

HV 2023-25
ISSN 2298-9137



HAF- OG VATNARANNSÓKNIR

MARINE AND FRESHWATER RESEARCH IN ICELAND

Erfðablöndun villts íslensks lax (*Salmo salar*)
og eldislax af norskum uppruna /
Hybridization between wild Icelandic salmon (*Salmo salar*)
and farmed salmon of Norwegian origin

*Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Sten Karlsson, Hlynur Bárðarson,
Ingerid Julie Hagen, Áki Jarl Láruson, Sæmundur Sveinsson og Davíð Gíslason*

HAFNARFJÖRÐUR – JÚLÍ 2023

Erfðablöndun villts íslensks lax (*Salmo salar*)
og eldislax af norskum uppruna /
Hybridization between wild Icelandic salmon (*Salmo salar*)
and farmed salmon of Norwegian origin

*Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Sten Karlsson, Hlynur Bárðarson,
Ingerid Julie Hagen, Áki Jarl Láruson, Sæmundur Sveinsson og Davíð Gíslason*

Upplýsingablað

Titill: Erfðablöndun villts íslensks lax (*Salmo salar*) og eldislax af norskum uppruna / Hybridization between wild Icelandic salmon (*Salmo salar*) and farmed salmon of Norwegian origin

Höfundur: Leó Alexander Guðmundsson¹, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir¹, Sten Karlsson², Hlynur Bárðarson¹, Ingerid Julie Hagen², Áki Jarl Láruson¹, Sæmundur Sveinsson³ og Davíð Gíslason³

¹) Hafrannsóknastofnun

²) Norsk institutt for naturforskning (NINA)

³) Matís ohf.

Skýrsla nr:

HV 2023-25

Verkefnisstjóri:

LAG

Verknúmer:

13166, 15026

ISSN

2298-9137

Fjöldi síðna:

74

Útgáfudagur:

3. júlí 2023

Unnið fyrir:

Hafrannsóknastofnun

Dreifing:

Opin

Yfirfarið af:

Guðni Guðbergsson

Ágrip

Erfðablöndun við eldislax getur breytt erfðasamsetningu villtra stofna, leitt af sér breytingum í lífsögulegum þáttum og jafnvel valdið hnignun stofna. Á Íslandi er sjókvíaeldi á laxi af norskum uppruna vaxandi atvinnugrein. Framleiðsla á eldislaxi hefur farið úr því að vera nánast engin árið 2010 upp í 43.000 tonn árið 2022. Samkvæmt núgildandi ráðgjöf Hafrannsóknastofnunar (áhættumat erfðablöndunar) er talið að hægt sé að ala 106.500 tonn af frjóum laxi án þess að það valdi neikvæðum áhrifum á nytjastofna villtra laxa. Í erfðarannsókn frá 2017, þar sem notast var við 15 örtungl (e. microsatellites), fundust merki um erfðablöndun í ám í nálægð við sjókvíaeldi á Vestfjörðum. Í þessari rannsókn voru laxasýni tekin í ám hringinn í kringum landið og sýnafjöldi var tæplega tíu sinnum meiri. Alls voru 6.348 laxaseiði úr 89 ám rannsökuð og áhersla lögð á svæði í nálægð við sjókvíaeldi. Flest sýni tilheyrðu hrygningarárgöngum 2014-2018 þegar framleiðsla á eldislaxi var um 6.900 tonn að meðaltali. Sýni voru erfðagreind með 60.250 samsætum (SNP-erfðamörkum) og erfðaupplýsingar 250 eldislaxa nýttar til samanburðar. Stuðull erfðamunar (FST) milli íslenskra laxa og eldislaxa var 0,14 að meðaltali (miðað við 34.700 SNP) og 0,62 fyrir þau erfðamörk sem sýndu mestan aðskilnað milli hópanna tveggja (196 SNP). Erfðablöndun var greind með fjölþáttagreiningu (PCA) og í líkönum forritanna ADMIXTURE, STRUCTURE og NewHybrids. Alls greindust 133 fyrstu kynslóðar blendingar (afkvæmi eldislaxa og villtra laxa) í 17 ám (2,1% sýna, innan 18% áa). Eldri blöndun (önnur kynslóð eða eldri) greindist í 141 seiðum í 26 ám (2,2% sýna, innan 29% áa). Fyrstu

