och data för samtliga 18 laxmarkörer (36 enskilda anlagsvarianter per individ). Programmet fick självt identifiera potentiella föräldrapar bland samtliga provtagna honor och hanar från alla tidigare år. Maximalt accepterades högst två ”avvikelser” (ej helt överensstämmande genotyper) mellan avkomma och det utpekade mest sannolika potentiella föräldraparet. Sådana avvikelser utifrån observerade genotyper hos identifierade föräldrar och dess avkomma kan bero på nymutation, feltolkning eller att någon genotyp inte kunnat bestämmas (t.ex. vid bristande DNA-kvalitet).

3 Resultat och diskussion

Ett fåtal individer fick uteslutas på grund av dålig kvalitet på DNA eller att de klassats som fel art (inklusive lax/öring-hybrider). Från Ångermanälven togs fyra laxar och fem öringar bort på grund av bristande DNA-kvalitet. Två individer från Dalälven (noterade som lax respektive öring) togs bort eftersom den ena visade sig vara en arthybrid medan den andra klassats som fel art. Från Indalsälven togs fyra öringar bort då flera av markörerna inte fungerade och hela vävnadsbiten hade förbrukats redan vid den första DNA-extraktionen.

3.1 Lax

3.1.1 Genetisk variation

3.1.1.1 Stammarnas genetiska diversitet

Mängden genetisk variation i de analyserade proven var överlag jämförelsevis hög, vilket är i linje med tidigare studier av odlad lax (Östergren 2014; Östergren & Lind 2015; Lind & Östergren 2016; Söderberg & Palm 2017; 2018a; 2018b). En hög grad av genetisk variation i odlad fisk kan förklaras av att man varje år tar in nya avelsfiskar, varav en andel kan vara felvandrare från andra älvar. Laxen från Lagan på västkusten uppvisade högst förväntad heterozygotigrad, H_E , och allelic richness, A_R (Tabell 3) vilket var väntat då lax på västkusten och övriga Atlanten överlag uppvisar högre genetisk diversitet än laxen i Östersjön (Säisä 2005).

Bland Östersjöslax hade provet från Skellefteälven 2018 (följt av Indalsälven 2018) något lägre grad av genetisk variation (H_E och A_R) än övriga stammar. Samtidigt uppvisade Luleälven högst A_R , medan Dalälven hade högst H_E (Tabell 3). Att laxen från Luleälven bär på många anlagsvarianter kan återspegla de omfattande förflyttningar av lax från andra älvar som gjorts till denna älv, främst under 1960-talet (Montén 1988; Östergren och Persson, under bearbetning). Luleälven är även

den stam där högst antal avelsfiskar används varje år, vilket kan ha bidragit till att slumpmässiga förluster av anlagsvarianter (via s.k genetisk drift) gått långsammare än i övriga populationer där färre avelsfiskar använts.

Genomsnittliga avvikelserna från de genotyp-proportioner som förväntas i en stor population med slumpmässig parning (kvantifierat med F_{IS}), var signifikant negativ för proven från Lagan och Skellefteälven 2017 (Tabell 3). Avvikelsena i form av fler heterozygoter än förväntat kan tyda på en begränsad populationsstorlek (få föräldrar till den analyserade fisken), och/eller att man under den föregående generationen till viss del korsat in genetiskt avvikande felvandrare från andra populationer. För Skellefteälven finns också tidigare resultat som indikerar att det har skett inblandning av lax från Luleälven, vilket kan ha bidragit till den negativa F_{IS} skattningen för provet från 2017 (Söderberg & Palm 2018a).

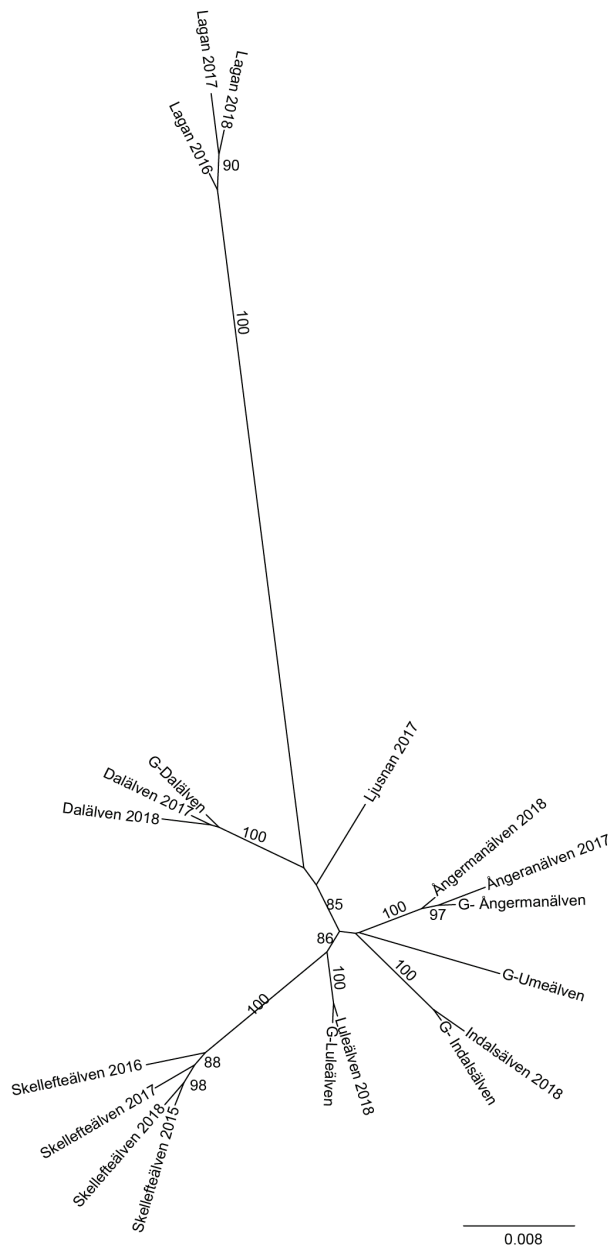
Tabell 3. Tabell 3. Genetisk diversitet hos odlad lax baserat på 18 mikrosatelliter (H_E och A_R baserat på 56 diploida individer) samt F_{IS} för respektive vattendag och år. N = antal undersökta individer.

Område	Vattendrag	År	N	H_E	A_R	F_{IS}
Västkusten	Lagan	2017	120	0,81	10,67	- 0,028**
	Lagan	2018	128	0,81	10,55	- 0,014
Östersjön	Dalälven	2017	191	0,75	9,23	0,001
	Dalälven	2018	235	0,74	9,36	- 0,007
	Indalsälven	2018	200	0,72	8,83	0,001
	Ångermanälven	2017	56	0,73	9,50	- 0,012
	Ångermanälven	2018	179	0,73	9,87	- 0,003
	Skellefteälven	2017	98	0,73	8,86	- 0,031**
	Skellefteälven	2018	100	0,71	8,46	- 0,005
	Luleälven	2018	435	0,73	10,12	0,006

** $p < 0,01$

3.1.1.2 Genetiska skillnader mellan laxstammar

De flesta parvisa genetiska jämförelserna mellan och inom älvar var statistiskt signifikanta (Bilaga 1, Tabell A). Laxar från olika år inom samma älv var dock påtagligt mer inbördes lika jämfört med proven från övriga älvar (Figur 2). Som förväntat var laxen från Lagan på västkusten tydligt genetiskt avvikande från Östersjöstammarna (F_{ST} : 0,10 - 0,14; Bilaga 1, Tabell A) vilket även syns tydligt i dendrogrammet i Figur 2.



Figur 2. Dendrogram baserat på genetiska distanser över odlad lax från olika älvar och år (17 markörer). Prover analyserade inom tidigare projekt är markerade med "G". I samtliga fall har antalet helsyskon reducerats till maximalt två per identifierad syskongrupp (familj). Siffrorna på dendrogrammets grenar anger graden av statistisk säkerhet för olika grenar i dendrogrammet baserat på 1 000 "bootstraps" (endast sannolikheter $\geq 80\%$ utritade).

3.1.2 Syskonanalys

Identifierade helsyskongrupper redovisas på individnivå i Bilaga 3 (Tabell A). Alla prov från samtliga odlingar innehöll helsyskongrupper av varierande storlek. Totalt hade mellan 42 % och 84 % av laxarna inom de analyserade proven ett eller flera identifierade helsyskon. Den största helsyskongruppen bestod av 12 individer och återfanns i Dalälven 2018 (Tabell 4).

I proven från Skellefteälven 2017, Ångermanälven 2017 och Lagan 2018 hittades inga fall av helsyskon som av slumpen råkat bli parade med varandra. Från andra prov fanns däremot sådana exempel (Tabell 4). För att undvika potentiella inavelsrelaterade problem bland helsyskonavkomman (förhöjd dödlighet, missbildningar, m.m.) har de berörda odlingarna informerats så att dessa familjer kunnat uteslutas ur avelsprogrammet.

