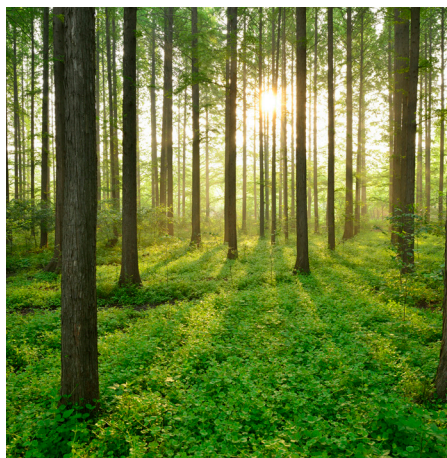


# STRATEGISKT ARBETE FÖR BEVARANDE AV GENETISK VARIATION I SVENSK KOMPENSATIONSODLING

RAPPORT 2023-976



VATTENKRAFTENS  
KOMPENSATIONSODLING



Stora fotot på omslaget: Duncan Philpott

# Strategiskt arbete för bevarande av genetisk variation i svensk kompensationsodling

JOHAN ÖSTERGREN, STEFAN PALM, LINDA SÖDERBERG  
OCH LO PERSSON

ISBN 978-91-7673-976-1 © Energiforsk december 2023

Energiforsk AB | Telefon: 08-677 25 30 | E-post: [kontakt@energiforsk.se](mailto:kontakt@energiforsk.se) | [www.energiforsk.se](http://www.energiforsk.se)



## Förord

**Energiforsks program Vattenkraftens kompensationsodling finansierade detta projekt för att utveckla och förbättra odlingsverksamheten. En viktig del av programmets forsknings och utvecklingsaktiviteter är att stötta de långsiktiga bevarandebiologiska målsättningarna för svenska laxstammar. Att finansiera utvecklandet av riktlinjer och rekommendationer för ett avelsarbete med ett bevarandegenetiskt perspektiv var därför en prioriterad aktivitet inom programmet.**

Projektet som här redovisas är ett resultat av en workshopserie som genomfördes under hösten 2021. Där identifierades behovet av moderna rekommendationer för hur urval och parning av avelsfisk samt vidare hantering av avkomman bör ske för att optimera den genetiska variationen. Syftet med projektet var att ta fram tydliga riktlinjer för vad som krävs i avelsverksamheten samt belysa moment där delar av den genetiska variationen riskerar att gå förlorad. Rekommendationerna skall även vara praktiskt genomförbara och långsiktigt bidra till att upprätthålla stammarnas genetiska variation.

Här redovisas resultat och slutsatser från ett projekt inom ett forskningsprogram som drivs av Energiforsk. Det är rapportförfattaren/-författarna som ansvarar för innehållet.

Ytterligare publikationer från författarna kan hittas via ORCID:

Johan Östergren, SLU, ORCID 0000-0002-7585-7629

Stefan Palm, SLU, ORCID 0000-0002-9890-8265

Linda Söderberg, SLU, ORCID 0009-0003-6075-4568

Lo Persson, SLU, ORCID 0000-0002-7395-8637

## Sammanfattning

**Odling och utsättning av fisk i syfte att kompensera för miljöförändringar orsakade av människan har en lång historia. Sådan kompensationsodling för vattenkraftens påverkan på olika fiskbestånd är omfattande. Historiskt har kompensationsutsättningar av fisk haft fokus på att kompensera husbehovs-, fritids- och yrkesfisket för minskad tillgång på fisk. På senare år har även medvetenheten ökat om den generella betydelsen av att bevara biologisk mångfald i form av lokala populationer som är unika och ofta anpassade till sina respektive livsmiljöer. För att kunna arbeta aktivt med bevarandegenetiska målsättningar behövs riktlinjer för kompensationsodlingens avelsarbete som är baserade på vetenskaplig grund och som också är praktiskt genomförbara.**

Avels- och odlingsverksamhet medför ofrånkomligen genetiska förändringar hos den fisk som används. Dessa förändringar är i regel oönskade, men kan till viss del reduceras genom anpassad avels- och odlingsmetodik. Genetiska förändringar kan dels handla om effekter av inavel samt effekter av medveten eller omedveten selektion (även kallat domesticering). Därtill påverkar odlingsmiljön i sin onaturliga form vilka individer som överlever, tillväxer och slutligen frisläpps, vilket också får effekter på fiskens genetik, bland annat genom att egenskaper som gynnas i odlingsmiljön är andra än de som behövs för ett liv i naturen. Fiskodling och utsättning kan också öka risken för oönskade genetiska förändringar i vilda bestånd. Odlad fisk kan vandra till och föröka sig med vild fisk, vilket påverkar den genetiska sammansättningen och strukturen hos de vilda bestånden.

I fiskodling är i regel antalet könsmogna fiskar som bidrar till reproduktionen lägre än i naturliga/vilda populationer. Ett lågt antal föräldrar kan leda till en lägre genetiskt effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) samt ökar risken för slumpmässig förlust av ärftlig genetisk variation via så kallad genetisk drift. Det ökar även populationens inavelsgrad.  $N_e$  är ett viktigt genetiskt mått eftersom det indikerar hur snabbt genetisk variation förväntas minska över tid; ett lågt  $N_e$  ger snabbare minskning än ett högt  $N_e$ . Gränsvärdet  $N_e \geq 500$  har nyligen accepterats som indikator för bibehållande av genetisk variation inom konventionen för biologisk mångfald.

Föreliggande rapport är en redovisning av projektet Strategi för urval av föräldrafisk och optimering av genetisk variation. Rapporten fokuserar på rekommendationer och riktlinjer för ett strategiskt avelsarbete för kompensationsodling av laxfisk med syfte att bevara genetisk mångfald med tonvikt på genetisk variation. Hänsyn har tagits till praktisk genomförbarhet. Rapporten baseras på en litteraturgenomgång, beräkningar av  $N_e$  för två kompensationsodlade laxpopulationer, samt information från odlingsverksamheten.

Totalt presenteras 17 rekommendationer för avelsarbetet i kompensationsodling (för laxfisk). De fem övergripande och viktigaste delarna i arbetet med bevarande

av genetisk variation är att: (1) använda tillräckligt många avelsfiskar, (2) använda jämn könskvot hos avelsfisken, (3) tillåta en (begränsad) inblandning av älvsfrämmande fisk, (4) undvika korsning av nära besläktade avelsfiskar, och (5) att jämna ut familjestorlekar. Dessutom är det viktigt att om möjligt undvika selektion samt att utsättningar sker på rätt sätt. I avelsarbetet är det också viktigt med god dokumentation och uppföljning av verksamheten, exempelvis genom genetisk provtagning och analys.

## Nyckelord

Kompensationsodling, avel, bevarande, genetisk variation, biologisk mångfald.

## Summary

**Releases of hatchery reared fish (i.e. stocking) with the aim of compensating for environmental changes caused by humans has a long history. Such compensatory stocking aiming at mitigating the impact of hydropower on various fish stocks is extensive. Historically, compensatory releases of fish have focused on compensating recreational and commercial fishing. In recent years, awareness has also increased about the general importance of preserving biological diversity in the form of local populations that are unique and often adapted to their respective environments. In order to be able to work actively with conservation genetic objectives, guidelines for the breeding process in hatcheries are needed which are based on a scientific knowledge and which also are practically feasible.**

Breeding operations in hatcheries inevitably lead to genetic changes in the fish used. These changes are generally undesirable, but can be reduced to some extent through adapted breeding methodology. Genetic changes can be a result of inbreeding and/or a result of conscious or unconscious selection (also called domestication). In addition, the hatchery environment in its unnatural form affects which individuals survive, grow and are finally released, which also has effects on the genetics of the fish, because characteristics that are favored in the hatchery environment are different from those needed for a life in the wild. Hatchery procedures and stocking can also increase the risk of unwanted genetic changes in wild stocks. Released fish can migrate to and interbreed with wild fish, affecting the genetic makeup and structure of wild stocks.

In a hatchery situation, in general, the number of sexually mature fish that contribute to reproduction is lower than in natural/wild populations. A low number of parents can lead to a lower genetically effective population size ( $N_e$ ) and increases the risk of random loss of hereditary genetic variation via so-called genetic drift. It also increases the population's inbreeding rate.  $N_e$  is an important genetic measure because it indicates how fast genetic variation is expected to decrease over time; a low  $N_e$  results in faster reduction than a high  $N_e$ . The value  $N_e \geq 500$  has recently been accepted as an indicator for the maintenance of genetic variation within the Convention on Biological Diversity.

This report is the result of the project Strategy for selection of brood stock and optimization of genetic variation. The report focuses on recommendations and guidelines for a strategic breeding work-flow for compensatory hatcheries (salmon and trout) with the aim of preserving genetic diversity with an emphasis on genetic variation. Consideration has been given to practical feasibility. The report is based on a literature review, calculations of  $N_e$  for two salmon hatchery populations, and information from the hatchery operations.

A total of 17 recommendations are presented for the breeding procedures in compensatory hatcheries (for salmon and trout). The five overall and most important recommendations are to: (1) use a sufficient number of fish in the brood



stock, (2) use an even sex ratio in the brood stock, (3) allow a (limited) mixing of non-native fish in the brood stock, (4) avoid interbreeding of closely related individuals, and (5) to equalize family sizes (number of offspring). In addition, it is important to avoid selection if possible and that releases take place in the right way. In the breeding work, it is also important to have good documentation and follow-up of the activities, for example through genetic sampling and analysis.

## Innehåll

<b>1</b>	<b>Introduktion</b>	<b>9</b>
1.1	Syfte och mål	10
1.2	Bevarandemål för verksamheten kompensationsodling	11
<b>2</b>	<b>Metod</b>	<b>12</b>
2.1	Avgränsningar	12
2.2	Litteraturgenomgång	12
2.3	Genetiska analyser och information från odlingar	13
2.4	Rekommendationer och riktlinjer	13
<b>3</b>	<b>Bakgrund</b>	<b>15</b>
3.1	Laxens och öringens livshistoria	15
3.2	Genetisk variation	16
3.3	Kompensationsodlingens historia	17
3.3.1	Vattenkraften byggs ut och dagens kompensationsodling växer fram	17
3.3.2	Om älveget avelsmaterial	18
3.3.3	Vattendomar fastställer mängden smolt som sätts ut	19
3.4	Genetiska grundprinciper och begrepp	19
<b>4</b>	<b>Resultat och diskussion</b>	<b>24</b>
4.1	Dagens kompensationsodling i praktiken	24
4.2	Faktorer i avelsarbetet som påverkar genetisk variation	30
4.2.1	Antal avelsfiskar	30
4.2.2	Korsningar	34
4.2.3	Könskvot	35
4.2.4	Att undvika selektion – storlek, ålder och fisketid	35
4.3	Fleråriga avelsbesättningar	36
<b>5</b>	<b>Rekommendationer och riktlinjer</b>	<b>37</b>
5.1	Avelsfiske – Val av avelsfisk och metod	37
5.2	Antal avelsfisk	38
5.3	Korsningar	39
5.4	Rom och yngel	40
5.5	Utsättning	42
5.6	Dokumentation och uppföljning	42
5.7	Forsknings- och utvecklingsbehov	43
<b>6</b>	<b>Tackord</b>	<b>45</b>
<b>Bilaga A:</b>	<b>Effektiv populationsstorlek (<math>N_e</math>) hos två odlade laxstammar</b>	<b>46</b>
<b>Bilaga B:</b>	<b>Riktlinjer i tabellform</b>	<b>49</b>
<b>Bilaga C:</b>	<b>Flödesscheman för parningsmönster (korsningsmönster) vid olika antal avelsfisk</b>	<b>50</b>
<b>Bilaga D:</b>	<b>Exempel och typfall</b>	<b>55</b>
<b>7</b>	<b>Referenslista</b>	<b>58</b>

# 1 Introduktion

Kompensationsodling av fisk har en lång historia i Sverige och är omfattande med idag ca 14 odlingsanläggningar geografiskt utspridda över hela landet (Figur 1). Syftet med kompensationsodling är att genom utsättning av fisk kompensera för skador på miljön orsakade av mänskliga aktiviteter som lett till negativ påverkan på olika fiskbestånd. Odlingen består i att konstbefrukta och kläcka rom, samt i de flesta fall att utfodra fiskungar under minst ett år varefter de sedan frisläpps i naturen. De mest omfattande kompensationsutsättningarna sker till följd av vattenkraftens utbyggnad (Montén, 1988). De flesta av Sveriges vattensystem är påverkade av vattenkraft vilket har fått negativa konsekvenser för flera olika fiskarter och -bestånd genom att dammar hindrar fiskvandring samt att livsmiljön, eller habitatet, dämts över eller torrlagts (Näslund m. fl., 2013).

Under senare decennier har medvetenheten ökat om den generella betydelsen av att bevara biologisk mångfald i form av lokala populationer ("genetiskt distinkta bestånd" eller "stammar") som är unika och ofta anpassade till sina respektive livsmiljöer (Frankham m. fl., 2010, Hoban m. fl., 2021). Kompensationsodlingens betydelse för bevarande av specifika lax- och öringstammar, som annars inte kunnat överleva då naturliga lek- och uppväxtområden saknas, har också uppmärksamats på senare år (Alanärs & Persson, 2021a, Fisch m. fl., 2015).

Avels- och odlingsverksamhet medför ofrånkomligen genetiska förändringar vilka i regel är oönskade, men som till viss del kan reduceras. Dessa kan dels handla om effekter av inavel samt effekter av medveten eller omedveten selektion (även kallat domesticering). En viktig orsak till det sistnämnda är att människan inte kan upprätthålla den naturliga selektionen som sker i det vilda då individer väljs ut för avel. I odling är miljön radikalt annorlunda mot den i naturen samtidigt som chansen att överleva från befruktat romkorn till utsatt ungfisk är betydligt högre. Detta innebär sammantaget att många av de naturliga urvalsprocesser som påverkar och bibehåller egenskaper hos den frisläppta fisken ute i naturen är försvagade eller satta ur spel. Den konstgjorda uppväxtmiljön gynnar samtidigt andra egenskaper än de som gynnas i naturen (Christie m. fl., 2016). Detta leder ofta till att odlad och frisläppt fisk har sämre överlevnad i naturen än vild fisk, vilket bland annat gäller lax och havsöring (McGinnity m. fl., 2003, McGinnity m. fl., 2009, Araki m. fl., 2008). Det faktum att människan i odling avgör vilka individer som ska para sig med varandra innebär också en skillnad mot hur det fungerar i naturen, där det förekommer aktivt partnerval samt konkurrens om lekplatser och lektillfällen.

I en fiskodling är (i regel) antalet könsmogna fiskar som bidrar till reproduktionen också lägre än i naturliga, av människan opåverkade, populationer. Ett lågt antal föräldrar kan leda till en lägre genetiskt effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) samt ökar risken för slumpmässig förlust av ärftlig genetisk variation via så kallad genetisk drift. Det ökar även populationens inavelsgrad. En alltför hög inavel kan, i sin tur, exempelvis leda till missbildningar, sämre tillväxt och lägre överlevnad.

Vild lax och öring vandrar i huvudsak tillbaka till sitt födelsevattendrag för att reproducera sig, medan odlade och frisläppta individer av dessa arter i regel

vandrar tillbaka till utsättningsplatsen. Detta kallas på engelska för *homing* (Stabell, 1984). Homing medför att genetiska anpassningar till lokala miljöförhållanden kan utvecklas och bibehållas. En liten andel av individerna (ofta < 5 %) sprider sig dock till andra vattendrag, vilket utgör en viktig del av laxfiskarnas biologi genom att inavel motverkas (Allendorf & Waples, 1996) samtidigt som nya habitat kan koloniserar (Verspoor m. fl., 2007). Sådan "felvandring" (på engelska: *straying*) har visats vara högre bland odlad och frisläppt lax än för vild lax, även om andelen felvandrad lax mellan olika bestånd varierar stort för såväl odlade som vilda bestånd (Jonsson m. fl., 2003, Quinn, 1993). Plats för utsättning är den viktigaste faktorn som påverkar graden av felvandring hos odlad fisk, där en utsättning direkt i havet eller en sjö ger en hög andel felvandrare till omkringliggande vattendrag (Pedersen m. fl., 2007).

När odlad fisk förökar sig med vild påverkas den genetiska sammansättningen hos de vilda bestånden. Om älvsfrämmande (felvandrad) fisk förökar sig med den lokala populationen påverkas även artens genetiska struktur. Påverkan av odlad fisk på den genetiska sammansättningen och den genetiska strukturen hos både odlad och vild lax har bland annat påvisats i Östersjön (Östergren m. fl., 2021) och i Väneren (Palm m. fl., 2012), vilket kan medföra risker som minskad biologisk mångfald och genetisk homogenisering (Östergren m. fl., 2021, Laikre m. fl. 2023).

För att undvika oönskad genetisk påverkan använder sig de svenska kompensationsodlingarna av vissa riktlinjer för avelsarbetet. Till exempel används så kallat "älveget material" (Montén, 1988), dvs. avelsfisk fångas i samma vattendrag där dess avkomma senare sätts ut. Det har dock inte alltid varit så. Under kompensationsodlingens inledning, främst under 1960-talet, skedde ibland utsättningar av lax från andra älvar än den egna. Detta berodde bland annat på sjukdomsutbrott av bakteriesjukdomen furunkulos i vissa odlingar, vilket gjort att det rådde brist på fisk av älvegen stam för utsättning. Odlingarna blev då ålagda av dåvarande tillsynsmyndighet att använda avelsfisk (eller rom/yngel/smolt) från andra älvar. Det gjordes också olika utsättningar i experimentsyfte ledda av Laxforskningsinstitutet (LFI). Under denna tid ansågs exempelvis blandning av olika stammar inte vara så problematiskt, utan fokus var på att sätta ut tillräckligt mycket fisk för att kompensera fisket och följa vattendomar (Montén, 1988). Dessa historiska utsättningar gjordes efter dåtidens kunskap och följde de rekommendationer som då var aktuella.

Sedan tidigare finns ett antal rekommendationer och riktlinjer gällande avelsarbete (Nyman & Norman, 1987, Fiskeriverket, 1998, Fiskeriverket, 2007, Norrgård, 2020), till exempel avseende det minsta antal avelspar som bör användas, samt hur och när under året avelsfiske bör ske. Dessa riktlinjer bygger till viss del på relativt gammal kunskap. Det finns därför ett behov av att se över och eventuellt uppdatera riktlinjerna för kompensationsodlingens avelsverksamhet.

## 1.1 SYFTE OCH MÅL

Föreliggande rapport är en redovisning av projektet *Strategi för urval av föräldrafisk och optimering av genetisk variation* inom Energiforsks forskningsprogram Vattenkraftens kompensationsodling. Projektets syfte har varit att ta fram tydliga

och uppdaterade riktlinjer för att långsiktigt uppfylla grundläggande bevarandebiologiska målsättningar av relevans för svensk kompensationsodling. Här avses att riktlinjerna bidrar till ett avelsarbete som i möjligaste mån leder till bevarande av biologisk mångfald (genetisk diversitet) hos lax och öring på lång sikt. Målet är vidare att fastställa bevarandegenetiska rekommendationer och råd avseende avelsmetodik, med hänsyn taget till praktisk genomförbarhet i svensk kompensationsodling, samt i förhållande till de vattendomar som finns. De råd och rekommendationer som ges i denna rapport kan behöva ses över och modifieras i framtiden, i takt med nya vetenskapliga rön och om/när förutsättningarna för den praktiska odlingsverksamheten förändras.

## 1.2 BEVARANDEMÅL FÖR VERKSAMHETEN KOMPENSATIONSODLING

En utgångspunkt för detta projekt har varit befintliga bevarandebiologiska målsättningar för dagens kompensationsodling som bland annat diskuterades av en bred grupp aktörer (representanter från kompensationsodlingarna, forskare och myndigheter) under en workshopserie (Alanärä & Persson, 2021a). I tidigare rapporter, vägledning och riktlinjer beskrivs bevarandemål i relativt vida begrepp, som att "bevara den befintliga genetiska variationen" (Norrgård, 2020, med referenser) eller "bevara den biologiska mångfalden" (Fiskeriverket, 1998). Att "bibehålla naturliga egenskaper så långt det är möjligt" finns också nämnt som målsättning (Fiskeriverket, 2007).

För detta projekt har vi utgått från bevarandemålet att behålla den genetiska variationen på lång sikt. Vi har vidare utgått från att den genetiska populationsstruktur som finns idag ska behållas vilket innebär att de genetiska skillnaderna mellan olika (vilda och odlade) lax- respektive öringbestånd varken bör öka eller minska över tid. Detta innebär att ett visst (begränsat) genflöde mellan olika populationer bör tillåtas i avelsarbetet, samtidigt som påverkan av felvandrad odlad laxfisk på vilda bestånd bör minimeras.

I föreliggande rapport presenteras konkreta rekommendationer för ett strategiskt avelsarbete som motiveras utifrån genetiska principer samt praktisk genomförbarhet. Med praktisk genomförbarhet menas att rekommendationerna bör vara rimliga att implementera, exempelvis utan stora ingrepp i befintlig infrastruktur för avelsfiske och odling. Lokala förutsättningar (till exempel förekomst av vilda naturligt reproducerande stammar) tas också hänsyn till. Rekommendationerna baseras på en litteraturgenomgång, sammanställningar av information från odlingar, samt nya analyser av bland annat effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) i två svenska kompensationsodlingar för lax.