kynslóðar blendingar voru algengari á Vestfjörðum en Austfjörðum sem er í samræmi við að eldið á Austfjörðum hófst síðar og hefur verið umfangsminna. Erfðablöndun greindist yfirleitt í minna en 50 km fjarlægð frá eldissvæðum en nokkrir blendingar fundust í allt að 250 km fjarlægð. Aftur á móti var eldri erfðablöndun tíðari á Austfjörðum en Vestfjörðum og tengist líklegast eldinu sem þar var starfrækt í byrjun þessarar aldar. Eldri erfðablöndun var mest áberandi í Breiðdalsá og greindist í 32% (72 af 228) seiðanna. Þörf er á frekari rannsóknum á kynslóðaskiptingu blendinga, umfangi og orsökum dreifingar eldri blöndunar. Rannsóknin greindi sem fyrr segir áhrif frá upphafsárum núverandi eldis, meðan framleiðslumagn var lítið, og eldri tilrauna í sjókvíaeldi. Niðurstöðurnar í þessari skýrslu sýna að erfðablöndun hefur orðið við hlutfallslega lítið eldismagn.

Abstract

Hybridization of farmed salmon with wild populations can alter local genetic composition, lead to changes in life-history traits and possibly even population declines. In Iceland, production of a Norwegian origin of salmon in sea-cages is a growing industry. Production of farmed salmon has gone from almost nothing in 2010 to 43,000 tons in 2022. According to the current advice of the Marine and Freshwater Research Institute (risk assessment of genetic mixing) 106,500 tons of fertile salmon can be farmed without causing a negative impact on harvestable wild salmon populations. In a genetic study from 2017, analysis of 15 microsatellites revealed signatures of hybridization in the vicinity of salmon farms in the Westfjords. In this study, sampling was conducted around the country and the number of samples was almost ten times higher. A total of 6,348 salmon juveniles from 89 rivers were studied with emphasis on areas close to salmon farms. Most samples belonged to the spawning cohorts of 2014-2018, when the production of farmed salmon was 6,900 tons on average. Samples were analyzed with 60,250 single-nucleotide polymorphism (SNP) markers, with genetic information of 250 farmed salmon used as a baseline. A summary of genetic difference (F_{ST}) between Icelandic salmon and farmed salmon was 0.14 on average (34,700 SNPs) and 0.62 for the SNP's showing the greatest differentiation between the two groups (196 SNPs). Hybridization was analyzed by principal component analysis (PCA) and with model approaches implemented in the softwares ADMIXTURE, STRUCTURE and NewHybrids. A total of 133 first-generation hybrids (offspring of farmed and wild salmon) were detected in 17 rivers (2.1% of samples, in 18% of sampled rivers). Older hybridization (second generation or older) was detected in 141 juveniles in 26 rivers (2.2% samples, 29% of rivers). First-generation hybrids were more common in the Westfjords than in the Eastfjords, which follows the fact that the current farming in the Eastfjords started later and is less extensive than in the West. First-generation hybrids were usually detected less than 50 km from farming areas, but few were found in rivers up to 250 km away. Older hybridization events, on the other hand, were more frequently detected in the Eastfjords than in the Westfjords and is most likely related to the farming that operated there at the beginning of this century. Older hybridization events were most noticeable in the River Breiðdalsá and were determined in 32% (72 out of 228) of juveniles. Further examination of the generational range of hybridization, as well as the extent and causes of the spread of older hybridization events is needed. As mentioned above, this study focuses on the initial years of the ongoing salmon farming operations, while the production volume was low, and the effects of earlier experiments in salmon sea-cage farming. The results show that hybridization has occurred at relatively low production levels.

Lykilorð: erfðablöndun, villtur lax, eldislax, sjókvíaeldi, umhverfisáhrif

Undirskrift verkefnisstjóra:

Leó Alexander Guðmundsson

Undirskrift forstöðumanns sviðs:

Guðni Guðbergsson

Efnisyfirlit

Töfluskra	i
Myndaskra	i
Viðaukaskra	ii
Inngangur	1
Framkvæmd	2
Sýni og erfðagreining	2
Gagnameðhöndlun	6
Greining á erfðablöndun	6
Greining á fjölda og kyn stökulaxa sem lögðu til hrygningar	7
Niðurstöður	8
Umræður	19
Niðurlag	27
Þakkarorð	29
Heimildir	30
Viðaukar	36

