



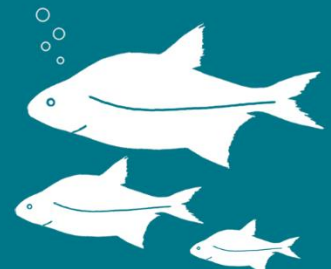
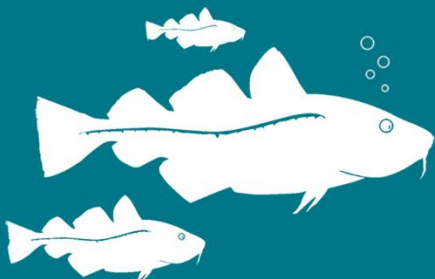
# Aqua notes 2024:12

## Undersökning av ägg från vinterlekande fiskarter 2017-2022 i Bohusläns skärgårds- och fjordområden

---

Filip Svensson, Anders Wernbo, Peter Johannessen, Anders Svensson,  
Håkan Wennhage, Baldvin Thorvaldsson, Peter Jacobsson

Sveriges lantbruksuniversitet, SLU  
Institutionen för akvatiska resurser



# Undersökning av från vinterlekande fiskarter 2017-2022 i Bohusläns skärgårds- och fjordområden

*-Survey of fish eggs along the Swedish west coast 2017-2022*

Filip Svensson	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Anders Wernbo	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Peter Johannessen	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Anders Svenson	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Håkan Wennhage	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Baldvin Thorvaldsson	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser
Peter Jakobsson	Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser

## Rapportens innehåll har granskats av:

Patrik Börjesson, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser  
Ronny Fredriksson, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser

**Finansiär:** Havs- och vattenmyndigheten, projekt: Resurs och miljöövervakning – kustfisk Dnr 1149-22, Torskåterhämtning Dnr 2066-2023, Artificiella rev i Byfjorden Dnr 1609-2023.

**Rekommenderad citering:** Svensson F., Wernbo A., Johannessen P., Svenson A., Wennhage, H., Thorvaldsson B., Jakobsson P. (2024) Undersökning av fiskägg från vinterlekande fiskarter 2017-2022 i Bohusläns skärgårds- och fjordområden.  
<https://doi.org/10.54612/a.um7q0nctpf>

**Publikationsansvarig:** Noél Holmgren, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), Institutionen för akvatiska resurser

**Utgivare:** Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser

**Utgivningsår:** 2024

**Utgivningsort:** Uppsala

**Illustration framsida:** Torsk (t.v.): Fredrik Saarkoppel; Braxen (t.h.): SLU

**Upphovsrätt:** Alla bilder används med upphovspersonens tillstånd.

**Serietitel:** Aqua notes

**Delnummer i serien:** 2024:12

**ISBN:** 978-91-8046-745-2

**DOI:** <https://doi.org/10.54612/a.um7q0nctpf>

**Nyckelord:** fiskägg, lokala bestånd, lekperioder, torsk, äggstadie, genetisk streckkod

## Sammanfattning

Denna rapport sammanfattar resultaten från äggundersökning av pelagiala fiskägg i skärgårds- och fjordområdena mellan Smögen och Stenungsund under första och andra kvartalet för åren 2017-2022. Totalt kunde ägg från 25 olika fiskarter identifieras med hjälp av DNA-sekvensering. För dessa fiskarter kunde tidiga äggstadiet, som indikation för lokal lek, identifieras för 19 olika arter däribland kommersiellt viktiga fiskarter så som torsk (*Gadus morhua*), rödspätta (*Pleuronectes platessa*), äkta tunga (*Solea solea*) makrill (*Scomber scombrus*) och skarpsill (*Sprattus sprattus*).

I analysen delades fiskäggen upp i två storleksfraktioner: ägg med diameter större eller lika med 1,2 mm och ägg mindre än 1,2 mm. Ägg i den större storleksfraktionen analyserades med avseende på art, storlek och utvecklingsstadium för varje lokal (ett håvdrag), ägg i den mindre storleksfraktionen slogs samman per område (ex. alla lokaler i en fjord) och där analyserades endast artsammansättning av DNA-sekvenser i det sammanslagna provet. I den större storleksfraktionen förekom flest ägg av torsk, skarpsill, rödspätta och lerskädda (*Hippoglossoides platessoides*), och i den mindre storleksfraktionen dominerade dna-sekvenser från sandskädda (*Limanda limanda*), skrubbskädda (*Platichthys flesus*), vitlinglyra (*Trisopterus esmarkii*), glyskolja (*Trisopterus minutus*) och femtömmad skärlånga (*Ciliata mustela*).

*Nyckelord:* fiskägg, lokala bestånd, lekperioder, torsk, äggstadium, genetisk streckkod

## Summary

This report summarizes results of the egg survey of pelagic fish eggs in coastal and fjord areas between Smögen and Stenungsund on the Swedish west coast during quarter one and two for the years 2017-2022. In total, 25 species of fish could be identified from fish eggs by DNA-sequencing. Out of these species early egg stage, as an indicator of local spawning, could be identified for 19 different species. Commercially important species such as cod (*Gadus morhua*), plaice (*Pleuronectes platessa*), sole (*Solea solea*), mackerel (*Scomber scombrus*) and sprat (*Sprattus sprattus*) were identified among the eggs sampled.

In the analyses fish eggs were divided into two size fractions: eggs with a diameter larger than or equal to 1,2 mm and eggs smaller than 1,2 mm. Eggs in the larger size fraction were analyzed with respect to species, size, and egg development stage for each site (one net tow). Eggs in the smaller size fraction were pooled per area (e.g. all sites within a fjord), and were only analyzed in terms of species composition of DNA-sequences. The larger size fraction was dominated by eggs from cod, sprat, plaice and American plaice (*Hippoglossoides platessoides*), and in the smaller size fraction was dominated by DNA-sequences from dab (*Limanda limanda*), flounder (*Platichthys flesus*), Norway pout (*Trisopterus esmarkii*), poor cod (*Trisopterus minutus*) and fivebeard rockling (*Ciliata mustela*).

*Keywords:* fish egg, local stocks, spawning periods, cod, development stage, genetic barcode

# Innehållsförteckning

<b>1. Bakgrund</b> .....	<b>5</b>
<b>2. Material och metod</b> .....	<b>7</b>
2.1. Metod för insamling av ägg i fält.....	7
2.2. Sortering och klassificering av ägg på laboratoriet .....	8
2.3. Genetisk artbestämning av fiskägg .....	11
<b>3. Resultat och diskussion</b> .....	<b>14</b>
3.1. Artdiversitet fiskägg $\geq 1,2$ mm genetisk artbestämning.....	14
3.1.1. Fiskägg $\geq 1,2$ mm – fördelning i tid och rum.....	16
3.2. Artdiversitet fiskägg $\leq 1,1$ mm genetisk artbestämning.....	25
3.2.1. Fiskägg $\leq 1,1$ mm NGS – fördelning i tid och rum.....	27
<b>4. Tack</b> .....	<b>29</b>
<b>Referenser</b> .....	<b>30</b>
<b>Bilaga</b> .....	<b>32</b>

# 1. Bakgrund

Lokalt lekande bestånd av torsk (*Gadus morhua*) och andra bottenfiskar har under större delen av 1900-talet och sannolikt långt tidigare varit allmänt förekommande i Skagerraks och Kattegatts kustområden (Svedäng 2003, Svedäng & Bardon 2003). Men, sedan 1970-talet har torskbestånden och andra bestånd av bottenfiskar längs den svenska västkusten minskat kraftigt och en majoritet av de lokala bestånd som förr lekte i Bohusläns skärgårds- och fjordområden är idag antagligen helt utslagna eller kraftigt decimerade (Svedäng et al. 2004, Bartolino et al. 2012, Svedäng et al. 2016). Flera fiskefria områden har införts i Bohusläns skärgårds- och fjordområden, men trots det visar bestånden i dessa områden inga tecken på återhämtning (Bergström et al. 2022).

Det traditionella sättet att kartlägga förekomst av lekande bottenfisk är att provfiske/trålning under lekperioden i potentiella lekområden, där förekomst av rinnande fisk indikerar lokal lek. Nackdelen med denna metod är förstas risken att slå ut de få kvarvarande lokala bestånden av bottenfisk genom att fånga aggregeringar av vuxen lekfisk. En mindre destruktiv form av insamling är att under lekperioden samla in fiskägg i den fria vattenmassan för art- och beståndbestämning. Fynd av fiskägg i sig är dock ingen garanti för att leken har skett lokalt eftersom fiskägg kan transporteras långa sträckor med havsströmmarna, från det att det blivit befruktat tills att de kläcks. Till exempel, för torsk så tar det, vid en vattentemperatur på 7° C, 11 dygn från befruktning tills dess att ägget kläcks (Hall et al. 2004), vilket motsvarar 77 temperaturdygn (temperatur multiplicerat med dygn). Däremot, kan fynd av tidiga stadier av ägg, s.k. stadie Ia-Ib vilka är 0-3 dygn gamla, vara en indikation på lokal lek eftersom dessa ägg inte hunnit transporteras långa sträckor med havsströmmarna. Fynd av tidiga stadier av ägg är därför en viktig pusselbit för identifiering av lokala bestånd.

Håvning efter fiskägg i området har genomförts sedan 2013, inledningsvis med fokus på torskleken, men under senare år utvidgats till att även studera andra vinterlekande fiskarter i Västkustens skärgårds- och fjordområden. I den här rapporten redovisas kort de viktigaste resultaten för ägghåvningar och den genetiska identifieringen av fiskägg för åren 2018-2021. Dessa resultat adderas i figurer och tabeller till resultaten för 2017 års insamling som sedan tidigare finns

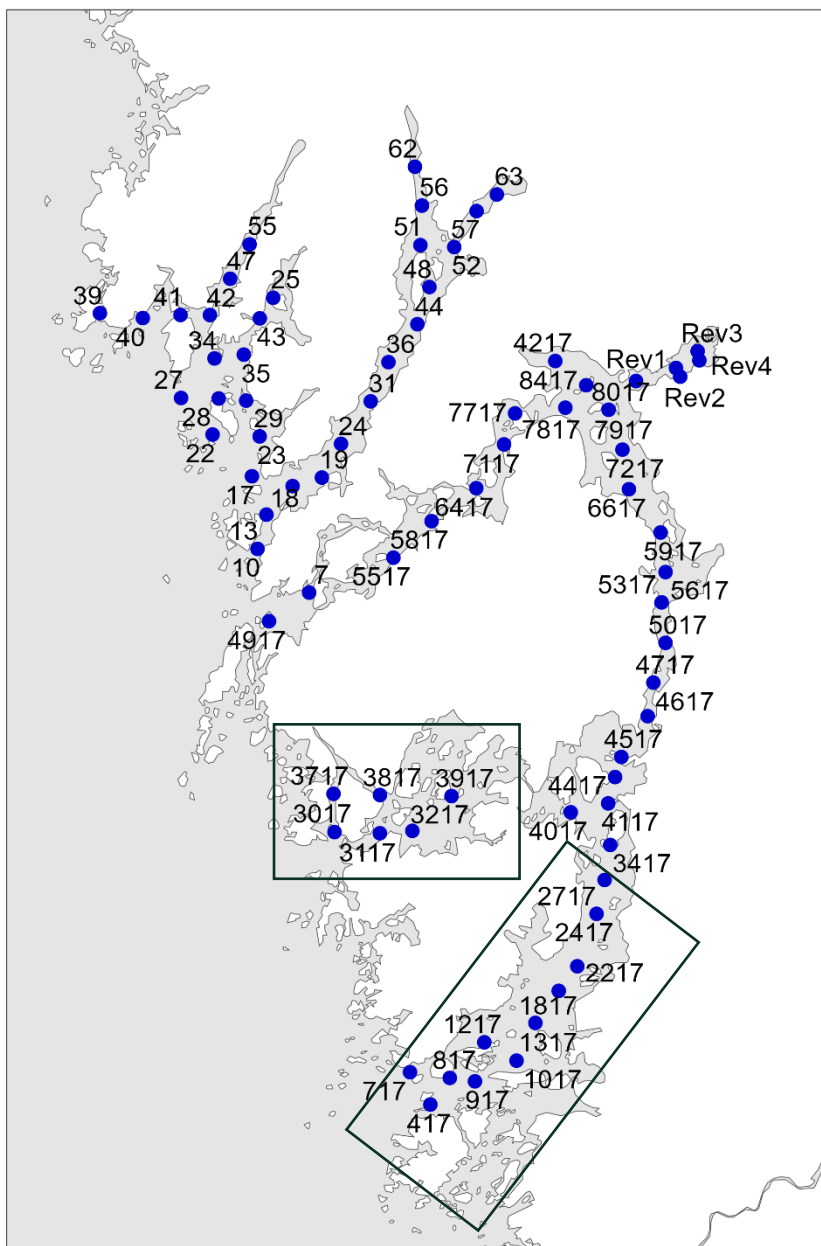
publicerad som Aqua rapport (Svensson et al. 2019). Därtill, i figurer och tabeller redovisas även fynd av ägg från visuellt bedömd torsk och rödspätta (år 2017-2022) samt skarpsill (endast år 2022) från ägg som antingen inte analyserats genetisk, eller där den genetiska analysen inte är klar (ägg från 2022). Den visuella morfologiska artbestämningen har för dessa ägg har förfinats över tiden genom att ett större material av genetisk artbestämda ägg nu finns tillgängligt.