## 2 Metod

### 2.1 AVGRÄNSNINGAR

Projektet har främst fokuserat på kompensationsodling av lax och dess avelsarbete i en genetisk kontext. I huvudsak har vi utgått från att man i avelsarbetet tar nya föräldrafiskar varje år i så kallat avelsfiske och efter några år frisläpper laxungar färdiga för ett liv i havet (dvs. som smolt). Detta arbetssätt brukar benämnas *sea ranching*. Kompensationsodling av andra arter som följer denna metodik (till exempel havs- eller insjööring) kan därför också direkt använda sig av projektets rekommendationer.

Odlingsverksamhet där avelsbesättningar hålls i odling flera generationer, och där avelsfisk används mer än en säsong, berörs endast begränsat i rapporten. Likaså är informationen som ges i denna rapport om landbaserade odlingar där fisk hålls från rom till vuxen fisk också begränsad. De genetiska grundprinciperna och de flesta av rekommendationerna är dock relevanta för all kompensationsodling.

Med kompensationsodling avses inte odling av typen stödutsättningar av odlad fisk i vilda bestånd (så kallad *supportive breeding*), ej heller odling för utsättning för att återskapa utdöda bestånd i det vilda. Det finns ett flertal studier som belyser genetiska effekter och risker vid stödutsättning (Ryman & Laikre, 1991, Laikre m. fl., 2010, Ford, 2002), och stödutsättningar tas även upp i flera tidigare rapporter och vägledningar (Sparrevik, 2001, Fiskeriverket, 2007, Karlsson m. fl., 2016). Grundläggande genetiska principer presenteras översiktligt för det som vi bedömt mest relevant för projektet. För mer detaljer hänvisas till den bevarandegenetiska litteraturen, till exempel Frankham m. fl. (2010) och Allendorf m. fl. (2013)

### 2.2 LITTERATURGENOMGÅNG

Inom ramen för projektet har en litteraturgenomgång utförts. Genomgången baserades främst på tidigare kända rapporter och vetenskapliga artiklar som berör kompensationsodling och riktlinjer för avel och fiskodling, samt referenser som nämns i dessa. För grundläggande principer har också olika böcker använts. Rapporter som finns på Sötvattenslaboratoriets bibliotek i Drottningholm (LFI-rapporter, Information från Sötvattenslaboratoriet, Fiskeriverket informerar, dvs. Finfo-serien) har särskilt studerats. I tillägg har vetenskaplig information inhämtats via sökmotorerna Google Scholar samt Web of Science. Fokus för sökningarna har följt avgränsningarna, till exempel med sökord som "*domestication of fish*", "*genetic effects of breeding*" och "*fish hatchery genetic*" och liknande sökord/meningar. Syftet med litteraturgenomgången har inte varit att göra en systematisk genomgång av all befintlig litteratur, utan snarare att hitta relevant litteratur viktiga för projektets genomförande, särskilt tidigare nationella och internationella riktlinjer och vägledningar.

### 2.3 GENETISKA ANALYSER OCH INFORMATION FRÅN ODLINGAR

Data och resultat (DNA-baserade föräldraskapsbestämningar) från projektet Genetisk analys av lax och havsöring från svenska fiskodlingar (t. ex. Söderberg & Palm, 2023, Söderberg m. fl., 2019) har använts för att beräkna effektiva populationsstorlekar ( $N_e$ ) för två kompensationsodlade laxpopulationer. Beräkningsmetoder och resultat från dessa analyser återfinns i bilaga A, och de presenteras också i resultat och diskussionsavsnittet nedan.

Inom projektet har även information från kompensationsodlingar sammanställts utifrån dokumentation som erhållits av Vattenfall, samt utifrån svar på ett frågeformulär som motsvarar och kompletterar denna dokumentation. Frågeformuläret skickades till personal vid samtliga kompensationsodlingar för lax i Sverige och svar erhöles från Henri Heimonen (Hedens fiskodling, Vattenfall), Anton Dahlberg (Kvistforsens fiskodling, Statkraft), Åke Forssén (Norrfors fiskodling, Vattenfall), Staffan Nordlöf (Forsmo fiskodling, Vattenfall), Ingemar Vasell, (Långsele fiskodling), Börje Sahlin (Bergeforsens fiskodling, Vattenfall), Ulf Larsson (Ljusne fiskodling, Fortum), Jörgen Rask och Yvonne Ottosson (Brobacken, SLU), Daniel Axelsson (Laholms fiskodling, Statkraft), samt Tina Hedlund (Vattenregleringsföretagen). Informationen från kompensationsodlingsverksamheten bygger även på information som diskuterades på Seminarium om kompensationsutsättning av fisk, Uppsala, 15–16 mars, 2023.

### 2.4 REKOMMENDATIONER OCH RIKTLINJER

I slutet av rapporten finns ett avsnitt med rekommendationer och riktlinjer, vilka också finns presenterade i bilaga B och C. Dessa har tagits fram genom att syntetisera den kunskap som framkommit under projektets gång. Till riktlinjerna har flödesscheman tagits fram (Bilaga C) för att det enklare ska gå att implementera rekommendationerna, genom att steg för steg följa dessa flödesscheman. I tillägg beskrivs ett antal typfall och exempel (Bilaga D) som ger ytterligare information om hur rekommendationer och riktlinjer kan användas. Typfallen är exempel på specifika situationer givet ett par enskilda odlingars förutsättningar avseende vattendomar, infrastruktur och biologiska förutsättningar för de aktuella bestånden i fråga.



Figur 1. Karta över kompensationsodlingar med öring samt med/utan lax i Sverige.



## 3 Bakgrund

### 3.1 LAXENS OCH ÖRINGENS LIVSHISTORIA

Lax och öring reproducerar sig i sötvatten, nästan uteslutande i rinnande vattendrag. Leken sker på hösten och rommen läggs i en eller flera gropar som honan gräver och som sedan täcks när rommen befruktats (Klemetsen m. fl., 2003, Verspoor m. fl., 2007). Ofta parar sig flera hanar med samma hona. Det förekommer ofta att så kallade tidigt könsmogna hanar deltar i leken, särskilt hos lax. Dessa är små hanar som aldrig lämnat vattendraget utan blivit könsmogna som väldigt små. De befruktade äggen kläcks nästkommande vår. Efter ett till flera år i vattendragen vandrar sedan ungarna som smolt ut till havet eller en sjö för en snabbare tillväxt. Efter ytterligare ett till flera år i havet eller en sjö återvänder de flesta vuxna laxar och öringar till det vattendrag där de föddes. Detta fenomen kallas för *homing*. Lax finns även som insjövandrande bestånd, även om detta är sällsynt (enbart Vänern i Sverige), där reproduktionen sker i tillrinnande vattendrag. I Norge finns också ett unikt och hotat bestånd av älvstationär lax i Namsens övre del, så kallad "Småblank" (Karlsson m. fl., 2018). Till skillnad mot lax förekommer ofta stationära öringbestånd, där individerna lever hela livet i rinnande vatten. Det finns även ett fåtal sjölekande sjölevande öringbestånd, som leker på grunda grus-/stenbottnar.

Uppväxten i vattendragen är en viktig del i laxfiskars livscykel. Lax- och öringungar lever av smådjur, främst insekter och dess larver. De är relativt stationära och revirhävande, och överlevnaden är täthetsberoende. Likt annan småfisk finns faror i form av predatorer, större fiskar och fåglar. Öring finns längs hela den svenska kusten samt i insjöar och vattendrag i hela landet. Laxen finns i färre vattendrag, främst större åar och älvar, samt i Vänern. Det geografiska läget ger olika förutsättningar för tillväxt och överlevnad, till exempel genom skillnader i klimat och vattenkemi. Eftersom lax och öring återvänder till det vattendrag (ofta samma område i ett vattendrag) där de är födda så har det med tiden bildats genetiskt skilda bestånd (lokala populationer). De olika bestånden anses vara genetiskt anpassade till de specifika miljöer där de finns, miljöer som kan vara väldigt olika.

Ute i havet vandrar laxen till olika födosöksområden. De flesta östersjölaxar vandrar till de södra delarna av Östersjön, medan västkustlaxen vandrar långt ut i Atlanten. Naturligt reproducerande lax återvänder efter 1–4 år i havet, där de som varit ute i ett år kallas *grilse* (merparten hanar). Havsöring vandrar vanligtvis betydligt kortare distanser i havet för sin tillväxt (Degerman m. fl., 2012). Återvandringen sker, som tidigare nämnts, normalt till födelsevattendraget, men en del av de återvandrande vuxna individerna (ofta ca. 1-5 %), söker sig till nya områden/vattendrag, vilket kallas *straying*, eller felvandring (Quinn, 1993, Verspoor m. fl., 2007). Detta är en del av laxfiskarnas biologi och bidrar till arternas förmåga att kolonisera nya habitat. Ett visst genetiskt utbyte kan också vara gynnsamt då det motverkar inavel och förlust av genetisk variation.

För laxen i Östersjön genomför Internationella havsforskningsrådet (ICES) varje år omfattande datasammanställningar och beståndsanalyser baserat på vilka

rekommendationer ges för förvaltningen av fisket (ICES, 2023a). Även för laxen i Atlanten (inkl. svenska västkusten) tas det fram liknande årliga sammanställningar (ICES, 2023b).

### 3.2 GENETISK VARIATION

Med genetisk variation menas dels olika varianter av arvsanlag som förekommer inom och mellan individer och dels variationen av olika arvsanlag mellan populationer (se även Faktaruta 1 nedan). Genetisk variation är viktigt ur flera aspekter. En bred genetisk variation ökar möjligheterna för en art att klara och anpassa sig till förändringar i miljön kopplat till exempelvis klimat, parasiter och sjukdomar. Genetisk variation är dessutom en förutsättning för fortsatt evolution.

I föreliggande rapport är fokus på kompensationsodling av lax i Sverige, där odling av östersjölax är klart dominerande. Den genetiska variationen och strukturen av östersjölax finns beskriven i ett flertal rapporter och vetenskapliga artiklar (Säisä m. fl., 2005, Nilsson m. fl., 2001, Koljonen m. fl., 1999, Ståhl, 1983). Västkustlaxen är mindre undersökt men den genetiska variationen och strukturen finns beskriven av Söderberg m. fl. (2020), och för Väneren finns densamma beskriven i Palm m. fl. (2012).

I jämförelse med lax är den genetiska populationsstrukturen hos svensk havsöring mindre studerad. En anledning är att det uppskattningsvis finns mer än 400 vattendrag eller biflöden med havsöring. Lokala populationer längs svenska västkusten skiljer sig som grupp genetiskt från havsöring i vattendrag på den danska sidan av Kattegatt, trots ett begränsat geografiskt avstånd (Bekkevold m. fl., 2020). Även inom Östersjön finns regionala och lokala genetiska skillnader, där Östergren m. fl. (2016) redovisat den genetiska strukturen för de största svenska havsöringsälvarna i Östersjön, inklusive de med kompensationsodling, medan Palm m. fl. (2019) och Palm & Söderberg (2022) presenterar mer detaljerade resultat för havsöring i Torneälven respektive mindre vattendrag i Västernorrland. Det finns betydligt fler artiklar och rapporter som beskriver genetisk struktur av öringbestånd i sötvatten (Söderberg m. fl., 2017, Dannewitz m. fl., 2012, Östergren & Nilsson, 2012, Dannewitz m. fl., 2014, Andersson m. fl., 2017, Ryman, 1983). Däremot saknas ännu en mer heltäckande kartläggning av öringens genetiska struktur i hela Sverige (inklusive olika kustavsnitt och inlandsvatten, från söder till norr).

Det uppmärksammades tidigt att odling och utsättning av fisk kunde vara förknippat med genetiska risker och problem (Ryman, 1981). Vid de första laborativa analyserna av öring och lax med så kallad allozymelektrofores under 1970- och 80-talet observerades i flera fall tydliga genetiska skillnader mellan årsklasser från samma population beroende på (alltför) få föräldrafiskar, samtidigt som graden av genetisk variation inom och mellan odlade stammar visade sig vara lägre än hos vilda populationer (Ryman & Ståhl, 1980, Ståhl, 1983, Ståhl & Ryman, 1987). Senare undersökningar har också bekräftat förekomst av oönskade genetiska förändringar kopplade till odling och utsättning av lax och öring (till exempel Östergren m. fl., 2021).

### 3.3 KOMPENSATIONSODLINGENS HISTORIA

Vattendrag har under lång tid använts av människan för att exempelvis frakta folk, varor, timmer och för utvinning av kraft. Det stod relativt tidigt klart att olika aktiviteter och byggnationer i vatten påverkade fiskar av olika slag. Man insåg till exempel tidigt att dammar som hindrade fiskvandring skulle försämra fiskemöjligheter uppströms och även att reproduktionsmöjligheter för exempelvis olika laxfiskar skulle påverkas negativt. Att flottningen och dess rensningar av vattendragen påverkade laxfiskar negativt stod exempelvis klart redan i mitten av 1800-talet (Byström, 1867).

Odling av fisk har pågått under flera tusen år; odling av karp skedde i Kina redan på 600-talet före Kristus. Det rörde sig då om uppodling av fisk i dammar där lek ibland skedde naturligt. Konstbefruktning utvecklades betydligt senare. För laxfisk praktiserades konstbefruktning först i mitten av 1700-talet (Puke, 1956). I Sverige anlades de första kläckerierna för laxfisk i mitten av 1800-talet och i Piparböle, vid Umeälven, kläcktes år 1866 ca 180 000 laxyngel som sedan frisläpptes (Puke, 1956). Detta kan möjligen vara Sveriges första kompensationsutsättning av lax, eftersom den gjordes i Umeälven där Byström (1867) hade konstaterat negativ påverkan av flottningen på laxbeståndet. Till en början och fram till ca 1950-talet bestod laxutsättningar av ägg eller yngel (Montén, 1988). Vid 1900-talets början var det också vanligt att man trodde att det gick att öka avkastningen generellt genom att helt enkelt sätta ut fiskyngel, och kläckerier för ett flertal arter (sik, gädda, öring, röding, lax, m fl.) byggdes i Sverige i en rasande takt. Det var framför allt hushållningssällskapet som drev denna utveckling (Montén, 1988, Puke, 1956). År 1871 anlades den första laxkläckningsanstalten i Älvkarleby, vid Dalälven. Denna byggdes sedan om 1915 i samband med att Älvkarlebyfallen byggdes ut för vattenkraft. Kompensationsodlingen i Älvkarleby kan därför anses vara den äldsta för lax i Sverige som fortfarande är verksam.

#### 3.3.1 Vattenkraften byggs ut och dagens kompensationsodling växer fram

Kompensationsodling i större skala började växa fram när den så kallade Vandringsfiskutredningen tillsattes 1946. Utredningen bestod av en grupp representanter från vattenkraften och fisket, samt ett par biologer. Den tillkom som en följd av att de flesta av Sveriges största laxproducerande älvar finalt skulle byggas ut i sina nedre delar, vilket innebar att all naturlig reproduktion av lax (och annan vandringsfisk) skulle försvinna i dessa älvar. Syftet med Vandringsfiskutredningen var därför att utreda vattenkraftsutbyggnadens effekter på vandrande fiskbestånd, samt att ge förslag på hur man skulle gå tillväga för att kompensera den skada på fisket som vattenkraftens utbyggnad innebar. Utredningen kom fram till en rad åtgärder som var ämnade att upprätthålla laxbestånden och det kommersiella fiske som bedrevs på dessa fiskbestånd. De viktigaste åtgärderna från utredningen redovisas i Vandringsfiskutredningens betänkande (Anonym, 1951) och kan sammanfattas i fyra punkter:

- Uppvandrande leklax skulle kunna ledas eller transporteras uppströms vandringshinder
- Lekmogen lax skulle sättas ut i icke laxförande vatten

- Kläckning av yngel och laxungar skulle genomföras för att sättas ut i åar och älvar där de kunde växa upp till laxungar (smolt)
- Det skulle ske uppfödning av större laxungar och smolt som kunde sättas ut i älvmyningarna och längs kusten

Till en början fanns en stark tro till att laxtrappor till stor del skulle kunna kompensera de skador som vattenkraftsutbyggnaden orsakade (Lindroth, 1984). I takt med att utbyggnaden av älvarna tilltog stod det dock alltmer klart att dessa åtgärder inte var tillräckliga. Det blev tydligt att kompensationsåtgärderna skulle behöva fokusera på uppfödning av större laxungar och smolt för utsättning i älvmyningar. Detta kom att lägga grunden till den kompensationsodling av lax- och öring-smolt som sker än idag (Montén, 1988, Palmé m. fl., 2012).

### 3.3.2 Om älveget avelsmaterial

De första kompensationsodlingarna för storskalig uppfödning av smolt började byggas under 1950-talet. Till en början var de ofta baserade vid de älvar där laxen skulle sättas ut och där laxungarna kunde födas upp från avelspar fångade i samma älv. Senare kom laxodlingar att även förläggas i andra delar av landet av produktionstekniska skäl, bland annat för att de högre vattentemperaturerna i södra Sverige kunde ge en snabbare tillväxt och innebära en längre tillväxtsång än i norra Sverige (Montén, 1988). Till exempel odlades under en period stora delar av Luleälvens lax i Näs, vid Dalälven, samt i Långhult, Småland. Vattendomar tillkom dessutom, vilka reglerade hur stora mängder lax (och andra arter) som skulle sättas ut som kompensation i respektive älv.

Ambitionen för kompensationsodlingen var redan från början att så långt som möjligt använda sig av "älveget material", dvs. man använde avelslax fångad i samma älv som där avkomman sedan frisläpptes. Utsättningar har dock i flera älvar även skett med lax av "älvfrämmande" stam och härkomst. En av orsakerna till detta var kraftiga utbrott av bakterieinfektionen furunkulos vid flertalet av odlingarna under 1960-talet, vilket medförde att flera odlingar var tvungna att ta in rom eller yngel med ursprung i andra älvar för att kunna uppfylla vattendomarnas krav (Montén, 1988). Ansvariga vid dåtidens kompensationsodlingar hade ständig dialog med ansvariga myndigheter om frågor som rörde vilken stam som skulle sättas ut. Eftersom det vid den här tiden fanns en allmän uppfattning att blandningar av laxstammar inte behövde innebära några negativa effekter, utan snarare kunde vara positivt sett ur ett produktionsperspektiv, gavs ofta rekommendationen att sätta ut älvfrämmande lax. Det ansågs mycket viktigt att följa de vattendomar som fanns och sätta ut givna antal lax för att kompensera fisket.

Kompensationsodlingen har ständigt utvecklats. Under de första årtiondena (1950-70 talen) genomfördes medvetna försöksutsättningar av olika stammar, både i mindre märkningsförsök och i mer omfattande form, som inte alltid var av den älvsegna stammen. I några fall genomfördes även experiment med utsättningar baserade på stamkorsningar, till exempel mellan lax respektive öring från Gullspångsälven och Klarälven i Väneren (Petersson, 1990). Experimenten var i regel ledda av Laxforskningsinstitutet (LFI) och målsättningen var ofta att försöka optimera återfångsten i fisket. Under 1980-talet genomfördes av samma skäl

storskaliga utsättningar längs kusterna och direkt i havet, detta var beslut av dåvarande ansvariga myndigheter. Resultatet i form av återfångster i havsfisket var lovande, men följderna blev en stor ökning av felvandrande lax, och denna form av så kallad fördröjd utsättning upphörde därför i slutet av 1990-talet (Pedersen m. fl., 2007). Idag sätts som regel ingen lax av älvsfrämmande stam ut. Två exempel på undantag är Gideälven där odlad lax och öring från Skellefteälven sätts ut sedan 1988, samt Stockholms ström, där bland annat lax från Dalälven har satts ut 2017-2022. Det senare är dock inget som tillhör kompensationsodlingens ordinarie verksamhet.

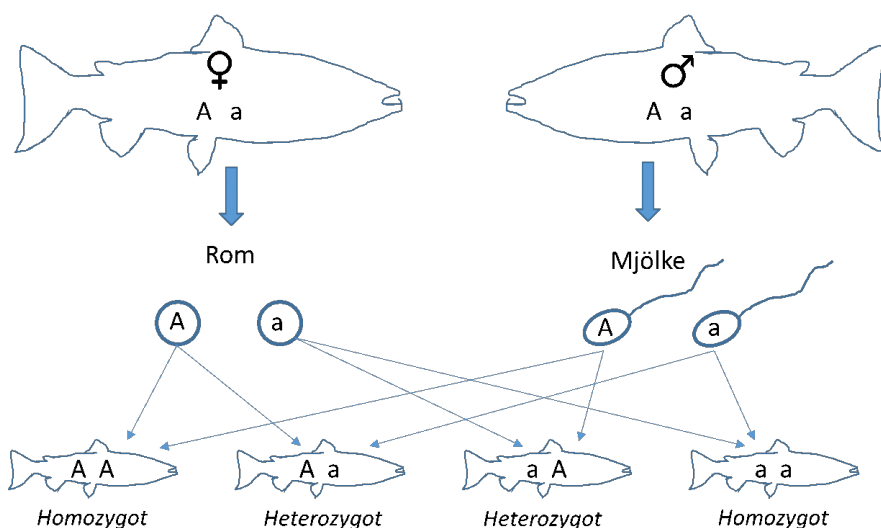
### 3.3.3 Vattendomar fastställer mängden smolt som sätts ut

Antalet laxar som har satts ut i svenska älvar har varierat över tid. De vattendomar som fastställer hur mycket fisk som skall sättas ut som kompensation för den skada som kraftverksutbyggnaden i älvarna orsakat var till en början ganska restriktiva. Med tiden ökade kompensationsmängderna i och med att nya vattendomar trädde i kraft. Sedan 1999 regleras kompensationen av Miljöbalken. Enligt denna (11 kap, 8§) "är den som vill bedriva en vattenverksamhet som kan skada fisket skyldig att utan ersättning vidta och för framtiden underhålla behövliga anordningar för fiskens framkomst eller fiskets bestånd, släppa fram vatten för ändamålet samt iaktta de villkor eller förelägganden i övrigt som på grund av verksamheten kan behövas till skydd för fisket i det vatten som berörs av vattenverksamheten eller i angränsande vattenområde". Totalt i Sverige ligger utsättningskyldigheterna från vattendomar kopplade till vattenkraften idag på 2 094 200 laxsmolt om året (Palmé m. fl., 2012), av dessa är 1 676 500 ämnade för utsättning i Östersjömynnande älvar. I ungefär hälften av vattendomarna finns en definition på vilket ursprung den kompensationsodlade laxen skall ha.