Töfluskra

Tafla 1. Mat á fjölda eldislaxa sem tóku þátt í hrygningu þeirra seiða sem greind voru, skipt eftir ám og árum. Fjöldi eldis- og F1-blendingsseiða eru uppgefin ásamt upplýsingum um systkinahópa (greint í COLONY). Neðst í töflu er fjöldi stökulaxa sem bárust Hafrannsóknastofnun til greiningar og staðfestir sem slíkir. 18

Myndaskra

- 1. mynd.** Árlegt framleiðslumagn (í tonnum) á eldislaxi af norskum uppruna úr sjókvíum við Ísland skipt eftir framleiðslusvæðum. Kassi með brotalínum er dreginn utan um það tímabil sem sýni verkefnisins taka helst til og lóðrétt punktalína sýnir yngsta hrygningarárganginn sem sýni voru tekin af. Lárétt strikaalína efst á mynd sýnir leyfilegt framleiðslumagn skv. endurskoðuðu áhættumati erfðablöndunar 2020 (106.500 tonn). 3
- 2. mynd.** Staðsetning 89 ára og ártal sýnatöku 6.614 erfðasýna af laxaseiðum. Gráir þríhyrningar gefa til kynna að yfirleitt voru fáir fiskar valdir á grunni vísbendinga um mögulega erfðablöndun (greining örtungla) eða til að styrkja gagnagrunn erfðaupplýsinga villtra laxa ($N = 218$). Að baki sýnatöku úr hverri á geta verið ein eða fleiri sýnatökustöðvar, allt upp í átta 5
- 3. mynd.** Niðurstöður fjölþáttgreiningar (PCA) á öllum löxum verkefnisins sem greind voru með 34.700 SNP. Seiði úr ám ($N = 6.348$) eru pastel rauð og eldislaxar af norskum uppruna (fullorðnir stökulaxar og klakfiskar, $N = 250$) eru sægrænir. Á mynd eru sýndar víddir PC1 og PC3. Greinilegur hópur fiska sést koma fyrir mitt á milli íslensk lax og eldislax. 9
- 4 mynd.** Efri myndin (a) sýnir samanburð á erfðahlutdeild (q -gildi) allra greindra laxa ($N = 6.598$) úr forritunum ADMIXTURE (34.700 SNP) og STRUCTURE (196 SNP) m.v. tvo erfðahópa ($K = 2$). Neðri myndin (b) sýnir sömu q -gildi úr STRUCTURE og á efri mynd nema borin saman við $P(wild)$ úr sama

forriti með 50 SNP, skv. aðferð Karlsson o.fl. (2014). Q -gildi og $P(wild)$ eru frá 0 til 1 þar sem 0 er eldislax með mestan aðskilnað frá villtum og 1 er villtur með mestan aðskilnað frá eldi.....	11
5 mynd. Erfðahlutdeild (q -gildi) allra laxaseiða ($N = 6.348$) úr ADMIXTURE- og STRUCTURE-greiningum. Q -gildum er raðað frá háum gildum til lágra. Myndin byggir á sömu gildum og 4. mynd. Q -gildi sem ekki haldast nálægt 0 eða 1 gefa til kynna mögulega erfðablöndun.....	12
6 mynd. Dreifing erfðablöndunar villts lax og eldislax (gömul og ný) í ám skv. greiningu í NewHybrids á öllum laxaseiðum (stutt niðurstöðum greininga annarra aðferða). Bláir punktar merkja að engin erfðablöndun greindist. Appelsínugulir punktar merkja að erfðablöndun greindist hjá einum eða fleiri fiskum. Appelsínugulir punktar með krossi eru sýni frá 2004	13
7 mynd. Dreifing fyrstu kynslóðar blendinga (F1-blendinga) villts lax og eldislax af norskum uppruna skv. greiningu í NewHybrids. Sýnin ná til hrygningarárganga 2012 og 2014-2019.....	14
8 mynd. Niðurstöður greininga úr NewHybrids á erfðablöndun villts lax og eldislax meðal seiða á Vestfjörðum úr sýnatökum árána 2018 (a-b) og 2019 (c-d). Á fyrri myndum beggja sýnatökuára (myndir a og c) sést hlutdeild villtra seiða (blár), blendinga (appelsínugulur) og eldisseiða (túrkisblár) auk fiska með óvissa greiningu (hvítur). Stærð svartra hringja tákna hlutfallslegan sýnafjölda. Á seinni myndum (b-d) er greint á milli F1-blendinga (rauður) og eldri blöndunar, þ.e. blendinga F1-blendinga og villtra (gulur). F2-blendingar greindust ekki í sýnunum en slíkur blendingur fannst í Botnsá í Tálknafirði í sýni sem tekið var 2016.....	15
9 mynd. Niðurstöður greininga úr NewHybrids á erfðablöndun villts lax og eldislax meðal seiða á Austfjörðum úr sýnatökum árána 2017 (a-b) og 2020 (c-d). Á fyrri myndum beggja sýnatökuára (myndir a og c) sést hlutdeild villtra seiða (blár), blendinga (appelsínugulur) og eldisseiða (túrkisblár) auk fiska með óvissa greiningu (hvítur). Stærð svartra hringja tákna hlutfallslegan sýnafjölda m.t.t. sýna á Vestfjörðum (þ.e. sýna á 8. mynd). Á seinni myndum (b-d) er greint á milli F1-blendinga (rauður) og eldri blöndunar, þ.e. blendinga F1-blendinga og villtra (gulur) og F2-blendinga (grænn).16	16

