



KVER HAFRANNSÓKNASTOFNUNAR

Skyldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra laxastofna á Íslandi

Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson,
Ingi Rúnar Jónsson, Eydís H. Njarðardóttir, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir,
Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson

REYKJAVÍK ÁGÚST 2018

*Skýldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra
laxastofna á Íslandi*

Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson,
Ingi Rúnar Jónsson, Eydís H. Njarðardóttir,
Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og
Sigurður Már Einarsson

Skýrslan er unnin fyrir Hafrannsóknastofnun

Upplýsingasiða

Titill: Skyldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra laxastofna á Íslandi		
Höfundar: Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson, Ingi Rúnar Jónsson, Eydís H. Njarðardóttir, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson		
Skýrsla nr: KV 2018-4	Verkefnisstjóri: LAG, HB	Verknúmer: 9032
	Fjöldi síðna: 9	Útgáfudagur: 24. ágúst 2018
Unnið fyrir: <i>Hafrannsóknastofnun</i>	Dreifing: Opin	Yfirfarið af: Guðni Guðbergsson
Ágrip <i>Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson, Ingi Rúnar Jónsson, Eydís H. Njarðardóttir, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson. KV 2018-4.</i> <p>Stofngerð lax hefur talsvert verið rannsökuð á Íslandi og hafa rannsóknir einkum beinst að stofnum á helstu laxveiðisvæðum. Aukið sjókvíaeldi á laxi af norskum uppruna seinustu ár og stórfelld áform þar um hefur kallað á frekari rannsóknir á laxastofnum á þeim svæðum sem liggja næst eldissvæðum, þ.m.t. á Austfjörðum. Í þessari rannsókn var skyldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við stofna á af öðrum landsvæðum rannsakaður. Niðurstöðurnar bentu til að laxastofnar á Austfjörðum hópist saman (vísbending um innbyrðis skyldleika stofnanna) og aðgreinist frá landfræðilega næstu stofnum sem finna má á Norðausturlandi. Bæta þarf sýnatöku úr ám á Austfjörðum svo skýra megi enn frekar bæði tengsl stofna innan svæðisins og tengsl þeirra við aðra laxastofna á landinu.</p>		
Lykilorð: <i>lax, laxastofnar, skyldleiki, erfðafræði, Austfirðir, Ísland, laxeldi</i>		
Undirskrift verkefnisstjóra: <i>Leó Alexander Guðmundsson</i>	Undirskrift forstöðumanns sviðs: <i>Guðni Guðbergsson</i>	

Efnisyfirlit

Myndaskrá	i
Inngangur	1
Framkvæmd	1
Niðurstöður	3
Umræður	3
Þakkir	5
Heimildir	6
Viðauki	7

Myndaskrá

1. mynd. Staðsetning laxastofna sem notaðir voru í rannsókninni á skyldleika laxastofna á Austfjörðum við aðra stofna á Íslandi	2
2. mynd. Skyldleikatré (D_A -erfðafjarlægð) sem sýnir tengsl laxastofna á Austfjörðum við 43 aðra laxastofna á Íslandi	3
3. mynd. Fjölvíddargreining á innbyrðis erfðamun (D) laxastofna á Austfjörðum og 43 annarra laxastofna á Íslandi	4

Viðaukaskrá

Viðauki 1. Nöfn áa við 3. mynd.	7
---	---

Inngangur

Stofnamyndun hjá laxi er vel þekkt og stafar af almennt nákvæmri rötun þeirra af fæðuslóð í hafi til sinnar heimaár. Aðgreining laxastofna hefur mikilvæga þýðingu fyrir líffræði, vernd og nýtingu þeirra (Verspoor o.fl. 2007). Stofngerð laxastofna hefur mikið verið rannsökuð síðustu áratugin, þ.m.t. á Íslandi (Daníelsdóttir o.fl. 1997; Ólafsson o.fl. 2014). Viðamesta rannsókn á stofngerð laxastofna á Íslandi (Ólafsson o.fl. 2014) var hluti af hinu alþjóðlega SalSea-Merge verkefni sem náði til næstum alls útbreiðslusvæðis lax í Evrópu (Gilbey o.fl. 2017). Í íslensku rannsókninni voru einkum tiltölulega stórir laxastofnar af helstu laxveiðisvæðum landsins valdir til greiningar til að fá yfirsýn yfir breytileika laxastofna.