## 2. Material och metod

### 2.1. Metod för insamling av ägg i fält

Torsk längs den svenska västkusten leker huvudsakligen under perioden januari – april (Svedäng et al. 2004, Vitale et al. 2005). Insamling av ägg startar därför under första kvartalet vanligtvis i månadsskiftet februari-mars men ibland har provtagningen startat redan i januari (ex. år 2019). Antalet provtagningstillfällen och den geografiska utbredningen av provtagningen har varierat mellan år med avsikten att identifiera möjliga lekområden för torsk. Under 2017 samlades ägg in i ett större område under tre veckor på våren medan under 2018 och 2019 pågick insamling under sju veckor men då koncentrerades provtagningen till i huvudsak två områden – Gullmarsfjorden och området mellan Smögen och Gullmarfjorden, medan Koljöfjorderna och 8-fjordar endast provtogs en gång per säsong (Bilaga, tabell 1). En utmaning i provtagningen har varit att delar av fjordarna och ibland hela fjordar har i perioder under första kvartalet varit täckta av is vilket omöjliggjort provtagning. Även håvning i minusgrader har undvikits då iskristallerna som bildas i håven när den lyfts upp från vattnet tenderar att trasa sönder fiskäggen (A. Svenson, P. Jonsson pers. kom.).

Undersökningsområdet under åren 2018-2022 sträcker sig inomskärs från Smögen i norr till Stenungsund i söder, under 2017 togs också prover ner till Marstrand samt i Stigfjorden (Figur 1). Under en provtagningsvecka genomförs insamlingen av prover vanligtvis under två dagar i början av veckan där ett 30-tal stationer kan håvas per dag. Från fartyget (R/V) Hålabben utförs insamling av fiskägg genom att ta vertikala håvdrag från botten till ytan med en modifierad WP2 ringnätshåv med 0,5 mm maskstorlek i väven och en cirkulär öppning på 1 m i diameter (~0,8 m<sup>2</sup> håvyta). Efter att håven lyfts ombord spolas nätet försiktigt från utsidan med havsvatten. Spolningen sker uppifrån och ned så att det biologiska materialet sköljs nedåt och samlas upp i en filtreringskopp och planktonprovet spolas med filtrerat havsvatten försiktigt ner i en 500 ml provburk. Provburken är från början fylld med 250 ml filtrerat ytvatten och förvaras på is före och efter att planktonprovet överförts till burken. Detta för att sakta ner ägg- och larvutveckling och för att minimera syrekonsumtionen fram till sortering som utförs på levande ägg.



Figur 1. Karta över provtagningsstationer där siffrorna anger stationsnummer. Under 2017 håvades alla stationer, men under åren 2018-2022 håvades inte stationerna söder om station 3417 (vid Stenungsund) eller stationer i Stigfjorden och runt ön Lyr i västra delen av Stigfjorden - provtagningsstationerna i de två rektanglarna.

## 2.2. Sortering och klassificering av ägg på laboratoriet

På laboratoriet sorterades ägg från potentiella torskfiskar och stora plattfiskägg ut efter storlek (diameter:  $\geq 1,2$  mm) och resterande ägg (diameter:  $< 1,2$  mm)



artbestämdes så långt det var möjligt enligt bestämningslitteratur; Munk och Nielsen (2005). Ett urval av de större äggen ( $\geq 1,2$  mm) artbestämdes sedan genetisk med hjälp av analys av en streckkodsgen (*eng.* barcode) som kodar för proteinet Cytokrom c oxidas subenhet 1 (CO1) genom Sanger-sekvensering. För de okända ägg som var  $< 1,2$  mm i diameter eller mindre räknades totala antal på varje lokal sedan samlades ett stickprov om tio okända ägg (diameter:  $\leq 1,1$  mm) in per lokal. Dessa äggprover poolades sedan per område (Tabell 1 och Figur 2, åren 2018-2021), till ett prov som analyserades med Next-Generation-Sequencing (NGS) av streckkodsgenen CO1 för att identifiera vilka fiskarters ägg som fanns representerade i området. Nedan redogörs mer detaljerat för de karaktärer, storleksgränser och nödvändiga avvägningar som använts för visuell sortering av ägg i undersökningarna.

Ägg från potentiella torskfiskar mellan 1,2 – 1,6 mm kan vara torsk, kolja (*Melanogrammus aeglefinus*), vitling (*Merlangius merlangus*) och lyrtorsk (*Pollachius pollachius*); Börjesson et al. 2013, denna studie). Anledningen till att dessa ägg är svåra att morfologiskt bestämma till art är att dessa fyra arter har överlappande äggstorlekar (torsk 1,15-1,9 mm; kolja 1,2-1,7 mm; vitling 0,95-1,3 mm; bleka 1,1-1,22 mm) och lekperioder (torsk jan-maj; kolja feb-juli; vitling mars-juli och lyrtorsk februari-juni; Munk och Nielsen 2005). I praktiken så har väldigt få ägg av kolja genetiskt identifierats i området (ett ägg från kolja mellan år 2017-2021) vilket gör att ett "torskägg" med en diameter 1,3-1,6 mm med stor sannolikhet (86%) är just torsk.

Ägg större än 1,6 mm med svart och gul pigmentering på larven i ägget klassificeras som plattfisk, dessa ägg är troligtvis från rödspotta (*Pleuronectes platessa*), men kan också vara ägg från lerskädda (*Hippoglossoides platessoides*). Lerskädda har dock i regel betydligt större ägg med en medelstorlek runt 2,5 mm men uppvisar en stor variation i äggstorlek (1,4 – 3,5 mm). Övriga ägg mindre än 1,2 mm i diameter räknas och klassificeras som okända ägg. Dessa ägg kan t.ex. både komma ifrån skrubbskädda (*Platichthys flesus*) och sandskädda (*Limanda limanda*) som har relativt små ägg (skrubbskädda 0,8-1,1 mm; sandskädda 0,65 – 1,0 mm).

Storleken på äggen från skarpsill ligger på gränsen (1,0-1,3 mm i diameter) för att falla utanför analysen för enskilda ägg ( $\geq 1,2$  mm, Sanger-sekvensering), vilket är en utmaning då den kan vara frekvent förekommande i Havstenfjorden. Under 2022 års insamling gjordes därför en särskild insats för att räkna skarpsillsliknande ägg. Då den genetiska analysen för dessa ägg inte är klar redovisas dessa fynd separat från övriga genetiskt identifierade ägg från skarpsill.

Andra morfologiska karaktärer förutom storlek på ägget som kan användas för att särskilja arter är antal och storlek på lipider (fettdroppar) i ägget. Torskfiskar saknar

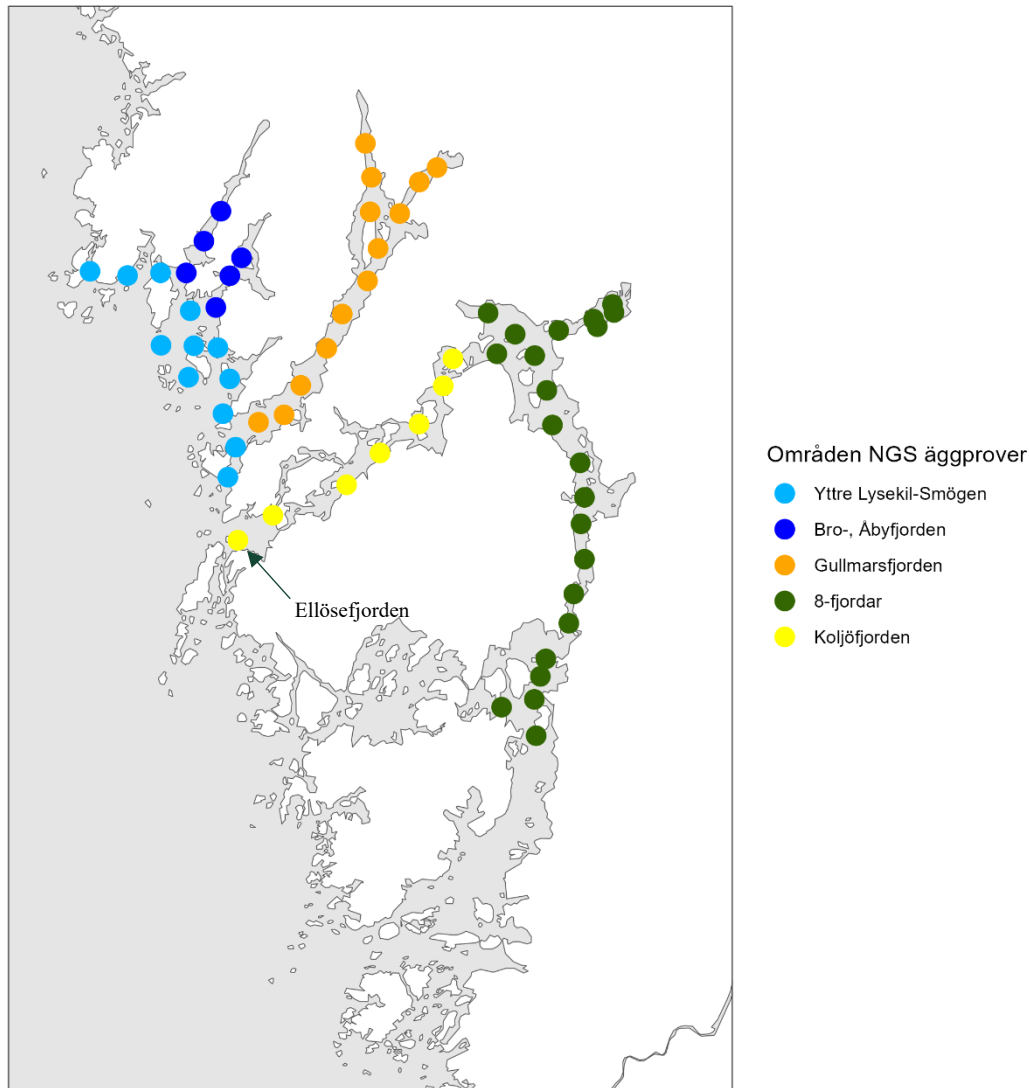
lipider men andra arter som t.ex. makrill (*Scomber scombrus*), knot (*Eutrigla gurnardus*) och äkta tunga (*Solea solea*) har en eller flera lipider i ägget (Munk & Nielsen 2005). Makrill och knot har endast en lipid medan äkta tunga kan ha flera lipider. Det stora utrymmet mellan skalet på ägget och gulesäcken kan även användas för att särskilja lerskäddas ägg från övriga arter. En del arter har morfologiska karaktärer på äggskalet och gulesäcken som kan användas för artbestämning, t.ex. så har sjökockens (*Callionymus lyra*) äggskal en slags bivaxliknande struktur, medan skarpsillens (*Sprattus sprattus*) gulesäck kan uppfattas som repig eller sliten (pers observ. denna rapport). Gulesäcken hos skarpsillen förefaller också vara mer känslig än andra fiskarters då det inte är ovanligt att hitta kollapsade gulesäckar ibland skarpsillsägg från fjordarna.