## 3.4 GENETISKA GRUNDPRINCIPER OCH BEGREPP

Detta projekt har fokus på hur man i det praktiska odlingsarbetet kan sträva efter att bevara ärftlig (genetisk) variation och minska genetisk påverkan av olika avels- och odlingsprocesser. I detta avsnitt beskrivs därför kortfattat de genetiska processer och principer som är av betydelse, inklusive potentiella genetiska effekter av olika praktiska tillvägagångssätt i kompensationsodlingen.

En "gen" är en DNA-sekvens som förenklat kodar för (påverkar) en egenskap eller ett fysiskt uttryck, exempelvis tillväxt eller färgteckning. Den absolut grundläggande principen är att gener finns i två uppsättningar eller anlagsvarianter, så kallade "alleler". När två individer (en hane och en hona) förökar sig ärver avkomman en allel från hanen och en från honan (Figur 2). Kombinationen av alleler hos en individ benämns "genotyp". Om en individ har ärvt samma anlagsvariant/allel från fadern och modern är den "homozygot" för den genen, annars är den "heterozygot" (Figur 2). Antalet möjliga homozygota och heterozygota genotyper i en population bestäms av hur många alleler som förekommer. De allra flesta egenskaper påverkas både av gener och miljöfaktorer.



**Figur 2.** Schematisk bild över hur två anlagsvarianter (alleler), betecknade A och a, ärvs och bildar avkomma med homozygot eller heterozygot genotyp.

Mängden genetisk variation (antalet alleler och genotyper) är kopplat till livskraft och evolutionär potential. En hög genetisk variationsgrad är exempelvis centralt för en populations möjligheter att klara av att anpassa sig till förändringar i miljö eller klimat, eller för att motstå sjukdomar.

Andra centrala principer och begrepp – genetisk variation, genetisk drift, effektiv populationsstorlek, genflöde, selektion) – förklaras kortfattat nedan (Faktaruta 1).

#### FAKTARUTA 1

##### Genetisk variation

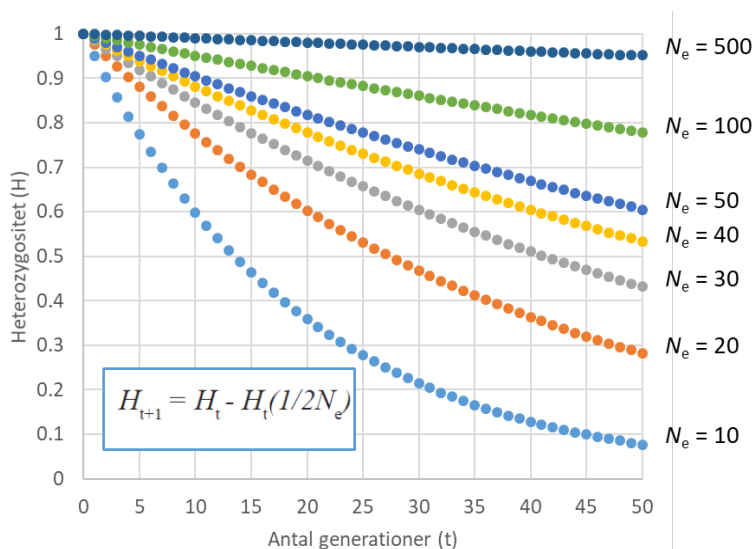
Förekommer på olika nivåer inom en art; inom individer (när man nedärvt olika anlagsvarianter från sina respektive föräldrar), inom en population (ett bestånd) i form av skillnader i genotyper mellan individer, samt mellan populationer i form av frekvensskillnader (relativ förekomst) för olika anlagsvarianter/genotyper.

Genetisk variation kan mätas på olika sätt, där det vanligaste är andelen heterozygoter ( $H$ ) hos en population eller inom en individ.  $H$  kan variera från 0 (inga heterozygoter) till 1 (endast heterozygoter). Andra vanliga variationsmått är antalet alleler,  $A$ , samt "allelic richness",  $A_R$ . Det senare används när antalet individer skiljer mellan de populationer man jämför, där  $A_R$  är justerat utefter antalet individer i det minsta delprovet/populationen.  $A$  eller  $A_R$  uttrycks med en siffra (ett och uppåt) som återspeglar det antal alleler som förekommer. Ett ytterligare mått är proportionen undersökta gener som uppvisar variation,  $P$ , och som kan variera mellan 0 och 1.  $H$  är det vanligast använda sättet att mäta genetisk variation, men samtliga variationsmått är viktiga då de belyser delvis olika saker.

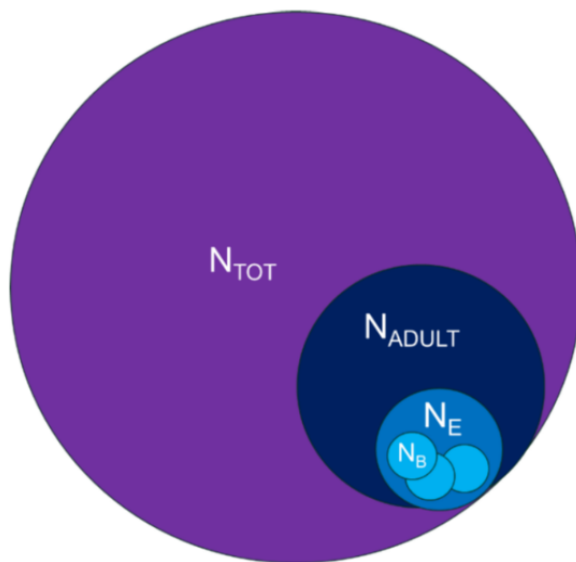
##### Genetisk drift

Slumpmässiga genetiska förändringar i populationer (bestånd) av ändlig storlek, där vissa anlagsvarianter av slumpen blir ovanligare eller helt försvinner samtidigt som andra ökar i frekvens. Genetisk drift är en process som är oundviklig i alla verkliga

populationer. Drift leder till minskad grad av genetisk variation (genom att anlagsvarianter försvinner). Mängden genetisk drift ökar ju mindre den effektiva populationsstorleken är och vice versa.



**Figur 3.** Förväntad minskning av genetisk variation (heterozygositet,  $H$ ) av ur selektionssynpunkt neutrala anlagsvarianter över tid ( $t$  = generationer) i reproductivt isolerade populationer med olika effektiva populationsstorlekar,  $N_e$ .



**Figur 4.** Schematisk bild över förhållandet mellan totalt antal individer i en population ( $N_{tot}$ ), antalet vuxna (köns mogna) individer ( $N_{adult}$ ), den effektiva populationsstorleken per generation ( $N_e$ ) och det effektiva antalet föräldrar per år ( $N_b$ ). Se texten för ytterligare förklaringar. Empiriska studier av ett flertal arter har visat att kvoten för  $N_e$  och  $N_{adult}$  (även benämnt  $N_c$ ) har ett medianvärde av 0,1 (Frankham m. fl., 2010).

**FORTS. Faktaruta 1****Effektiv populationsstorlek  $N_e$  och antal effektiva föräldrar  $N_b$** 

$N_e$  definieras som antalet individer i en "ideal population" vilken uppvisar samma mängd genetisk drift och inavel per generationsintervall som den verkliga population vilken beaktas. Med ideal population avses en tänkt referenspopulation med ett konstant antal reproducerande individer med jämn könskvot, där valet av partner sker slumpmässigt, alla individer förväntas bidra med i genomsnitt lika många ungar till nästa generation, etc. Ju lägre effektiv populationsstorlek desto mer genetisk drift och inavel och vice versa (Figur 3). Slumpmässiga förluster av genetisk variation (genetisk drift) väntas alltså gå alltså snabbare ju lägre  $N_e$  är.

För bevarande av genetisk variation på kortare sikt brukar ett  $N_e \geq 50$  rekommenderas för att undvika inavelsrelaterade problem. Gränsvärdet är baserat på empiriska erfarenheter från avel av olika husdjur, och gäller även för fisk. För bevarande av genetisk variation och "evolutionär potential" på längre sikt rekommenderas  $N_e \geq 500$ . Vid denna effektiva populationsstorlek förväntas antalet nya mutationer motverka förluster via genetisk drift för variation i kvantitativt nedärvda karaktärer - egenskaper som påverkas av genotyperna hos många gener (vissa forskare hävdar dock att  $N_e$  bör vara ännu högre;  $\geq 1000$  eller  $\geq 5000$ ) (Allendorf m. fl., 2013). Gränsvärdet  $N_e \geq 500$  har nyligen accepterats som indikator för bibehållande av genetisk variation inom konventionen för biologisk mångfald (CBD, 2022).

Antalet effektiva föräldrar ( $N_b$ ) är det genetiskt effektiva antal individer som bidragit genetiskt till en viss årskull av ungar. Förhållandet mellan det totala antalet individer i en population ( $N_{tot}$ ), andelen vuxna (köns mogna) individer ( $N_{adult}$ ), den effektiva populationsstorleken per generation ( $N_e$ ) och per år ( $N_b$ ) illustreras i figur 4. Hur man kan beräkna  $N_e$  och  $N_b$  för lax (och öring) framkommer i bilaga A.

**Genflöde (genetisk effektiv migration)**

Spridning av gener mellan populationer. En process som motverkar förlust av genetisk variation (orsakat av genetisk drift) tack vare att nya anlagsvarianter förs in i den mottagande populationen. Genflöde motverkar även förekomst av genetiska skillnader mellan populationer (inklusive genetisk särprägling/lokal anpassning). Genflöde benämns ibland för migration vilket kan misstolkas, eftersom det senare begreppet i ekologiska sammanhang vanligen betecknar förflyttning av individer (oavsett om och var dessa reproducerar sig). Genetiskt effektiv migration är i så fall mer rättvisande, då genflöde kräver såväl förflyttning och reproduktion i den nya miljön.

Att blanda stammar, exempelvis via konstbefruktning, ökar genflödet (och även den genetiska variationen) genom tillförsel av nya gener. Detta väntas dock leda till att lokala anpassningar och unika egenskaper försvinner eller försvagas. Om mängden genflöde ökar, exempelvis genom utsättningar eller förbättrade spridningsmöjligheter (konnektivitet), förväntas variationsgraden inom lokala populationer öka medan de genetiska skillnaderna mellan dem minskar. När genetisk variation gått förlorad i en reproduktivt isolerad population är genflöde från andra



populationer i praktiken den enda process som kan öka mängden variation (alternativet nya mutationer tar väldigt lång tid).

### **Selektion**

Viktig process som påverkar individernas överlevnads- och reproduktionsförmåga (fitness) genom att vissa anlagsvarianter tenderar att öka i frekvens (gynnas) medan andra minskar (missgynnas). Selektion kan antingen vara riktad och leda till förändring eller balanserande och bibehålla särart. Man skiljer på naturlig och artificiell (av människan riktad) selektion.

### **Domesticering**

Med domesticering menas ”en förändring (med genetisk koppling) som en djurart genomgår när den övergår från vild form till ett av människan påverkat och mer eller mindre beroende husdjur”. En omfattande nyligen publicerad litteratursammanställning (Milla m. fl., 2021) delar in domesticering av fisk i odling i flera steg. Domesticeringseffekter kan uppstå genom hantering vid fångst och transport (ökade stresshormoner), vid acklimatisering, vilket är fiskens förmåga att anpassa sig till den nya miljön, reproduktionen (dvs. vilka individer som klarar att få avkomma) samt den första generationens uppväxt och anpassning till odlingsmiljön. Under det sista steget sker en stor påverkan som styr vilka individer som överlever och växer bäst i odling. Vissa egenskaper som gynnas i odlingsmiljön är negativa för ett liv i det vilda. Ett exempel är förmåga att undvika predatorer, vilket också har noterats i svensk kompensationsodlad lax och öring från bland annat studier i Dalälven där tillväxten hos öringungar med vilda föräldrar var signifikant lägre vid närvaro av en predatortrapp (eftersom de undvek att äta då), till skillnad mot öringungar med odlade föräldrar där predatortrappen inte påverkade tillväxten (Pettersson & Järvi, 1999).

Milla m. fl. (2021) påpekade vidare att externa miljöfaktorer, som temperatur, vattenkvalitet, odlingsmiljö, också kan få effekter, särskilt på fleråriga avelsbesättningar, och sannolikt ge epigenetiska konsekvenser (kemiska modifieringar av DNA:t kopplade till genernas aktivitet).

## 4 Resultat och diskussion

### 4.1 DAGENS KOMPENSATIONSODLING I PRAKTIKEN

Nedan presenteras resultatet från en sammanställning av information från kompensationsodlingar, med fokus på delar som är relevanta för bevarande av genetisk variation. Genomgången utgör en bakgrund till stycket om faktorer i avelsarbetet som påverkar genetisk variation samt till föreslagna rekommendationer och riktlinjer.

Kompensationsodlingar producerar smolt som är ettårig eller tvåårig vid tiden för utsättning och åldern beror av tillväxtförhållandena på platsen (odlingen). Andelen ettårig smolt har ökat kraftigt sedan 1990-talet, sannolikt beroende på en kombination av faktorer som förbättrad odlingsmiljö, längre tillväxtsäsong och effektivare foder, vilket bidragit till en allt snabbare tillväxthastighet hos den odlade fisken (Alanära & Persson, 2021b). I vattendrag som mynnar i Bottenhavet har andelen ettårig smolt ökat från under 10 % på 1990-talet till ca 95 % under åren 2016–2018. I vattendrag som mynnar i Bottenviken har en motsvarande ökning skett från ca 0 % till 50 % under samma tidsperiod (ICES, 2023a).

Innan utsättning sker en smoltbesiktning för att bedöma om smolten är utsättningsfärdig och för att bedöma fiskens hälsotillstånd, till exempel noteras fenskadur. Besiktningen görs inom ramen för egenkontrollen på kompensationsodlingen och/eller av personal från Fiskeutredningsgrupperna (FUG) vid länsstyrelsen. Bedömningen grundar sig på visuell bedömning av yttre karaktärer och utgår från riktlinjer fastslagna av FUG (FUG, 2019).

För att producera smolt för utsättning fångar kompensationsodlingarna varje år avelsfisk där honorna kramas på rom och hanarna på mjölke (Figur 5). Befruktningen sker manuellt och idag paras (korsas) oftast en hona med endast en hane (och vice versa), vilket innebär att man oftast använder lika många hanar som honor. Proceduren vid befruktningen vad gäller *hur* hanar och honor korsas har dock sett lite olika ut över tid (och kan variera även idag). Ibland har exempelvis en hona parats med två olika hanar och en hane med två honor.

Avelsfiskarna fångas in med olika typer av fällor och burar i anslutning till fisktrappor och kraftverksdammar, eller fiskas med nät eller not i älven (Figur 6), till exempel i höljor där de blir instängda efter fisktrappans stängning (Norrfors, Umeälven), eller via elfiske (Laholm, Lagan). Avelsfisket sker i regel löpande under perioden juni till oktober men fördelningen av den faktiska fångsttiden (dvs. vilken dag eller vecka fisken fångas) varierar både inom och mellan år. Ett exempel är Brobacken i Dalälven där avelsfisket förskjutits i tid, och där medelfångsdatum är betydligt senare nu än för 20 år sedan (Figur 7). Detta beror på att man inrättat ett uppehåll i avelsfisket när vattentemperaturen är hög (mer än 20 °C) eftersom höga vattentemperaturer leder till ökad stress hos fisken.



Figur 3. Kramning av laxhane vid Brobacken, Dalälven. Foto: Duncan Philpott.

Vid avelsfisket eftersträvar man att fånga fisk av varierande storlek (och ålder), för att få ett representativt urval av all återvandrande fisk. Andelen grilse (mindre laxhanar med endast ett havsår) som används i aveln varierar dock mellan odlingar. Tidigt könsmogna hanar (stirr) används som regel heller inte, även om dessa i naturen ofta kan bidra till en betydande del av reproduktionen. Genetiska studier har visat att andelen ägg som befruktats av tidigt könsmogna laxhanar i naturliga bestånd vanligen varierar mellan 27–65 %, och att den i extremfall kan den vara så hög som 87 % (Grimardias m. fl., 2010). I avelsarbetet kan möjligen även riktigt stora och svårhanterade fiskar vara underrepresenterade.



Figur 4. Avelsfiske med not i Indalsälven juni 2012. Foto: Monica Östergren.



**Figur 5.** Fördelning av faktiskt datum när avelslax fångats i Dalälven - Brobacken, Älvkarleby. Varje punkt motsvarar en individ. Den gröna streckade linjen är medelvärdet för fångstdatum (DagNr) för alla individer (2004-2022) medan den blå heldragna linjen utgör ett rullande medelvärde för detsamma. Dag 200 motsvarar 19 juli. År 2017 infördes uppehåll i fisket under del av sommaren (främst i juli månad) på grund av höga vattentemperaturer.

I figur 8 och 9 visas exempel på hur storleksfördelningen för de avelslaxar som använts i avelsarbetet varierat över tid och mellan odlingar. Detta kan avspegla både hur urvalet av avelsfisk sker, men även till viss del hur olika laxstammar varierar i storlek när de återvänt för lek. Metoden för avelsfiske kan också ha betydelse för storleksfördelningen då en del fångstmetoder är storleksselektiva, exempelvis innebär elfiske att riktigt stora individer är svåra att fånga. I figur 10 jämförs storleksfördelningen i Luleälven och Ångermanälven för olika år. Här syns en skillnad både mellan år där Luleälven är mer varierad, och mellan älvar där Luleälven verkar avspegla en tydligare uppdelning i storlek (bimodal fördelning), vilket möjligen återspeglar olika årsklasser. Från fångst till kramning (oktober/november) hålls avelsfisken i avelsbassänger på respektive odling.

Fiskens hälsa har visat sig påverka möjligheten att använda avelsfisk fångad under hela vandringsäsongen, eftersom dödligheten hos tidigt fångad lax har varit hög vissa år (i bland annat Umeälven och Dalälven). Detta har lett till att fångstdatumen för avelsfisken senarelagts i flera odlingar. Som nämnts ovan har man i Dalälven (Brobacken) sedan 2017 dessutom gjort ett uppehåll under sommaren när vattentemperaturen är hög (ofta över 20 °C). Vid alla odlingar hanteras avelsfisken varsamt och man följer de riktlinjer om hantering som beskrivs i Norrgård (2020). Till exempel behandlas avelsfisken kontinuerligt med formalin för att motverka svampangrepp och minska dödligheten fram till

kramningen. Kramningen sker under oktober och november när fisken bedöms vara redo för lek.

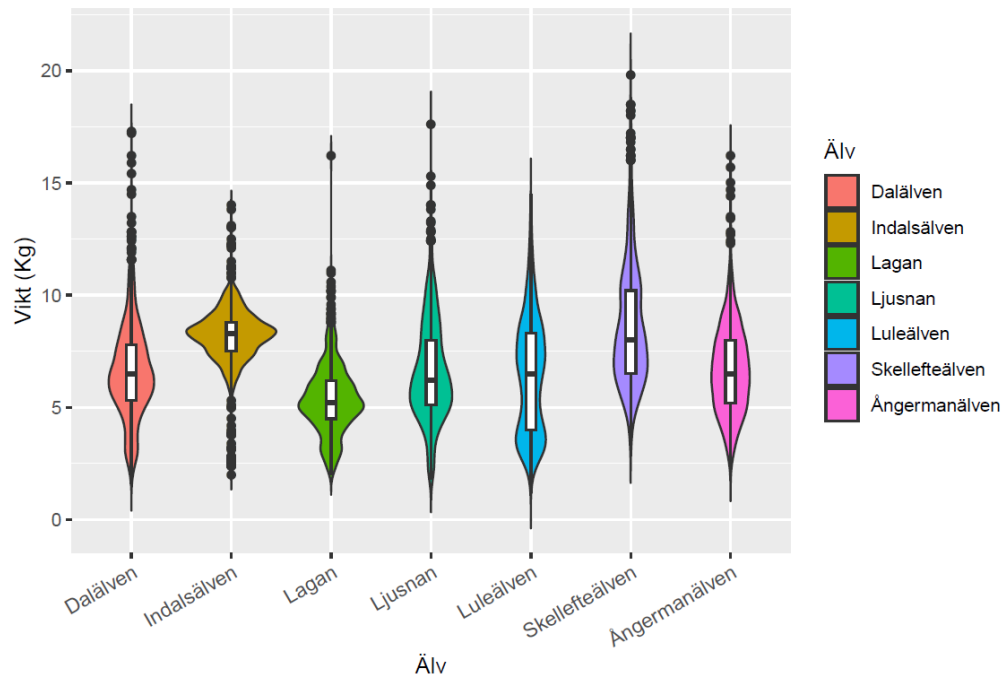
Odlingarna använder sig av mellan ca 100–450 avelslaxar (Tabell 1) där antalet varierar mellan både odling och år, beroende på tillgången av fisk samt möjligheter och utrymme i odlingen att hålla fisken vid liv fram till kramning. Antal avelsfiskar som används beror också på den totala mängden smolt som ska sättas ut från varje odling, vilket till exempel är anledningen till att Luleälven (Heden) använder klart flest avelsfiskar då de har den största utsättningskyldigheten (550 000 laxsmolt per år).