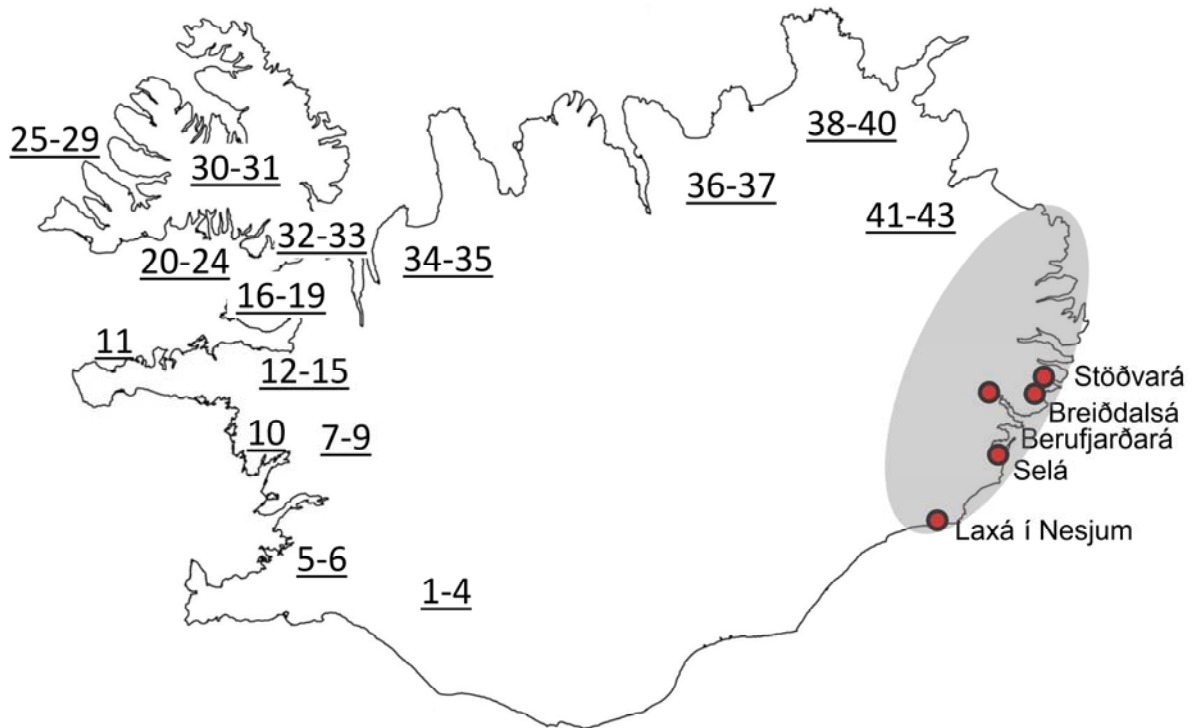
Aukinn áhugi á sjókvíaeldi á laxi af norskum uppruna í upphafi áratugarins og stórfelld áform þar um hefur kallað á rannsóknir á laxfiskum á svæðum þar sem sjókvíaeldi er ekki óheimilt. Er það til að fá betra mat á möguleg umhverfisáhrif eldisins m.a. vegna áhrifa laxalúsar á laxfiska og erfðablöndunar við náttúrulega laxastofna. Afar takmarkaðar upplýsingar hafa legið fyrir um lax og aðra laxfiska svæðanna, þ.e. á Vestfjörðum og Austfjörðum. Brýn þörf er að bæta undirstöðuþekkingu á laxfiskum þessara svæða til að skilja frekar náttúruvar í landinu og svo unnt sé að meta möguleg umhverfisáhrif frá laxeldi. Laxeldið er komið lengra á veg á Vestfjörðum en á Austfjörðum og því hafa rannsóknir á laxfiskum beinst nokkuð að eldissvæðum Vestfjarða (Sigurður Már Einarsson og Jón S. Ólafsson 2016; Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017ab). Þekking á útbreiðslu laxfiska og skyldleika laxastofna á eldissvæðum Vestfjarða við aðra laxastofna á Íslandi hefur nú aukist til muna. Laxastofnar á Austfjörðum hafa til þessa ekki verið rannsakaðir m.t.t. skyldleika við aðra stofna.

Hér verða kynntar niðurstöður um skyldleika austfirskra laxastofna við stofna af öðrum landsvæðum. Rannsóknin er hluti verkefnis um útbreiðslu laxfiska og umhverfisþætti í ám á Austfjörðum sem styrkt er af Umhverfissjóði sjókvíaeldis og Fiskræktarsjóði.