Notera att okända ägg under 1,2 mm inte nödvändigtvis behöver komma från fisk, de kan också komma från andra organismer som t.ex. kräftdjuret krill med äggstorlek 0,36-0,85 mm (Tarling 2010, Svensson et al. 2019). Så är fallet i Gullmarsfjorden där en stor del av de små okända äggen i april-maj antagligen inte kommer ifrån fisk, baserat på att senare äggstadierna skiljer sig från fiskars utvecklingsstadier och att äggen har en väsentligt högre densitet än fiskägg.

För fiskägg i storleksklassen 1,2 – 1,6 mm (torskfisk), och större än 1,6 mm (plattfisk), har även en klassificering av utvecklingsstadiet hos äggen gjorts. Det tidigaste utvecklingsstadiet, Ia, sträcker sig hos torsk upp till och med 2 dygn efter befruktning vid en temperatur på 7° C, därefter följer utvecklingsstadierna Ib, II, III, IV och det sista stadiet V, som inträder strax innan äggen kläcks efter cirka 11-45 dygn från befruktning beroende på temperatur (Ouellet et al. 2001; Hall et al. 2004). Se vidare Munk och Nielsen (2005) för beskrivning av de olika stadierna.

*Tabell 1. Förbockade områden anger att området har provtagits och att alla ägg  $\leq 1,1$  mm har slagits samman till ett prov för hela området. Under 2018-2019 ingick Ellösefjorden i samma område som Bro- & Åbyfjorden, medan under 2021 bildade Koljöfjorden och Ellösefjorden ett separat område. Under 2018-2020 ingick Koljöfjorden i samma område som 8-fjordar.*

Område	2018	2019	2020	2021
Yttre Lysekil-Smögen	✓	✓		✓
Bro-, Åbyfjorden	✓ + Ellösefjorden	✓ + Ellösefjorden		✓
Gullmarsfjorden	✓	✓	✓	✓
8-fjordar	✓ + Koljöfjorden	✓ + Koljöfjorden	✓ + Koljöfjorden	✓
Koljö-, Ellösefjorden				✓



Figur 2. Karta över områdesindelning med markerade håvningslokaler för sammanslagning av prover av fiskägg  $\leq 1,1$  mm. Ellösefjorden som vissa år ingår i samma område som Bro-, Åbyfjorden är markerad med pil.

### 2.3. Genetisk artbestämning av fiskägg

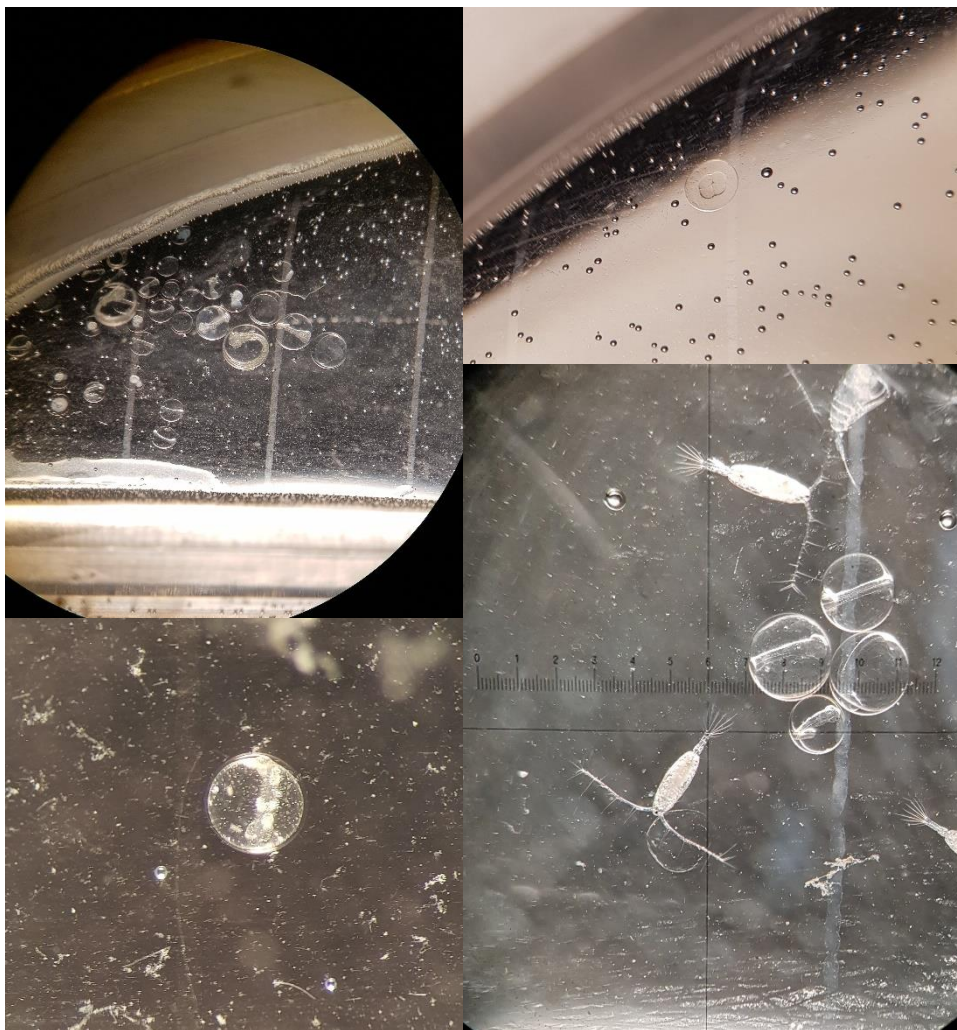
Genetisk artbestämning utfördes av Centrum för Genetisk Identifiering på Naturhistoriska Riksmuseet i Stockholm. Från fiskägg som konserverats i etanol har DNA extraherats med “Thermo Scientifics KingFisher Cell and Tissue DNA Kit” enligt beskrivning från tillverkaren. En 658bp bit av CO1 amplifierade med primers från den så kallade CO1-2 cocktailen (Ivanova et al. 2007). För de enskilda fiskäggen  $> 1,1$  mm i diameter, ibland även mindre ägg som bedömdes som intressanta, renades amplifiering med Exo-SAP och sekvenserades med M13 primers. Innan jämförelse med databaser för artbestämning trimmades samtliga sekvenser så att endast baser med god kvalitet bibehålls. Sekvensanalys, filtrering

gjordes alla med hjälp av programmeringsspråket R med paketen: sangerseqR (Hill et al. 2014) sangeranalyseR (Lanfear 2015).

För de prover där en stor mängd ägg ( $\leq 1,1$  mm i diameter) samlats i ett rör användes en metod som är snarlik analysen av eDNA med hjälp av metabarcoding (environmental-DNA). Från rören med ägg amplifierades samma fragment i tre oberoende reaktioner. PCR reaktionerna visualiserades efter amplifiering på agarosgel och kvantifierades med en Qubit 3.0 fluorometer enligt beskrivning från tillverkaren. Triplikaten slogs därefter samman och sekvensbiblioteken gjordes med "QIAseq 1-Step Amplicon Library Kit" enligt tillverkarens instruktioner. Biblioteken sekvenserades därefter från bägge riktningarna av NGI (National Genomics Infrastructure) Stockholm på ett Illumina MiSeq instrument med version 3 kemikalier med en sekvenslängd på 301bp.

Från rådata filtrerades primersekvenser bort med hjälp av cutadapt (Martin 2011) och kvarvarande data analyserades med R-paketet dada2 (Callahan et al. 2016). Dada2 använder sekvensdata från prover för att identifiera unika sekvenser av biologiskt ursprung och hur många gånger dessa hittas i varje prov. För att minimera problem med sekvenseringsfel filtrerades samtliga sekvenser vars frekvens var lägre 0.1% av totala antalet läsningar i individuella prover. Sekvenser som var under det tröskelvärdet, men som hittades i fler än ett prov bibehölls då det är osannolikt att sekvensfel skall uppträda på liknande vis i flera olika sekvensbibliotek.

Artidentifiering på både sekvenserna från enskilda fiskägg ( $> 1,1$  mm i diameter) och poolade prover av fiskägg ( $\leq 1,1$  mm i diameter) gjordes med hjälp av att jämföra sekvenserna mot NCBI's öppna nukleotiddatabas (Nucleotide collection) med verktyget blast (Altschul et al. 1990). I fall då sekvenser uppvisade samma likhet med mer än en art rapporteras endast arter som sedan tidigare är kända från svenska vatten. Endast sekvenser som uppvisade en identitet på mer än 95% och med e-värde n under  $1e-20$ . I praktiken uppvisade dock den allra största delen av prover e-värden som är nära noll och samtliga kompletta artbestämningar av fisk för både sanger och NGS-resultaten uppvisade mer än 99% identitet med sekvenser från NCBI. E-värde är en parameter som anger hur många identifikationer ("träffar") av en specifik arts dna-sekvens man kan förvänta sig av slumpen givet en viss storlek på databasen som sökningen genomförts i (Kyle och Wilson 2007). Ju närmare e-värde är till noll desto högre sannolikhet att sekvensen blir identifierad till rätt art.



Figur 3. Foto från äggprovtagning. Övre vänster: Blandning av ägg från olika arter, t.ex rödspätta (*Pleuronectes platessa* - stora ägg sena utvecklingsstadier) och sandskädda/skrubbskädda (*Limanda limanda/Platichthys flesus* - små ägg tidiga utvecklingsstadier). Övre höger: Tidigt stadie av torskägg (*Gadus morhua*), fyra celler har hunnit bildas, ungefär nio timmar sedan ägget befruktades. Nedre vänster: Ägg från äkta tunga (*Solea solea*). Nedre höger: Copepoder samt tre ägg från skarpsill (*Sprattus sprattus*) och ett litet okänt ägg. Foto: F. Svensson.