Tabell 4. *Tabell 4. Resultat från analyser med COLONY: antal identifierade helsyskongrupper bland avelsfisken totalt (per stam/år), antal individer i största gruppen, antal grupper bestående av mer än två helsyskon, samt antalet fall där två helsyskon parats med varandra (N-par). N anger antal analyserade individer (antal honor inom parentes).*

Vattendrag	År	N (honor)	Syskon- grupper	Största gruppstorlek	Helsyskon- grupper >2	N -par
Lagan	2017	120 (60)	36	6	12	1
Lagan	2018	128 (64)	32	5	9	0
Dalälven	2017	197* (97)	33	10	24	1
Dalälven	2018	234 (117)	34	12	29	2
Indalsälven	2018	200 (100)	56	7	23	2
Ångermanälven	2017	57 (19) [§]	10	5	2	0
Ångermanälven	2018	180 (90)	35	11	21	1
Skellefteälven	2017	100 (50)	33	5	12	0
Skellefteälven	2018	100 (50)	21	8	12	2
Luleälven	2018	436 (218)	107	7	56	1

* En hybrid (lax x öring)

§ En hona fick uteslutas p.g.a. dåligt DNA

3.1.3 Ursprung för avelslaxen

Enligt analys med MSA var majoriteten av avelslaxarna av älvseget ursprung, d.v.s. de flesta hade med stor sannolikhet sitt ursprung från den älv där de fångats. Andelen felvandrade var i samtliga fall utom ett (Skellefteälven 2017; Figur 3) lägre än tidigare observerade nivåer för odlad lax (ca 15 %; Jonsson m.fl. 2003). Det förekom dock en högre andel felvandrade individer (med främmande DNA) i vissa delprov. Skellefteälven hade under 2017 exempelvis ett större inslag av lax (ca 18%) som genetiskt sett främst liknade Luleälvslox (Figur 3). Även Ångermanälven hade

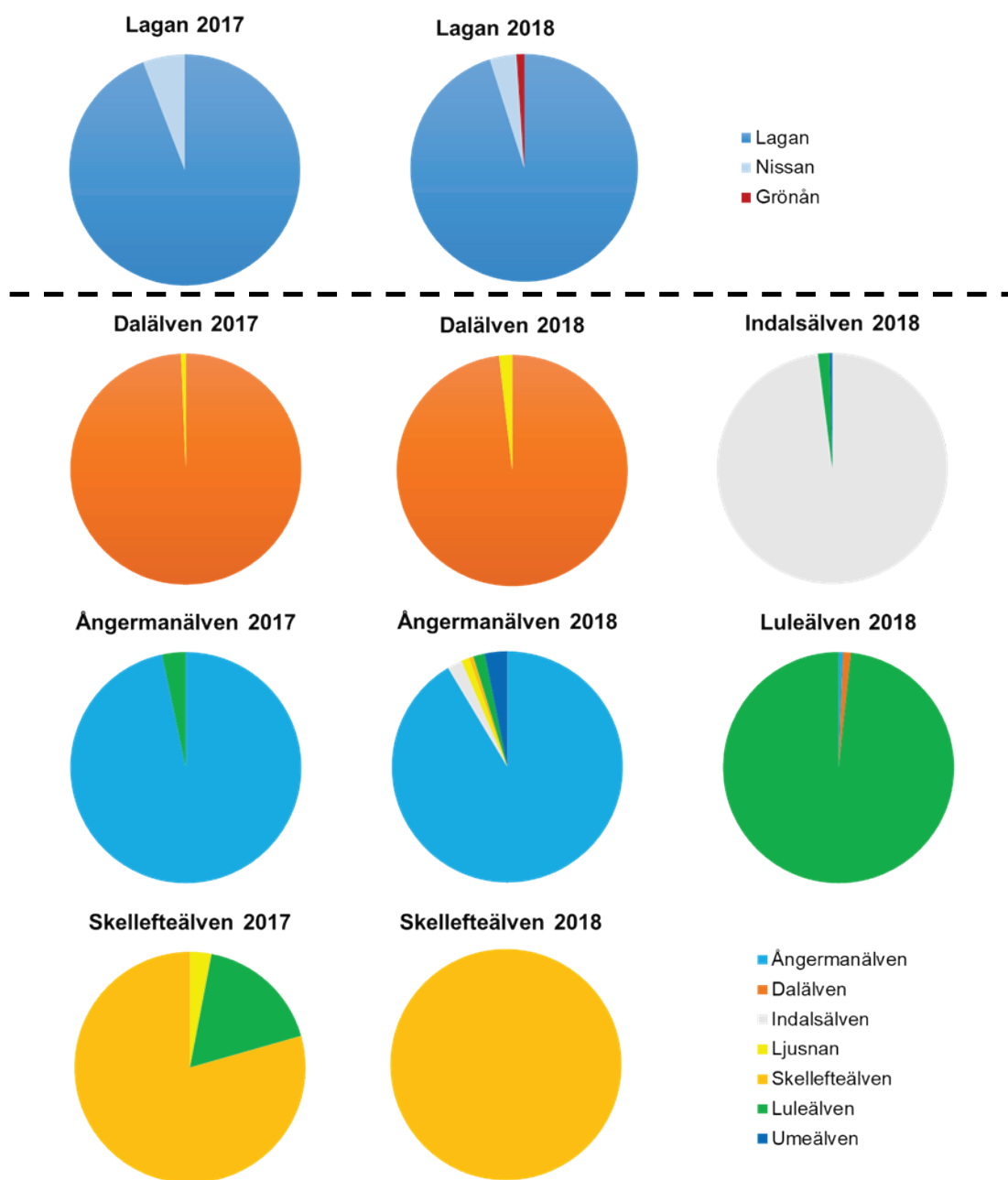
2018 ett betydande inslag av genetiskt främmande individer (ca 9%), men i detta fall tycks de identifierade felvandrararna mest sannolikt härstamma från flera olika älvar (Figur 3). En mer noggrann analys av de förmodade felvandrararna visade dock att flertalet av dessa i Skellefteälven 2017 och Ångermanälven 2018 klassades som osäkra ($p < 0,95$). Många av de osäkra genotyperna i Skellefteälven 2017 hade dessutom en ”blandad” genetisk profil med ungefär samma sannolikhet att härstamma från Luleälven och Skellefteälven, vilket kan indikera att det skett en tidigare inblandning av genetiskt material från Luleälven (jämför Söderberg & Palm 2018a).

Överlag kom de flesta säkra felvandrarare från någon närbelägen älv (Tabell 5), vilket är i linje med resultat från tidigare studier av Carlin-märkt lax (opublicerade data, Philip Jacobson, SLU Aqua). Av de oklippta laxarna från Dalälven som togs in i aveln (38 st) var det flesta älvsegna, men en härstammade mest sannolikt från närliggande Testeboån och en från Mörrumsån i Blekinge (båda med en konditionell sannolikhet större än 0,95 att härstamma från dessa vattendrag). Att lax från Mörrumsån simmar så långt norr ut och in i Dalälven är sannolikt ovanligt. Tidigare studier har dock visat att Carlin-märkt Mörrumslax i undantagsfall fångats strax söder om Åland och i Finska viken (Palm & Ahlbeck-Bergendahl 2017).

Bland laxen från Lagan skattades en del felvandring från närliggande Nissan. Dagens laxstam i Nissan är dock grundad på Laganlax. Dessutom pågår årliga utsättningar i Nissan med smolt från Lagan, vilket gör att det är svårt att genetiskt skilja lax från Lagan och Nissan åt. Det sker också viss naturlig reproduktion av lax i båda vattendragen. Sammantaget innebär detta att felvandring mellan Lagan och Nissan är svåranalyserad. Den enda individ som med hög sannolikhet var en felvandrar till Lagan var en oklippt lax från Grönån (biflöde till Göta älv).

Tabell 5. Tabell 5. Antal "säkra" återvändande (fetstil) och felvandrade laxar för respektive älv och år i Östersjön, enligt IA (ONCOR). Älvarna anges i ordning från söder till norr. Högra kolumnen anger antalet osäkra individer ($p < 0,95$).