Framkvæmd

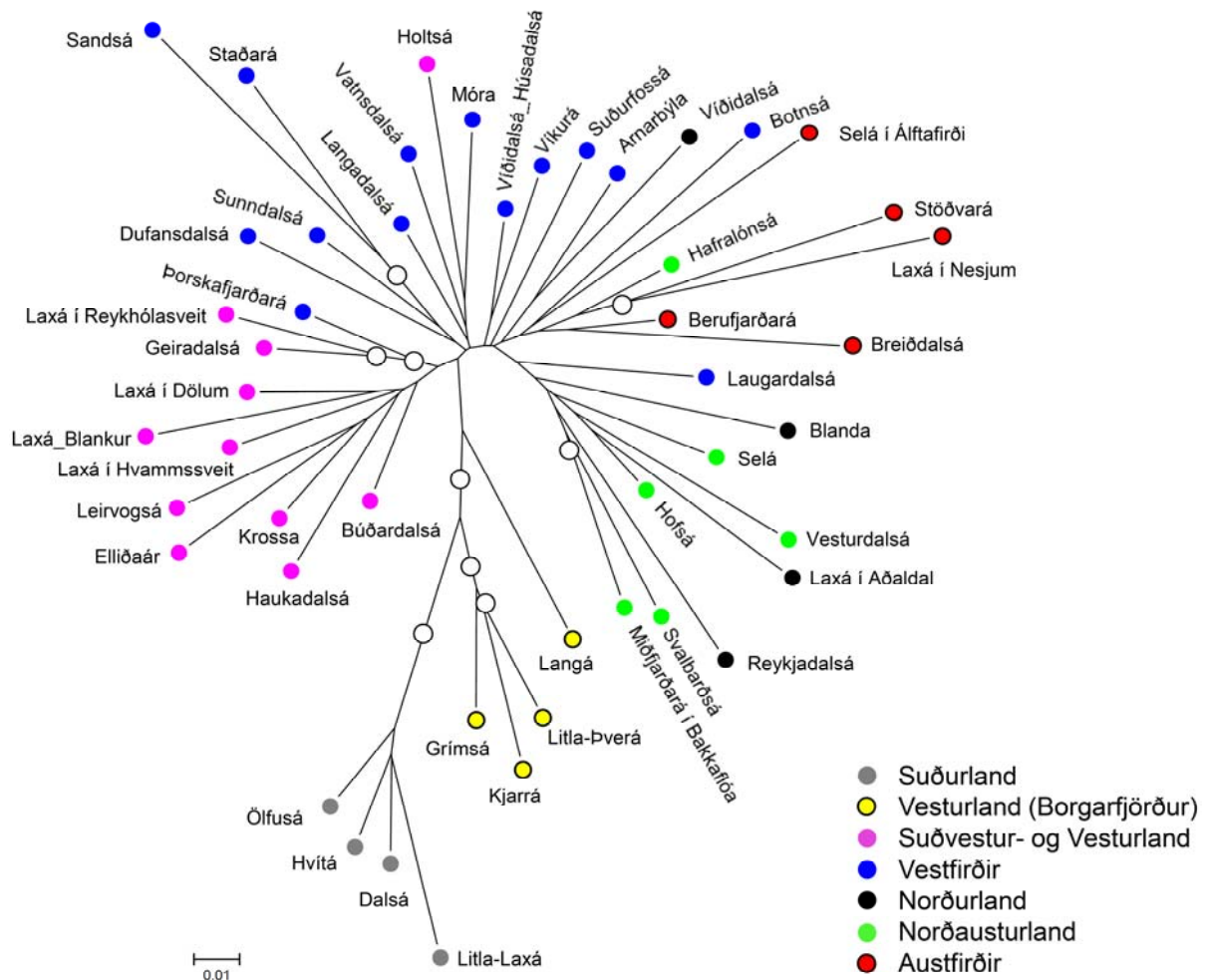
Erfðasýnataka fór fram í ám á Austfjörðum, frá Hornafirði til Borgarfjarðar eystra, í ágúst 2017. Í hverju vatnsfalli voru seiði veidd með rafmagni á einni sýnatökustöð fyrir utan árkerfi Breiðdalsár þar sem veitt var á sex stöðvum (ekki greindist erfðamunur milli stöðva svo sýnin úr Breiðdalsá voru sameinuð). Seiði voru svæfð, tegundagreind og lítill bútur af raufarugga og/eða sporði klipptur af og settur í sýnaglas með 96% etanóli. Laxaseiði sem nýtt voru til greiningar á skyldleika voru eftirfarandi: Laxá í Nesjum ($N = 18$), Selá í Álftafirði ($N = 27$), Berufjarðará ($N = 6$), Breiðdalsá ($N = 73$) og Stöðvará í Stöðvarfirði ($N = 21$).