Rommen (de befruktade äggen) förvaras i kläckbackar under vintern (Figur 11) och kläcker under våren efter att rätt antal dygnsgrader uppnåtts. När rommen nått ögonpunktstadiet sker ofta en hopslagning av rom från olika honor. Ynglet som kommer ut ur romkornet är försett med en gulesäck som det livnär sig på under den första tiden. När gulesäcken är förbrukad flyttas ynglen vanligtvis till yngeltråg och utfodring påbörjas. Hopslagning (dvs. rom eller yngel från flera honor flyttas till gemensamma kläckbackar) innebär att särskiljning av avkomma från olika föräldrapar blir omöjlig om inte genetiska analyser utförs (av föräldrafisk samt avkomma).

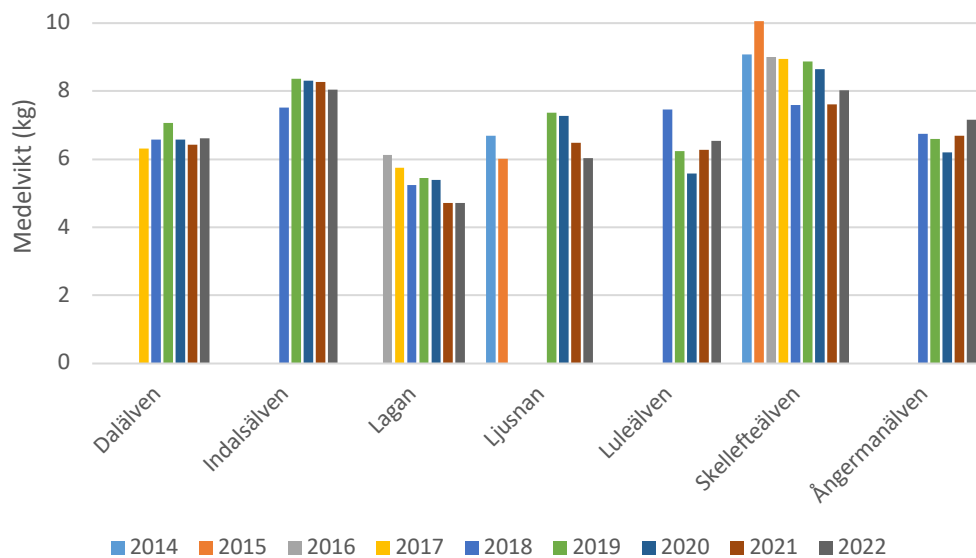
Efter första sommarens tillväxt grupperas laxungarna ofta efter storlek för att alla fiskar samma tråg ska vara så lika som möjligt; detta minskar negativa effekter av aggressivitet och optimerar utfodringen. Denna storleksortering ger också en indikation på hur stor andel som kommer kunna sättas ut som ettårig respektive tvåårig smolt. Detta styr sedan vilken tillväxtinriktning som gäller för nästkommande år utifrån vilka grupper man får ut, dvs. hur man bör utfodra för att fisken ska bli smolt vid ett eller två års ålder. Storleksselektering sker dock inte alltid i alla odlingar.

För att minska risken att inte nå upp till utsättningsmålen som finns angivna i vattendomarna föder odlingarna upp ett högre antal yngel än de vanligtvis behöver för att nå det angivna antalet utsättningsklara smolt. Detta överskott behövs för att det ska finnas en marginal om odlingen till exempel får en förhöjd dödlighet på grund av sjukdomsutbrott. I de flesta fall tillämpas en rullande utsättningsbalans (över 3–5 år) som gör det möjligt att balansera underskott mot tidigare överskott, och vice versa.

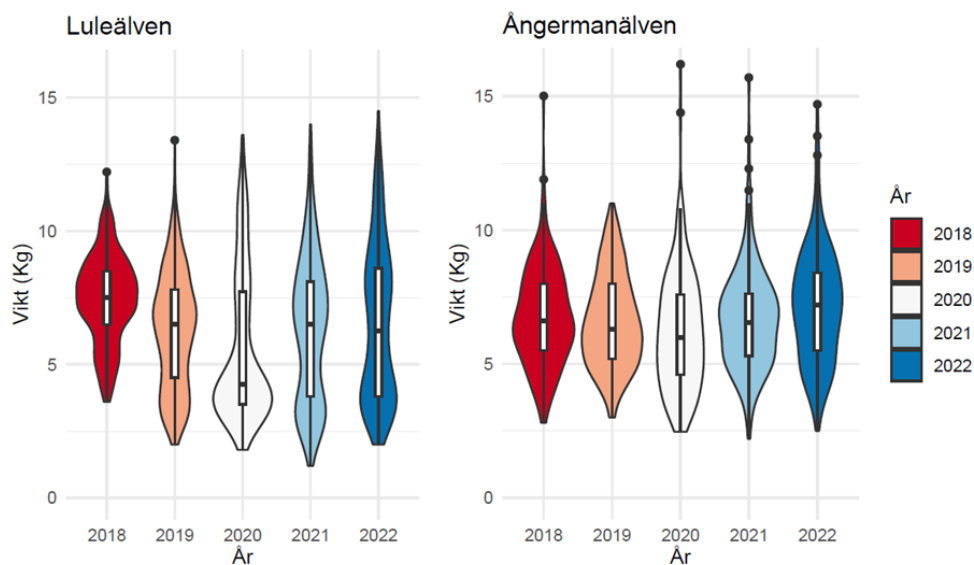
Sorterings- och grupperingsarbetet vid odlingarna baseras på hur fisken har växt och vilken storlek den uppnått vid sorteringsstillfället. Det är möjligt att fisk från olika familjer klarar odlingsmiljön olika bra och tillväxer olika fort. Dessutom påverkas ynglens initiala storlek av romstorleken, där större romkorn ger större yngel. Även när överbliven fisk (marginalen som överstiger utsättningskravet) kasseras/avlivs sker ett urval baserat på olika faktorer. Det kan vara de som är minst i storlek som kasseras, men också andra storleksklasser beroende på hur produktionen ser ut (dvs. om det produceras både ettårig och tvåårig smolt) och vilket överskott som finns just det året.



**Figur 6.** Fördelning av avelslaxens vikt i ett antal odlingar mellan åren 2014–2022. Antal fiskar per odling och år varierar och redovisas i tabell 1.



**Figur 7.** Fördelning av avelslaxens medelvikt i ett antal odlingar mellan åren 2014–2022. För antal fiskar per odling och år hänvisas till tabell 1.



**Figur 8.** Fördelning av avelsfiskens vikt över ett antal år för Luleälven (Heden) och Ångermanälven (Forsmo/Långsele) mellan åren 2018–2022. För antal per odling och år hänvisas till tabell 1.

**Tabell 1.** Antal avelsfiskar per år i sju älvar/populationer där individdata använts i figurerna 8–10. Dessa individer har ingått i projektet Genetisk analys av lax och havsöring från åtta svenska fiskodlingar (Söderberg & Palm, 2023). I samtliga fall har (ungefär) lika många honor som hanar använts vid aveln.

	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022
Dalälven				193	235	214	226	218	209
Indalsälven					200	200	200	200	192
Lagan			118	120	128	129	132	110	86
Ljusnan	186	184				160	117	158	180
Luleälven					460	365	230	378	378
Skellefteälven	100	100	98	100	100	100	100	100	127
Ångermanälven				57	180	180	180	180	180



**Figur 9.** Rom som kramats och befruktats i separata baljor (vänster). Ensomriga laxungar i större tråg (höger).  
Foto: Duncan Philpott.

## 4.2 FAKTORER I AVELSARBETET SOM PÅVERKAR GENETISK VARIATION

Det finns en rad faktorer i det praktiska avelsarbetet i dagens kompensationsodling som förväntas påverka laxens och öringens genetiska variation, av vilka några går att påverka genom särskild avelsmetodik (se nedan samt avsnittet om rekommendationer och riktlinjer). De faktorer som främst lyfts i litteraturen när det gäller vad som påverkar genetisk variation är: antal avelsfiskar, parningsmönster (korsningar), inblandning av vild fisk, reduktion av släktskap och familjestorlek. Dessutom är det viktigt att om möjligt undvika selektion samt att utsättningarna av den odlade fisken sker på rätt sätt. I avelsarbetet är det också viktigt med god dokumentation, märkning och uppföljningar (t.ex. via genetiska analyser). Det är även möjligt att storleksortering (och medföljande kassering) av yngel/stirr, samt att inte använda tidigt köns mogna hanar i avelsarbetet, påverkar de odlade populationernas genetiska sammansättning. Nedan diskuteras ett antal av de ovannämnda faktorerna mer i detalj.

### 4.2.1 Antal avelsfiskar

Generellt sett bör antalet avelsfiskar vara så stort som möjligt. Det finns amerikanska odlingar (hatcheries) som årligen använder fler än 1000 avelsfiskar i sin verksamhet, främst beroende på att de behöver producera stora mängder smolt (Fisch m. fl., 2015). Förutom rent produktionstekniska skäl, finns anledning till att maximera antalet avelsfiskar för att försöka få med så stor genetisk variation som möjligt i avelsarbetet. De stora odlingarna har också en hög produktion av utsättbar fisk, vilket gör att ett stort antal avelsfiskar behövs av ett rent produktionsskäl. Antalet avelsfiskar som används styrs ibland av tillgången på avelsfisk, eller av speciella omständigheter. Vid skapande av en odlad



avelsbesättning baserad på en liten (sårbar) vild population kan man exempelvis behöva begränsa antalet vildfångade föräldrafiskar för att inte påverka den vilda populationen alltför mycket.

Idag används en riktlinje om minst 50 avelspar inom svensk kompensationsodling, dvs. 100 individer per år (Fiskeriverket, 2007). Förklaringen till varför minst 50 avelspar ansetts lämpligt bygger på att en effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) om 500 individer per generation bör eftersträvas för långsiktigt bevarande av genetisk variation, och antagandet att 50 avelspar per år (100 individer) och en generationstid på fem år motsvarar  $N_e = 500$ , men som diskuteras nedan är detta dock ett felaktigt antagande. Ett liknande resonemang fördes på 1980-talet i riktlinjer för avelsmetodik och fiskevård utgivna av dåvarande Laxforskningsinstitutet (LFI; Nyman & Norman, 1987). Då var rekommendationen att minst 25 par skulle användas vid varje uppförökningstillfälle, och att en effektiv populationsstorlek av 50 skulle eftersträvas. Man ansåg att 1 % inavelsökning per avelstillfälle/årsklass var acceptabelt (vilket 50 genetiskt effektiva individer motsvarar), eftersom det baserat på märkningsstudier antogs att en del älvsfrämmande lax fångades i avelsfisket som motverkade inavelsökningen.

De resonemang som ligger bakom ovan nämnda tidigare riktlinjer (Fiskeriverket, 2007, Nyman & Norman, 1987) är dock orealistiska och alltför optimistiska, då det (outtalat) antagits att de enda faktorer som avgör den effektiva storleken är antalet avelsfiskar och könskvoten bland dessa. Detta gäller dock endast under förutsättning att sannolikheten att överleva fram till lek är densamma för samtliga avkommor, vilket sällan gäller i verkligheten. Hos kompensationsodlad lax och öring är överlevnaden i odlingen och under havsfasen sällan slumpmässigt fördelad för avkommor från olika föräldrar, vilket reducerar  $N_e$  (Bilaga A). Varken Fiskeriverket eller LFI hade dock möjlighet att använda de genetiska metoder eller den information och data som vi har idag för att göra beräkningar om faktiska  $N_e$  som olika antal avelspar i kompensationsodlingen ger.

Att erhålla korrekta beräkningar av  $N_e$  är viktigt eftersom det är ett mått som går att använda som uppföljning av hur den genetiska variationen förändras (påverkas) i förhållande till olika avelsmetoder, vilket i sin tur kan ligga till grund för mer välgrundade rekommendationer för avelsarbetet än tidigare. Palmé m. fl. (2012) gjorde beräkningar över antalet effektiva föräldrar, av dem benämnt  $N_eP$ , som ett proxy (ungefärlig siffra) för  $N_e$  för olika kompensationsodlingar med östersjölox, baserat på antalet honor och hanar använda i aveln mellan åren 1965 och 2000. De konstaterade att det var endast Luleälven som vid några enstaka tillfällen kom över gränsen  $N_eP = 500$ , och att medelvärdet för  $N_eP$  låg mellan 66 och 407 individer för de olika odlingarna. Dessa skattningar avser dock det effektiva antalet föräldrar per år (ej per generation), och likt för tidigare rekommendationer om minsta antal lekfiskar (Fiskeriverket, 2007, Nyman & Norman, 1987) har man har inte tagit hänsyn till att det ofta kan förekomma större variation i överlevnad hos olika föräldrars avkomma än vad som förväntas av slumpen (Bilaga A). Det är därför oklart hur de approximativa skattningar som beräknats av Palmé m. fl. (2012) relaterar till det egentliga genetiskt effektiva antalet individer per år och generation.

Även i studien av Östergren m. fl. (2021) gjordes beräkningar av genomsnittliga  $N_e$  baserat på temporal genetisk variation mellan 1930-talet och 2010-talet, för fem av de älvar som idag har kompensationsodlade laxstammar. Av dessa hade Dalälven lägst  $N_e$  (88, 95 % konfidensintervall: 55–137) och Luleälven högst  $N_e$  (289, 148–589). Även i detta fall är det emellertid oklart hur jämförbara skattningarna är med dagens situation i bestånden då de bakomliggande data som analyserats, Dalälven undantagen, omfattar en inledande period med en (sannolikt större) vild population följt av en period med en kompensationsodlad population. Antalet avelsfiskar i respektive odling har dessutom varierat över åren av olika anledningar; under vissa perioder har det delvis varit svårt att få tag på avelsfisk och sjukdomar har påverkat överlevnad hos avelsfisken.

Vi kan i denna studie för första gången presentera exakta beräkningar av effektiva populationsstorlek ( $N_e$ ) för två kompensationsodlade laxstammar (Skellefteälven och Lagan), beräknade med hjälp av demografisk information (Bilaga A) utifrån DNA-analyser av avelsfisk och föräldraskapsbestämningar som genomförts under senare år (t.ex. Söderberg & Palm, 2023). Att beräkna  $N_e$  är relativt komplicerat (Bilaga A) och det finns flera alternativa skattningsmetoder och studier inom området (Waples m. fl., 1990, Waples, 2022, Waples, 1990). Vid de genomförda beräkningarna har dock hänsyn tagits till hur kompensationsodlingen i regel fungerar i Sverige idag med jämn könskvot (samma antal honor och hanar), ingen flergångslek och konstant populationsstorlek, så resultaten förväntas vara robusta.

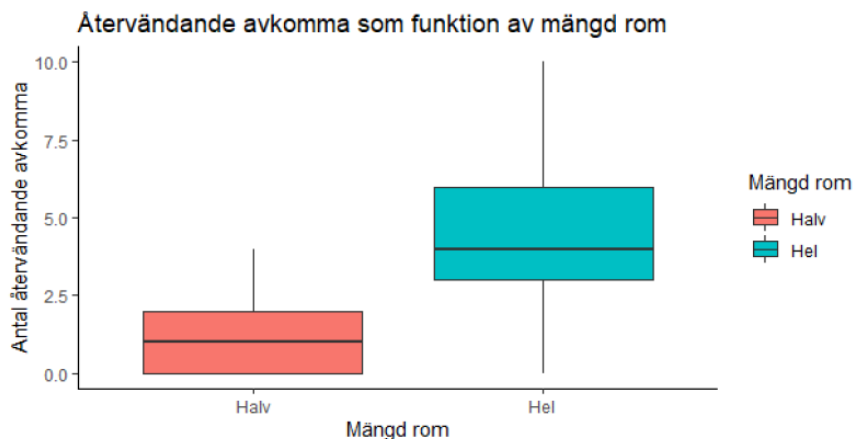
Resultaten visar att för Skellefteälven, där man följt de äldre riktlinjerna om 50 avelspar med jämn könskvot, har den effektiva populationsstorleken per generation ( $N_e$ ) varit ca 200 individer, vilket ligger långt under det långsiktiga målet  $N_e \geq 500$ . För Lagan, där man kramat något fler laxar än i Skellefteälven (ca 60 par per år) har  $N_e$  varit omkring 320 individer (Bilaga A). Lagans högre  $N_e$  beror delvis på det högre antalet avelsfiskar, men framförallt på att variationen i antalet återvändande avkommor mellan föräldrar (särskilt hanar) varit lägre än i Skellefteälven (Bilaga A). Skillnaden mellan stammarna tycks delvis bero på en högre variation i fertilitet hos laxhanarna från Skellefteälven, där vissa korsningar inte ger någon avkomma (Anton Dahlberg, muntligt meddelande); endast ungefär 66 % av avelsparen i Skellefteälven hade avkomma i följande avelsfisken, vilket kan jämföras med 73 % i Lagan. Men ytterligare anledningar till den höga variationen kan också identifieras (se nedan om hela och halva kläckbackar).

En första slutsats från exemplet i Skellefteälven är att man under rådande förhållanden behöver använda drygt det dubbla antalet avelsfiskar, dvs. minst 100 par eller 200 individer, om man vill komma upp i ett  $N_e$  som närmar sig 500. Även för Lagan behövs ett ökat antal avelsfiskar för att närma sig denna nivå. Det går också att konstatera att få av kompensationsodlingarna idag uppnår antalet 200 individer i avelsarbetet, även om alla använder 100 eller fler individer (Tabell 1). Samtidigt kan relationen mellan antalet avelsfiskar och  $N_e$  skilja sig mellan stammar och odlingar, vilket resultaten för Skellefteälven och Lagan illustrerar. Givet att DNA-analyser av avelsfisk fortsätter under kommande år kommer  $N_e$  skattningar att kunna beräknas för en majoritet av landets kompensationsodlade lax- och havsöringsstammar.

Utöver antalet avelsfiskar finns alltså andra faktorer man möjligen kan justera för att öka den effektiva populationsstorleken. En är att sträva efter att alla föräldrar bidrar med lika många avkommor till nästa avelsfiske (generation). I Skellefteälven använder man hel eller halv "låda" (kläckback) för den kramade rommen. Stora honor får i regel hel låda (ca 7000 romkorn), medan mindre honor får halv låda (Söderberg m. fl., 2019). Våra resultat från DNA-analyser av avelsfisk visar att antalet återvändande avkommor i följande avelsfisken är signifikant lägre för honor med halv låda (medelvärde = 1,2 återvändande avkomma per hona) jämfört med honor med hel låda (medelvärde = 4,4 återvändande avkomma per hona) (Figur 12). Att antalet återvändande avkomma per hona är nästan fyra gånger högre för de med hel låda (och inte dubbelt som man skulle kunna anta) kan ha att göra med att större honor har större romkorn och därmed får större yngel som växer sig större snabbare, ett fenomen som noterats i andra odlingsanläggningar (Åke Forssén, Vattenfall, muntligt meddelande). Det finns också en generell risk att små yngel (och därmed vissa honors avkomma) sorteras bort i högre utsträckning under odlingsprocessen.

Om alla honor bidrar med lika mycket rom skulle sannolikt ett jämnare bidrag till nästa avel/generation uppstå, med ett högre  $N_e$  som effekt. Att tillse att varje familj/korsning bidrar med samma mängd avkomma rekommenderas även i litteraturen (Fisch m. fl., 2015, Tave, 1999). Till exempel skulle  $N_e$  för laxen i Skellefteälven kunna öka till 328 (från 204), om skillnaden i avkomma per förälder (variansen) skulle halveras i jämförelse med de nu beräknade. Således kan man via en mer jämn fördelning av rommängden per hona sannolikt öka den effektiva populationsstorleken, och därmed behöver inte antalet avelsfiskar öka i samma utsträckning för att uppnå  $N_e = 500$ .

Under projektets gång har framkommit att det sannolikt är möjligt att öka antalet avelsfiskar (inom rimliga gränser) vid kompensationsodling av lax, medan det finns en möjlig flaskhals för att kunna hålla rom från fler honor (åtskilda) i de kläckningsanläggningar som finns idag. Vid användande av en mindre mängd avelsfiskar rekommenderas andra korsningsmönster än en hona till en hane (se nedan under korsningar), vilket innebär att även halvsyskon skapas. Familjerna (de olika korsningarna) bör ändå hållas lika stora, även om det i vissa fall av produktions-skäl kan finnas behov av att använda all rom oavsett honornas storlek för att till exempel se till att utsättningskyldigheter i vattendomar följs (Bilaga C).



**Figur 10.** Genomsnittligt antal återvändande avkomor för honor kramade 2014 i Skellefteälven som fått en halv respektive hel kläckback för sin rom. Boxplot (med 50 % av alla mätvärden), median (svart streck), och morrhår (lägsta/högsta värdet inom 1,5 x kvartilavstånd från boxens min- respektive maxvärden).