Vattendrag	År	Totalt antal	Dalälven	Ljusnan	Indalsälven	Ångermanälven	Umeälven	Skellefteälven	Luleälven	Osäkra (Återvändande/ felvandrare)
Dalälven	2017	191	188							3 (2/1)
Dalälven	2018	235	226	1						8 (6/2)
Indalsälven	2018	200			192					8 (4/4)
Ångermanälven	2017	56				51				5 (3/2)
Ångermanälven	2018	179		1	2	143	2	1		30 (25/5)
Skellefteälven	2017	98						62	5	31 (16/15)
Skellefteälven	2018	100						100		0
Luleälven	2018	435							412	23 (16/7)



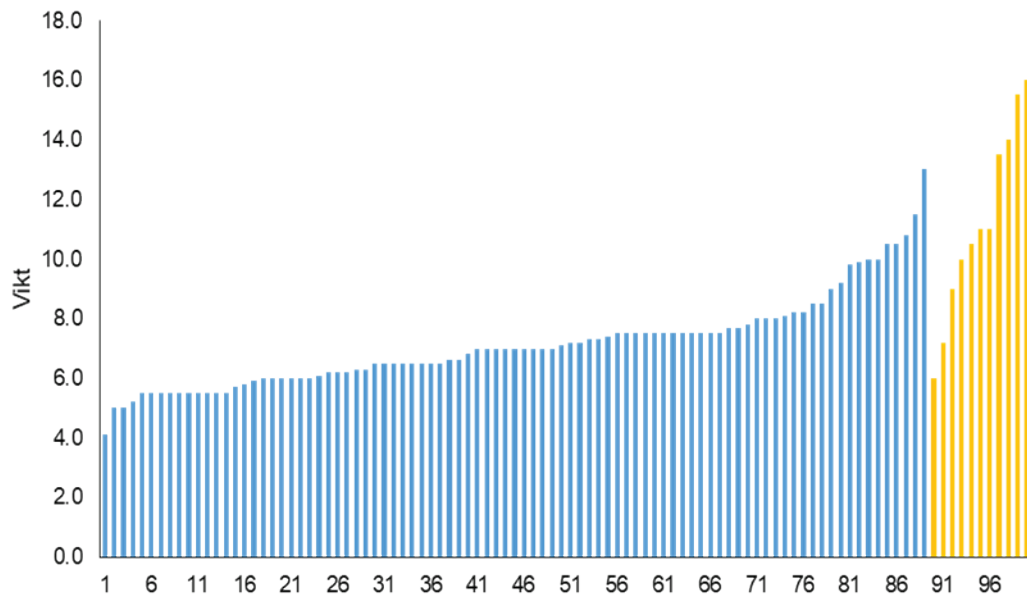
Figur 3. Andel lax med olika ursprung skattat via MSA (ONCOR). I samtliga prov dominerar lax från den älvsega stammen, även om de skattade andelarna felvandrar varierar (jämför t.ex. Skellefteälven 2017 och 2018). Provet från Lagan har utvärderats mot en genetisk referensdatabas för vild och odlad västkustlax (18 markörer) medan övriga stammar jämförts med en databas för odlad Östersjölax (17 markörer).

3.1.4 Föräldraskapsbestämning

Genom att jämföra årets avelsfisk med analyserad avelsfisk från tidigare år går det att koppla individer till dess föräldrar, och därigenom även till odling och år. Beroende på om ettårig eller tvåårig smolt sätts ut kan föräldraskapsanalyser påbörjas efter olika antal år. Inledningsvis kan endast individer som återvänt efter ett år i havet kopplas till kända föräldrar. Senast år 2023 förväntas alla odlingar som skickat in vävnad kunna påbörja identifiering av föräldrar till återvändande lekfisk (Tabell 1). Inför denna analys var det endast laxen från Skellefteälven kramad 2018 som i högre omfattning förväntades bestå av avkomma från kända föräldrar (kramade 2014 och eventuellt 2015). Även i provet av lax från Skellefteälven 2017 kan dock tidigt återvändande ”grilse” (lax med ett endast ett år i havet) delvis förekomma.

Med föräldraskapsbestämningen kunde individer från 2014 identifieras som föräldrar till 89 av de 100 laxarna som togs in i aveln i Skellefteälven 2018, samt till två av de 100 laxarna från 2017 (Söderberg & Palm 2018a). Ingen av individerna i 2018-års avel kunde däremot kopplas till föräldrar kramade 2015 (eller 2016 - 2017 som också inkluderades i analysen, trots att avkomman från dessa år inte förväntas återvända förrän tidigast 2019 -2020). Laxen utan några identifierade föräldrar avlades sannolikt redan 2013 eller tidigare. Som framgår av Figur 4 var medelvikten bland de 11 laxarna utan identifierade föräldrar klart högre (11,5 kg) än för de med kända föräldrar (7,2 kg; two-tailed Student *t*-test, $p=0,002$), även om den individuella storleksvariationen är stor vilket stödjer antagandet att laxen var avlad före 2014. En relativt liten lax (6 kg) från 2018 saknade kända föräldrar från 2014, vilket var oväntat då denna individ var klassad som älvsegen (i likhet med samtliga övriga från 2018; Figur 3, Tabell 5). Detta kan antingen handla om en individ som, trots hög beräknad sannolikhet att härstamma från Skellefteälven, kommer från någon annan älv, eller en äldre individ med onormalt låg havstillväxt (fjällprov för bekräftande åldersanalys saknas dock).

Av föräldraskapsbestämningen framgår vidare att man 2014 använde två hanar för samma hona och vice versa (Bilaga 2). Bland de totalt 50 honor som användes i aveln 2014 har hittills återvändande avkomma från 36 honor identifierats, där antalet avkommor per hona varierar mellan en och åtta (Bilaga 2). För de motsvarande 50 hanarna har avkomma hittills endast identifierats från 27 stycken. Det är ännu oklart i vilken grad denna skillnad i bekräftade föräldraskap mellan honor och hanar är reell (ej endast slumpmässig) och vad den i så fall återspeglar.



Figur 4. Individuell vikt hos avelsfisk från Skellefteälven 2018 sorterad enligt ökande storlek. Blå staplar indikerar individer som har identifierade föräldrar från 2014 års avel (89 stycken, medelvikt 7,2 kg) medan de orangea (11 stycken, medelvikt 11,5 kg) saknar kända (DNA-analyserade) föräldrar.

3.2 Havsöring

3.2.1 Stammarnas genetiska variation

3.2.1.1 Stammarnas genetiska diversitet

Den odlade havsöringen uppvisade jämförelsevis hög grad av genetisk variation, i linje med tidigare genetiska studier (Östergren m.fl. 2016). Endast små skillnader i variationsgrad mellan populationer förekom, där Indalsälven 2017 hade högst genetisk skattad variation sett till både H_E och A_R , medan Skellefteälven 2017 hade lägst H_E och Ljungan lägst A_R (Tabell 6). F_{IS} över samtliga 16 markörer var signifikant positivt för två av proven (Ljungan 2018 och Luleälven 2018; Tabell 6), vilket misstänks bero på förekomst av en s.k. ”nollallel” hos en av markörerna (en mutation i den sekvens där PCR-reaktionen ska påbörjas som förhindrar DNA-amplifieringen, vilket resulterar i att andelen homozygota individer för markören överskattas och ger en hög skattning av F_{IS}).

Tabell 6. Genetisk diversitet hos odlad havsöring baserat på 16 mikrosatelliter (H_E och A_R baserat på 41 diploida individer) samt F_{IS} för respektive vattendrag och år. N = antal individer.

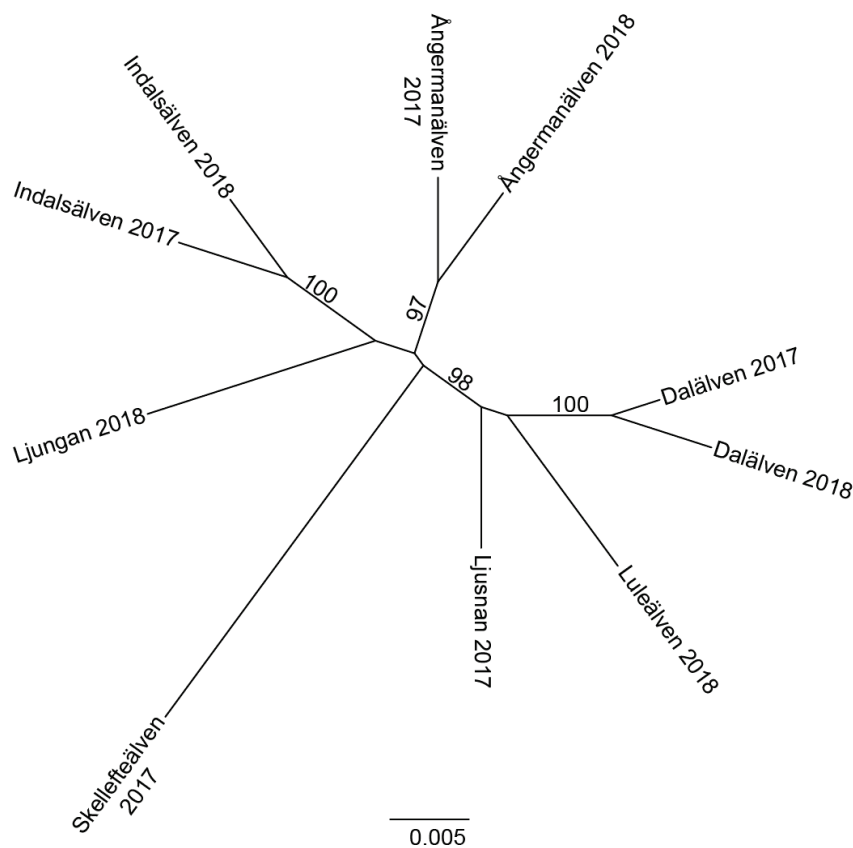
Vattendrag	År	N	H_E	A_R	F_{IS}
Dalälven	2017	91	0,74	8,96	0,008
Dalälven	2018	92	0,74	9,15	0,009
Ljusnan	2017	92	0,73	9,02	0,014
Ljungan	2018	109	0,72	8,14	0,034**
Indalsälven	2017	44	0,75	9,44	0,011
Indalsälven	2018	73	0,73	9,25	0,000
Ångermanälven	2017	76	0,73	8,91	0,017
Ångermanälven	2018	98	0,73	8,87	0,009
Kvistforsen	2017	48	0,70	8,17	0,016
Luleälven	2018	112	0,74	8,55	0,030**