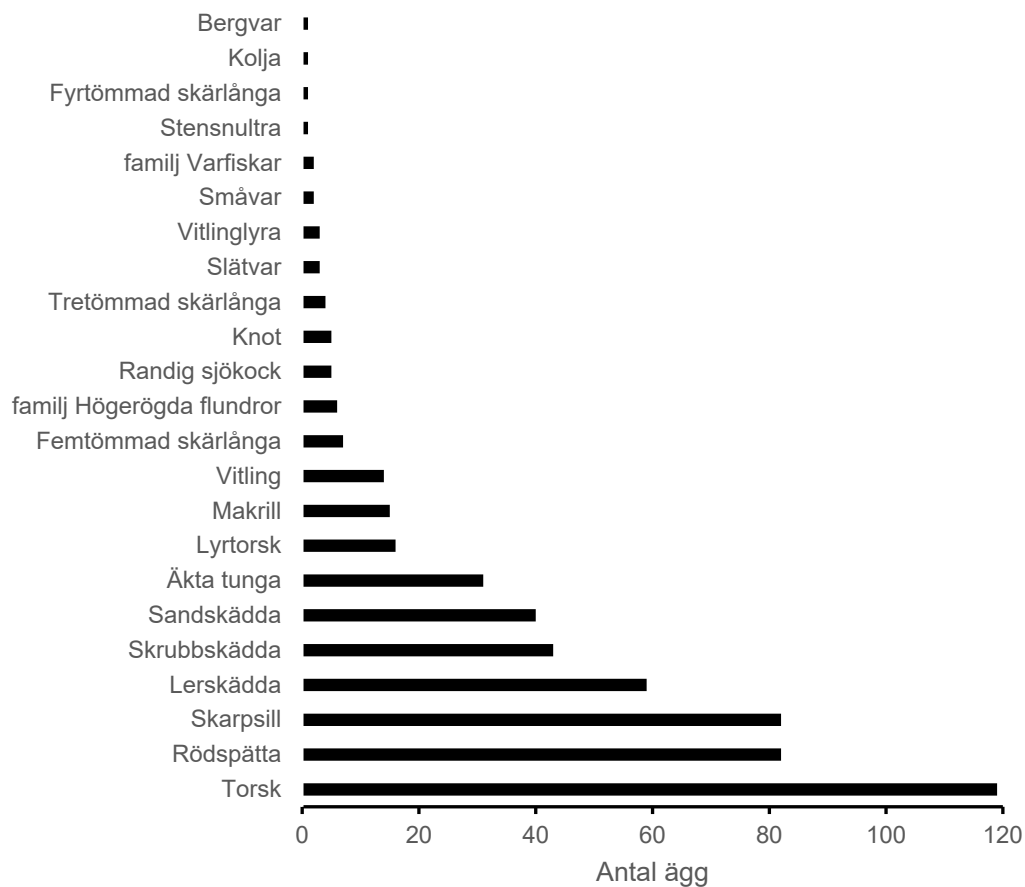
## 3. Resultat och diskussion

### 3.1. Artdiversitet fiskägg $\geq 1,2$ mm genetisk artbestämning

Totalt analyserades 715 fiskägg  $\geq 1,2$  mm från 2018-2021 års insamling genom Sanger-sekvensering för genetisk identifiering till art. Av dessa ägg kunde 542 ägg identifieras till art eller familj. Totalt återfanns 21 arter och två familjer bland de identifierade äggen (tabell 2). De fem vanligaste arterna var i fallande ordning torsk, rödspätta, skarpsill, lerskädda och skrubbskädda (Figur 4). Vilka utgjorde 53 % av de totala antalet analyserade äggen. Två typer av ägg blev endast identifierade till familj. Dessa ägg tillhörde familjen högerögda flundror (*Pleuronectes sp.*) samt varfiskar (*Scophthalmus sp.*).

Tabell 2. Svenska och vetenskapliga namn för de arter och familjer av fiskar som identifierats genom Sanger-sekvensering (2018-2021).

Svenskt namn	Vetenskapligt namn	Tidiga äggstadie (Ia-Ib)?
Bergvar	<i>Zeugopterus punctatus</i>	✓
familj Högerögda flundror	<i>Pleuronectes sp.</i>	
familj Varfiskar	<i>Scophthalmus sp.</i>	✓
Femtömmad skärlånga	<i>Ciliata mustela</i>	✓
Fyrtömmad skärlånga	<i>Enchelyopus cimbrius</i>	✓
Knot	<i>Eutrigla gurnadus</i>	✓
Kolja	<i>Melanogrammus aeglefinus</i>	
Lerskädda	<i>Hippoglossoides platessoides</i>	✓
Lyr torsk	<i>Pollachius pollachius</i>	✓
Makrill	<i>Scomber scombrus</i>	✓
Randig sjökock	<i>Callionymus lyra</i>	✓
Rödspätta	<i>Pleuronectes platessa</i>	✓
Sandskädda	<i>Limanda limanda</i>	✓
Skarpsill	<i>Sprattus sprattus</i>	✓
Skrubbskädda	<i>Platichthys flesus</i>	✓
Slätvar	<i>Scophthalmus rhombus</i>	✓
Småvar	<i>Phrynorhombus norvegicus</i>	
Stensnultra	<i>Ctenolabrus rupestris</i>	
Torsk	<i>Gadus morhua</i>	✓
Tretömmad skärlånga	<i>Gaidropsarus vulgaris</i>	✓
Vitling	<i>Merlangius merlangus</i>	✓
Vitlinglyra	<i>Trisopterus esmarkii</i>	✓
Äkta tunga	<i>Solea solea</i>	✓



Figur 4. Antal genetiskt identifierade fiskägg ( $\geq 1,2$  mm) per art (2018-2021).

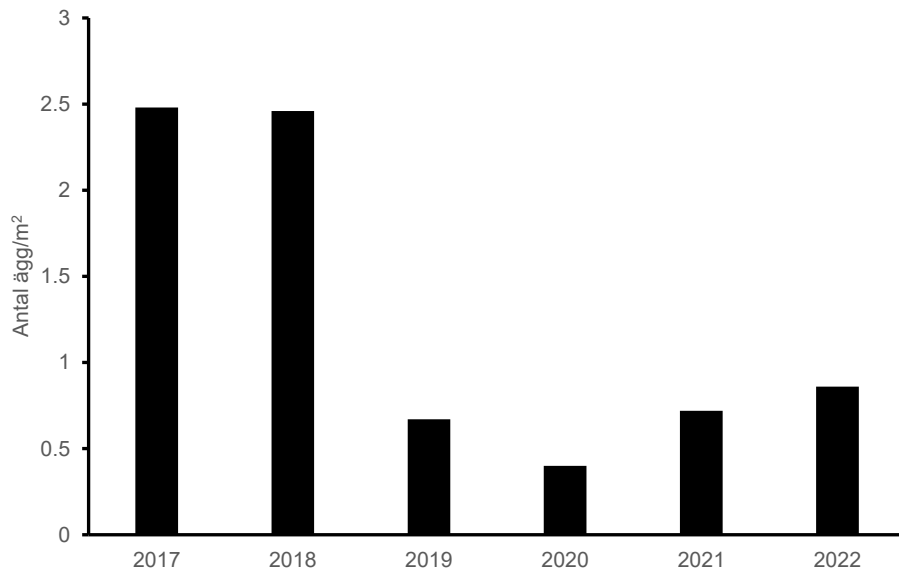
### 3.1.1. Fiskägg $\geq 1,2$ mm – fördelning i tid och rum

#### Torsk (*Gadus morhua*)

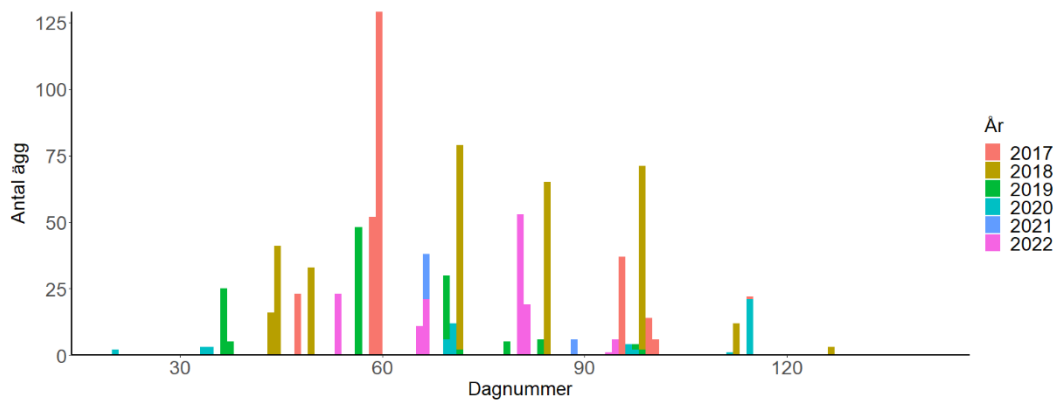
Under perioden 2017-2022 hittades flest torskägg åren 2017 och 2018, varefter antalet torskägg successivt minskade under åren 2019-2020 för att sedan öka något under 2021 och 2022 (figur 5). Torskägg kunde hittas från 20 januari till 7 maj, med en topp någonstans i perioden slutet av februari fram till mitten av mars (figur 6). Lokalerna med störst antal av torskägg fanns i skärgården norr om Lysekil samt i Gullmarsfjorden (figur 7). Det enskilt största fyndet av torskägg gjordes nordöst om ön Bläckhall norr om Lysekil där 40 torskägg kunde detekteras i ett enda håvdrag varav 19 ägg var av det tidigaste stadiet (stadie Ia, 19 torskägg i håven motsvarar 24 ägg/m<sup>2</sup>). Lägst antal torskägg hittades i Koljöfjorden och i Havsstensfjorden. I jämförelse med äggkoncentrationer från lekomsråden vid



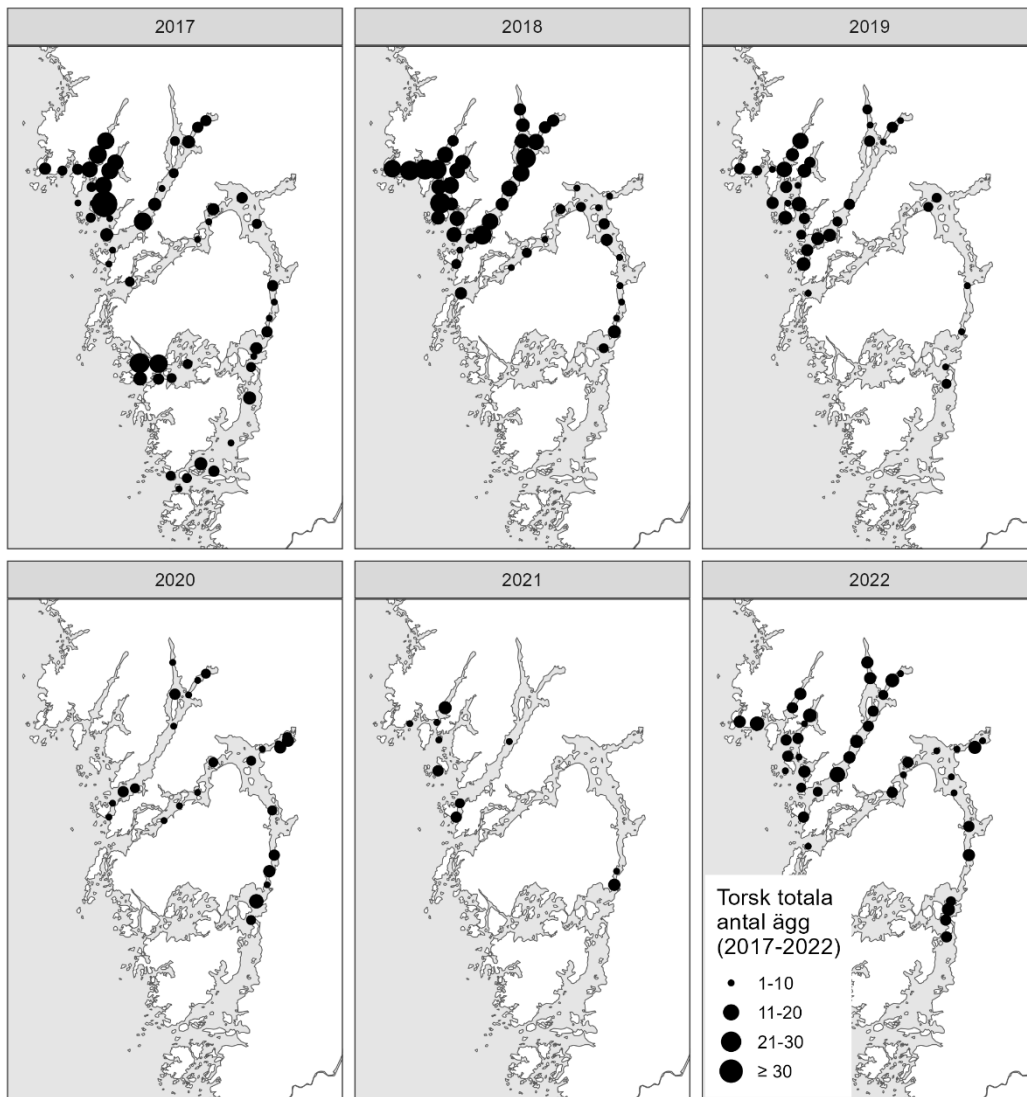
Lofoten i Norge så ligger 24 ägg/m<sup>2</sup> i det lägre spannet (10-1000 ägg/m<sup>2</sup> vid Lofoten) av tidiga äggstadier som hittas vid Lofoten under toppen på leken (Kjesbu et al. 2023).