#### 4.2.2 Korsningar

En omfattande amerikansk litteratursammanställning med fokus på odling och utsättning av lax (Fisch m. fl., 2015) konstaterade att det fanns ett utbrett medvetet arbete med bevarande av olika stammar (och arter), och att olika tekniker används för att nå bevarandemål som minimerad inavel och maximerad genetisk variation. I sammanställningen fanns även en kategori av odlingar med en verksamhet som liknar svensk kompensationsodling. För sådana (större) odlingar där korsning av närbesläktade individer (till exempel helsyskon) kan undvikas, är unika par (dvs. en hona korsas med endast en hane som inte används till fler korsningar) ett föredra framför andra korsningsmönster. Detta beror främst på att det blir arbetskrävande att korsa flera honor med flera hanar, eftersom samtliga korsningar bör hållas åtskilda, dvs. man bör undvika att blanda rom och mjölke från flera individer i samma behållare. Anledningen är att man annars tappar kontrollen över familjestorlekarna eftersom man inte vet i vilken omfattning de olika hanarnas mjölke befruktat rommen. Det har också visats att det ofta är en hane som dominerar som pappa till avkomman när man blandar mjölke på detta vis (Withler, 1988, Campton, 2004).

Vinsten, i form av ökad genetisk variation och minskad inavel, med ett korsningsmönster där flera honor korsas med flera hanar minskar snabbt när antalet avelsfiskar ökar (Busack & Knudsen, 2007). Ett korsningsmönster där två honor korsas med två hanar (och vice versa, vilket kan betecknas "2 X 2") är däremot ett bra alternativ som ger ökat bevarande av genetisk variation. Att tillämpa 2 X 2 är ofta bättre än att korsa en hona med en unik hane, bland annat eftersom detta minskar risken att båda föräldrafiskarna saknar avkomma om en av dem är infertil (Neff m. fl., 2011).

När tillgången på avelsfisk är väldigt liten (< 20 individer) kan det vara fördelaktigt att para varje hona med fler hanar än två, även om korsningsmönstret 2 X 2 ofta räcker långt.

### 4.2.3 Könskvot

En faktor som är viktig att känna till för dess betydelse för  $N_e$  är könskvoten, dvs. hur många honor respektive hanar som används i avelsarbetet. För samma totala mängd avelsfiskar är  $N_e$  högst vid jämn könskvot medan det minskar när andelen honor eller hanar ökar respektive minskar. Detta förhållande innebär också att det inte är möjligt att öka  $N_e$  genom att öka antalet avelsfiskar av enbart ena könet annat än till en viss gräns. Om man exempelvis enbart har en (1 st) tillgänglig avelshona kan det genetiskt effektiva antalet föräldrar aldrig bli högre än omkring fyra, oavsett hur många hanar som paras med honan.

Rekommendationen om jämn könskvot följer inte nödvändigtvis hur det fungerar i naturen där hanarna konkurrerar om parningstillfällen och en honas rom oftast befruktas av flera hanar, samtidigt som tidigt könsmogna hanar ibland kan stå för en betydande del av avkomman. Men när målet är att bevara den genetiska variationen (och människan avgör parningsmönstret) rekommenderas ändå att hålla sig till jämn könskvot för att maximera den effektiva populationsstorleken.

I denna rapport rekommenderas att vid behov använda tidigt könsmogna hanar (om sådana finns) för att jämna ut könskvoten (Bilaga C). Någon generell rekommendation om att systematiskt använda tidigt könsmogna hanar i aveln ges dock inte. Detta beror främst på att det är oklart (för oss) vilka eventuella negativa följder en sådan rekommendation skulle kunna få för det praktiska avelsarbetet, dvs. om det exempelvis påtagligt kan tänkas öka andelen tidigt könsmogna smolt i odlingen.

### 4.2.4 Att undvika selektion – storlek, ålder och fisketid

Lax och havsöring återvänder från havet under olika tider på året. I Östersjön finns skillnader när lax från olika älvar (populationer) återvänder, vilket bland annat har observerats i yrkesfiskets fångster (Östergren m. fl., 2015). Kompensationsodlad lax vandrar överlag tillbaka senare än vild lax. I de flesta laxpopulationer återvänder dessutom stora honor tidigt på säsongen (juni-juli) och små hanar senare (juli-september) (Karlsson & Karlström, 1994). Även inom ett vattensystem finns en variation där de laxar och havsöringar som är födda långt uppe i vattensystemen ofta återvänder tidigare än de som är födda längre nedströms (Östergren m. fl., 2011, Thorstad m. fl., 1998, Miettinen m. fl., 2021). Stora vattensystem kan också ha flera genetiskt distinkta delpopulationer (Östergren & Nilsson, 2012, Vaha m. fl., 2007). Ett antal olika faktorer påverkar således tidpunkten för återvandring, bland annat tillväxt och klimat, men sannolikt är också genetiska faktorer av betydelse. Yrkes-, fritids- och sportfiske kan också påverka återvandringens numerär vid olika tidpunkter.

Storleks- och åldersstruktur hos lax och öring varierar också mellan populationer, samt mellan och inom vattensystem. Variationen i storleks- och åldersfördelning vid könsmognad hos lax är delvis genetiskt styrd (Barson m. fl., 2015), varför denna variation är viktig att bevara. Vid avelsarbete bör man därför eftersträva att få med den variation som finns avseende både vandringstid, storlek och ålder. För kompensationsodling av lax som nu pågått i ca 60 år är tiden för återvandring sannolikt redan påverkad, och det kan vara svårt att veta vad som är representativt

ur ett historiskt perspektiv. En tumregel är dock att använda en avelsbesättning som är representativ för all den fisk som vandrar upp i vattendraget, och till exempel inte helt utesluta tidigt uppvandrande fisk eller individer under eller över en viss vikt. Exempelvis används idag vanligen inte tidigt könsmogna hanar i avelsarbetet, men sett ur ett bevarandegenetiskt perspektiv finns inget egentligt hinder att göra detta (se dock ovan under avsnittet Könskvot). Att inkludera tidigt könsmogna hanar kan också vara ett sätt att komplettera eventuell brist på avelshanar (Bilaga C).

#### 4.3 FLERÅRIGA AVELSBESÄTTNINGAR

Med fleråriga avelsbesättningar menas att avelsfisk utgörs av individer som hålls en längre tid i odling, dvs. inte fångas vid ett avelsfiske för kramning enbart en gång. Det kan exempelvis handla om att man behåller yngel och låter dessa växa upp till könsmogen ålder i odlingen, eller att man behåller infångad avelsfisk för att kunna använda dessa ytterligare minst en gång. I en tidigare rapport för avel och genetik (Norrgård, 2020) beskrivs detta arbetssätt med rekommendationer för avelsarbetet. Föreliggande rapport fokuserar på avelsmetodik för lax och havsöring där ny avelsfisk fångas in varje år, och därför ingår ingen fördjupad diskussion och specifika rekommendationer för fleråriga avelsbesättningar. Det kan dock nämnas att de genetiska grundprinciper och de flesta rekommendationer som presenteras nedan också gäller vid denna typ av avel. Som komplement till Norrgård (2020) kan poängteras att fisk i odling blir mer påverkad ju längre de finns i odlingsmiljön, till exempel gynnas egenskaper som gör att fisk växer bra och överlever i odling. Det är därför av särskild vikt att en uppstart av en avelsbesättning görs med så många individer som möjligt för att bibehålla en stor genetisk bredd bland dessa. I Norrgård (2020) nämns också vikten av att tillföra nya (om möjligt vilda) individer kontinuerligt, samt att använda individmärkning, noggrann journalföring och dokumentation av avelsarbetet för att bland annat minska risken för att syskon och samma individer korsas (flera gånger) med varandra. Här är också genetisk provtagning och uppföljning (analys) viktig för att kontrollera den löpande utvecklingen vad avser genetisk variation i den odlade stammen. I Finland är det vanligare med fleråriga avelsbesättningar för lax än i Sverige och där har man också noterat en tydlig minskning av genetisk variation i fleråriga avelsbesättningar som under 30–40 år använts för produktion av kompensationsodlad lax (Saisa m. fl., 2003).

## 5 Rekommendationer och riktlinjer

Baserat på en litteraturgenomgång, nya analyser samt information från kompensationsodlingar presenteras här riktlinjer och 17 rekommendationer för ett strategiskt avelsarbete med målet att långsiktigt bevara genetisk variation. Det är viktigt att poängtera att bevarande av genetisk variation i odlingssammanhang inte är samma sak som att sträva efter att efterlikna de miljöförhållanden och selektiva krafter som råder i naturen. Till exempel gynnar det naturliga urvalet egenskaper vilka kan vara kopplade till olika beteenden, exempelvis förmågan att undvika predatorer. I odlingssammanhang är det ofta svårt eller omöjligt att skapa en miljö som "härlar" naturen. Det går dock att bevara genetisk variation genom olika tekniker eller val av avelsmetodik, vilket vi tagit fasta på i de rekommendationer som presenteras nedan. I detta sammanhang är den effektiva populationsstorleken ( $N_e$ ) central, eftersom denna storhet relaterar till genetisk förändringstakt.

Nedanstående rekommendationer bör ses som en tydlig vägledning för avelsarbetet. De är ordnade kronologiskt, från avelsfiske till utsättning. Under varje rubrik följer en förklaring/motivering. Möjligheten att följa rekommendationerna kan variera mellan odlingar beroende på platsspecifika faktorer; till exempel kan möjligheten för fångst av avelsfisk variera. Det kan också finnas en variation mellan år (beroende av exempelvis temperatur eller fiskhälsa) som gör det svårt att följa vissa av rekommendationerna. Därför finns en hänvisning till flödesscheman (Bilaga C) som kan vara till hjälp när vissa av rekommendationerna inte går att uppfylla. Notera att rekommendationerna är främst framtagna för kompensationsodling av lax och havsöring.

De fem övergripande och viktigaste delarna i arbetet med bevarande av genetisk variation, vilka också ofta framhålls internationellt (Fisch et al., 2015), är att: **använda tillräckligt många avelsfiskar** (punkt 4), **använda jämn könskvot hos avelsfisken** (punkt 5), **tillåta en (begränsad) inblandning av älvsfrämmande fisk** (punkt 8), **undvika korsning av nära besläktade avelsfiskar** (punkt 9), och att **jämna ut familjestorlekar** (punkt 10). Dessutom är det viktigt att om möjligt undvika selektion (punkt 1–3, 7 och 10), samt att utsättningar sker på rätt sätt (punkt 12 och 13). I avelsarbetet är det också viktigt med god dokumentation och uppföljning av verksamheten, exempelvis genom genetisk provtagning och analys (punkt 14–17).

### 5.1 AVELSFISKE – VAL AV AVELSFISK OCH METOD

1. **Använd metoder för avelsfiske som inte är selektiva.** Denna rekommendation syftar till att undvika selektion. Man bör använda fiskemetoder som fungerar under hela lekvandringen (se punkt 2) och som fångar alla storlekar av lekfisk (se punkt 3). Fasta fällor där alla storlekar kan fångas under hela vandrings säsongen kan antas vara ett bra alternativ, medan elfiske av avelsfisk förväntas leda till att riktigt stora individer blir underrepresenterade. Nät och not bör ha maskstorlekar som tillåter fångst av alla lekfiskstorlekar.

2. **Använd avelsfisk fångad under hela lekvandningsperioden.** Lax och havsöring återvänder från havet i varierande mängd under sommar och höst (dvs. vandringssäsongen). Delar av denna variation i vandringstid kan ha ärftlig grund, och denna rekommendation syftar till att bevara sådan variation och undvika selektion för till exempel senare vandringstid.

Möjligheten att kunna hålla tilltänkt avelsfisk vid liv i odlingsanläggningarna över säsong påverkar möjligheten att få en god representation av vandringstiden vid aveln under senhösten. På senare år har stigande vattentemperaturer och hälsoproblem gjort det svårt, ibland när till omöjligt, att hålla avelsfisk (särskilt lax) vid liv under sommaren, vilket kan göra det svårt att följa denna rekommendation. Om avelsfiske, av ovan nämnda anledningar, sker enbart (eller till större delen) sent på säsongen kan en idé vara att delvis överrepresentera de laxar som verkar ha stått en längre tid i älven, och alltså inte enbart krama mer nystigen (blank) lax/öring. Det senare kräver någon form av individmärkning för dokumentation av fångstdatum (se punkt 14).

3. **Avelsfiskens storleks och åldersfördelning bör representera den stam/population som odlas.** Storleks- och åldersstruktur hos lax och öring varierar mellan populationer, samt mellan och inom vattensystem. Individuell variation i storleks- och åldersfördelning är delvis genetiskt styrd, och därav en denna variation viktig att bevara i avelsarbetet. Notera att ålder är svårt att veta utan provtagning och analys (åldersläsning av fjäll eller genetisk föräldraskapsbestämning). Ålder är dock korrelerad med storlek, vilket innebär att det kan räcka att sträva efter en storleksfördelning hos den kramade avelsfisken som är representativ för samtliga återvändande lekvandrare. Det kan också vara svårt att veta vad som är representativt för en population, sett ur ett historiskt perspektiv. Rekommendationen är därför (likt ovan) att använda en avelsbesättning vilken är representativ för all den fisk som återvandrar från havet idag, där man exempelvis inte helt utesluter individer under eller över en viss vikt/längd.

## 5.2 ANTAL AVELSFISK

4. **Använd minst 100 avelspar.** Målsättningen i kompensationsodlingen bör vara att använda minst 100 honor och 100 hanar, dvs. minst 200 individer. Vi har i denna rapport visat att den tidigare rekommendationen om minst 50 avelspar bör uppdateras (fördubblas). Denna nya rekommendation baseras på beräkningar gjorda av avelsfisk av lax där nya individer tagits i avelsfisket varje år och där parning skett med jämn könskvot (data från Skellefteälven och Lagan). Analyserna visar att 50 respektive 60 avelspar per år har motsvarat en effektiv populationsstorlek per generation ( $N_e$ ) om ca 200 respektive 320 individer (Bilaga A). För att under dagens odlingsförhållanden nå  $N_e$  över 500, vilket rekommenderas för att behålla genetisk variation på lång sikt, krävs fler avelsfiskar, där minst 100 avelspar per år gör att man kommer närmare denna långsiktiga målsättning.



$N_e$  påverkas även av andra faktorer än antalet kramade fiskar, som könskvoten bland dessa och framgången för olika familjer (variansen i antalet avkomma per avelsfisk som återkommer i nästa generation). Nedan listas rekommendationer (punkt 5–11) som kopplar till dessa faktorer. Dessa är viktiga att känna till, eftersom färre individer än 200 avelsfiskar kan ge ett  $N_e$  av storleksordningen 500 om andra faktorer optimeras. Givet sådana optimeringar i avelsarbetet kan det med 200 avelsfiskar per år finnas viss marginal att uppnå  $N_e > 500$ .

Vid en ökning av antalet avelsfiskar bör de praktiska lokala förutsättningarna gås igenom för respektive odling, så att man inte äventyrar avelsfiskens hälsa eller djuretiska aspekter. En ökning av antalet avelsfiskar innebär att en större mängd rom behöver hållas (separerade för olika honor) i kläckningsanläggningen, vilket också behöver beaktas.

För att underlätta hur man i praktiken kan följa denna rekommendation för antal avelspar finns några flödesscheman med mer detaljerad information (Bilaga D). I samma bilaga redovisas också mer detaljerade råd om hur man kan göra om/när rekommendationen om antalet avelsfiskar inte går att följa.

### 5.3 KORSNINGAR

5. **Använd jämn könskvot.** En jämn könskvot innebär att lika många hanar som honor används i avelsarbetet. Anledningen är att vid skev könskvot minskar  $N_e$ , jämfört med samma totala mängd avelsfisk och jämn könskvot.

Om det av någon anledning inte är möjligt att använda lika många avelsfiskar av båda könen, kan man till viss del kompensera den förväntade minskningen i  $N_e$  genom att överrepresentera det andra könet (och alltså öka totala mängden avelsfisk som används). Vid brist på adulta (stora) avelshonar rekommenderas att i första hand använda tidigt köns mogna hanar för att erhålla en jämn könskvot. Se vidare bilaga C och D.

6. **Använd slumpvis parning.** Med detta menas att en slumpvis vald hona paras med en slumpvis vald hane. Anledningen till denna rekommendation är främst att undvika selektion. Detta gäller alltid. Notera att slumpen knappast gäller i naturen, där det förekommer konkurrens och partnerval. Eftersom sådana naturliga beteenden och selektionsprocesser inte kan upprätthållas i odlingsmiljön bedöms dock slumpvis parning vara det bästa alternativet.
7. **Anpassa parningsmönster efter antalet avelsfiskar.** När antalet avelsfiskar är tillräckligt (dvs. 100 avelspar) är det lämpligast att para varje hona med enbart en unik hane (och vice versa). Rommen från en individ blandas med mjölke från en annan individ och ingen av individernas rom eller mjölke används mer än en gång. Vid lägre antal avelsfiskar kan det vara lämpligare att använda andra parningsmönster vilka redovisas i bilaga C och D.

8. **Tillåt en liten andel älvsfrämmande avelsfisk.** För att behålla den genetiska strukturen, med vilket avses fördelningen av genetisk variation inom och mellan enskilda populationer, är det lämpligt att tillåta viss inblandning av älvsfrämmande (felvandrad) fisk. Långsiktigt är ett sådant (långt) genflöde även viktigt för att inte de enskilda stammarna ska tappa genetisk variation och få ökad inavelsgrad.

Hur stor andel älvsfrämmande fisk som bör tillåtas är inte helt klarlagt, men som preliminär tumregel rekommenderas att om/när man identifierat älvsfrämmande fisk i aveln (vilket kräver märkning eller genetiska analyser), kan man behålla avkomma från 1–2 %, eller från maximalt 4 av 200 föräldrar per avelsömgång. Samma nivå (andel) gäller oavsett om dessa älvsfrämmande individer härstammar från en eller flera laxstammar. Vid ett genflöde av denna storlek förväntas de genetiska avstånden mellan populationerna (generellt sett) varken öka eller minska. Dessutom efterliknas den felvandring som sker naturligen mellan vilda laxvattendrag.

Som älvsfrämmande räknas lax från andra kompensationsodlingar och vilda laxbestånd. Det bör understrykas att denna rekommendation gäller under förutsättning att älvsfrämmande lax fångats i älven och identifierats som älvsfrämmande. Tanken är alltså inte att systematiskt använda älvsfrämmande lax (till exempel genom att hämta rom/mjölke från andra odlingar/älvar).

Om andelen avelsfisk av främmande ursprung under ett visst år är högre än 1–2 % bör sådan fisk undvikas (om kunskap finns innan aveln), alternativt kan enskilda kullar av ägg/yngel kasseras i ett senare skede (om kunskap finns först efter aveln). Lämpligen kontaktas genetisk expertis för vägledning i sådana fall.

Notera att denna rekommendation gäller älvsfrämmande lax och inte situationer då vildlax finns naturligt reproducerad i samma älvsystem som där odlingen sker (till exempel Norrfors, Umeälven där Vindelälvens vilda lax passerar). Att odla helt på vildfödd lax är då att rekommendera, även om det inte går att kontrollera hur stor andel älvsfrämmande lax med fettfenan intakt som ingår i aveln (om man inte gjort genetiska analyser innan kramningen).

Även för öring kan man tänka sig att det är lämpligt att använda 1–2 % vild fisk per generation. För öring kan dock även finnas situationer där flera genetiskt olika vilda populationer existerar i samma vattensystem där avelsfisket sker, vilket kan kräva att man vänder sig till expertis med kunskaper om lokala förhållanden.

#### 5.4 ROM OCH YNGEL

9. **Undvik att använda rom från parade helsyskon.** På grund av slumpen kan oavsiktliga parningar av helsyskon ske, vilket också har visat sig vara fallet i kompensationsodling av lax och öring (resultat från genetiska analyser av avelsfisk). För att undvika negativa inavelseffekter bör rom från sådana

helsyskonparningar kasseras. Identifiering av helsyskon kräver dock genetisk analys av avelsfisken (se punkt 15). Ju fler avelsfiskar som används, och ju större andel av alla familjer som återvänder för lek, desto mindre blir risken att av slumpen korsa två helsyskon.

I riktigt små populationer (med få avelsfiskar) kan andelen återvändande helsyskon tänkas bli så hög att det är svårt att helt undvika sådana korsningar. För dagens kompensationsodlade stammar är detta dock ingen aktuell problematik.

10. **Odl fram lika många avkommor från varje hona.** Detta kallas ibland kullning, och syftar till att erhålla så jämna familjestorlekar som möjligt. Anledningen är att andelen avkomma per förälder som deltar i följande lek (avel) påverkar  $N_e$  på så sätt att en högre varians i familjestorlek minskar  $N_e$  (och vice versa). Det handlar alltså om hur många ungar från respektive avelsfisk som sätts ut som smolt, överlever havsfasen, fångas i avelsfisken och slutligen ingår i aveln. För att hålla variationen i antal låg (vilket alltså ger högre  $N_e$ ) är det viktigt att försöka producera och sätta ut en jämn mängd smolt från alla avelsfiskar, vilket enklast görs genom att använda lika mycket rom från varje hona (se nedan), givet att befruktning och överlevnad är lika för alla familjer. Utöver detta kan man så länge som möjligt hålla ägg, yngel och uppväxande ungar från olika korsningar åtskilda, för att på så vis kontrollera och kompensera för eventuell konkurrens och skillnad i dödlighet mellan familjer under odlingsfasen (se också punkt 11 nedan). Optimalt skulle man släppa ut exakt lika många smolt från varje avelspar (korsning), men detta bedöms vara svårt åstadkomma i praktiken. Det är dock bra att dokumentera om någon korsnings avkomma helt uteblir (pga. infertilitet eller dödlighet).