** $p < 0,01$

3.2.1.2 Genetisk skillnad mellan havsöringsstammar

Proven från samtliga undersökta havsöringsstammar var genetiskt signifikant skilda från varandra (Figur 5; Bilaga 1, Tabell B). Signifikanta skillnader fanns även mellan temporala prov (2017 – 2018) från samma älv. Stammarna från Ljungan, Ångermanälven och Indalsälven är tydligt genetiskt lika varandra, och samma sak gäller Dalälven och Ljusnan (Figur 5). Dessa inbördes likheter beror sannolikt på ett kortare geografiskt avstånd mellan älvmyningarna inom dessa två grupper av vattendrag (Figur 1). Generellt ökar ofta genetiska populationsskillnader med det geografiska avståndet, vilket även gäller havsöringen i Östersjön (Östergren m.fl. 2016). Luleälven verkar dock utgöra ett undantag. Provet från denna älv är genetiskt mer likt havsöringen i Dalälven och Ljusnan (Figur 5), trots att dessa älvar är de som ligger längst ifrån Luleälven geografiskt sett (Figur 1). Detta mönster noterades också i den tidigare studien av Östergren m.fl. (2016). Anledningen kan vara att man, i likhet med laxen, tidigare ibland flyttat havsöring mellan älvar, och att stammen från Luleälven därmed till viss del har blandats med genetiskt material från Ljusnan och Dalälven.

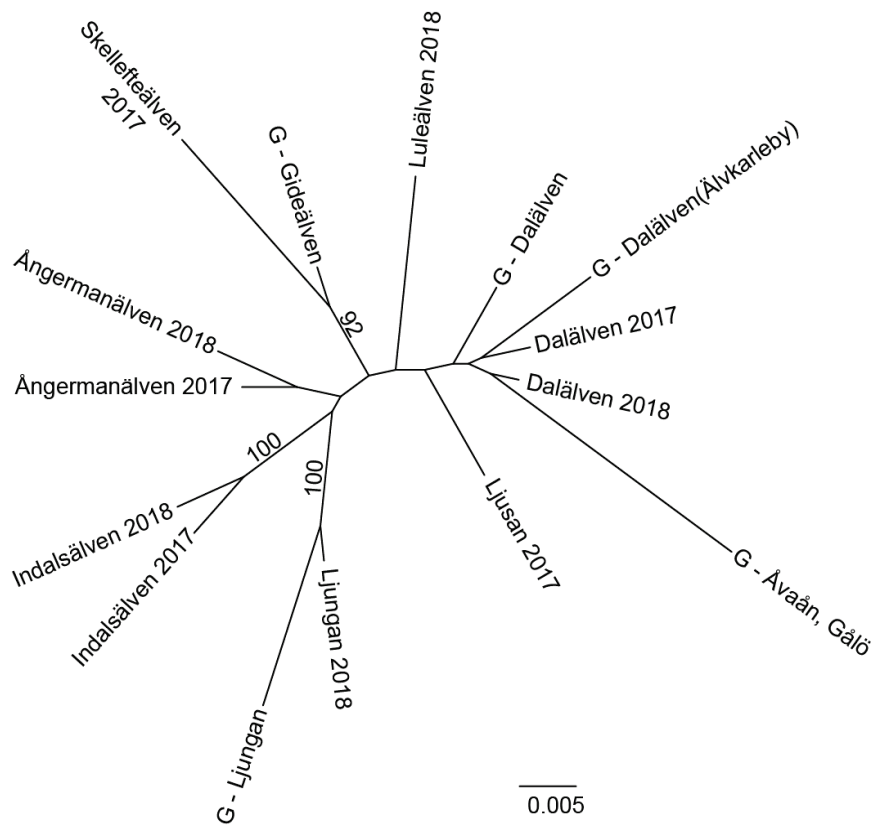
Vi jämförde även data från denna studie med ett större antal tidigare analyserade odlade havsöringspopulationer och fick ett mycket liknande resultat, trots att dendrogrammet då endast var baserat på 10 markörer (Figur 6).



Figur 5. Dendrogram baserat på genetiska distanser över odlad havsöring från olika älvar och år (16 markörer). Siffrorna på dendrogrammets grenar anger graden av statistisk säkerhet för olika grenar i dendrogrammet baserat på 1000 "bootstraps" (endast sannolikheter $\geq 80\%$ utritade).

3.2.2 Syskonanalys

För samtliga kombinationer av stam och år påträffades helsyskongrupper bestående av 2 – 13 individer. Luleälven hade flest helsyskongrupper (26 stycken), medan den största gruppen återfanns i Dalälven 2018 (Tabell 7). Totalt hittades sex par där helsyskon parats med varandra fördelade på tre odlingar; Ångermanälven, Ljungan och Indalsälven (Tabell 7; Bilaga 3, Tabell B). Denna information har tidigare meddelats berörda odlingar så helsyskonpar kunnat uteslutas för att undvika inavelsrelaterade problem. Sammantaget är resultaten i linje med vad man kan förvänta sig. Då mängden avelsfisk är begränsad kommer det alltid att finnas ett visst antal helsyskongrupper i efterföljande generationer. Detta innebär att helsyskon ibland korsas ofrivilligt, vilket man dock genom genetiska analyser kan klargöra och åtgärda. Samtliga familjegrupper som identifierades finns redovisade i Bilaga 3 (Tabell B).



Figur 6. Dendrogram baserat på genetiska distanser för odlade havsöringsstammar analyserade med 10 markörer. Stickprov analyserade tidigare inom andra projekt där endast 10 markörer finns tillgängliga är markerade med "G". Siffrorna anger graden av statistisk säkerhet för olika grenar i dendrogrammet baserat på 1000 "bootstraps" (endast sannolikheter $\geq 80\%$ utritade). Notera att man i Gideälven sätter ut odlad öring (och lax) med ursprung från Skellefteälven, parallellt med förekomst av viss naturlig produktion.

Tabell 7. Resultat från analyser av havsöring med COLONY: antal identifierade helsyskongrupper bland avelsfisken totalt (per stam/år), antal individer i största gruppen, antal grupper bestående av mer än två helsyskon samt antalet fall där två helsyskon parats med varandra (N-par). N anger antal analyserade individer (antal honor inom parantes).

Vattendrag	År	N (honor)	Syskon- grupper	Största gruppstorlek	Helsyskon- grupper >2	N -par
Dalälven	2017	91 [□] (46)	14	9	7	uppgift saknas
Dalälven	2018	92* (41)	13	13	9	0
Ljungan	2018	109** (55)	25	12	12	2
Indalsälven	2018	76 (38)	19	6	4	1
Ångermanälven	2017	76 [§] (40)	15	8	10	0
Ångermanälven	2018	97 ^{§§} (50)	17	8	13	3
Luleälven	2018	112 (56)	26	6	4	0

□ ursprungligen N= 92 (en var lax enligt DNA)

* 92 fiskar analyserade varav endast 70 var med i aveln. Alla analyserades dock och är med i alla beräkningar

** 110 individer användes för aveln, men en individ saknade DNA-prov

§ 80 individer användes för aveln, men bara 76 hade DNA av tillräckligt god kvalitet

§§ 100 individer användes för aveln, men bara 97 hade DNA av tillräckligt god kvalitet

3.2.3 Ursprung för avelsöringen

Som nämnts tidigare (se avsnitt 2.3.3) skiljde sig den statistiska ursprungsanalysen för havsöring delvis från den för lax. Huvudanledningen var att en jämförelsedatabas från tidigare studier saknades för öring, eftersom detta är första gången öring från flera av dessa odlade stammar analyserades vid Sötvattenslaboratoriet. Dessutom saknades information om fettfeneförekomst från flera av odlingarna, vilket försvårade möjligheterna att avgöra om individerna var uppfödda i odling eller under naturliga förhållanden.

Enligt en initial ”uteslutningsanalys” (programmet GENECLASS 2.0) var totalt åtta individer osannolika att härstamma från någon av de undersökta odlade stammarna: två oklippta fiskar från Dalälven 2017 (#49; #52), en odlad öring från Dalälven 2018 (#32427), två från Ljungan 2018 (den ena odlad #7402, den andra oklippt #6), och tre odlade fiskar från Luleälven 2018 (#603; #678; #686). De återstående 853 avelsfiskarna från 2017-2018 har samlats i en databas som kommer att användas och utökas vid det fortsatta arbetet av genetisk märkning med odlingarna. När en oklippt havsöring uteslutits är det troligen en felvandrare, men man kan också ha missat den vid fenklippningen. De fettfeneklippta osannolika havsöringarna är odlade, men kan härstamma från Umeälven (hittills inte undersökt) eller Finland, eller av slumpen ha fått en ovanlig genetisk profil som inte ”passar” (ovanlig/osannolik) någon känd population trots att den härstammar därifrån. Då osäkerhet rådde om dessa havsöringars ursprung uteslöts de från att ingå i referensdatabasen.