Figur 5. Antalet torskägg per m<sup>2</sup> (alla stadier) som hittats i medeltal per år, under torskens lekperiod februari-april. Inkluderar både genetiskt och morfologiskt artade torskägg.



Figur 6. Totala antalet ägg av torsk (alla stadier) som hittats per år och dag. Inkluderar både genetiskt och morfologiskt artade ägg från torsk.

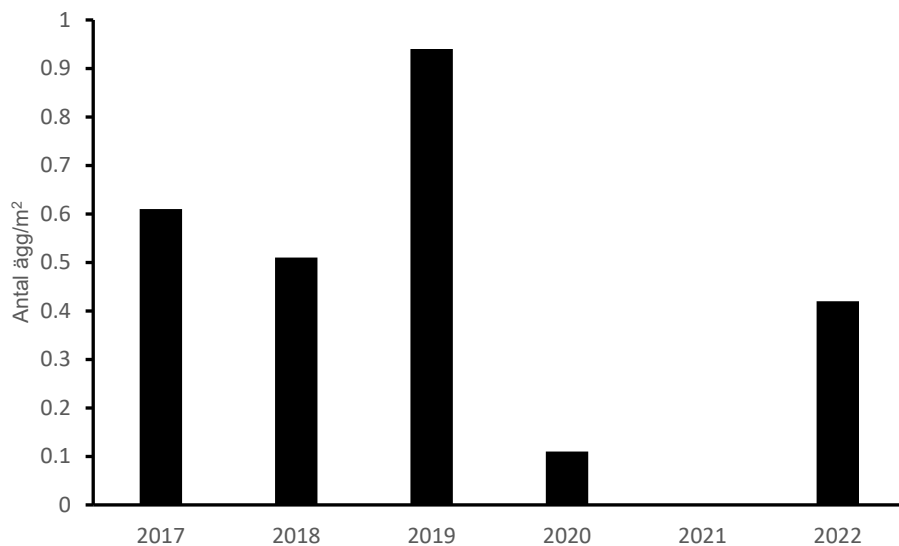


Figur 7. Fördelning av fångster av torskägg (alla stadier) 2017-2022 i provtagningsområdet. Fångsterna är sammanslagna per fångstlokal över säsongen för åren 2017-2022 och inkluderar både genetisk och morfologisk artbestämda torskägg.

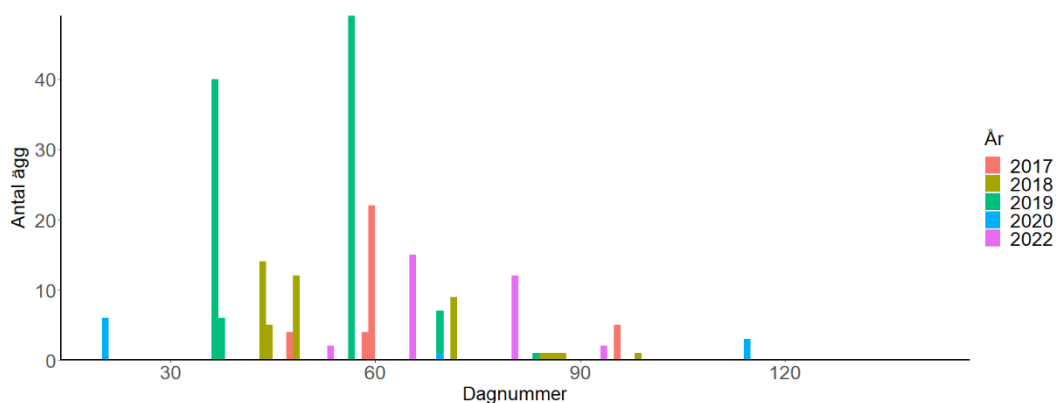
#### Rödspätta (*Pleuronectes platessa*)

För perioden 2017-2022 hittades flest ägg från rödspätta under året 2019, medan det under 2020 hittades mycket få ägg och under 2021 inga ägg alls (figur 8). Ägg från rödspätta kunde hittas från 20 januari till 24 april, med en topp någonstans under andra halvan av februari vilket är något tidigare än för torsken (figur 9). De lokalerna med störst antal av ägg fanns i skärgården norr om Lysekil, i Gullmarsfjorden samt vid Stenungsön i norra delen av Hakefjorden (figur 10). Det

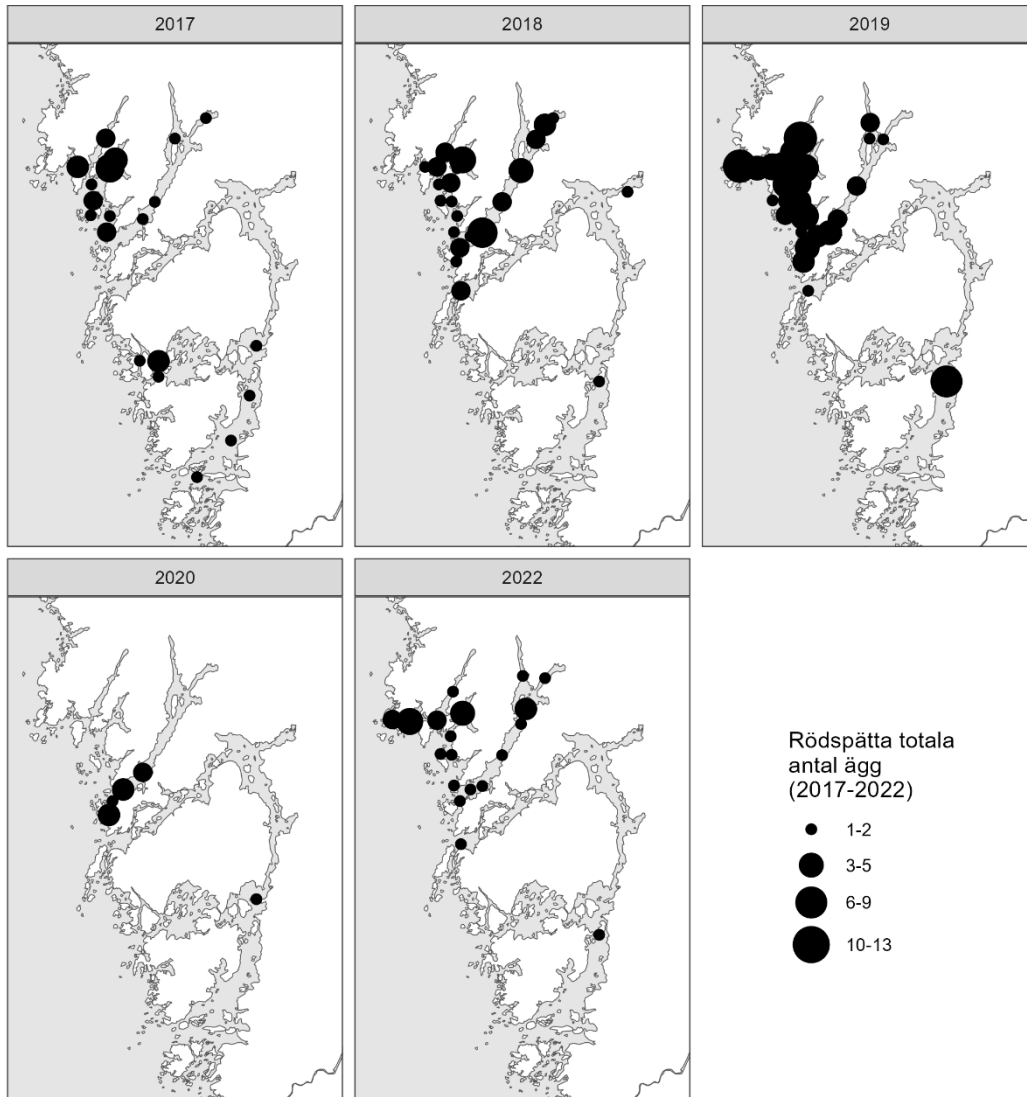
enskilt största fynden av ägg från rödspätta gjordes vid Smögen och i Brofjorden där nio ägg kunde detekteras vid respektive lokal. Lägst antal ägg hittades i Koljöfjorden, Havsstensfjorden, Halsefjorden och Askeröfjorden.



Figur 8. Antalet ägg av rödspätta per m<sup>2</sup> (alla stadier) som hittats i medeltal per år, under rödspättans lekperiod februari-april. Inkluderar både genetiskt och morfologiskt artade ägg från rödspätta. Notera att under år 2021 hittades inga ägg från rödspätta.



Figur 9. Totala antalet ägg av rödspätta (alla stadier) som hittats per dagnummer. Inkluderar både genetiskt och morfologiskt artade ägg från rödspätta. Notera att under år 2021 hittades inga ägg från rödspätta.



Figur 10. Fördelning av fångster av ägg rödspätta 2017-2022 i provtagningsområdet. Fångsterna är sammanslagna per fångstlokal över åren 2017-2022 och inkluderar både genetisk och morfologisk artbestämda ägg från rödspätta. Notera att inga fynd av ägg från rödspätta gjordes under 2021.

Andra vanligt förekommande arter bland  $\geq 1,2$  mm fiskägg

Genetisk identifierade ägg från skarpsill (*Sprattus sprattus*) förekom mest i de inre delarna av Gullmarsfjorden och Havsstensfjorden. I den riktade undersökningen av skarpsillsliknande ägg under 2022 hittades stora mängder av ägg (upptill 1000 ägg/m<sup>2</sup>) på några lokaler i Havsstensfjorden (figur 13). Dessa äggs var morfologiskt

identiska med tidigare genetisk artbestämda ägg från skarpsill från samma område. Ägg från skarpsill kunde hittas från början mars till andra halvan maj, med en topp någonstans under första halvan av april (figur 12). Fjordarna utanför Uddevalla har i tidigare studier funnits hysa en genetisk distinkt population av skarpsill skild från skarpsill i Skagerrak och Kattegatt (Saltalamacchia et al. 2022).

Lerskäddans ägg (*Hippoglossoides platessoides*) hittades mest i Gullmarsfjorden, lokaler norr om Lysekil, dock ej på lokaler i Åby- och Brofjorden, och på några lokaler vid Svanesund på Orust (figur 9). Ägg från lerskädda kunde hittas från början av februari till början av maj, med en topp i mitten på mars (figur 12).

Skrubbskäddans ägg (*Platichthys flesus*) hittades mest i inre delarna av Gullmarsfjorden, Koljöfjorden och i skärgårdsområdet norr om Lysekil. Ägg från skrubbskädda kunde hittas från början av februari till slutet av april, med en topp i mitten på mars.

Sandskäddans ägg (*Limanda limanda*) hittades i hela provtagningsområdet, dock något färre i Koljöfjorden och i Havstensfjord. Ägg från sandskädda kunde hittas från mitten på februari till slutet av april, med en topp i början på april.