Sýnin voru erfðagreind með 14 örtunglum (e. microsatellites), þau sömu og notuð voru í SalSea-Merge (Ellis o.fl. 2011). Sú vinna var unnin á rannsóknastofu Matís ohf. Sýnin voru borin saman við tiltæk erfðagögn með sýnastærð $N > 30$ úr laxastofnum frá öðrum landshlutum. Þau hafa flest áður verið notuð í rannsóknum sem birst hafa í skýrslum eða vísindaritum. Erfðatengsl stofna voru könnuð með tveimur aðferðum. Í fyrsta lagi með skyldleikatréi (D_A erfðafjarlægð; Nei o.fl. 1983) reiknað í forritinu POPULATIONS 1.2.32 (Langella 1999). Marktækni greina var metin með 10.000



1. mynd. Staðsetning laxastofna sem notaðir voru í rannsókninni á skyldleika laxastofna á Austfjörðum við aðra stofna á Íslandi. Skyggða svæðið sýnir rannsóknasvæði verkefnis um útbreiðslu laxfiska og umhverfisþætti í ám á Austfjörðum sem þessi rannsókn er hluti af. Á kortinu eru laxasýni úr ám á Austfjörðum merkt sérstaklega. Annars eru nöfn áa þessi þar sem undirstrikun táknar að gögn hafi ekki birst áður: 1-Dalsá, 2-Litla-Laxá, 3-Hvítá, 4-Ölfusá, 5-Elliðaár, 6-Leirvogsa, 7-Grímsá, 8-Kjarrá, 9-Litla-Þverá, 10-Langá, 11-Holtsá, 12-Laxá á Skógarströnd/Blankur, 13-Haukadalsá, 14-Laxá í Dölum, 15-Laxá í Hvammssveit, 16-Krossá, 17-Búðardalsá, 18-Geiradalsá, 19-Laxá í Reykhólasveit, 20-Þorskafjarðará, 21-Vatnsdalsá í Vatnsdal, 22-Móra, 23-Arnarbýla, 24-Suðurfossa, 25-Botnsá, 26-Dufansdalsá, 27-Sunndalsá, 28-Sandsá, 29-Staðará, 30-Laugardalsá, 31-Langadalsá, 32-Víðidalsá/Húsadalsá, 33-Víkura, 34-Víðidalsá, 35-Blanda, 36-Laxá í Aðaldal, 37-Reykjadalsá, 38-Svalbarðsá, 39-Hafalónsá, 40-Miðfjarðará í Bakkaflóa, 41-Selá í Vopnafirði, 42-Vesturdalsá, 43-Hofsá.

endurúrtökum (e. bootstrap) og forritið TreeView 1.6.6 (Page 1996) notað til að teikna tréð. Í öðru lagi var innbyrðis erfðamunur milli sýna metinn með metlinum D (Jost's D ; Jost 2008; Raeymaekers o.fl. 2012) og niðurstöður skoðaðar með fjölvíddargreiningu (e. classical multidimensional scaling plot). Fjölvíddargreiningin var framkvæmd með skipuninni *cmdscale* í R ver. 3.5.0 (R Core Team 2018). Sýnin voru einnig greind með STRUCTURE (Pritchard o.fl. 2000) sem gaf niðurstöður sambærilegar við niðurstöður ofangreindra aðferða og verður ekki greint frá þeirri greiningu. Útlistun á aðferðafræði við meðhöndlun erfðagagna mun birtast síðar í ítarlegri skýrslu um erfðafræði lax á Austfjörðum.