Som nämns ovan rekommenderas att använda lika mycket rom (samma antal romkorn) från varje hona. Eftersom de minsta honorna ger mindre rom blir det dessa som i princip styr hur mycket rom som bör tas från varje hona. Notera dock att små honor får både färre och mindre romkorn än stora honor, vilket gör att antalet ägg per volymenhet (till exempel liter) blir fler. Således krävs viss flexibilitet och det är svårt att ge en exakt rekommendation, som till exempel att använda 1 liter rom från varje hona. Ett alternativ till att använda lika mycket rom från varje hona är att senare i odlingsprocessen se till att familjestorlekarna är antalsmässigt jämnstora. Till exempel kan det vara bra att initialt ha ett överskott av rom om inte alla äggen blir befruktade.

11. **Undvik selektion vid kassering av rom, yngel eller smolt.** Alla former av onaturlig selektion bör undvikas i avelsarbetet, så långt som möjligt. Att vid sortering/gruppering kassera (avliva) små och långsamväxande individer kan behövas av praktiska skäl, men kan samtidigt innebära att den variation som finns för tillväxt påverkas genom att man gynnar gener som styr snabb tillväxt i en konstgjord miljö. Exempelvis producerar små honor mindre romkorn än stora honor, och denna storleksskillnad följer med till yngelfasen. Därför är det särskilt viktigt att inte kassera små yngel specifikt. Denna rekommendation

hänger även ihop med punkt 10 ovan, eftersom sortering och kassering kan bidra till att ett ojämnt antal familjer sätts ut som smolt, vilket i sig kan leda till lägre  $N_e$ .

## 5.5 UTSÄTTNING

12. **Frisläpp smolten i älven/ån där den genetiskt hör hemma.** Odlad lax och öring som släpps (sätts ut) i ett vattendrag som smolt kommer med hög sannolikhet att återvända till detsamma vid tiden för lekvandring. Utsättning i samma vatten som där avelsfisken fångats är därför att rekommendera, vilket också är fallet i dagens kompensationsodling (med några få undantag). Utsättningar av älvsfrämmande fisk (till exempel odlad fisk i vattendrag med vilda bestånd av samma art) innebär en risk att de förökar sig med vilda populationer i efterföljande lek, och på så sätt bidrar till en genetisk blandning av stammar som kan leda till minskade populationsskillnader (genetisk homogenisering) och försvagad grad av lokal anpassning.
13. **Undvik att frisläppa smolt direkt i havet, en sjö eller längs kusten.** Se även punkt 12 ovan. Smolt som frisläpps direkt i havet, en sjö eller längs kusten riskerar att sprida sig till mer eller mindre slumpmässigt utvalda vattendrag vid tiden för lek, eftersom de saknar den prägling på hemvattendraget som sker under smoltutvecklingen. Sådana utsättningar kan således markant öka risken för genetisk inblandning av älvsfrämmande stammar i (vilda) populationer, och kraftigt öka risken för genetisk homogenisering och försämrad lokal anpassning.

## 5.6 DOKUMENTATION OCH UPPFÖLJNING

14. **Individmärk avelsfisk med PIT-tags vid fångst.** Individmärkning av avelsfisken när den fångats ger uppenbara fördelar vid avelsarbetet. Märkning med PIT-tags är en både billig och enkel process som tar minimalt med tid. Efter avlivning av märkt fisk kan man också ta reda på och återanvända märkena. Avläsning av PIT-tags kan även automatiseras, så att ett märke automatiskt läses in till en databas. Ett exempel på användningsområde är att registrera datum då fisk eventuellt dör innan kramning samt att i efterhand analysera när individer som faktiskt var med i kramningen var fångade. Vid permanenta (landbaserade) avelsbesättningar och när man använder samma avelsfisk under mer än ett år kan märkning användas för att styra vilka par som korsas (eller undviks att paras med varandra).

Avelsplanering med hjälp av PIT-tags kan även vara relevant om man vill undvika över-/underrepresentation av tidigt/sent fångad avelsfisk. Finns DNA-baserade föräldraskapsbestämningar innan aveln kan sådan information dessutom nyttjas i kombination med PIT-märkning för att undvika syskonparningar, eller för att välja avelsfisk så att variansen i antalet avkommor per föräldrar i föregående generation reduceras (vilket ger högre  $N_e$ , se punkt 10). Det finns också möjlighet att upptäcka om fisk som fångats för avel men återutsatts innan kramning, kommer tillbaka in i avelsfisket.

**15. Ta vävnadsprov och genomför genetisk analys av all avelsfisk som paras.**

Provtagning och genetisk analys av all avelsfisk rekommenderas. Anledningen är att en årlig genetisk analys av all avelsfisk ger möjligheter att identifiera felvandrare (inklusive varifrån dessa härstammar) samt om helsyskon korsats omedvetet. DNA-analys ger också möjlighet till att med nära 100 % säkerhet identifiera föräldrar till avkomma (efter att provtagning och analys genomförts under ett antal efterföljande år som täcker laxens och öringens livscykel, ca 5–6 år). Identifikation av föräldrar kan användas för att med hög precision beräkna effektiv populationsstorlek  $N_e$  (Bilaga A), samt att identifiera individer fångade i exempelvis sport- och yrkesfiske.

Det finns även ett flertal intressanta forskningsfrågor kopplat till kompensationsodling som går att undersöka med hjälp av genetiska analyser, till exempel om och i så fall vilka familjer (avelspar) som är mest framgångsrika över flera generationer (så länge som provtagning och DNA-analys fortsätter). Det kan också gå att använda olika experimentupplägg med olika familjer (kopplat till någon aspekt i odlingen, som olika foder etc.) och utvärdera dessa utan att använda sig av yttre märken. Om denna rekommendation inte följs fullt ut rekommenderas ändå att alltid ta ett vävnadsprov för att möjliggöra framtida genetisk analys. Provet består lämpligen av torkade fjäll eller annan vävnad (till exempel fenklipp som läggs i 95 % etanol).

**16. Var noggrann med dokumentation och journalföring.** En detaljerad och korrekt dokumentation av olika parametrar, inklusive individdata, ger möjligheter till uppföljningar och utveckling av kompensationsodlingsverksamheten. God dokumentation medför också ökade möjligheter att bedriva forskning och långsiktig miljöövervakning.

**17. Följ upp verksamheten.** Uppföljning av avelsarbetet är centralt. För bevarande av genetisk variation är utvärderingar och genetiska analyser (se punkt 15) viktiga för det praktiska arbetet och nödvändiga för att följa utvecklingen av genetisk variation och struktur. Även annan form av uppföljning kopplat till genetisk variation är viktig, som till exempel förändringar av avelsfiskens återvandringstid, storleksfördelning och överlevnad. Uppföljningar kan också behövas av andra skäl (än för att följa genetiska förändringar).

**5.7 FORSKNINGS- OCH UTVECKLINGSBEHOV**

När det gäller genetiska effekter eller påverkan av kompensationsodling finns flera frågor som är svåra att svara på eftersom kunskapen är delvis begränsad. De pågående provtagningar och genetiska analyser av avelsfisk som på uppdrag av vattenkraftindustrin genomförs vid SLU institutionen för akvatiska resurser (SLU Aqua) (projektet "Genetisk analys av lax och havsöring från åtta svenska fiskodlingar"; t.ex. Söderberg & Palm, 2023) ger stora möjligheter att beräkna exakta effektiva populationsstorlekar ( $N_e$ ) för samtliga odlade bestånd som är med i projektet (inom ett par år). Ett flertal ytterligare intressanta frågor kan också

studeras med hjälp av den genetiska databas som är under uppbyggnad, till exempel vilka familjer som är mest framgångsrika över tid. Eftersom det nu är möjligt att med i princip 100 % säkerhet bestämma föräldraskap till alla laxungar som föds i de kompensationsodlingar som är med i projektet, skulle det också gå att göra olika försök (på familjenivå) och studera till exempel överlevnad i havet, eftersom alla individer är "genetiskt märkta". Felvandring och exakt ursprungsidentifiering av odlad lax fångad i fisket är andra frågor som kan studeras i detalj med hjälp av genetiska data. Ett exempel på en enklare studie är att undersöka vilka familjer (och storleksfördelningen av dessa) som bidrar till utsättningarna i smoltskedet. Detta är nu möjligt (genom att DNA-analysa smolten) även om individer från olika familjer grupperas och slås ihop i ett tidigt skede i odlingarna samt senare storleks-selekteras.

En olöst fråga är också hur viktigt det är att fånga avelsfisk tidigt under vandringssäsongen om avelsfisket sker i närheten av ett definitivt vandringshinder. Å ena sidan, om den vandrande fisken stannar kvar i älven och överlever fram tills det att avelsfisket sker i slutet av säsongen, kanske skillnaden mellan ett tidigt eller löpande avelsfiske är av mindre betydelse. Å andra sidan, om tidigt stigande fisk vänder ut till havet eller dör, kanske ett sent avelsfiske innebär en tydlig selektion för den fisk som återvandrar sent från havet.

Den kunskap och data som byggs upp genom genetisk provtagning och analys av avelsarbetet innebär också förbättrade möjligheter att genomföra en utvärdering för om och i så fall hur kompensationsodlingen kan, eller bör, hanteras i framtiden med tanke på potentiella genetiska risker för vilda laxbestånd. Till exempel behöver det utredas i vilken mån dagens utsättningsmängder behöver anpassas till rådande fisketryck, och om vissa odlade bestånd på sikt bör fasas ut.

## 6 Tackord

Tack till alla kompensationsodlare för värdefull information och givande diskussioner under arbetets gång. Projektets referensgrupp, bestående av styrgruppen för Vattenkraftens kompensationsodling och representanter från Fiskutredningsgruppen vid länsstyrelsen (FUG) samt Havs- och vattenmyndigheten, tackas för konstruktiva synpunkter under projektet och på tidigare versioner av rapporten.

Tack också till Linda Laikre (Stockholms universitet) för kommentarer på en tidigare version av texten, samt till Åke Forssén (Norrfors fiskodling) och Anton Dahlberg (Kvistforsens fiskodling) för kommentarer på bilaga C. Susanne Tärnlund (SLU Aqua) har gjort figur 1 och Caroline Ek (SLU Aqua) har gjort figur 11. Projektet finansierades av Energiforsk, forskningsprogrammet Vattenkraftens kompensationsodling (VKU16012).

## Bilaga A: Effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) hos två odlade laxstammar

Som beskrivs i rapporten har det länge funnits generella riktlinjer om hur många avelsfiskar som minst behövs årligen för att en odlad stam ska erhålla en "tillräckligt hög" genetiskt effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ). De verkliga (realiserade) storlekarna av denna centrala genetiska parameter i dagens kompensationsodlade stammar av lax och öring är dock i hög grad okända, då  $N_e$  påverkas av ett flertal demografiska faktorer utöver antalet individer som reproducerar sig (se avsnittet Genetiska grundprinciper). Inom detta projekt har vi därför, oss veterligen för första gången, empiriskt beräknat det genetiskt effektiva antalet individer per år ( $N_b$ ) och generation ( $N_e$ ) för två kompensationsodlade laxstammar (Skellefteälven och Lagan) baserat på detaljerad demografisk information som erhållits via pågående DNA-baserade föräldraskapsbestämningar (t.ex. Söderberg m.fl. 2019).

Data vid beräkningarna utgjordes av antalet återvändande avkommor (genetiskt identifierad avelsfisk i nästa generation) per hane och hona från avel under tre efterföljande år (2014-16) i Skellefteälven och två år (2016-17) i Lagan. För dessa kramningsår (årsklasser) har avkomma återvänt 2017–2022 respektive 2019–2022, och sannolikt kommer inga eller endast mycket få ytterligare lekmogna avkommor att återvända under 2023 (eller senare). Givet att projektet med pågående DNA-analyser av avelsfisk fortlöper kommer information snart finnas tillgänglig för ytterligare årsklasser från dessa stammar samt från ett antal andra lax- och öringstammar (Söderberg & Palm 2023).

Även om  $N_e$  per generation är den parameter som relaterar till med vilken hastighet inavel ackumuleras och genetisk variation förloras, är det i praktiken ofta enklare att skatta  $N_b$  per år. För populationer av konstant storlek där individerna endast reproducerar sig vid ett tillfälle under livet (semelpari), vilket gäller för exempelvis Stillahavslax och en majoritet av den kompensationsodlade laxen och öringen i Sverige, har det visats att  $N_e \approx G \times N_b$ , där  $G$  utgör generationsintervallet (Waples 1990).

I ett första steg beräknades ett genetiskt effektivt antal honor ( $N_{bf}$ ) för respektive avelsåar med tillgång på empiriska data (Skellefteälven-2014, etc.) enligt Crow & Denniston (1988):

$$N_{bf} = \frac{k_f (N_f - 1)}{1 + \frac{V_{kf}}{k_f}},$$

där  $N_f$  representerar antalet kramade honor, medan  $k_f$  och  $V_{kf}$  utgör medelvärdet respektive variansen för antalet återvändande avkommor per kramad hona (Tabell A1). Det genetiskt effektiva antalet hanar ( $N_{bm}$ ) för samma avelsåar beräknades på motsvarande vis. Av formeln ovan framgår att en högre varians, vid ett givet antal kramade fiskar och ett visst medelantal återvändande avkommor, ger ett lägre antal genetiskt effektiva föräldrar (och vice versa).



Baserat på de erhållna värdena för  $N_{bf}$  och  $N_{bm}$  beräknades därefter  $N_b$  för båda könen enligt följande formel (Wright 1931):

$$N_b = \frac{(4N_{bf} \times N_{bm})}{N_{bf} + N_{bm}}.$$

Slutligen skattades den genetiskt effektiva populationsstorleken per generation som  $N_e \approx G \times N_b$ , där  $N_b$  utgjordes av ett harmoniskt medelvärde för de tre (Skellefteälven) respektive två (Lagan) årliga  $N_b$ -värden som beräknats enligt ovan. Generationsintervallet ( $G$ ) utgjordes av den genomsnittliga åldern bland samtliga återvändande avkommor inom respektive stam (åldern utgörs av antalet år som passerat sedan föräldrarna själva kramades).

I tabell A1 summeras ingångsdata samt erhållna skattningar av  $N_b$  per år samt  $N_e$  per generation för de kompensationsodlade laxstammarna i Skellefteälven samt Lagan. Medelantalet återvändande avkommor ( $k$ ) varierade mellan 1,1 och 2,5 (i genomsnitt 1,9) individer per kramad avelsfisk, vilket ligger nära två (2) vilket är det förväntade värdet i en population av konstant storlek och könlig förökning. Variansen för antalet avkommor ( $V$ ) varierade dock både mellan stam, kramningsår och kön, och undantaget Lagan-2017 har variansen bland hanarna varit mellan 1,4 och 2 gånger högre än den bland honorna (Tabell A1). Olika medelvärde och varians i antal avkommor mellan könen är möjligt eftersom man under dessa fyra avelsår (2014–2016 i Skellefteälven och 2016 i Lagan) befruktat varje honas rom med mjölke från två hanar, samtidigt som varje hane använts för att befrukta två honor. Vid aveln 2017 i Lagan befruktades däremot varje hona endast med en hane, vilket innebär att inga skillnader i medelvärde och varians är möjliga mellan könen (då samtliga återvändande avkommor är helsyskon).

Det genetiskt effektiva antalet föräldrar per år ( $N_b$ ) har varierat mellan 44 och 51 i Skellefteälven och mellan 73 och 81 i Lagan, vilket efter multiplicering med de skattade generationsintervallen ( $G$ ; 4,2 till 4,3 år) beräknas motsvara en effektiv populationsstorlek per generation ( $N_e$ ) av 204 respektive 323 (Tabell A1). De i genomsnitt omkring 60 % högre skattningarna av  $N_b$  och  $N_e$  för Lagan beror både på ett högre antal (ca 20 %) avelsfiskar, samt att varianserna för antalet återvändande avkommor per avelsfisk varit lägre än i Skellefteälven, vilket beskrivet ovan ger en högre effektiv populationsstorlek.

**Tabell A1.** Ingångsdata från DNA-baserade föräldraskapsbestämningar samt genetiskt effektivt antal individer per år ( $N_b$ ) och generation ( $N_e$ ) för kompensationsodlad lax från Skellefteälven (avel 2014–2016) och Lagan (avel 2016–2017).  $N_{tot}$  anger totalt antal avelslaxar,  $N_f$  och  $N_m$  är antalet kramade honor respektive hanar medan  $N_{bf}$  och  $N_m$  anger det beräknade effektiva antalet honor respektive hanar per år. Beteckningarna  $k_f/k_m$  samt  $V_{kf}/V_{km}$  anger medelvärde och varians för antalet återvändande avkomor för honor respektive hanar.  $G$  anger skattat generationsintervall (medelåldern bland den återvändande avkomman).

Stam/ älv	Kramnings- år	$N_{tot}$	$N_f$	$N_m$	$k_f$	$k_m$	$V_{kf}$	$V_{km}$	$N_{bf}$	$N_{bm}$	$N_b$	$G$	$N_e$
Skellefte- älven	2014 <sup>1</sup>	100	50	50	2,5	2,5	6,3	12,5	35	20	51	-	-
	2015 <sup>1</sup>	100	50	50	2,1	2,1	5,7	8,0	27	21	47	-	-
	2016 <sup>1</sup>	98	49	49	1,6	1,6	3,1	5,0	26	19	44	-	-
	Totalt										48 <sup>3</sup>	4,3	204
Lagan	2016 <sup>1</sup>	118	58	60	2,1	2,0	3,3	4,5	46	36	81	-	-
	2017 <sup>2</sup>	120	60	60	1,1	1,1	0,9	0,9	37	37	73	-	-
	Totalt										77 <sup>3</sup>	4,2	323

<sup>1</sup> en hona med två hanar och vice versa; <sup>2</sup> en hona med en hane; <sup>3</sup> harmoniskt medelvärde för årliga  $N_b$  - värden

## Referenser

- CROW, J.F. & DENNISTON, C. 1988. Inbreeding and variance effective population numbers. *Evolution* 42:482–495.
- WAPLES, R. S. 1990. Conservation genetics of Pacific salmon. 2. Effective population-size and the rate of loss of genetic variability. *Journal of Heredity*, 81, 267-276.
- SÖDERBERG, L., ÖSTERGREN, J. & PALM, S. 2019. Genetisk analys av avelsfisk. Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar. Aqua reports 2019:18. Drottningholm: Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet.
- SÖDERBERG, L. & PALM, S. 2023. Genetisk analys av avelsfisk kramad 2022: lax och havsöring från åtta svenska kompensationsodlingar. PM. Drottningholm: Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet.
- WRIGHT, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics* 16: 97–159.

## Bilaga B: Riktlinjer i tabellform

Nr	Rekommendation	Del av avelsarbetet	Syfte/motiv
1	Använd metoder för avelsfiske som inte är selektiva	Avelsfiske	Undvika selektion
2	Använd avelsfisk fångad under hela lekvandningsperioden	Avelsfiske	Undvika selektion
3	Avelsfiskens storleks- och åldersfördelning bör representera den stam/population som odlas	Avelsfiske	Undvika selektion
4	Använd minst 100 avelspar	Antal avelsfisk	Maximera $N_e$
5	Använd jämn könskvot	Korsningar	Maximera $N_e$
6	Använd slumpvis parning	Korsningar	Undvika selektion
7	Anpassa parningsmönster efter antalet avelsfiskar	Korsningar	Maximera $N_e$
8	Tillåt en liten andel älvfrämmande avelsfisk	Korsningar	Upprätthålla genflöde
9	Undvik att använda rom från parade helsyskon	Rom och yngel	Undvika inavel
10	Odlas lika många avkommor från varje hona	Rom och yngel	Maximera $N_e$
11	Undvik selektion vid kassering av rom, yngel eller smolt	Rom och yngel	Undvika selektion
12	Frisläpp smolten i älven/ån där den genetiskt hör hemma	Utsättning	Undvika genetisk påverkan på vild fisk
13	Undvik att frisläppa smolt direkt i havet, en sjö eller längs kusten	Utsättning	Undvika genetisk påverkan på vild fisk
14	Individmärk avelsfisk med PIT-tags vid fångst	Dokumentation och uppföljning	Uppföljning och utveckling
15	Ta vävnadsprov och genomför genetisk analys av all avelsfisk som paras	Dokumentation och uppföljning	Undvika inavel, uppföljning av $N_e$ , forskning
16	Var noggrann med dokumentation och journalföring	Dokumentation och uppföljning	Uppföljning och utveckling, forskning
17	Följ upp verksamheten	Dokumentation och uppföljning	Uppföljning och utveckling, forskning

## Bilaga C: Flödesscheman för parningsmönster (korsningsmönster) vid olika antal avelsfisk

Nedanstående flödesscheman är tänkta som hjälp och vägledning för avelsarbetet vid kompensationsodling av laxfisk. De är framtagna för att bevara genetisk variation med hänsyn taget till praktisk genomförbarhet, och utgår ifrån de resonemang och rekommendationer som anges i huvudrapporten (sammanfattade i bilaga B).