Ägg från äkta tunga (*Solea solea*) förekom mest utanför Gullmarsfjorden och norr om Lysekil, men inga ägg hittades i Koljö- eller i Havstensfjorden. Ägg från tunga kunde hittats från slutet av april till andra halvan av maj då ägghåvningen avslutas.

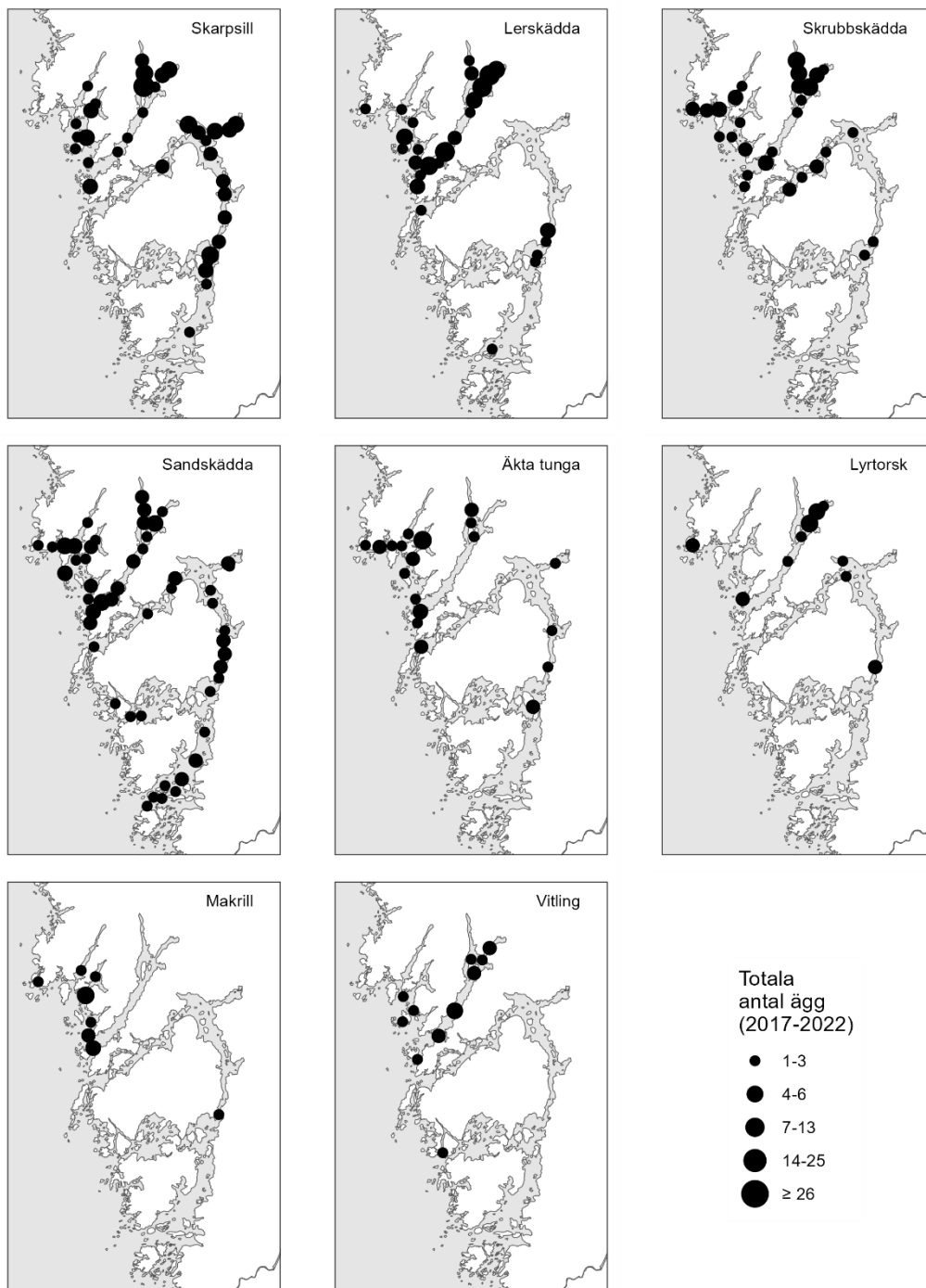
Lyrtorskens ägg (*Pollachius pollachius*) förekom vid ett fåtal stationer varav de flesta i inre delarna av Gullmarsfjorden. Ägg från lyrtorsk kunde hittas från början av mars till mitten av maj, med en topp i mitten på april.

Makrillens ägg (*Scomber scombrus*) förekom mest i de yttre delarna av provtagningsområdet utanför Gullmarsfjordens mynning samt i skärgården mellan Smögen och Lysekil. Ägg från makrill kunde hittas från början av februari till slutet av maj, med en topp i slutet av maj då ägghåvningen avslutades. Noterbart är att äggen som hittades i början av februari hittades under 2019 års insamling, året efter 2018 som var ett mycket varmt år vilket kan ha gjort att makrillens lek kom igång tidigare än vanligt (Vogel et al. 2019; Jansen och Gislason 2010).

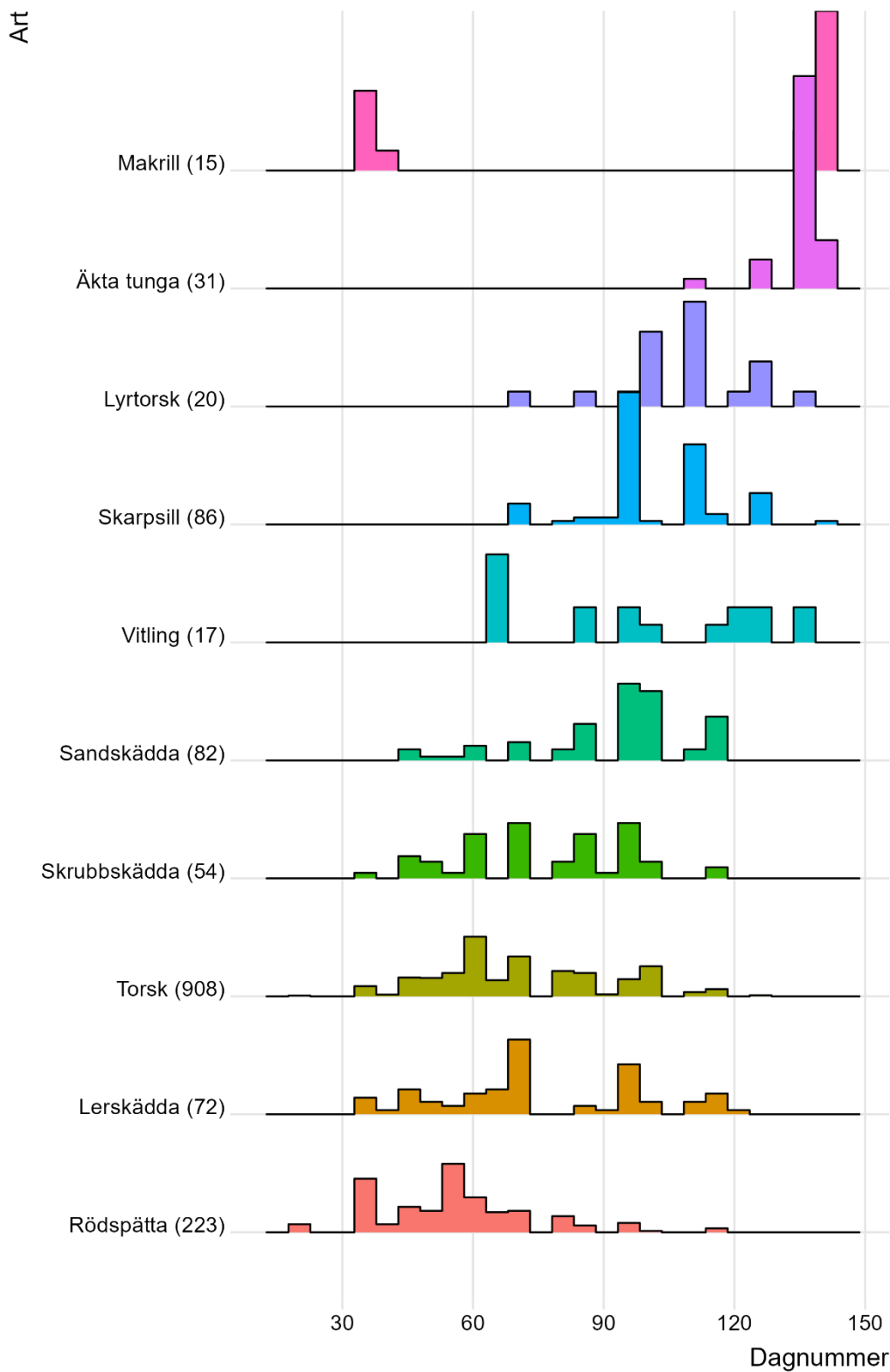
Vitlingens ägg (*Merlangius merlangus*) förekom mest i Gullmarsfjorden. Ägg från vitling kunde hittas från början av mars till mitten av maj. Någon egentligen topp på vitlingens lek är svår att utläsa baserat på den sporadiska förekomsten av ägg i undersökningen. Möjligen kan det bero på att vitlingens ägg är små ( $\leq 1,1$  mm) och därför faller de flesta vitlingägg utanför analysen av enskilda ägg ( $\geq 1,2$  mm) och

hamnar istället bland de små äggen ( $\leq 1,1$  mm), se figur 15 där ägg från vitling förekommer i ex. Gullmarsfjorden.

Tidiga äggstadie (stadie Ia-Ib) hittades för 19 av 24 arter. Detta kan vara en indikation på att leken skett lokalt eftersom att äggen inte hunnit fraktats någon längre sträcka med havsströmmar. Tiden från det att ägget är befruktat tills att det kläcks är temperaturberoende och olika äggstadier uppvisar olika temperaturberoende, men generellt så gäller att vid högre temperatur kläcks ägget snabbare (Pepin et al. 1997). Vattentemperaturen som äggen utsätts för är beroende på vilket djup äggen befinner sig. Undersökningar från Nordsjön visar att torskägg där kan hittas från ytan och ner till 30 m djup och ibland ännu djupare, samtidigt visar undersökningar från Kattegatt att de flesta torskägg i Kattegatt hittas i den övre delen av språngskiktet som ligger på 15-20 m djup (Munk m fl 2009; Pacariz m fl 2014). Temperaturmätningar under 2017 års ägginsamling visar att under första provtagningsveckan (v. 9) varierade temperaturen relativt mycket från 1,7° C i ytan till nästan 9° C under språngskiktet på 20 m djup, medan det under andra provtagningsveckan (v. 14) hade skett ett skifte och vattnet ovanför språngskiktet var nu varmare än vattnet under språngskiktet, tredje veckan provtagning visar sannolikt en temporär omblandning av yt- och djupvattnet (Svensson et al. 2019). Sammantaget antyder detta att äggen i svenska kust- och fjordområdena om de befinner sig i eller under språngskiktet på ca 15 m djup kan vara utsatta för en relativt variabel vattentemperatur (2-9 ° C) under vårvintern.