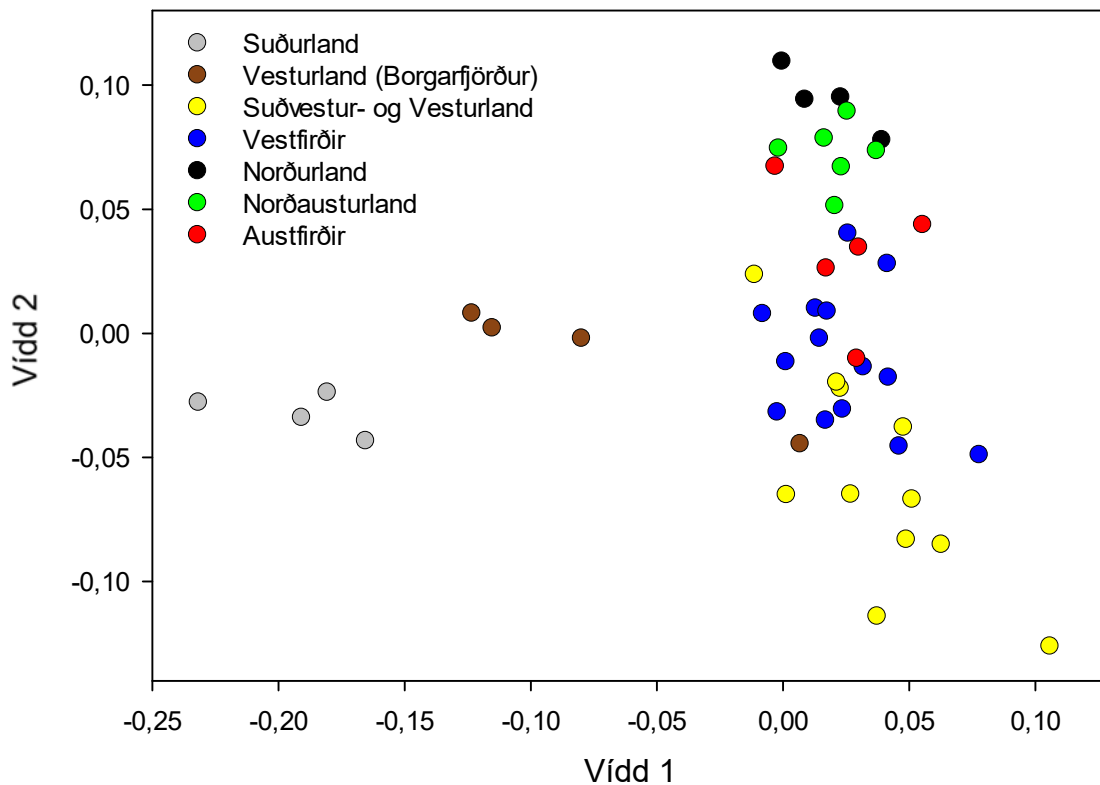
2. mynd. Skyldleikatré (D_A -erfðafjarlægð) sem sýnir tengsl laxastofna á Austfjörðum við 43 aðra laxastofna á Íslandi. Litir við enda greina tákna landsvæði áa. Hvítir hringir á greinum tákna stuðning yfir 50% miðað við 10.000 endurúrtök.

Niðurstöður

Samkvæmt skyldleikatré flokkuðust stofnar á Austurlandi almennt saman (2. mynd). Skyldleikatréð benti almennt til meiri skyldleika milli austfirskra stofna og stofna af Vestfjörðum en milli austfirskra stofna og stofna af Norðurlandi og Norðausturlandi. Fjölviddargreining (vídd 1 og 2) á erfðamun (D) milli sýna sýndi í grófum dráttum samskonar niðurstöður og skyldleikatréð (3. mynd; viðauki 1).

Umræður

Niðurstöðurnar sem hér eru kynntar eru þær fyrstu sem lýsa erfðatengslum laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra laxastofna á Íslandi. Niðurstöður skyldleikatrés benda almennt til að stofnar á Austfjörðum séu skyldari innbyrðis en þeir eru við stofna af öðrum landsvæðum (2. mynd). Niðurstöðurnar benda ekki til að landfræðileg fjarlægð ráði alltaf erfðatengslum stofna milli



3. mynd. Fjölvíddargreining (vídd 1 og 2) á innbyrðis erfðamun (*D*) laxastofna á Austfjörðum og 43 annarra laxastofna á Íslandi. Litir tákna landsvæði áa. Í viðauka má sjá sömu mynd með nöfnum áa.

mismunandi landshluta en í tilviki austfirsku stofnanna virðast þeir líkari stofnum af Vestfjörðum en laxastofnum á Norðurlandi og Norðausturlandi (2. og 3. mynd). Ýmsir þættir gætu skýrt þá mynd. Í rannsókn Ólafssonar o.fl. (2014) var lagt til að erfðasamsetning eða skyldleiki íslenskra laxastofna gæti endurspeglad landnámssögu laxins sem réðist af hopun jökla við lok síðustu ísaldar. Í rannsókninni voru ekki sýni af Austfjörðum og því gafst höfundum ekki tækifæri til að máta tilgátuna við þann landshluta. Aðrir þættir eins og hafís og áhrif eldgosa gætu mögulega einnig hafa haft áhrif. Ekki er útilokað að skýra megi ástæðurnar í stórum dráttum með frekari greiningu gagnanna en sýnataka úr fleiri stofnum á Norðurlandi og bætt sýnataka á Austfjörðum myndi styðja við slíka rannsókn.