När det finns tillräckligt många avelsfiskar (dvs. fler än 100 honor och hanar) är det specifika parningsmönstret (korsningsmönstret) inte lika viktigt för att uppehålla en tillräckligt hög genetiskt effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ). Ett exempel på praktisk tillämpning är att man när antalet avelsfiskar överskrider 100 individer av varje kön kan korsa varje hona med en unik hane (och inte korsa med någon ytterligare individ). Detta kan spara tid och utrymme i odlingen i form av kläckbackar, eftersom det är viktigt att hålla isär alla familjer och att hålla dessa så jämnstora som möjligt fram till utsättningsstillfället. Att bara korsa en hona med en hane innebär visserligen en ökad risk att förlora all avkomma från ett antal av föräldrafiskarna om/när någon av individerna i avelsparen är infertil (eller vid parning av helsyskon). I en större avelsbesättning är dock sådana förluster av mindre betydelse för bevarandet av genetisk variation än när antalet avelsfiskar är lågt.

De antal avelsfiskar som anges nedan är att betrakta som riktvärden. Det kan exempelvis vara möjligt att sänka gränsen något för när man övergår från "en hona med en hane" till korsbefruktning/överlappande befruktning. Om man av erfarenhet vet att bortfallet av par med infertil avkomma är lågt (kanske nära 0 %), kan det vara ok att korsa en hona med en hane även om antalet avelsfiskar av varje kön är något under 100.

### Instruktioner för flödesscheman

Alla flödesscheman är uppbyggda med boxar som innehåller en kort text. Denna text beskriver en förutsättning eller utgångspunkt som finns på odlingen, till exempel att man har färre än ett visst antal avelsfiskar. Utifrån vad som gäller i odlingen följer man en pil till en ny box. I den sista boxen står alltid en instruktion för hur man bör hantera den situation man har på odlingen.

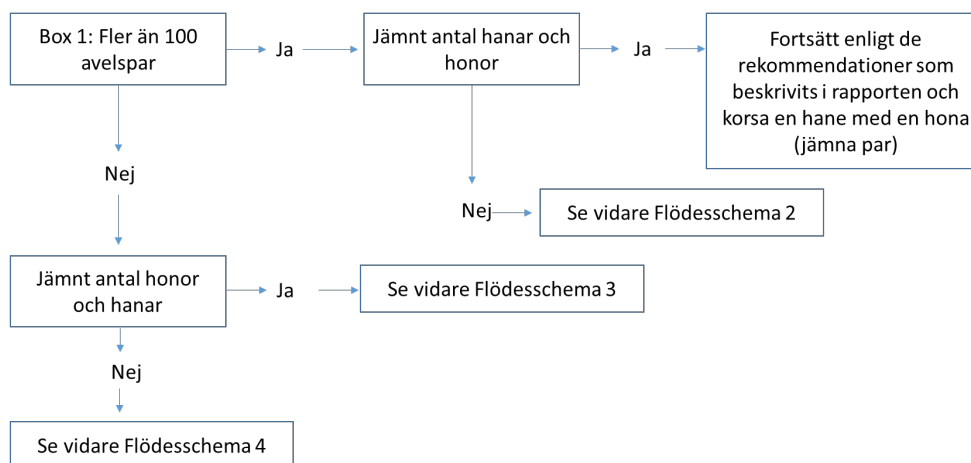
För alla situationer och parningsmönster (korsningsmönster) gäller följande:

- Håll isär varje unikt par genom att separera rom från varje hona innan mjölke tillsätts från hanen. Blanda aldrig rom eller mjölke (i samma behållare) från flera individer vid befruktning.
- Håll familjestorlekar (vid tiden för utsättning av avkomma/smolt) så jämnstora som möjligt mellan avelsparen. Ett sätt är att i utgångsläget använda samma mängd rom (antal romkorn) från alla honor. Ett annat alternativ är att en sortering görs senare (till exempel i yngelstadiet, givet att familjerna inte är ihopslagna) för att jämna ut familjestorlekar.

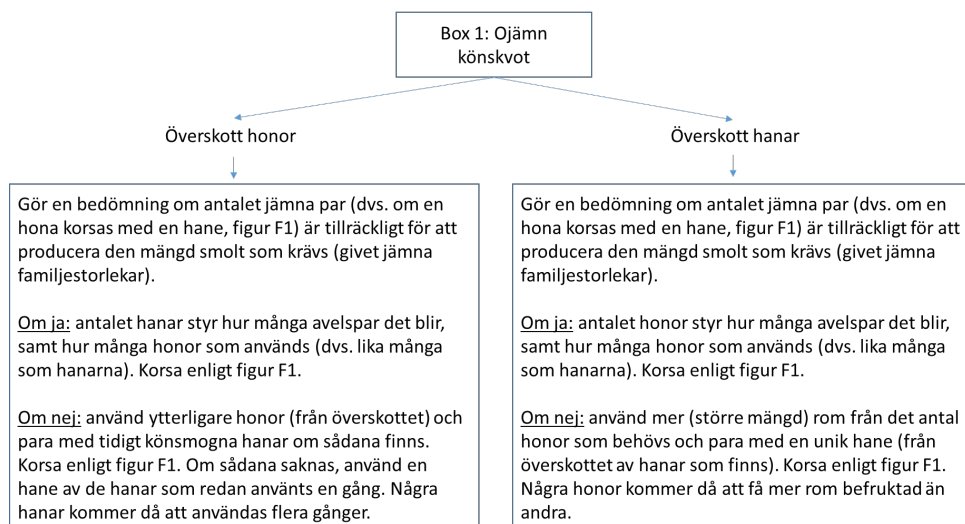
Så här läser man flödesschemana:

1. Börja alltid vid flödesschema 1.
2. Börja vid box 1 i varje flödesschema. Följ pilar vid "ja" eller "nej" och gå vidare till nästa box.
3. Fortsätt till sista boxen och följ instruktionen.

### Flödesschema 1: Parningsmönster (korsningar) vid olika antal avelsfiskar

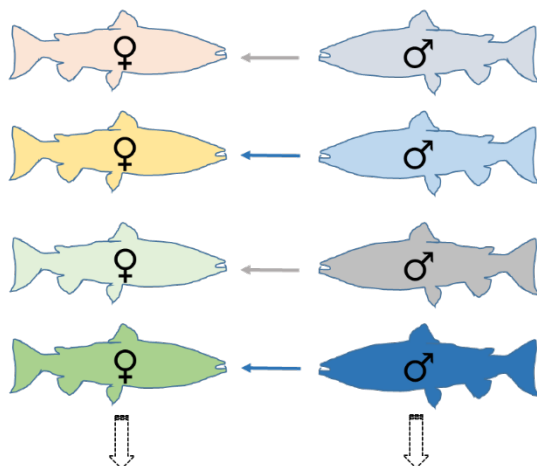


### Flödesschema 2: Fler än 100 avelspar och ojämn könskvot (ojämnt antal honor och hanar)

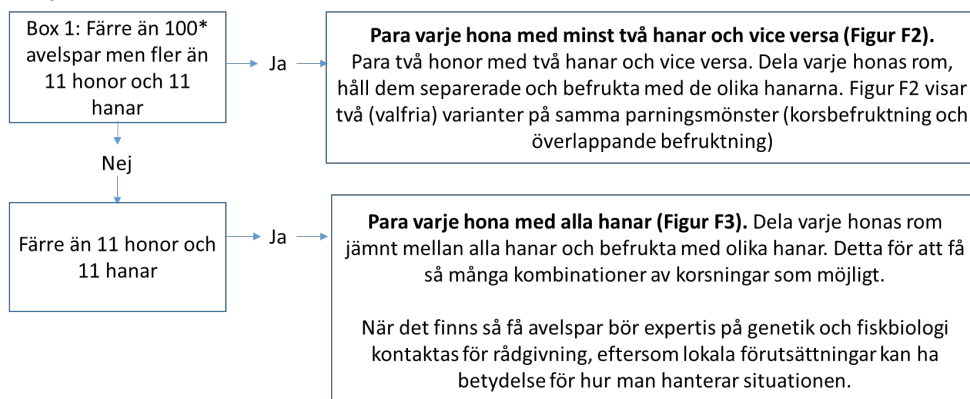


**Figur F1.**

Parning en hona med en unik hane och vice versa  
(1 X 1)



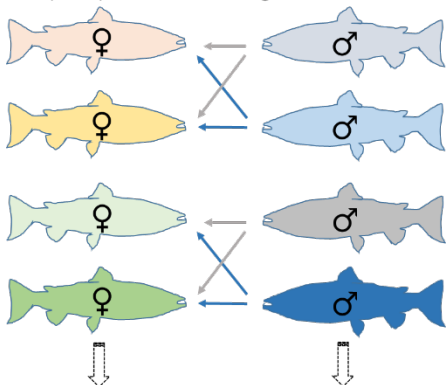
**Flödesschema 3: Färre än 100 avelspar och jämn könskvot, dvs. lika många avelsfiskar av varje kön**



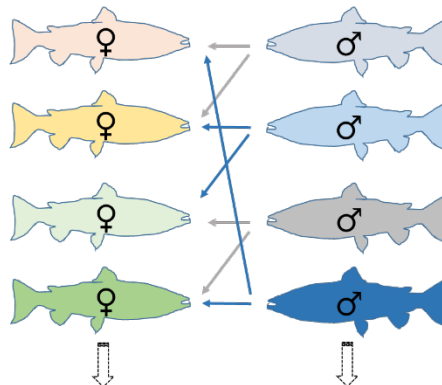
\* Om det av praktiska skäl blir svårt att hålla isär rom från så många avelspar så är det bättre att para en hona med en hane, än att blanda mjölke från två hanar i samma behållare rom från en hona.

**Figur F2.**

**A** Parning två honor med två hanar och vice versa  
(2 X 2) – Korsbefruktning

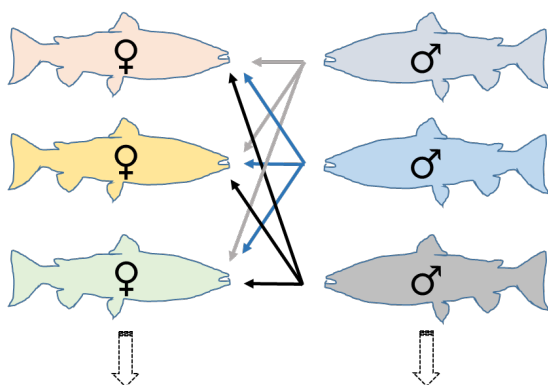


**B** Parning två honor med två hanar och vice versa  
(2 X 2) – Överlappande befruktning

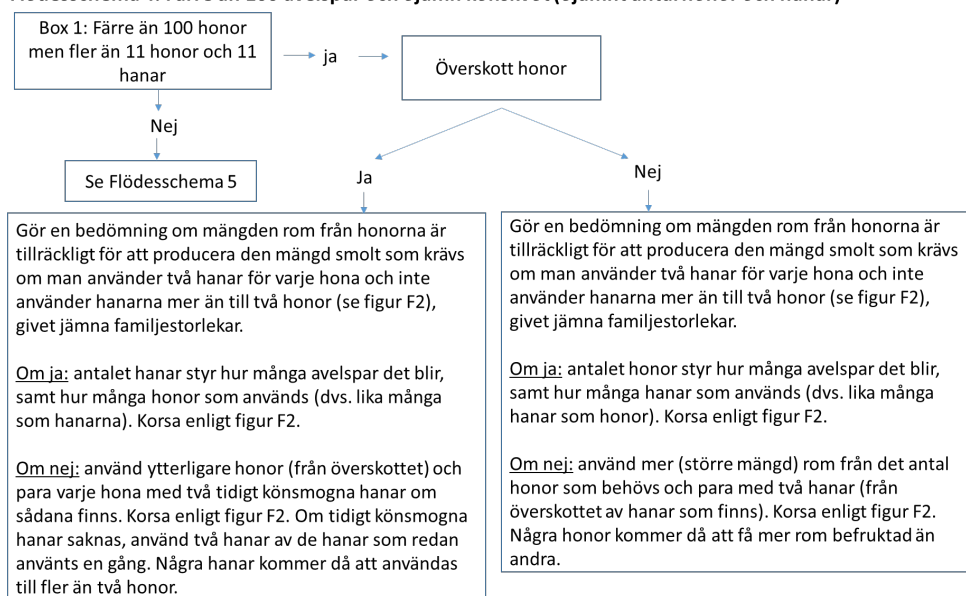


**Figur F3.**

Parning alla honor med alla hanar och vice versa  
(alla X alla)

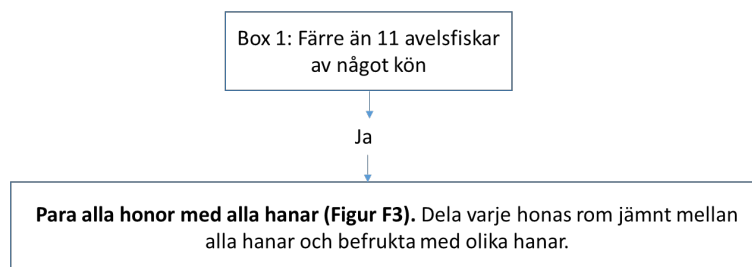


#### Flödesschema 4: Färre än 100 avelspar och ojämn könskvot (ojämnt antal honor och hanar)



#### Flödesschema 5: Färre än 11 avelsfiskar av något kön och ojämnt antal honor och hanar

När antalet avelsfiskar för något eller båda könen är mycket lågt rekommenderas att kontakta expertis för rådgivning, då val av lämpligt korsningsmönster och avelsmetodik kan bero på lokala förhållanden och förutsättningar, inklusive krav och målsättning för utsättning. En generell regel visas dock nedan.





## Bilaga D: Exempel och typfall

Nedan presenteras ett antal typfall och exempel som kan användas för vägledning och förtydliganden när det gäller att tolka och följa de flödesscheman som presenteras i bilaga C. Utgångspunkten för bilaga C har varit antalet avelsfiskar som används, vilket beror på att detta är den största faktorn som påverkar möjligheterna för bevarande av genetisk variation. I bilaga C relateras också mängden avelsfiskar till andra viktiga påverkansfaktorer så som könkvot och familjestorlek.

När det gäller nedanstående typfall och exempel bör särskilt noteras att alla odlingar har lokala förutsättningar och miljöförhållanden som är specifika, som dessutom kan variera mellan år. Kompensationsodlingarna har även vattendomar att förhålla sig till. Det kan också finnas andra faktorer än de som nämns här som påverkar avelsarbetet, till exempel effekter av sjukdomsutbrott och fiske.

### GENERELLA EXEMPEL

**Exempel 1:** Antal avelsfiskar som fångats och är vid liv när kramning börjar är 46 honor och 56 hanar.

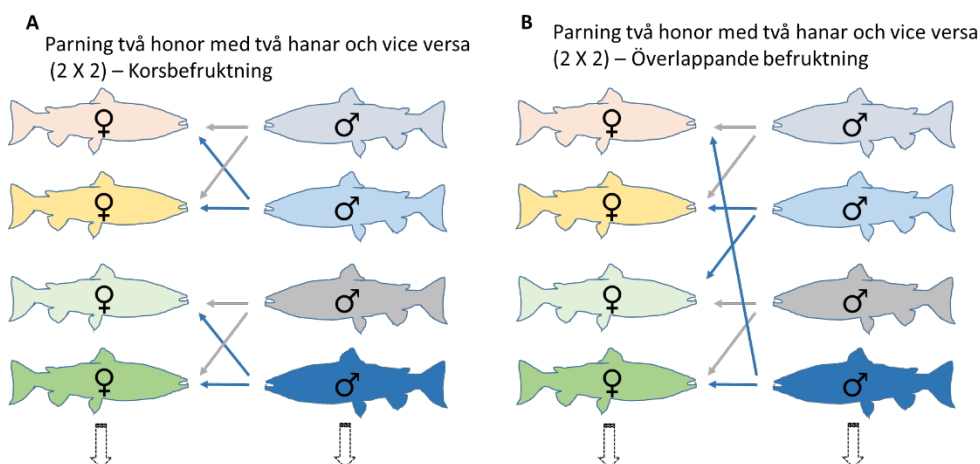
Detta är färre än de 100 avelspar som rekommenderas för långsiktigt bevarande av genetisk variation. I bilaga C, flödesschema 1, är svaret nej vid första boxen, det finns färre än 100 avelspar. Antalet hanar och honor är ojämnt, så svaret är nej även vid nästa box. En hänvisning ges till flödesschema 4.

I flödesschema 4 finns en box som säger "färre än 100 honor men fler än 11 honor och 11 hanar". Eftersom det finns färre än 100 honor men fler än 11 av varje kön så är svaret ja.

I nästa box står "Överskott honor". Svaret är nej. I boxen som följer denna står att man behöver göra en bedömning om mängden rom av honorna är tillräcklig för produktionskraven givet att man använder två hanar till varje hona (och vice versa), och att familjestorlekar jämnas ut. Om man antar att bedömningen är ja kommer man använda 46 honor och 46 hanar och korsa enligt figur F2 (korsbefruktning eller överlappande befruktning) där varje hona paras med två hanar och vice versa.

Viktigt att tänka på är vidare att inte blanda rom och mjölke från flera individer i samma balja vid befruktningen. Man bör även sträva efter att jämna familjestorlekar nås när avkommorna från respektive par sätts ut.

Figur F2.



**Exempel 2:** Detta fall utgår från exempel 1 ovan, men bedömningen är att rommängden från 46 honor inte är tillräckligt för att kunna producera det antal smolt som behövs för att uppfylla skaderegleringskrav enligt vattendom, om jämna familjestorlekar ska eftersträvas. Med andra ord finns endast möjlighet att producera en tillräcklig mängd smolt om mer rom används från ett antal honor.

Läs först exempel 1. I det aktuella fallet behöver man komplettera med mer rom från ett antal honor (se box under nej i flödesschema 4). Därför planeras för att använda några slumpmässigt utvalda (större) honor till mer än en korsbefruktning (enligt figur F2). Om bedömningen är att det räcker med 10 honor, från vilka man tar ytterligare en viss mängd rom, används således 10 hanar från överskottet (det fanns 56 hanar).

För 10 (större) honor kommer således en större mängd rom användas, jämfört med övriga honor. Dessutom kommer 10 stycken fler hanar användas än i exempel 1. Detta innebär att vi får en skev könkvot (46 honor och 56 hanar), men samtidigt bidrar de extra hanarna med ytterligare genetisk variation. Rekommendationerna i detta exempel bygger på bedömningen att bidraget från de extra hanarna är att föredra även om en skev könkvot erhålls.

### Exempel 3. Öring

För öring (havs- och insjööring) är utsättningskyldigheten i form av antal smolt oftast betydligt lägre än för lax. Av produktionsmässiga skäl behövs därför sällan de 100 avelspar som här rekommenderas. Flera bestånd är små och det är också svårt att fånga tillräckligt med avelsfisk (åtminstone för att nå 100 avelspar). Ur ett bevarandegenetiskt perspektiv bör man ändå sträva efter att nå 100 avelspar (oavsett utsättningskyldighet). I odlingar som fångar avelsfisk av vilda bestånd är det viktigt att man inte fångar alltför hög andel av de fiskar som annars skulle lekt i naturen. Därför rekommenderas att använda expertkunskap i dessa fall, både i form av lokalkännedom (exempelvis länsstyrelser) och genetisk expertis eftersom lokala förhållanden kan spela stor roll hur man bör hantera de situationer som kan uppstå när vilda öringpopulationer finns i vattensystemet.

#### Exempel 4. Typfall – Kvistforsens fiskodling, Skellefteälven

Nedan ges ett typfall för en befintlig kompensationsodling där hänsyn tagits till rådande lokala förutsättningar (praktiska möjligheter samt vattendom), som ett exempel på hur avelsmetodik kan anpassas till rekommendationerna i rapporten.

Idag används för lax ca 50 avelspar per år, vilket är tillräckligt för att producera mängden smolt som ska sättas ut enligt vattendom. Man har under senare år använt sig av ett korsningsmönster motsvarande figur F1, dvs. en hona med en hane (och vice versa), men tidigare även använt sig av korsningsmönstret 2 X 2 (Figur F2). Man har även använt ungefär hälften så mycket rom för vissa (ofta mindre) honor, jämfört med andra, vilket bidragit till att utsättningsmaterialet bestått av familjer av olika storlek. Det senare har sannolikt bidragit till att  $N_e$  minskat, eftersom det blir effekten av olika stora familjer.

För att följa rekommendationerna som ges i denna rapport bör antalet avelspar öka till 100 av varje kön och familjestorlekarna bör jämnas ut. Om det inte är möjligt (till exempel av utrymmesskäl) att öka antalet avelspar till 100, så bör korsningsmönstret ändras till 2 X 2, och familjestorlekarna bör jämnas ut. Här är det viktigt att om möjligt hålla isär rom från varje parning/korsning, för att undvika att den ena hanen dominerar befruktningen, vilket brukar vara fallet när mjölke från mer än en hane blandas i samma behållare. I fallet Skellefteälven (Kvistforsens fiskodling) där det varit problem med infertila hanar kan en återgång till 2 X 2 medföra att risken minskar att ett helt avelspar (alltså även honan) blir utan avkomma.