Utvärderingar av den nya databasen gjordes med ONCOR. Resultat från dessa analyser ger en indikation på hur bra man kan förvänta sig att den nya referensdatabasen kan komma att fungera vid framtida analyser. Resultatet efter ”100%-simuleringar” visade på höga andelar av korrekt skattat ursprung hos öringen som ingår i databasen, från 97,6 % i Ljusnan till 99,8 % i Skellefteälven (Tabell 8). Detta indikerar goda möjligheter att erhålla korrekta resultat vid en MSA av okända prov, och är av motsvarande nivå som för den referensdatabas som använts för lax (17 markörer; Östergren & Lind 2015). För ”self-assignment” (IA) varierade andelen korrekta ursprungsskattningar mellan 77,6 % (Ljusnan) och 94,2 % (Luleälven). De högsta andelarna felaktiga klassningar (9,8 % respektive 12,9 %) förekom mellan de genetisk lika stammarna från Dalälven och Ljusnan (Tabell 8), vilket är ett mönster som även observerats för lax från samma vattendrag (Östergren & Lind 2015). Den något högre nivån av förväntade felklassningar mellan Ljusnan och Dalälven innebär att det är svårare att särskilja sanna och falska felvandrare mellan dessa stammar.

Tabell 8. *Tabell 8. Utvärdering av nyskapad databas för odlad havsöring (16 markörer) med programmet ONCOR (se avsnitt 2.3.3.2). Vid ”100 % simulering” används MSA för att beräkna hur stor andel (med 95 % konfidensintervall, CI) av ett känt stickprov bestående av en av de ingående populationerna från referensdatabasen i taget som skattas till korrekt ursprung. Vid ”Leave-one-out test” används IA för att utvärdera hur ofta individer från referensdatabasen klassas till korrekt ursprung, när genotyperna (individerna) klassas enskilt (utan att få vara med i databasen samtidigt).*

Vattendrag	N	”100 % simulering”			”Leave-one-out-test”	
		Korrekt andel	95 % CI	Korrekt andel	Vanligaste felklassning (stam och andel)	
Dalälven	173	99,3 %	0,9754 - 1,0000	84,4 %	Ljusnan	9,8 %
Ljusnan	85	97,6 %	0,9450 - 0,9999	77,6 %	Dalälven	12,9 %
Ljungan	100	99,7 %	0,9881 - 1,0000	94,0 %	Indalsälven	3,0 %
Indalsälven	106	99,3 %	0,9752 - 1,0000	88,7 %	Ångermanälven	5,7 %
Ångermanälven	169	99,6 %	0,9833 - 1,0000	86,4 %	Ljusnan	7,7 %
Skellefteälven	43	99,8 %	0,9876 - 1,0000	95,3 %	Dalälven	2,3 %
Luleälven	104	99,6 %	0,9826 - 1,0000	94,2 %	Dalälven	2,9 %

Efter att ha utvärderat den nya referensdatabasen användes IA för att analysera stamursprung för samtliga havsöringar från 2017 och 2018. I likhet med lax bedömdes konditionella sannolikheter högre än 95 % som ”säkra” medan övriga klassades som ”osäkra”. Endast ett fåtal individer härstammade mest sannolikt från annan älv än där de fångats (Tabell 9 & 10). I provet från Dalälven 2017 klassades sex individer (7 %) som härstammades från Ljusnan (Tabell 9 & 10). Flera av dessa utpekade

felvandrare kan dock ändå härstamma från Dalälven, i linje med ”leave-one-out-testet” som visade att det ofta är svårt att med god precision särskilja individer från dessa två stammar (Tabell 8).

Tabell 9. Antal ”säkra” återvändande (fetstil) och felvandrade havsöringar för respektive älv och år enligt IA (ONCOR). Högra kolumnen anger antalet osäkra individer ($p < 0,95$).

Vattendrag	År	Totalt antal*	Dalälven	Ljusnan	Ljungan	Indalsälven	Ångermanälven	Skelefteälven	Luleälven	Osäkra (Återvändande/felvandrare)
Dalälven	2017	89	77	6						6 (4/2)
Dalälven	2018	91	91							0
Ljusnan	2017	92		85			1			6 (2/4)
Ljungan	2018	107			106					1 (0/1)
Indalsälven	2017	44				43				1 (0/1)
Indalsälven	2018	73				68	1			4 (1/3)
Ångermanälven	2017	76		2			68			6 (3/3)
Ångermanälven	2018	98				1	96			1 (1/0)
Skelefteälven	2017	48						48		0
Luleälven	2018	109							109	0

*Antal efter exkludering (fel art, dåligt DNA)

Tabell 10. Stamtillhörighet för de havsöringar som med mer än 95 % sannolikhet härstammar från annan älv än där de fångats.

Vattendrag och individ	År	Mest sannolika ursprung	Sannolikhet
Dalälven_1	2017	Ljusnan	0,991
Dalälven_4	2017	Ljusnan	1,000
Dalälven_33	2017	Ljusnan	0,990
Dalälven_36	2017	Ljusnan	0,996
Dalälven_48	2017	Ljusnan	0,999
Dalälven_143	2017	Ljusnan	0,995
Ljusnan_49	2017	Ångermanälven	0,990
Indalsälven_9188	2018	Ångermanälven	0,999
Ångermanälven_7404	2017	Ljusnan	0,950
Ångermanälven_7307	2017	Ljusnan	0,988
Ångermanälven_9030	2018	Indalsälven	0,999

4 Fortsatt arbete

Genetiska rådata och resultat (t.ex. identifierade föräldrar) från analyserna som presenteras i denna rapport kommer att lagras i gemensamma artspecifika databaser inför framtida analyser. Med tiden kommer det att bli möjligt att, för ett ökande antal kompensationsodlade lax- och öringstammar, avgöra från vilket föräldrapar (och därmed även älv samt kramnings- och utsättningsår) som återvändande laxar och havsöringar härstammar. Ju längre arbetet pågår och ju fler odlingar som övergår till genetisk märkning, desto mer precisa svar kan också erhållas för fenklippt lax och öring fångad i havet. I framtiden kommer det vidare att vara möjligt att bygga upp och analysera genetiska stamtavlor (pedigreer) utifrån vilka det exempelvis går att studera vilka familjer som har överlevt och tillvuxit bättre i havet (Palm m.fl. 2018).

Som ett led i att förbättra arbetet med genetiska analyser av odlad avelsfisk har vi nedan listat ett antal punkter som bedöms vara särskilt viktiga inför framtiden. Särskilt behövs kompletterande information från odlingarna om:

- den provtagna fisken är fettfeneklippt eller ej
- avelspar från vilka ingen avkomma senare sattes ut
- parningsinformation (vilken fisk som parats med vilken)
- viktuppgift för samtliga individer

5 Tack

Denna studie har finansierats av Vattenfall, Statkraft, Ljungans vattenregleringsföretag, Ångermanälvens vattenregleringsföretag samt SLU. Vi tackar personalen på odlingarna för insamling av prover och odlingsledarna för svar på frågor. Länsstyrelsen i Västernorrland finansierade insamling och tidigare genetisk analys av öring från Skellefteälven och Indalsälven (kramningsår 2017). Vi vill även tacka Björn Rogell och Jens Olsson för granskning och feedback på rapporten.

6 Referenser

- Cavalli-Sforza, L.L. & Edwards, A.W.F. (1967). Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics* 19, 233-257.
- Dannewitz, J., Petersson, E., Prestegard, T. & Järvi, T. (2003). Effects of sea-ranching and family background on fitness traits in brown trout *Salmo trutta* reared under near-natural conditions. *Journal of Applied Ecology* 40, 241-25.
- Felsenstein, J. (1993). PHYLIP (phylogeny inference package), version 3.5c. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- Goudet, J. (1995). FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86, 485-486.
- Kalinowski, S. (2008). MYKISS: Software for estimating reproductive success from genetic data. Montana State University, Bozeman, Montana. <http://www.montana.edu/kalinowski/software/mykiss.htm>
- Kalinowski, S.T., Manlove, K. & Taper, M.L. (2008). ONCOR: Software for genetic stock identification. Montana State University, Bozeman, Montana. Available from <http://www.montana.edu/kalinowski/Software/ONCOR.htm> (accessed November 2017).
- Kincaid, H.L. (1976). Inbreeding in Rainbow Trout (*Salmo gairdneri*). *Journal of the Fisheries Research Board of Canada* 33, 2420-2426.
- Koljonen, M-L., Gross, R. & Koskiniemi, J. (2014). Wild Estonian and Russian sea trout (*Salmo trutta*) in Finnish coastal sea trout catches: results of genetic mixed-stock analysis. *Hereditas* 151, 177-195.
- Jones, O. & Wang, J. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multi-locus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10, 551-555.
- Jonsson, B., Jonsson, N. & Hansen, L.P. (2003). Atlantic salmon straying from the River Imsa. *Journal of Fish Biology* 62, 641-657.
- Lind, E. & Östergren, J. (2016). Genetisk analys av avelsfisk fångad i Ljusnan och Skellefteälven 2015. PM 23 sidor.
- Mobley, K.B., Granroth-Wilding, H., Ellmen, M., Vähä, J-P., Aykanat, T., Johnston, S.E., Orell, P., Erkinaro, J. & Primmer, C.R. (2019). Home ground advantage: Local Atlantic salmon have higher reproductive fitness than dispersers in the wild. *Science Advances* 5, 1-8. DOI: 10.1126/sciadv.aav1112.
- Montén, E. (1988). Fiskodling och Vattenkraft Vattenfall, Stockholm.
- Paetkau, D., Slade, R., Burden, M. & Estoup, A. (2004). Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* 13, 55-65.