Í þessari rannsókn var ekki gerð tilraun til að skýra sérstaklega stofngerð eða tengsl stofna innan Austfjarða. Skýrist það af því að Breiðdalsá var eina sýnið með viðunandi sýnastærð og dreifingu sýnatökusvæða. Hætt er við að sýni endurspegli ekki að fullu erfðasamsetningu stofns ef sýnastærðin er ekki nægjanleg, oft miðað við $N > 50$, og sýnatakan framkvæmd á litlu svæði innan ár eða árkerfis. Í litlum stofnum má einnig búast við að erfðasamsetning geti verið breytileg í tíma, þ.e. að fram komi erfðamunur milli árganga. Slíkur erfðamunur getur leitt til þess að mælingar á stofngerð, þ.e. erfðatengsl stofna, séu breytilegar í tíma án þess að hafa líffræðilega merkingu. Ekki er útilokað að merki um slíkt megi sjá í gögnunum fyrir lax af öðrum landsvæðum. Frekari sýnataka úr ám á Austfjörðum er nauðsynleg svo unnt sé að lýsa betur stofngerð innan svæðisins. Í því sambandi er sérstaklega áhugavert að kanna tengsl Breiðdalsár, sem er stærsti stofn svæðisins, við aðra stofna eða stofnhluta. Kanna mætti mögulegt mikilvægi laxastofns Breiðdalsár fyrir aðra stofna/stofnhluta skv.

„source-sink“ líkaninu sem í einfaldri mynd gerir ráð fyrir að minni stofnar/stofnhlutar („sink“) séu háðir innstreymi einstaklinga úr megin stofni („source“) (Hindar o.fl. 2004). Fyrsta skref í slíkri rannsókn gæti verið að meta genaflæði milli stofna. Fyrirfram má búast við að genaflæði sé ríkjandi frá Breiðdalsá í aðra stofna og þannig gæti laxastofn Breiðdalsár haft mótandi áhrif á aðra stofna (Consuegra o.fl. 2005; Hansen o.fl. 2007).

Líkt og fram kom í inngangi var þessi rannsókn hluti verkefnis um útbreiðslu laxfiska og umhverfisþætti í ám á Austfjörðum. Útbreiðsla laxasýna rannsóknarinnar (1. mynd) bendir til að útbreiðsla laxastofna á Austfjörðum afmarkist af Laxá í Nesjum í suðri og Stöðvará í norðri. Stofnarnir finnast því á tiltölulega afmörkuðu svæði og í samanburði við aðra stofna á landinu má segja að þeir séu landfræðilega einangraðir. Einkennandi fyrir svæðið er að á því er aðeins einn stór laxastofn á íslenskum mælikvarða, þ.e. Breiðdalsá. Laxastofn Breiðdalsár gæti því verið mikilvægur með hliðsjón af varðveislu líffræðilegs fjölbreytileika. Laxastofninn er einn þeirra stofna sem Hafrannsóknastofnun hefur lagt til að verði sérstaklega vaktaður m.t.t. erfðablöndunar við eldislax (Ragnar Jóhannsson o.fl. 2017).

Þær niðurstöður sem hér eru kynntar auka skilning á laxastofnum hér á landi og sýna að þörf er á enn frekari rannsóknum á útbreiðslu, stofnstærðum, vistfræði og erfðafræði þeirra.