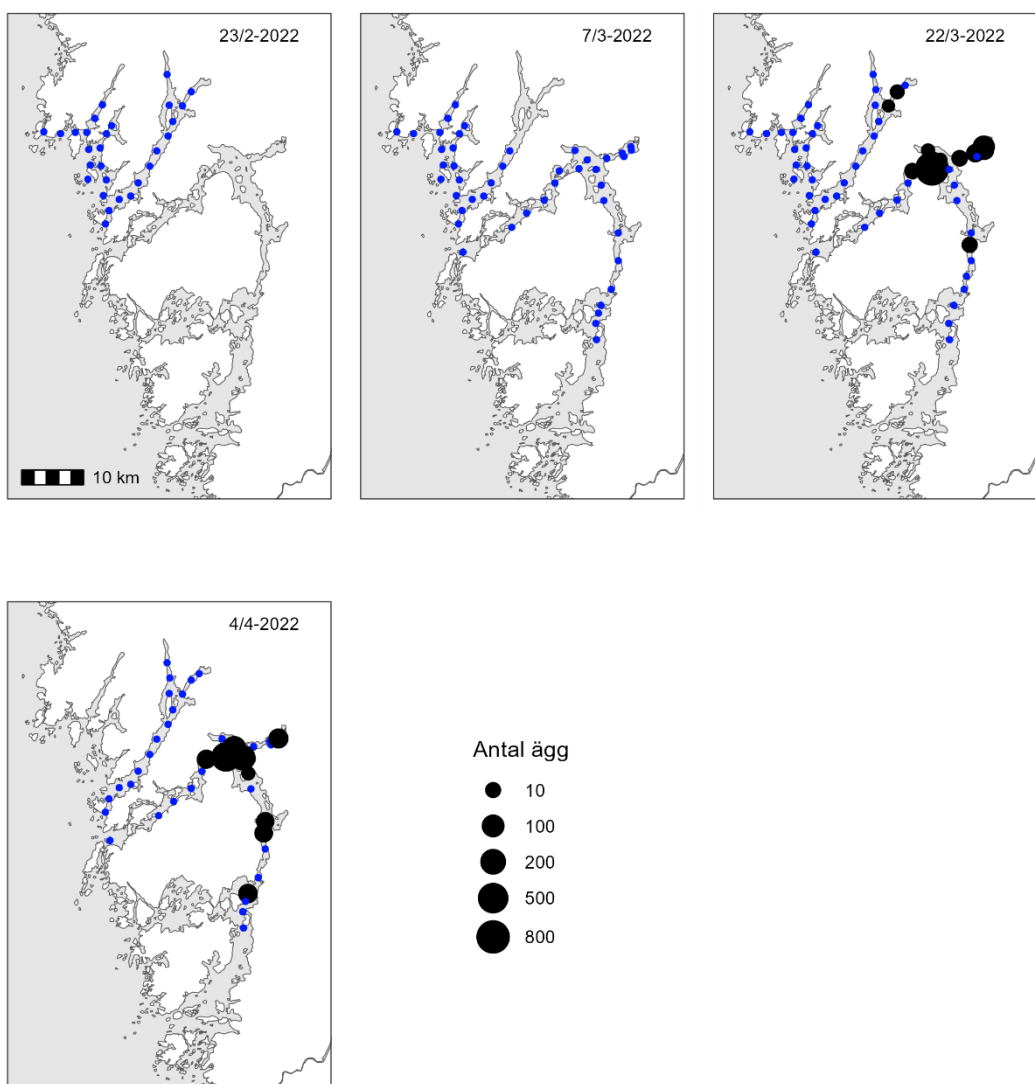


Figur 11. Karta visar förekomst av genetisk identifierade ägg av arterna: skarpsill, lerskädda, skrubbskädda, sandskädda, äkta tunga, lyrorsk, makrill och vitling. Fångsterna är sammanslagna per fångstlokal över åren 2017-2022.



Figur 12. Förekomst av fiskägg under de första 141 dagarna för åren 2017-2022 för det vanligaste arterna. Siffror inom parentes anger totala antalet genetiskt identifierade fiskägg per art, förutom för torsk och rödspätta där även morfologiskt artade ägg ingår.





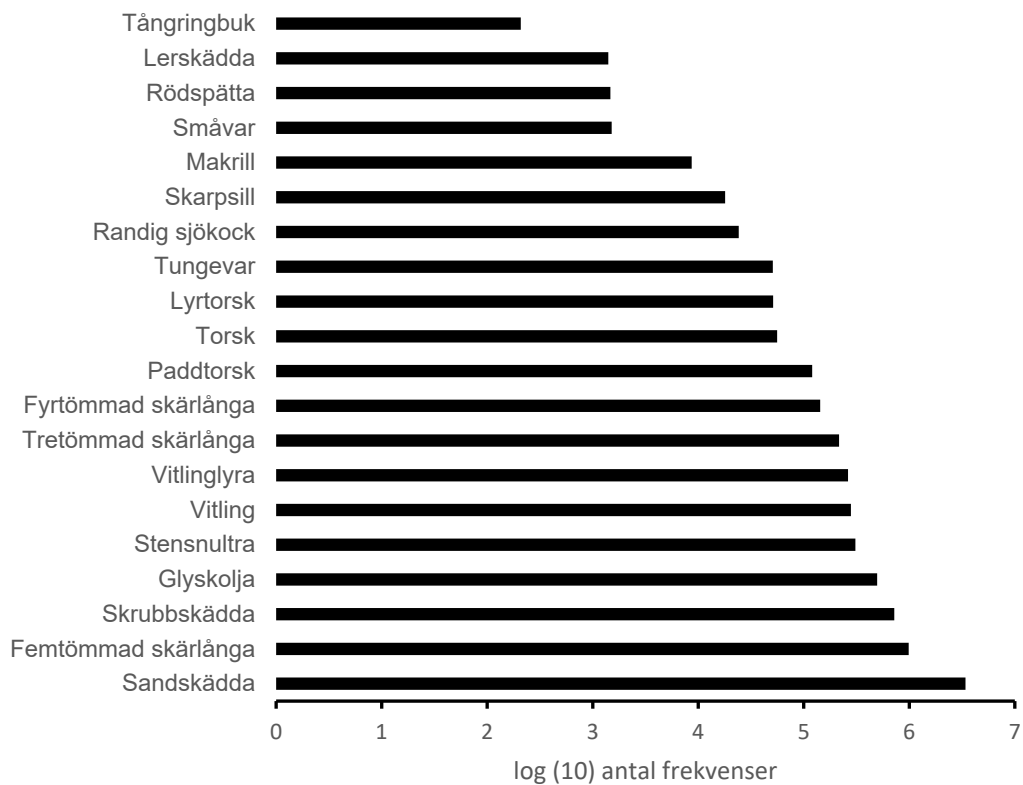
Figur 13. Fördelning av förmodade skarpsillsägg från 2022 års ägghävning. Små blå punkter anger nollfångster, svarta punkter anger fångst av förmodade skarpsillsägg, storlek på svart punkt indikerar antalet fiskägg.

### 3.2. Artdiversitet fiskägg $\leq 1,1$ mm genetisk artbestämning

Från de 64 sammanslagna proverna kunde sekvenser från 20 olika fiskarter identifieras (tabell 3) genom Next-Generation-Sequencing (NGS). De sju arterna med i genomsnitt flest sekvenser var i fallande ordning sandskädda, femtömmad skärlånga, skrubbskädda, glyskolja, stensnultra, vitling och vitlinglyra (figur 14).

Tabell 3. Svenska och vetenskapliga namn för arter som detekterats genom Next-Generation-Sequencing (2018-2021).

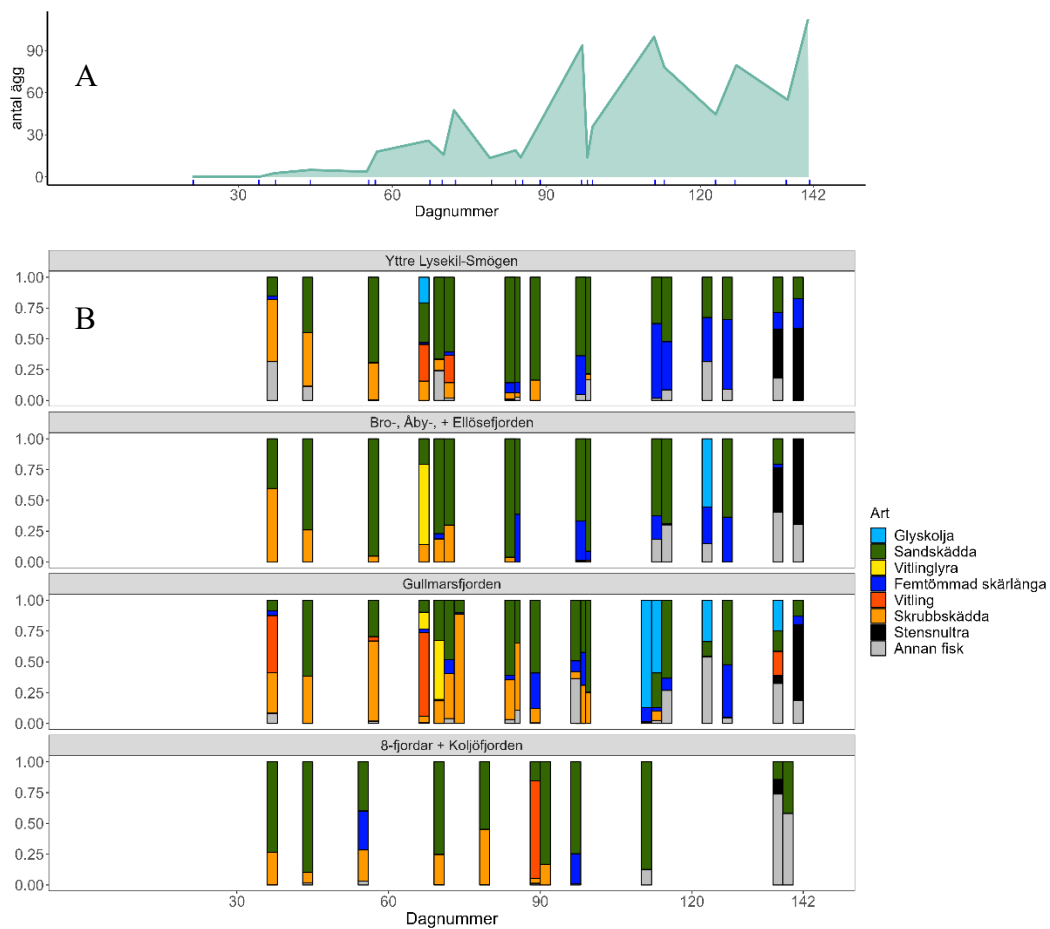
Svenskt namn	Vetenskapligt namn
Femtömmad skärlånga	<i>Ciliata mustela</i>
Fyrtömmad skärlånga	<i>Enchelyopus cimbricus</i>
Glyskolja	<i>Trisopterus minutus</i>
Lerskädda	<i>Hippoglossoides platessoides</i>
Lyrorsk	<i>Pollachius pollachius</i>
Makrill	<i>Scomber scombrus</i>
Paddorsk	<i>Raniceps raninus</i>
Randig sjökock	<i>Callionymus lyra</i>
Rödspätta	<i>Pleuronectes platessa</i>
Sandskädda	<i>Limanda limanda</i>
Skarpsill	<i>Sprattus sprattus</i>
Skrubbskädda	<i>Platichthys flesus</i>
Småvar	<i>Phrynorhombus norvegicus</i>
Stensnultra	<i>Ctenolabrus ruperstris</i>
Torsk	<i>Gadus morhua</i>
Tretömmad skärlånga	<i>Gaidropsarus vulgaris</i>
Tungevar	<i>Arnoglossus lanterna</i>
Tångringbuk	<i>Liparis montagui</i>
Vitling	<i>Merlangius merlangus</i>
Vitlinglyra	<i>Trisopterus esmarkii</i>



Figur 14. Genomsnitt av frekvenser över alla år 2018-2021 för fiskägg  $\leq 1,1$  mm i diameter.