- Palm, S., Dannewitz, J., Järvi, T., Koljonen, M-L., Prestegard, T. & Olsén, K.H. (2008). No indications of Atlantic salmon (*Salmo salar*) shoaling with kin in the Baltic Sea. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 65, 1738-1748.
- Palm, S., & Ahlbeck-Bergendahl, I. (2017). Carlin-märkning av lax och öring i Mörrumsån 2008-2012: en resultatuppföljning. PM 10 sidor.
- Palm, S. & Söderberg, L. (2017). Genetisk märkning av odlad östersjöfax. Rapport 26 sidor.
- Palm, S., Alanärä, A., Dannewitz, J., Petersson, E., Kagervall, A. & Östergren, J. (2018). Kunskaps-sammanställning inför nationell märkningsstrategi och indexvattendrag för odlad lax. Rapport till Havs och Vattenmyndigheten, 19pp (samt två bilagor).
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J-M., Paetkau, D., Baudouin, L. & Estoup, A. (2004). GENECLASS 2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95, 536-539.
- Quinn, T.P. (2004). *The behavior and ecology of Pacific salmon and trout*. Univ. Press, ISBN: 0-295-98457-0, Seattle, USA.
- Stuart, T.A. (1957). The migrations and homing behaviour of brown trout (*Salmo trutta* L.). *Freshwater and Salmon Fisheries Research*, 18, 1-27.
- Su, G-S., Liljedahl, L-E. & Gall, A.E. (1996). Effects of inbreeding on growth and reproductive traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 142, 139-148.
- Säisä, M., Koljonen, M-L., Gross, R., Nilsson, J., Tähtinen, J., Koskiniemi, J. & Vasemägi, A. (2005). Population genetic structure and postglacial colonization of Atlantic salmon (*Salmo salar*) in the Baltic Sea area based on microsatellite DNA variation. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 62, 1887-1904.
- Söderberg, L. & Palm, S. (2017). Genetisk analys av lax från Kvistforsens laxodling, Skellefteälven. PM 3 sidor.
- Söderberg, L. & Palm, S. (2018a). Genetisk analys av avelslax från Kvistforsens laxodling, 2017. PM 6 sidor.
- Söderberg, L. & Palm, S. (2018b). Genetisk analys av avelslax från Laholms fiskodling i Lagan kramad 2017. PM 6 sidor.
- Walter, R.P., Aykanat, T., Kelly, D.W., Shrimpton, M. & Heath, D.D. (2009). Gene flow increase temporal stability of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) populations in the Upper Fraser River, British Columbia. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science* 66, 167-176.
- Whitlock, R., Mäntyniemi, S., Palm, S., Koljonen, M-L., Dannewitz, J. & Östergren, J. (2018). Integrating genetic analysis of mixed populations with a spatially-explicit population dynamics model. *Methods in Ecology and Evolution* 9, 1017-1035.
- Östergren, J. (2014). Genetisk analys av avelslax fångad i Indalsälven och Ljusnan 2013. Rapport 24 sidor.
- Östergren, J. & Lind, E. (2015). Genetisk analys av avelsfisk fångad i Skellefteälven och Ljusnan 2014. Rapport 22 sidor.
- Östergren, J., Nilsson, J., Lundqvist, H., Dannewitz, J. & Palm, S. (2016). Genetic baseline for conservation and management of sea trout in the northern Baltic Sea. *Conservation Genetics* 17, 177-191.
- Östergren, J., Palm, S., Gilbey, J. & Dannewitz, J. (2019). Close relatives in population samples: evaluation of the consequences for Genetic Stock Identification. In review. *Molecular Ecology Resources*.

Bilaga 1.

Tabell A. Parvisa genetiska skillnader för lax mellan älvar och år uttryckt som F_{ST} (över diagonalen). Statistisk signifikans efter Bonferroni-korrektion (under diagonalen); NS=ej signifikant; ***= $p < 0,001$).

	Lagan 17	Lagan 18	Dalälven 17	Dalälven 18	Indalsälven 18	Ångermanälven 17	Ångermanälven 18	Skellefteälven 17	Skellefteälven 18	Luleälven 18
Lagan 2017		0.01	0.12	0.12	0.13	0.12	0.13	0.12	0.14	0.13
Lagan 2018	***		0.11	0.12	0.13	0.12	0.13	0.12	0.14	0.12
Dalälven 2017	***	***		0.01	0.04	0.03	0.03	0.04	0.04	0.03
Dalälven 2018	***	***	***		0.05	0.04	0.04	0.04	0.05	0.04
Indalsälven 2018	***	***	***	***		0.02	0.02	0.05	0.05	0.03
Ångermanälven 2017	***	***	***	***	***		0.00	0.04	0.03	0.02
Ångermanälven 2018	***	***	***	***	***	NS		0.04	0.03	0.02
Skellefteälven 2017	***	***	***	***	***	***	***		0.01	0.02
Skellefteälven 2018	***	***	***	***	***	***	***	***		0.03
Luleälven 2018	***	***	***	***	***	***	***	***	***	

Tabell B. Parvisa genetiska skillnader för havsöring mellan älvar och år uttryckt som F_{ST} (över diagonalen). Statistisk signifikans efter Bonferroni-korrektion (under diagonalen; **= $p<0,01$; ***= $p<0,001$).

	Dalälven 17	Dalälven 18	Ljusnan 17	Ljungan 18	Indalsälven 17	Indalsälven 18	Ångermanälven 17	Ångermanälven 18	Skellefteälven 17	Luleälven 18
Dalälven 2017	0.00	0.00	0.02	0.04	0.04	0.05	0.03	0.03	0.06	0.02
Dalälven 2018	***		0.02	0.05	0.04	0.04	0.02	0.03	0.05	0.03
Ljusnan 2017	***	***		0.04	0.04	0.05	0.02	0.03	0.06	0.03
Ljungan 2018	***	***	***		0.03	0.04	0.04	0.04	0.06	0.05
Indalsälven 2017	***	***	***	***		0.01	0.02	0.02	0.04	0.04
Indalsälven 2018	***	***	***	***	**		0.03	0.02	0.04	0.05
Ångermanälven 2017	***	***	***	***	***	***		0.01	0.05	0.03
Ångermanälven 2018	***	***	***	***	***	***	***		0.04	0.04
Skellefteälven 2017	***	***	***	***	***	***	***	***		0.06
Luleälven 2018	***	***	***	***	***	***	***	***	***	

Bilaga 2.

Hittills identifierad avkomma till tidigare analyserad avelsfisk (kramad 2014) bland avelslax från Skellefteälven från 2018. De rödmarkerade ettorna (se hona 3 & 46) är två grilse-hanar som återvandrade redan 2017. Nedersta raden (Tot) anger sammanlagda antalet avkommor per hona

Hane (ID)	Hona (ID)																																						
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	14	15	16	17	35	36	37	38	39	44	46	47	48	49	51	52	72	73	74	75	76	79	80				
19	3	3																																					
20			6+1	4																																			
23					7	2																																	
24							1	2																															
26									2	5																													
27												1																											
28											3	1																											
29													3																										
31														2	3																								
32														1	1																								
33																1																							
53																	2	2																					
56																			7	2																			
57																																							
58																																							
62																																							
63																																							
64																																							
65																																							
68																																							
70																																							
87																																							
89																																							
91																																							
92																																							
95																																							
96																																							
Totalt	3	3	7	4	8	2	1	2	2	5	3	2	3	3	4	1	2	2	7	2	8	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1		

Bilaga 3.

Tabell A. Identifierade helsyskongrupper för lax presenterade för respektive älv, endast helsyskon grupper med mer än ett helsyskon är presenterade. Röda siffror är angivna som par i aveln. Mono respektive poly anger hur parningen skett (se Tabell 2).