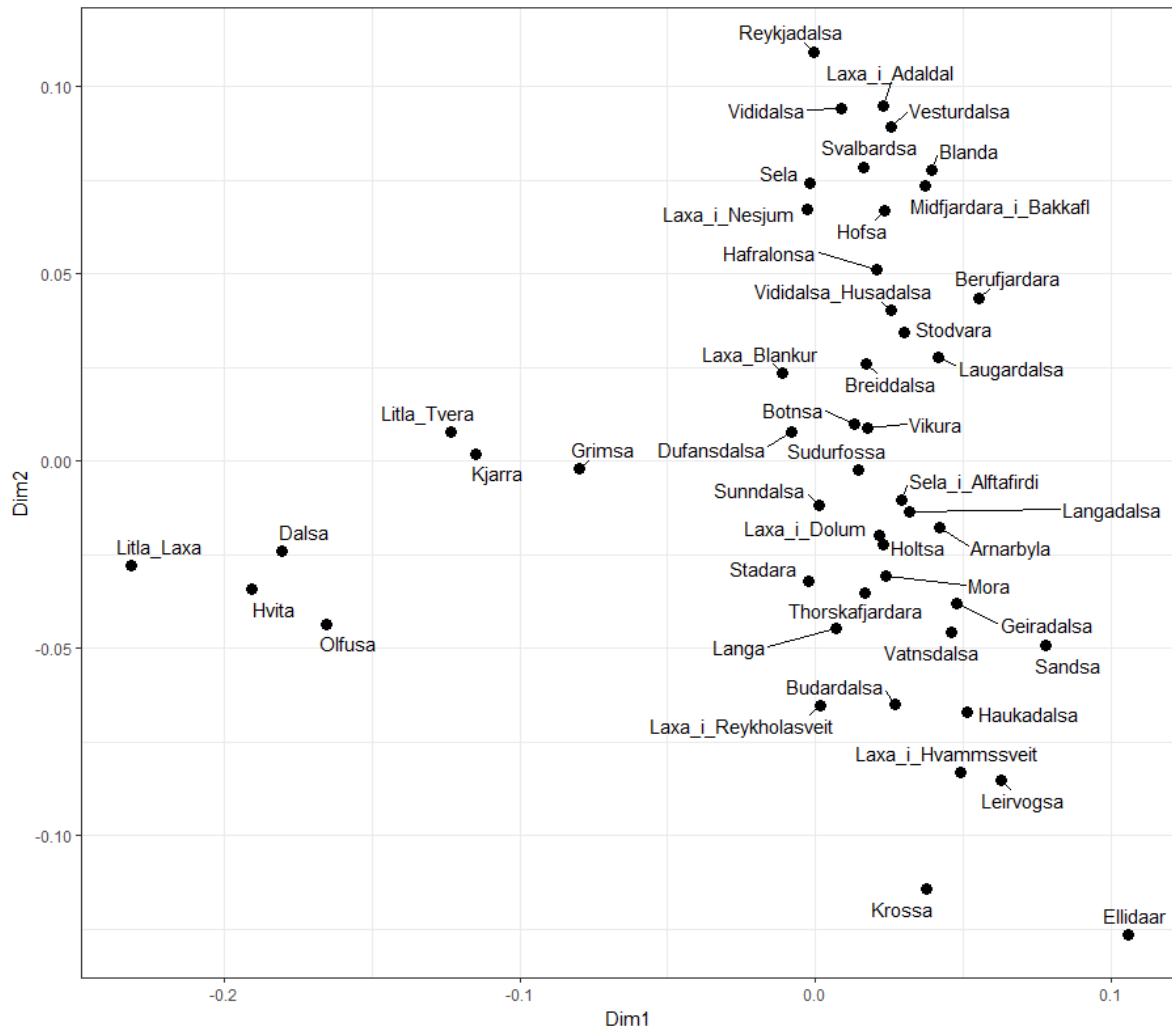
Þakkir

Þökkum Veiðifélagi Breiðdælinga og landeigendum fyrir að leyfa sýnatöku og starfsfólki Matís fyrir greiningu erfðasýna. Guðni Guðbergsson las yfir handrit og kom með gagnlegar ábendingar. Sýnatakan var styrkt af Umhverfissjóði sjókvíaeldis og Fiskræktarsjóði.