### 3.2.1. Fiskägg $\leq 1,1$ mm NGS – fördelning i tid och rum

Under de första 60 dagarnas provtagning var endast mycket få ägg som håvades och endast ett fåtal arter fanns representerade i.e. sandskädda, skrubbskädda och vitling, bland de relativt få ägg som fanns i vattenmassan (figur 15). Efter 60 dagar ökade det genomsnittliga antalet fiskägg och flera fiskarter kunde också detekteras så som exempelvis vitlinglyra, glyskolja och femtömmad skärlånga. De högsta antalet DNA-sekvenser från ett enskilt område kom från arten glyskolja i Gullmarsfjorden. Sekvenser från sandskädda kunde detekteras under hela provtagningen och i alla områden. Under den senare delen av provtagningen dominerade ägg från stensnultra i alla områden utom i 8-fjordar området. Flest antal arter bland fiskäggen ( $\leq 1,1$  mm) hittades i Gullmarsfjorden och minst antal arter i 8-fjordar området.



Figur 15. A visar hur antalet fiskägg fångade per dag ( $\leq 1,1$  mm i diameter;) varierar över tiden från dag 21 till dag 142 för åren 2018-2021. B visar artfördelningen av DNA-sekvenser från CO1-markören för de sju vanligaste fiskarterna i de polade proverna (ägg  $< 1.2$  mm) för åren 2018-2021. Små vertikala blå streck längs x-axeln indikerar provtagningstillfälle.

## 4. Tack

Rapporten har medfinansierats av Havs- och vattenmyndigheten genom anslag 1:11 Åtgärder för havs- och vattenmiljö till projekt Resurs och miljöövervakning – kustfisk (Dnr 1149-22), projekt Torskåterhämtning (Dnr 2066-2023) och projekt Artificiella rev i Byfjorden (Dnr 1609-2023). Tack till granskarna Patrik Börjesson och Ronny Fredriksson.

## Referenser

- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. & Lipman, D. J. (1990). "Basic Local Alignment Search Tool." *Journal of Molecular Biology* 215 (3): 403–10.
- Bergström, U., Berkström, C., Sköld, M. (eds.), Börjesson, P., Eggertsen, M., Fetterplace, L., Florin, A-B., Fredriksson, R., Fredriksson, S., Kraufvelin, P., Lundström, K., Nilsson, J., Ovegård, M., Perry, D., Sacre, E., Sundelöf, A., Wikström, A. & Wennhage, H. (2022) Long-term effects of no-take zones in Swedish waters. *Aqua reports* 2022:20. Swedish University of Agricultural Sciences. 289 pp.  
<https://doi.org/10.54612/a.10da2mgf51>
- Bartolino, V., Cardinale, M., Svedäng, H., Linderholm, H. W., Casini, M. & Grimwall, A. (2012). Historical spatiotemporal dynamics of eastern North Sea cod. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 69: 833-841.  
<https://doi.org/10.1139/f2012-028>
- Börjesson, P., Jonsson, P., Pacariz, S., Björk, G., Taylor, M. & Svedäng, H. (2013). Spawning of Kattegat cod (*Gadus morhua*) – Mapping spatial distribution by egg surveys. *Fisheries Research* 147: 63-71.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A. & Holmes, S. P. (2016). "DADA2: High-Resolution Sample Inference from Illumina Amplicon Data." *Nature Methods* 13 (7): 581.  
<http://dx.doi.org/10.1016/j.fishres.2013.04.012>
- Jansen, T. & Gislason, H. (2010) Temperature effects the timing of spawning and migration of North Sea macherel. *Continental Shelf Research* 31: 64-71.
- Kjesbu, O. S., Tiedemann, I., Alix, M., Thorsen, A., Sundby, S. (2023). Half a century of high-latitude fisheries oceanography research on the "recruitment problem" in Northeast Arctic cod (*Gadus morhua*) ICES *Journal of Marine Science* 8: 1179-1201.
- Kyle, C. J. & Wilson, C. C. (2007) Mitochondrial DNA identification of game and harvested freshwater fish species. *Forensic Science International* 166: 68-76.
- Hall, T. E., Smith, P. & Johnston, I. A. (2004) Stages of Embryonic Development in the Atlantic Cod *Gadus morhua*. *Journal of Morphology*, 259: 255-270.
- Hill, J. T., Demarest, B. L. Bisgrove, B. W., Su, Y-C., Smith, M. & Yost, H. J. (2014). "Poly Peak Parser: Method and Software for Identification of Unknown Indels Using Sanger Sequencing of Polymerase Chain Reaction Products." *Developmental Dynamics* 243: 1632-1636.
- Ivanova, N., V., Zemplak, T. S., Hanner, R., H. Hebert, P., D., N. (2007). "Universal Primer Cocktails for Fish Dna Barcoding." *Molecular Ecology Resources* 7: 544–48.

- Lanfear, R. (2015). SangeranalyseR: SangeranalyseR: A Suite of Functions for the Analysis of Sanger Sequence Data in R.
- Martin, M. (2011). "Cutadapt Removes Adapter Sequences from High-Throughput Sequencing Reads." *EMBnet. Journal* 17 (1): 10–12.
- Munk, P. & Nielsen, J. G. (2005) Eggs and Larvae of North Sea fishes. Eggs and larvae of North Sea fishes. Biofolia, Frederiksberg.
- Ouellet, P., Lambert, Y. & Bérubé, I. (2001). Cod egg characteristics and viability in relation to low temperature and maternal nutritional condition. – *ICES Journal of Marine Science*, 58: 672–686.
- Munk, P., Fox, J. C., Bolle, J. L., Van Damme, J. G., Fossum, P., Kraus, G. (2009). Spawning of North Sea fishes linked to hydrographic features. *Fisheries Oceanography*, 18: 458-469.
- Pacariz, S., Björk, G., Jonsson, P., Börjesson, P. & Svedäng, H. (2014). A model study of large-scale transport of fish eggs in the Kattegat in relation to egg density. *ICES Journal of Marine Science* 71: 345-355.
- Pepin, P., Orr, D. C. & Anderson, J. T. (1997). Time to hatch and larval size in relation to temperature and egg size in Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 54: 2-10.
- Saltalamchia, F., Berg, F., Casini, M., Davies, J. C., Bartolino, V. (2022). Population structure of European sprat (*Sprattus sprattus*) in the Greater North Sea ecoregion revealed by otolith shape analysis. *Fisheries Research* 245: <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2021.106131>
- Svedäng, H. (2003). The inshore demersal fish community on the Swedish coast: regulation by recruitment from offshore sources. *ICES Journal of Marine Sciences* 60: 23-31.
- Svedäng, H. & Bardon, G. (2003). Spatial and temporal aspects of the decline in cod (*Gadus morhua* L.) abundance in the Kattegat and eastern Skagerrak. *ICES Journal of Marine Science* 60: 32-37.
- Svedäng, H., Hagberg, J., Börjesson, P., Svensson, A. & Vitale, F. (2004). Bottenfisk i Västerhavet. Fyra studier av beståndens status, utveckling och lekområden vid den svenska västkusten. *Finfo* 2004:6. 42 s.
- Svedäng, H., Wikström, A., Wennhage, H. & Hentati-Sundberg, J. (2016). Ett fiskefritt område för skydd av torsk, piggvar och rödspätta i Västkustens fjordområden. I: Bergström m fl 2016. Ekologiska effekter av fiskefria områden i Sveriges kust- och havsområden. *Aqua reports* 2016:20.
- Svensson, F., Svenson, A., Jacobsson, P., Thorvaldsson, B., Wernbo, A., Øresland, V. & Wennhage, H. (2019) Expeditionsrapport för 2017 års fiskäggundersökning i Bohuslåns skärgårds- och fjordområden. *Aqua reports* 2019:12. Sveriges lantbruksuniversitet, Institutionen för akvatiska resurser, Lysekil 22s.
- Tarling, G., A. (2010) Population dynamics of Northern krill (*Meganyctiphanes norvegica* Sars). *Advences in Marine Biology*, 57: 59–90.
- Vitale, F., Cardinale, M., & Svedäng, H. (2005) Evaluation of the temporal development of the ovaries in *Gadus morhua* from the Sound and Kattegatt, North Sea. *Journal of Fish Biology*, 67: 669-683. <https://doi.org/10.1111/j.0022-1112.2005.00767.x>
- Vogel, M. M., Zscheischler, J., Wartenburger, R., Dee, D., Seneviratne, S. I. (2019). Concurrent 2018 hot extremes across northern hemisphere due to human-induced climate change. *Earths Future* 7: 692–703. <https://doi.org/10.1029/2019EF001189>.

# Bilaga

Tabell 1. Antal lokaler (n) som håvats per område, år och dagnummer (dag).

Område	2017		2018		2019		2020		2021		2022		
	n	dag	n	dag	n	dag	n	dag	n	dag	n	dag	
v. 1	Yttre Lysekil-Smögen	12	60	12	45	10	37	-	-	10	67	13	54
	Bro-, Åbyfjorden	5	60	5	45	6	37	-	-	4	67	6	54
	Gullmarsfjorden	13	48	9	44	10	37	13	20	5	67	11	54
	Koljöfjorden	7	59	4	50	6	38	5	21	-	-	-	-
	8-fjordar	10	59	11	50	15	38	20	21	-	-	-	-
	Hakefjord	9	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Stigfjord	5	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
v. 2	Yttre Lysekil-Smögen	7	101	12	72	12	57	-	-	2	88	12	66
	Bro-, Åbyfjorden	6	101	5	72	4	57	-	-	-	-	6	66
	Gullmarsfjorden	13	100	10	72	9	57	15	35	8	88	3	66
	Koljöfjorden	4	101	-	-	-	-	5	34	4	89	6	67
	8-fjordar	18	101	-	-	-	-	20	34	19	89	19	67
	Hakefjord	11	96	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Stigfjord	6	96	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
v. 3	Yttre Lysekil-Smögen	9	115	9	85	12	70	-	-	8	123	13	81
	Bro-, Åbyfjorden	6	115	4	85	4	70	-	-	3	123	6	81
	Gullmarsfjorden	12	115	9	85	11	70	-	-	13	123	11	81
	Koljöfjorden	7	116	-	-	-	-	5	55	-	-	5	82
	8-fjordar	18	117	-	-	-	-	20	55	-	-	20	82
	Hakefjord	11	117	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	Stigfjord	5	117	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
v. 4	Yttre Lysekil-Smögen	-	-	12	99	-	-	-	-	9	137	4	94
	Bro-, Åbyfjorden	-	-	4	99	-	-	-	-	6	137	-	-
	Gullmarsfjorden	-	-	11	99	-	-	15	70	13	137	11	94
	Koljöfjorden	-	-	-	-	5	79	3	71	6	138	5	95
	8-fjordar	-	-	-	-	14	79	16	71	12	138	20	95
v. 5	Yttre Lysekil-Smögen	-	-	12	113	11	84	-	-	-	-	-	-
	Bro-, Åbyfjorden	-	-	4	113	4	84	-	-	-	-	-	-
	Gullmarsfjorden	-	-	11	113	11	84	15	97	-	-	-	-
	Koljöfjorden	-	-	-	-	-	-	6	98	-	-	-	-
	8-fjordar	-	-	-	-	-	-	21	98	-	-	-	-
v. 6	Yttre Lysekil-Smögen	-	-	11	127	11	99	-	-	-	-	-	-
	Bro-, Åbyfjorden	-	-	4	127	3	99	-	-	-	-	-	-
	Gullmarsfjorden	-	-	10	127	11	98	15	111	-	-	-	-
	Koljöfjorden	-	-	-	-	-	-	6	112	-	-	-	-
	8-fjordar	-	-	-	-	-	-	20	112	-	-	-	-
v. 7	Yttre Lysekil-Smögen	-	-	11	141	12	113	-	-	-	-	-	-
	Bro-, Åbyfjorden	-	-	4	141	4	113	-	-	-	-	-	-
	Gullmarsfjorden	-	-	11	141	11	113	-	-	-	-	-	-
	Koljöfjorden	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	8-fjordar	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-