Lax från Lagan 2018 – mono, inga parade helsyskon					
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5
2	18Lagan_2	18Lagan_33	18Lagan_52	18Lagan_98	
4	18Lagan_4	18Lagan_65			
5	18Lagan_5	18Lagan_111			
6	18Lagan_6	18Lagan_71			
7	18Lagan_7	18Lagan_38	18Lagan_66	18Lagan_77	
8	18Lagan_8	18Lagan_14	18Lagan_24	18Lagan_40	
9	18Lagan_9	18Lagan_75			
10	18Lagan_10	18Lagan_76			
14	18Lagan_15	18Lagan_93	18Lagan_118		
15	18Lagan_16	18Lagan_97			
16	18Lagan_17	18Lagan_109			
17	18Lagan_18	18Lagan_89			
18	18Lagan_19	18Lagan_29			
20	18Lagan_21	18Lagan_120			
21	18Lagan_22	18Lagan_99			
22	18Lagan_23	18Lagan_100			
23	18Lagan_25	18Lagan_94			
24	18Lagan_26	18Lagan_95			
25	18Lagan_27	18Lagan_101			
30	18Lagan_34	18Lagan_126			
31	18Lagan_35	18Lagan_36	18Lagan_37	18Lagan_64	18Lagan_112
33	18Lagan_41	18Lagan_43	18Lagan_78	18Lagan_84	18Lagan_85
36	18Lagan_45	18Lagan_86			
37	18Lagan_46	18Lagan_68	18Lagan_74		
38	18Lagan_47	18Lagan_53			
42	18Lagan_51	18Lagan_103	18Lagan_119	18Lagan_122	18Lagan_128
45	18Lagan_56	18Lagan_108			
50	18Lagan_61	18Lagan_104			
53	18Lagan_67	18Lagan_116			
64	18Lagan_90	18Lagan_125			
67	18Lagan_96	18Lagan_102			
68	18Lagan_105	18Lagan_110	18Lagan_113		

Lax från Dalälven 2017 – poly, ett par som är helsyskon										
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8	Syskon 9	Syskon 10
1	13	68	179	197						
2	14	107	196							
3	15	231								
5	17	114	194	244	246					
6	18	21	91	106	219					
7	19	94	105	117	207	208	209	254		
9	63	157	239							
10	64	79	89	104	162	201	245			
13	67	101	191	206	217	260	279			
14	69	224								
15	70	84	240							
16	71	158	261	276						
17	72	78	112	152	200	214	235	247	262	274
21	76	211	213							
23	80	210								
25	82	85	96	97	111					
27	86	160	169	220						
33	95	237	238							
37	102	251								
38	103	116	166	174	228	241	243			
44	118	154	202	215						
45	119	173	178	195	271					
46	120	182								
48	150	164	165	234	242	268				
51	155	198	277							
54	161	259								
55	163	175	192	205	249					
56	167	286								
58	171	227	282							
60	176	204	212	233	255	269	270	280		
63	181	248								
67	216	226	236	263	275					
70	222	267								

Lax från Dalälven 2018 – poly, två par som är helsyskon												
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8	Syskon 9	Syskon 10	Syskon 11	Syskon 12
2	32131	32148	32982	33161	33281							
3	32135	32140	32635	32776								
5	32166	32358	32469	32511	32553	32572	32816	32867				
7	32168	32533	32715	33406								
8	32169	32678	32927	33353								
9	32178	32197	32241	32458	32527	32648	32706	32751				
10	32183	32666	32905	33438								
11	32187	32466										
14	32203	32624	32639	32699	32881							
15	32206	32782	32810	32906	32924	33026						
16	32207	32324	32425	32573	33528							
17	32208	32306	32440									
18	32213	32367	32372	32393	32452	32459	32557	32629	32640	32647	32707	32903
19	32220	32247	32346	32380	32474	32489						
21	32254	32368	32472	32476	32786	33294						
22	32258	32888										
23	32265	32388	32526	32536	32544	32627	32792	32801	32882			
24	32273	32361	32381	32438	32446	32535	32887	33307				
26	32282	32323	32540	32555								
30	32310	32584	32717	33200								
33	32318	32473	32531	32911								
34	32331	32561	33381									
37	32348	32395	32615	32805	32870	32894	32956					
39	32352	32357	32400	32453	32470	32677	32750	32775	32817	32901	33032	
40	32360	32740										
41	32363	32401	32468	32507	32514	32626	32642	32711	32949			
42	32365	32417	32587									
43	32366	32377	32455	32512	33091							
46	32371	32558	32799	32967								
48	32376	32456	32508	32702	32885	32886	33027					
57	32479	32628	32856	33012								
60	32542	32940										
61	32566	33442										
62	32577	32704	32796									

Lax från Indalsälven 2018 – mono, två par som är helsyskon							
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7
3	8804	8822	8871	9246			
4	8805	8821	8831	8876	9267	9271	9278
5	8807	8877	9284				
6	8808	8836	9200	9208			
7	8809	8882	9222				
8	8810	9286					
9	8811	8845	8869	9238	9268		
10	8815	8825					
11	8816	8860	9111	9298			
12	8817	9231					
13	8818	8841					
14	8819	9260					
15	8820	9216					
16	8823	9108					
17	8824	8848	8858	9269			
18	8826	9119	9250				
19	8827	9263	9270				
20	8828	8879					
21	8829	8840	9105	9201	9227		
23	8833	8880	8885				
24	8834	9106					
25	8835	9266					
26	8837	9202					
27	8838	9274					
28	8839	9101	9224	9254	9283		
33	8847	8853					
34	8849	9290					
35	8850	9107	9239				
36	8851	9103					
37	8852	8874	9110	9285			
39	8855	9218	9251				
40	8856	9219	9296				
41	8859	8887	9276				
43	8862	9236	9248	9297			
45	8864	9272					
48	8867	8884	9203				
55	8881	9280					
56	8883	9237					

Lax från Indalsälven 2018 – mono, två par som är helsyskon							
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7
59	9104	9115	9261				
60	9109	9214					
62	9113	9282					
63	9114	9256					
65	9117	9215					
66	9118	9230					
67	9120	9212					
68	9199	9234					
69	9204	9226					
72	9209	9220					
74	9211	9241	9252	9255	9258	9277	9291
76	9217	9229	9253	9294			
79	9225	9275					
82	9233	9281					
83	9235	9293					
89	9247	9288					
92	9259	9279					
94	9264	9295					

Lax från Ångermanälven 2017 – poly, inga parade syskon					
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5
1	7433	8850			
2	7436	8726			
3	7437	7441			
4	7438	7519			
7	7443	8725			
9	7445	7476	7480	8613	8622
16	7473	7474	7521		
17	7475	7479			
20	7481	8892			
21	7482	7515			

Lax från Ångermanälven 2018 – poly, ett par är syskon

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8	Syskon 9	Syskon 10	Syskon 11
1	401	420	444	665	681						
2	402	625	673								
3	403	454									
6	406	415	423	438	441	449	464	479	484	686	689
8	408	418									
9	409	486	632								
10	410	621									
12	412	429	440	465							
14	414	419	439	466	481	639	663				
17	421	424	442	456	460	635					
20	426	480									
21	427	685									
23	430	446	470	640							
25	432	677									
27	434	461	463								
29	436	450	489								
31	443	628	668	671							
34	448	646									
36	452	482	485	487	488	658	679				
44	468	651									
48	473	474									
59	605	617	688								
60	606	618	620	660	674	678					
63	609	664	690								
66	612	633	638								
67	613	659									
70	616	645	648								
72	622	672									
73	623	656									
75	626	644	652	661	676	684					
76	627	650	654								
77	629	641									
82	637	655									
87	653	666	667								
90	669	675	682								

Lax från Skellefteälven 2018 – poly, två parade syskon

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8
2	18Skell_252	18Skell_271						
3	18Skell_253	18Skell_333	18Skell_335					
4	18Skell_254	18Skell_259	18Skell_272	18Skell_316	18Skell_346			
5	18Skell_255	18Skell_298	18Skell_303	18Skell_321	18Skell_328	18Skell_340		
6	18Skell_256	18Skell_297						
7	18Skell_257	18Skell_296						
8	18Skell_258	18Skell_277	18Skell_336					
9	18Skell_260	18Skell_282	18Skell_295	18Skell_299	18Skell_311			
13	18Skell_264	18Skell_394						
15	18Skell_267	18Skell_281	18Skell_300					
17	18Skell_269	18Skell_270	18Skell_283	18Skell_288	18Skell_290	18Skell_308	18Skell_326	18Skell_332
18	18Skell_273	18Skell_341						
21	18Skell_276	18Skell_338						
22	18Skell_278	18Skell_315	18Skell_327	18Skell_339				
23	18Skell_279	18Skell_309	18Skell_317					
24	18Skell_280	18Skell_342						
25	18Skell_284	18Skell_287	18Skell_292	18Skell_293	18Skell_323	18Skell_324	18Skell_347	
30	18Skell_301	18Skell_343	18Skell_358					
31	18Skell_302	18Skell_345						
33	18Skell_305	18Skell_313	18Skell_314					
42	18Skell_325	18Skell_337						