Heimildir

- Consuegra, S., Verspoor, E., Knox, D. og Garcia de Leaniz, C. (2005). Asymmetric gene flow and the evolutionary maintenance of genetic diversity in small, peripheral Atlantic salmon populations. *Conservation Genetics*, 6: 823 – 842.
- Daníelsdóttir, A.K., Marteinsdóttir, G., Árnason, F. og Gudjónsson, S. (1997). Genetic structure of wild and reared Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) populations in Iceland. *ICES Journal of Marine Science*, 54: 986 – 997.
- Ellis, J.S., Gilbey, J., Armstrong, A., Balstad, T., Cauwelier, E., Cherbonnel, C., Consuegra, S., Cross, T.F., Crozier, W., Dillane, E., Ensing, D., Garcia de Leániz, C., Garcia-Vázquez, E., Griffiths, A.M., Hindar, K., Hjörleifsdóttir, S., Knox, D., Machado-Schiaffino, G., McGinnity, P., Meldrup, D., Nielsen, E.E., Ólafsson, K., Primmer, C.R., Prodohl, P., Stradmeyer, L., Vähä, J.-P., Verspoor, E., Wennevik, V. og Stevens, J.R. (2011). Microsatellite standardization and evaluation of genotyping error in a large multi-partner research programme for conservation of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Genetica*, 139: 353 – 367.
- Gilbey, J., Coughlan, J., Wennevik, V., Prodöhl, P., Stevens, J.R., Garcia de Leaniz, C., Ensing, D., Cauwelier, E., Cherbonnel, C., Consuegra, S., Coulson, M.W., Cross, T.F., Crozier, W., Dillane, E., Ellis, J.S., García-Vázquez, E., Griffiths, A.M., Gudjonsson, S., Hindar, K., Karlsson, S., Knox, D., Machado-Schiaffino, G., Meldrup, D., Nielsen, E.E., Ólafsson, K., Primmer, C.R., Prusov, S., Stradmeyer, L., Vähä, J.-P., Veselov, A. J., Webster, L.M.I., McGinnity, P. og Verspoor, E. (2017). A microsatellite baseline for genetic stock identification of European Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *ICES Journal of Marine Science*, 75: 662 – 674.
- Hansen, M.M., Skaala, Ø., Jensen, L.F., Bekkevold, D., og Mensberg, K.L.D. (2007). Gene flow, effective population size and selection at major histocompatibility complex genes: Brown trout in the Hardanger Fjord, Norway. *Molecular Ecology*, 16: 1413 – 1425.
- Hindar, K., Tufto, J., Sættem, L.M. og Balstad, T. (2004). Conservation of genetic variation in harvested salmon populations. *ICES Journal of Marine Science*, 61: 1389 – 1397.
- Jost, L. (2008). G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17: 4015 – 4026.
- Langella, O. (1999). Populations 1.2.32. Population genetic software: individuals or populations distances based on allelic frequencies, phylogenetic trees, file conversions. Aðgengilegt á vefslóðinni http://www.bioinformatics.org/project/?group_id=84
- Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir og Sigurður Már Einarsson (2017a). Útbreiðsla og þéttleiki seiða laxfiska á Vestfjörðum, frá Súgandafirði til Tálknafjarðar. Hafrannsóknastofnun, HV 2017-004. 16 bls.
- Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson (2017b). *Erfðablöndun eldislaxa af norskum uppruna við íslenska laxastofna*. Hafrannsóknastofnun. HV 2017-031, 31 bls.
- Nei, M., Tajima, F. og Tateno, Y. (1983). Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. *Journal of Molecular Evolution*, 19: 153 – 170.
- Ólafsson, K., Pampoulie, C., Hjörleifsdóttir, S., Gudjónsson, S. og Hreggviðsson, G.Ó. (2014). Present-day genetic structure of Atlantic salmon (*Salmo salar*) in Icelandic rivers and ice-cap retreat models. *PLoS ONE* 9: e86809.
- Page, R.D.M. (1996). TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*, 12: 357 – 358.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. og Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945 – 959.
- R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- Raeymaekers, J.A.M., Lens, L., Van den Broeck, F., Van Dongen, S. og Volckaert, F.A.M. (2012). Quantifying population structure on short timescales. *Molecular Ecology*, 21: 3458 – 3473.
- Ragnar Jóhannsson, Sigurður Guðjónsson, Agnar Steinarsson og Jón Hlöðver Friðriksson (2017). *Áhættumat vegna mögulegrar erfðablöndunar milli eldislaxa og náttúrulegra laxastofna á Íslandi*. Hafrannsóknastofnun, HV 2017-027. 38 bls.
- Sigurður Már Einarsson og Jón S. Ólafsson. (2015). *Umhverfisþættir og útbreiðsla laxfiska á vestanverðum Vestfjörðum*. Veiðimálastofnun. VMST/16013. 20 bls.
- Verspoor, E., Stradmeyer, L., og Nielsen, J.L. (ritstj.) (2007). *The Atlantic Salmon: Genetics, Conservation and Management*. Blackwell Publishing, Oxford. 500 bls.

Viðauki



Viðauki 1. Nöfn á við 3. mynd.



HAFRANNSÓKNASTOFNUN

Rannsókn- og ráðgjafarstofnun hafs og vatna