## 7 Referenslista

- ALANÄRÄ, A. & PERSSON, L. 2021a. Framtidens smolt under föränderliga förhållanden. Vattenkraftens kompensationsodling. Rapport 2021:794. Energiforsk AB.
- ALANÄRÄ, A. & PERSSON, L. 2021b. Vad vi vet och inte vet om kompensationsodlad fisk. Rapport 2021:767. Energiforsk AB.
- ALLENDORF, F. W., LUIKART, G. & AITKEN, S. N. 2013. Conservation and the genetics of populations, West Sussex, Wiley-Blackwell.
- ALLENDORF, F. W. & WAPLES, R. S. 1996. Conservation and genetics of salmonid fishes. In: AVISE, J. C. & HAMRICK, J. L. (eds.) Conservation Genetics, Case Histories from Nature. Chapman & Hall.
- ANDERSSON, A., JANSSON, E., WENNERSTROM, L., CHIRIBOGA, F., ARNYASI, M., KENT, M. P., RYMAN, N. & LAIKRE, L. 2017. Complex genetic diversity patterns of cryptic, sympatric brown trout (*Salmo trutta*) populations in tiny mountain lakes. *Conservation Genetics*, 18, 1213-1227.
- ANONYM 1951. Vandringsfiskutredningens betänkande. Svenska vattenkraftföreningens publikationer. 423. 1951:8. . Centraltryckeriet Esselte AB, Stockholm 1951.
- ARAKI, H., BEREJIKIAN, B. A., FORD, M. J. & BLOUIN, M. S. 2008. Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary Applications*, 1, 342-355.
- BARSON, N. J., AYKANAT, T., HINDAR, K., BARANSKI, M., BOLSTAD, G. H., FISKE, P., JACQ, C., JENSEN, A. J., JOHNSTON, S. E., KARLSSON, S., KENT, M., OEN, T. M., NIEMELA, E., NOME, T., NAESJE, T. F., ORELL, P., ROMAKKANIEMI, A., SAEGROV, H., URDAL, K., ERKINARO, J., LIEN, S. & PRIMMER, C. R. 2015. Sex-dependent dominance at a single locus maintains variation in age at maturity in salmon. *Nature*, 528, 405-+.
- BEKKEVOLD, D., HOJESJO, J., NIELSEN, E. E., ALDVEN, D., ALS, T. D., SODELAND, M., KENT, M. P., LIEN, S. & HANSEN, M. M. 2020. Northern European *Salmo trutta* (L.) populations are genetically divergent across geographical regions and environmental gradients. *Evolutionary Applications*, 13, 400-416.
- BUSACK, C. & KNUDSEN, C. M. 2007. Using factorial mating designs to increase the effective number of breeders in fish hatcheries. *Aquaculture*, 273, 24-32.
- BYSTRÖM, C. 1867. Om fisket i Umeå elf och skärgård. Lantbruksakademiens tidskrift, Berättelse 20, 91-100.

- CAMPTON, D. E. 2004. Sperm competition in salmon hatcheries: The need to institutionalize genetically benign spawning protocols. *Transactions of the American Fisheries Society*, 133, 1277-1289.
- CBD 2022. Monitoring framework for the Kunming-Montreal Global Biodiversity Framework. Decision adopted by the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity. Fifteenth meeting - Part II, Montreal, Canada, 7-19 December 2022. CBD/COP/DEC/15/5.
- CHRISTIE, M. R., MARINE, M. L., FOX, S. E., FRENCH, R. A. & BLOUIN, M. S. 2016. A single generation of domestication heritably alters the expression of hundreds of genes. *Nature Communications*, 7.
- DANNEWITZ, J., PALM, S., DEGERMAN, E., OLSSON, J., PRESTEGAARD, T. & ÖSTERGREN, J. 2012. Genetisk kartläggning av öring i Mjörn. *Aqua reports 2012:11*. Institutionen för akvatiska resurser.
- DANNEWITZ, J., PALM, S., PRESTEGAARD, T., SPÅNBERG, E. & ÖSTERGREN, J. 2014. Återetablering av vandrande storöring i övre Österdalälven. En genetisk utvärdering av utsättningar av Siljansöring i biflödet Fjätälven. *Aqua reports 2014:9*. Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm Lysekil Öregrund.
- DEGERMAN, E., LEONARDSSON, K. & LUNDQVIST, H. 2012. Coastal migrations, temporary use of neighbouring rivers, and growth of sea trout (*Salmo trutta*) from nine northern Baltic Sea rivers. *Ices Journal of Marine Science*, 69, 971-980.
- FISCH, K. M., KOZFKAY, C. C., IVY, J. A., RYDER, O. A. & WAPLES, R. S. 2015. Fish Hatchery Genetic Management Techniques: Integrating Theory with Implementation. *North American Journal of Aquaculture*, 77, 343-357.
- FISKERIVERKET 1998. Fiskeriverkets policy för utsättning och spridning av fisk. Fiskeriverket, Göteborg.
- FISKERIVERKET 2007. Kontinuerlig odling och utsättning av fisk och bevarandet av de berörda beståndens naturliga egenskaper. 63.
- FORD, M. J. 2002. Selection in captivity during supportive breeding may reduce fitness in the wild. *Conservation Biology*, 16, 815-825.
- FORSETH, T., BARLAUP, B. T., FINSTAD, B., FISKE, P., GJOAESTER, H., FALKEGARD, M., HINDAR, A., MO, T. A., RIKARSEN, A. H., THORSTAD, E. B., VOLLESTAD, L. A. & WENNEVIK, V. 2017. The major threats to Atlantic salmon in Norway. *Ices Journal of Marine Science*, 74, 1496-1513.
- FRANKHAM, R., BRISCOE, D. A. & BALLOU, J. D. 2010. *Introduction to Conservation Genetics*, New York, Cambridge University Press.
- FUG 2019. Svensk kompensationsodling av lax och öring - med riktlinjer för godkänd smolt. PM. Länsstyrelserna i Västra Götaland, Västernorrland och Norrbotten.

- GRIMARDIAS, D., MERCHERMEK, N., MANICKI, A., GARNIER, J., GAUDIN, P., JARRY, M. & BEALL, E. 2010. Reproductive success of Atlantic salmon (*Salmo salar*) mature male parr in a small river, the Nivelle: influence of shelters. *Ecology of Freshwater Fish*, 19, 510-519.
- HOBAN, S., BRUFORD, M. W., FUNK, W. C., GALBUSERA, P., GRIFFITH, M. P., GRUEBER, C. E., HEUERTZ, M., HUNTER, M. E., HVILSON, C., STROIL, B. K., KERSHAW, F., KHOURY, C. K., LAIKRE, L., LOPES-FERNANDES, M., MACDONALD, A. J., MERGEAY, J., MEEK, M., MITTAN, C., MUKASSABI, T. A., O'BRIEN, D., OGDEN, R., PALMA-SILVA, C., RAMAKRISHNAN, U., SEGELBACHER, G., SHAW, R. E., SJOGREN-GULVE, P., VELICKOVIC, N. & VERNESI, C. 2021. Global Commitments to Conserving and Monitoring Genetic Diversity Are Now Necessary and Feasible. *Bioscience*, 71, 964-976.
- ICES 2023a. Baltic Salmon and Trout Assessment Working Group (WGBAST). ICES Scientific Reports. 5:53.
- ICES 2023b. Working Group on North Atlantic Salmon (WGNAS). ICES Scientific Reports. 5:41.
- JONSSON, B., JONSSON, N. & HANSEN, L. P. 2003. Atlantic salmon straying from the River Imsa. *Journal of Fish Biology*, 62, 641-657.
- KARLSSON, L. & KARLSTRÖM, Ö. 1994. The Baltic salmon (*Salmo salar* L.): its history, present situation and future. *Dana*, 10, 61-85.
- KARLSSON, S., BJØRU, B., HOLTHE, E., LO, H. & UGEDAL, O. 2016. Veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet. NINA Rapport 1269. 25 s.
- KARLSSON, S., HEGGBERGET, T. G., BERG, O. K. & SUNDT-HANSEN, L. E. 2018. Hybridisering mellom småblank og anadrom laks i Øvre Namsen. NINA rapport 1543: Norsk institutt for naturforskning.
- KLEMETSEN, A., AMUNDSEN, P. A., DEMPSON, J. B., JONSSON, B., JONSSON, N., O'CONNELL, M. F. & MORTENSEN, E. 2003. Atlantic salmon *Salmo salar* L., brown trout *Salmo trutta* L. and Arctic charr *Salvelinus alpinus* (L.): a review of aspects of their life histories. *Ecology of Freshwater Fish*, 12, 1-59.
- KOLJONEN, M. L., JANSSON, H., PAAVER, T., VASIN, O. & KOSKINIEMI, J. 1999. Phylogeographic lineages and differentiation pattern of Atlantic salmon (*Salmo salar*) in the Baltic Sea with management implications. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 56, 1766-1780.
- LAIKRE, L., PALM, S., ANDERSSON, A. & ÖSTERGREN, J. 2023. Övervakning av genetisk variation hos lax (*Salmo salar*) och vidareutveckling av indikatorer och gränsvärden. Avsnitt 3 i Johannesson K & Laikre L. Miljöövervakning av genetisk mångfald. Rapport till Havs- och vattenmyndigheten.

- LAIKRE, L., SCHWARTZ, M. K., WAPLES, R. S., RYMAN, N. & GE, M. W. G. 2010. Compromising genetic diversity in the wild: unmonitored large-scale release of plants and animals. *Trends in Ecology & Evolution*, 25, 520-529.
- LINDROTH, A. 1984. De svenska laxsmolutsättningarna i Östersjön. Vattenfall. Stockholm.
- MCGINNITY, P., FERGUSON, A., BAKER, N., COTTER, D., CROSS, T., COOKE, D., HYNES, R., O'HEA, B., O'MAOILEIDIGH, N., PRODOHL, P. & ROGAN, G. 2003. A two-generation experiment comparing the fitness and life history traits of native, ranched, non-native, farmed and 'hybrid' Atlantic salmon under natural conditions.
- MCGINNITY, P., JENNINGS, E., DEEYTO, E., ALLOTT, N., SAMUELSSON, P., ROGAN, G., WHELAN, K. & CROSS, T. 2009. Impact of naturally spawning captive-bred Atlantic salmon on wild populations: depressed recruitment and increased risk of climate-mediated extinction. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 276, 3601-3610.
- MIETTINEN, A., PALM, S., DANNEWITZ, J., LIND, E., PRIMMER, C. R., ROMAkkANIEMI, A., OSTERGREN, J. & PRITCHARD, V. L. 2021. A large wild salmon stock shows genetic and life history differentiation within, but not between, rivers. *Conservation Genetics*, 22, 35-51.
- MILLA, S., PASQUET, A., EL MOHAJER, L. & FONTAINE, P. 2021. How domestication alters fish phenotypes. *Reviews in Aquaculture*, 13, 388-405.
- MONTÉN, E. 1988. Fiskodling och vattenkraft, Vattenfall.
- NEFF, B. D., GARNER, S. R. & PITCHER, T. E. 2011. Conservation and enhancement of wild fish populations: preserving genetic quality versus genetic diversity. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68, 1139-1154.
- NILSSON, J., GROSS, R., ASPLUND, T., DOVE, O., JANSSON, H., KELLONIEMI, J., KOHLMANN, K., LOYTYNOJA, A., NIELSEN, E. E., PAAVER, T., PRIMMER, C. R., TITOV, S., VASEMAGI, A., VESELOV, A., OST, T. & LUMME, J. 2001. Matrilinear phylogeography of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in Europe and postglacial colonization of the Baltic Sea area. *Molecular Ecology*, 10, 89-102.
- NORRGÅRD, J. 2020. Avel och genetik inom kompensationsodling - En handbok för ökad kvalitet och långsiktig livskraft. Energiforsk september 2020.
- NYMAN, L. & NORMAN, L. 1987. Genetiska aspekter på odling av lax och havsöring för utplantering - riktlinjer för avelsmetodik och fiskevård. Älvkarleby: Laxforskningsinstitutet.
- NÄSLUND, I., KLING, J. & BERGENGREN, J. 2013. Vattenkraftens påverkan på akvatiska ekosystem – en litteratursammanställning. Havs- och vattenmyndighetens rapport 2013:10.

- PALM, S., DANNEWITZ, J., JOHANSSON, D., LAURSEN, F., NORRGÅRD, J., PRESTEGAARD, T. & SANDSTRÖM, A. 2012. Populationsgenetisk kartläggning av Vänerlax. Aqua reports 2012:4. Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet, Drottningholm Lysekil Öregrund.
- PALM, S., KARLSSON, S. & DISERUD, O. H. 2021. Genetic evidence of farmed straying and introgression in Swedish wild salmon populations. *Aquaculture Environment Interactions*, 13, 505-513.
- PALM, S., ROMAkkANIEMI, A., DANNEWITZ, J., JOKIKOKKO, E., PAKARINEN, T., HUUSKO, R., BROMAN, A. & SUTELA, T. 2019. Torneälvens bestånd av lax, havsöring och vandringssik – gemensamt svensk-finskt biologiskt underlag för bedömning av lämpliga fiskeregler under 2019. . Biologiskt underlag till Havs- och vattenmyndigheten.
- PALM, S. & SÖDERBERG, L. 2022. Genetisk analys av havsöring från Västernorrland: utökad studie. PM från Sveriges lantbruksuniversitet, institutionen för akvatiska resurser.
- PALMÉ, A., WENNERSTRÖM, L., GUBAN, P., RYMAN, N. & LAIKRE, L. 2012. Compromising Baltic salmon genetic diversity - conservation genetic risks associated with compensatory releases of salmon in the Baltic Sea. Havs- och vattenmyndighetens rapport Göteborg.
- PEDERSEN, S., RASMUSSEN, G., NIELSEN, E. E., KARLSSON, L. & NYBERG, P. 2007. Straying of Atlantic salmon, *Salmo salar*, from delayed and coastal releases in the Baltic Sea, with special focus on the Swedish west coast. *Fisheries Management and Ecology*, 14, 21-32.
- PETERSSON, E. & JÄRVI, T. 1999. Odling, domesticering och bevarande hos laxfiskar. Fiskeriverket Rapport 1999:5.
- PETERSSON, Å. 1990. Trysilelva/Klarälven: Norsk-svenska avtalet 1969 om "Vänerlaxens fria gång" – utvärdering och förslag. Fiskeristyrelsen, Fiskenämden i Värmlands län, Direktoratet for naturforvaltning, Fylkesmannen i Hedmark.
- PUKE, C. 1956. Anläggningar för fiskodling. In: FÄRNSTRÖM, N. (ed.) Sportfiske och fiskevård. Stockholm: AB Lindqvists förlag.
- QUINN, T. P. 1993. A REVIEW OF HOMING AND STRAYING OF WILD AND HATCHERY-PRODUCED SALMON. *Fisheries Research*, 18, 29-44.
- RYMAN, N. 1981. FISH GENE POOLS - PRESERVATION OF GENETIC-RESOURCES IN RELATION TO WILD FISH STOCKS - RECOMMENDATIONS. *Ecological Bulletins*, 107-108.
- RYMAN, N. 1983. PATTERNS OF DISTRIBUTION OF BIOCHEMICAL GENETIC-VARIATION IN SALMONIDS - DIFFERENCES BETWEEN SPECIES. *Aquaculture*, 33, 1-21.



- RYMAN, N. & LAIKRE, L. 1991. EFFECTS OF SUPPORTIVE BREEDING ON THE GENETICALLY EFFECTIVE POPULATION-SIZE. *Conservation Biology*, 5, 325-329.
- RYMAN, N. & STÅHL, G. 1980. GENETIC CHANGES IN HATCHERY STOCKS OF BROWN TROUT (*SALMO-TRUTTA*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 37, 82-87.
- SAISA, M., KOLJONEN, M. L. & TAHTINEN, J. 2003. Genetic changes in Atlantic salmon stocks since historical times and the effective population size of a long-term captive breeding programme. *Conservation Genetics*, 4, 613-627.
- SPARREVIK, E. (ed.) 2001. Utsättning och spridning av fisk - strategi och bakgrund, Göteborg: Fiskeriverket. Finfo. 2001:8.
- STABELL, O. B. 1984. HOMING AND OLFACTION IN SALMONIDS - A CRITICAL-REVIEW WITH SPECIAL REFERENCE TO THE ATLANTIC SALMON. *Biological Reviews*, 59, 333-388.
- STÅHL, G. 1983. DIFFERENCES IN THE AMOUNT AND DISTRIBUTION OF GENETIC-VARIATION BETWEEN NATURAL-POPULATIONS AND HATCHERY STOCKS OF ATLANTIC SALMON. *Aquaculture*, 33, 23-32.
- STÅHL, G. & RYMAN, N. 1987. Lax och öring i Vänerområdet – en populationsgenetisk analys. Naturvårdsverket rapport 3357.
- SÄISÄ, M., KOLJONEN, M. L., GROSS, R., NILSSON, J., TAHTINEN, J., KOSKINIEMI, J. & VASEMAGI, 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., LIND, E., DEGERMAN, E. & PALM, S. 2020. Genetisk särart och variation hos svenska bestånd av Atlantlax. PM, SLU, Institutionen för akvatiska resurser, SLU ID: SLU.aqua.2018.5.5-19
- SÖDERBERG, L. & PALM, S. 2023. Genetisk analys av avelsfisk kramad 2022: lax och havsöring från åtta svenska kompensationsodlingar. PM. Drottningholm: Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet.
- SÖDERBERG, L., PALM, S., DEGERMAN, E. & ÖSTERGREN, J. 2017. Genetisk analys av öring i Hedströmmen. Rapport. Drottningholm: Institutionen för akvatiska resurser, SLU.
- SÖDERBERG, L., ÖSTERGREN, J. & PALM, S. 2019. Genetisk analys av avelsfisk. Lax och havsöring 2017-2018 från svenska kompensationsodlingar. Aqua reports 2019:18. Drottningholm: Institutionen för akvatiska resurser, Sveriges lantbruksuniversitet.
- TAVE, D. 1999. Inbreeding and brood stock management. FAO technical paper. No 392. Rome.: FAO.

- THORSTAD, E. B., HEGGBERGET, T. G. & OKLAND, F. 1998. Migratory behaviour of adult wild and escaped farmed Atlantic salmon, *Salmo salar* L., before, during and after spawning in a Norwegian river. *Aquaculture Research*, 29, 419-428.
- VAHA, J. P., ERKINARO, J., NIEMELA, E. & PRIMMER, C. R. 2007. Life-history and habitat features influence the within-river genetic structure of Atlantic salmon. *Molecular Ecology*, 16, 2638-2654.
- VERSPoor, E., STRADMEYER, L. & NIELSEN, J. L. 2007. *The Atlantic Salmon: Genetics, Conservation and Management*, Oxford, Wiley-Blackwell.
- WAPLES, R. S. 1990. CONSERVATION GENETICS OF PACIFIC SALMON .2. EFFECTIVE POPULATION-SIZE AND THE RATE OF LOSS OF GENETIC-VARIABILITY. *Journal of Heredity*, 81, 267-276.
- WAPLES, R. S. 2022. What Is N-e, Anyway? *Journal of Heredity*, 113, 371-379.
- WAPLES, R. S., WINANS, G. A., UTTER, F. M. & MAHNKEN, C. 1990. GENETIC APPROACHES TO THE MANAGEMENT OF PACIFIC SALMON. *Fisheries*, 15, 19-25.
- WITHLER, R. E. 1988. GENETIC CONSEQUENCES OF FERTILIZING CHINOOK SALMON (*ONCORHYNCHUS-TSHAWYTSCHA*) EGGS WITH POOLED MILT. *Aquaculture*, 68, 15-25.
- ÖSTERGREN, J., LIND, E., PALM, S., TÄRNLUND, S., PRESTEGAARD, T. & DANNEWITZ, J. 2015. Stamsammansättning av lax i det svenska kustfisket 2013 & 2014 – genetisk provtagning och analys. Drottningholm: Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser.
- ÖSTERGREN, J., LUNDQVIST, H. & NILSSON, J. 2011. High variability in spawning migration of sea trout, *Salmo trutta*, in two northern Swedish rivers. *Fisheries Management and Ecology*, 18, 72-82.
- ÖSTERGREN, J. & NILSSON, J. 2012. Importance of life-history and landscape characteristics for genetic structure and genetic diversity of brown trout (*Salmo trutta* L.). *Ecology of Freshwater Fish*, 21, 119-133.
- 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., SPONG, G., DANNEWITZ, J., KONIGSSON, H., PERSSON, J. & VASEMAGI, A. 2021. A century of genetic homogenization in Baltic salmon-evidence from archival DNA. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 288.



# STRATEGISKT ARBETE FÖR BEVARANDE AV GENETISK VARIATION I SVENSK KOMPENSATIONSODLING

En viktig del av programmet Vattenkraftens kompensationsodlings forsknings och utvecklingsaktiviteter är att stötta de långsiktiga bevarandebiologiska målsättningarna för svenska laxstammar. I denna rapport presenteras rekommendationer och riktlinjer för ett strategiskt avelsarbete för kompensationsodling av laxfisk med syfte att bevara genetisk mångfald med tonvikt på genetisk variation.

I rapporten resoneras kring de faktorer som påverkar genetisk variation och hur dessa kan beaktas inom odlingsverksamheten. De råd och rekommendationer som ges i denna rapport är framtagna utifrån kunskapsläget vid tillfälle för dess utveckling. Rapporten baseras på en litteraturgenomgång, beräkningar av effektiv populationsstorlek ( $N_e$ ) för två kompensationsodlade laxpopulationer, samt information från odlingsverksamheten. Innehållet kan behöva ses över och modifieras i framtiden i takt med nya vetenskapliga rön och om de praktiska förutsättningarna för odlingsverksamheten förändras.

## Ett nytt steg i energiforskningen

Forskningsföretaget Energiforsk initierar, samordnar och bedriver forskning och analys inom energiområdet samt sprider kunskap för att bidra till ett robust och hållbart energisystem. Energiforsk är ett politiskt neutralt och icke vinstutdelande aktiebolag som ägs av branschorganisationerna Energiföretagen Sverige och Energigas Sverige, det statliga affärsverket Svenska kraftnät, samt gas- och energiföretaget Nordion Energi. Läs mer på [energiforsk.se](http://energiforsk.se).