Lax från Luleälven 2018 – mono, ett par är helsyskon

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7
1	9657	9708					
2	9677	9688	9706				
4	2304	2307	2331	2355	8976		
5	2301	9851					
7	8951	9817	9862				
9	9607	9633	9674	9738	9800		
11	2312	2335					
14	9625	9866					
15	2316	2391					
16	2305	2326					
18	2379	8961	9630	9802	9838		
22	8928	9698	9700	9755			
23	2315	9828					
24	2324	2367					
25	9725	9749	9781				
26	2349	8939					
27	2330	8932	9618	9642	9664	9716	9764
28	9753	9775					
29	8954	9666					
31	9632	9672	9683	9717	9750	9777	
32	8935	9858	9881				
34	9617	9636	9737				
37	9622	9833					
38	2310	8979	9702	9844	9885		
40	9719	9740	9784				
41	2317	2329					
42	9602	9699	9710				
44	8931	9604	9609	9676			
45	8901	9686	9729				
47	2323	8950	9680	9847			
48	8974	9856					
54	2371	8912	9621	9816			
55	9644	9679	9685				
58	2345	9814					
59	8910	9615	9742	9766	9795		
61	9727	9891					
65	8902	9638	9779				
67	8923	9614					

Lax från Luleälven 2018 – mono, ett par är helsyskon

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7
70	2357	2364	9744				
71	8915	8917	9658				
72	8903	8907	8916	8924	9623	9715	9786
73	2327	2359	9900				
76	2352	8955	9819				
77	2332	9864					
78	2319	8959	8960	9812	9829		
79	9667	9714	9778				
81	2302	2338	9876				
83	8966	9703	9773				
84	8909	9619					
85	2361	9791					
86	2328	9654					
88	2360	2368	2374	2383			
89	8904	9660	9690				
91	2356	8947	9826	9867			
92	9624	9651	9739				
93	9639	9665	9692				
94	9696	9762	9780				
95	2325	8944					
96	8946	9792					
100	2378	9643					
102	8980	9840					
104	9659	9757					
105	9647	9747	9783				
107	2381	9860					
108	8937	9748					
110	2333	9772					
111	8908	9646	9718				
112	9612	9656	9691	9726	9895		
116	9711	9883					
118	9628	9670					
120	2348	2373	9887				
122	8936	8978					
124	2346	9611	9645	9709	9745		
127	9620	9704	9776	9804	9868		
129	2372	9815	9853				
130	8967	9613	9653	9707	9894		
131	9626	9790					

Lax från Luleälven 2018 – mono, ett par är helsyskon

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7
132	2386	8958	9756				
133	9774	9798					
134	8964	9629					
135	8920	9675					
136	2388	9712					
138	2336	2339	2362	8973	9818	9873	
139	8943	9663					
140	9857	9880					
141	2337	2390	9809				
144	2308	2344	9810				
145	8933	8956	9832				
147	8921	9661					
148	8949	9855					
149	8913	8927	9872				
152	9671	9687	9875				
153	2341	9662	9827				
160	8919	9796	9813				
163	9805	9834					
165	8934	9822	9842				
166	9720	9741	9746	9759	9768	9793	9830
171	8929	9705	9761				
172	9839	9884					
179	8962	9730					
186	9605	9728					
187	9637	9892					
193	9627	9678					
195	9811	9849					
197	9634	9733					
206	9807	9888					
214	9785	9850					

Tabell B. Helsyskongrupper för respektive älv för havsöring, bara syskongrupper där mer än ett helsyskon återfanns i aveln presenteras. Röda siffror är angivna som par i aveln. Mono resp. poly anger hur parningen skett (se Tabell 2). Där parningsinformation saknas kan man fortfarande utreda (via DNA) vilka som är helsyskon.

Öring från Dalälven 2018 - poly, inga par är helsyskon													
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8	Syskon 9	Syskon 10	Syskon 11	Syskon 12	Syskon 13
1	32152	32228	32316	32719	33002								
3	32165	32186	32235	32272	32338	32382	32397	32398	32407	32410	32633	32709	33559
5	32180	32436											
7	32188	32320	32335	33041									
12	32334	32384	33059	33510									
13	32353	32355											
14	32364	32441	32754	33244									
23	32428	32658	33275	33572									
24	32433	32620	32643	33272	33511	33512							
25	32450	32652	32664										
27	32467	32568											
30	32562	32602	32623										
41	33053	33154											

Öring från Dalälven 2017 – poly, parningsinformation saknas

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8	Syskon 9
4	4	48							
6	6	31							
11	11	133							
12	12	24	140						
15	26	32	44	122	144	187			
16	27	53	123	124	128	145	190		
19	30	39							
25	38	42	50	56	131	134	137	139	148
28	43	58	129	185					
33	51	125	183	184					
39	60	127	186	258					
40	61	136							
41	62	138							
47	141	189							

Öring från Ljusnan 2017 – poly, parningsinformation saknas

Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8
2	17Ljus_2	17Ljus_5	17Ljus_13					
5	17Ljus_6	17Ljus_65						
6	17Ljus_7	17Ljus_19	17Ljus_40	17Ljus_57	17Ljus_60	17Ljus_86		
8	17Ljus_9	17Ljus_14	17Ljus_27	17Ljus_64				
10	17Ljus_11	17Ljus_32	17Ljus_37					
11	17Ljus_12	17Ljus_28	17Ljus_73	17Ljus_74	17Ljus_76	17Ljus_79	17Ljus_82	17Ljus_89
13	17Ljus_16	17Ljus_25	17Ljus_47	17Ljus_61	17Ljus_78			
14	17Ljus_17	17Ljus_84						
15	17Ljus_18	17Ljus_90						
18	17Ljus_22	17Ljus_38	17Ljus_46	17Ljus_83				
22	17Ljus_29	17Ljus_66						
27	17Ljus_35	17Ljus_50	17Ljus_53	17Ljus_54				
32	17Ljus_43	17Ljus_48						
36	17Ljus_51	17Ljus_56						
38	17Ljus_55	17Ljus_68	17Ljus_70					
40	17Ljus_59	17Ljus_91						

Indalsälven 2017 – poly, parningsinformation saknas					
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5
4	17Indal_4	17Indal_12	17Indal_15	17Indal_31	
6	17Indal_6	17Indal_13			
7	17Indal_7	17Indal_22			
10	17Indal_10	17Indal_19	17Indal_21	17Indal_35	17Indal_48
12	17Indal_16	17Indal_42			

Öring från Indalsälven 2018 – poly, ett avelspar var helsyskon						
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6
1	9121	9154	9170			
2	9123	9124				
3	9122	9131				
5	9126	9146	9148	9184	9189	9191
7	9137	9144				
8	9157	9160				
9	9149	9153				
15	9128	9162				
16	9138	9143	9177			
18	9140	9145	9194			
19	9183	9187				
21	9141	9197				
22	9129	9181				
27	9130	9172				
30	9147	9169				
36	9176	9185				
39	9161	9171				
43	9182	9192				
44	9173	9190				

Öring från Ångermanälven 2017 – poly, inga helsyskon parade								
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8
1	7224	7227	7266	7288	7289	7410	7411	7415
7	7231	7271	7418					
8	7232	7268						
9	7263	7286	7414	7417				
10	7265	7309	7314					
11	7267	7403						
13	7270	7278	7279					
17	7275	7290						
20	7281	7287	7310					
22	7283	7284	7312					
23	7285	7291						
26	7304	7307	7315					
32	7316	7405	7421					
34	7318	7422						
35	7319	7320	7322					

Öring från Ångermanälven 2018 – poly, tre av avelsparen var helsyskon								
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6	Syskon 7	Syskon 8
1	7463	8784	8785	8786	8967	9170		
2	7464	7465	8963	9052	9057	9169		
6	7469	8965						
7	7470	8966	8970	9180				
10	8783	8971	9040	9055	9062	9172		
11	8787	8789	8968	9026	9028	9035	9043	9048
12	8788	9032						
13	8790	9037	9049	9173				
14	8791	8878	9024	9038	9050	9059	9164	
15	8792	8969	9029	9039	9163			
18	8875	8972	9027	9045	9058	9165		
19	8877	9051	9166					
20	8879	9046	9168					
22	8881	8964	9036	9061				
23	8882	9054	9167					
31	9044	9179						
40	9177	9178						

Öring från Luleälven 2018 – mono, inga helsyskon är parade						
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3	Syskon 4	Syskon 5	Syskon 6
3	587	681				
5	589	696				
6	590	652	661	666		
10	594	647				
17	601	669				
19	603	678				
22	606	655				
23	607	629				
24	608	609	626	690		
26	611	651				
28	613	639				
31	616	623				
34	619	628	633	650	658	677
37	622	656				
38	624	686				
39	625	664				
40	627	668				
41	630	674				
44	634	697				
46	636	659	688			
48	638	657				
51	643	684				
54	646	675				
70	680	695				
71	682	691				
75	689	694				

Öring från Skellefteälven 2017 – poly, parningsinformation saknas			
Grupp	Syskon 1	Syskon 2	Syskon 3
9	17Kvist_109	17Kvist_116	17Kvist_136
10	17Kvist_110	17Kvist_149	
17	17Kvist_118	17Kvist_144	
23	17Kvist_124	17Kvist_141	
25	17Kvist_126	17Kvist_129	
26	17Kvist_127	17Kvist_135	17Kvist_137
28	17Kvist_130	17Kvist_146	