Viðaukaskrá

Viðauki 1a. Yfirlit yfir meginhluta sýna rannsóknarinnar. Fram kemur staðsetning sýnatöku (landsvæði, á og hnit), dagsetning, stærð sýnatökusvæða og fjöldi laxaseiða sem greind voru með 60.250 SNP-erfðamörkum	36
Viðauki 1b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 1a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á, skipt eftir ári sýnatöku ef við á. Myndir sýna niðurstöður greininga í STRUCTURE, ADMIXTURE og NewHybrids fyrir hvern fisk.....	40
Viðauki 2a. Yfirlit yfir öll sýni af laxaseiðum sem Hafrannsóknastofnun (áður Veiðimálastofnun) hefur tekið á árabílinu 2015 til 2017 og greind hafa verið með SalSea-erfðamörkum (15 örtunglum). Sum seiðanna voru greind í þessari rannsókn.	53
Viðauki 2b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 2a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á. Þríhyrningar tákna erfðahlutdeild ($P(wild)$) fiska skv. aðferð Karlsson o.fl. (2014) með SalSea-erfðamörkum og gildum er raðað frá háum gildum til lágra. Niðurstöður þeirra fiska sem einnig voru erfðagreindir með SNP-erfðamörkum eru sýndar á myndum skv. lýsingu í viðauka 1b.....	56
Viðauki 3a. Yfirlit yfir sýni af laxaseiðum sem Veiðimálastofnun (nú Hafrannsóknastofnun) safnaði árið 2004 og greind hafa verið með SalSea-erfðamörkum (15 örtunglum). Sum seiðanna voru einnig greind með SNP-erfðamörkum í þessari rannsókn. Fram kemur staðsetning sýnatöku (landsvæði, á og hnit) og fjöldi fiska sem greind voru með SalSea- og SNP-erfðamörkum	63

Viðauki 3b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 3a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á. Þríhyrningar tákna erfðahlutdeild (q) fiska skv. STRUCTURE á SalSea-erfðamörkum og q -gildum er raðað frá háum gildum til lágra	64
Viðauki 4. Niðurstöður NewHybrids á flokkun seiða í villt, eldi, F1-blendinga, F2-blendinga, blendinga F1-blendinga X villtra og óvissuflokk.....	68
Viðauki 5. Samanburður á niðurstöðum greininga á erfðablöndun fiska úr STRUCTURE, þ.e. milli $P(wild)$ og q -gilda.	74

Inngangur

Framleiðsla á norskættuðum eldislaxi (*Salmo salar*) í sjókvíum hefur vaxið hratt á Íslandi á undanförunum árum og farið úr því að vera nánast engin árið 2010 upp í 43.000 tonn árið 2022. Á Íslandi er sjókvíaeldið, sem og hraður vöxtur greinarinnar, mörgum áhyggjuefni vegna margvíslegra umhverfisáhrifa sem geta fylgt starfseminni, t.d. neikvæðra áhrifa á villta laxastofna. Almennt geta umhverfisáhrif laxeldis í sjókvíum verið margbætt en þeir þættir sem snúa að villtum stofnum laxa og laxfiska eru helst erfðablöndun, útbreiðsla sjúkdóma og fjölgun laxalúsa í umhverfinu (Naylor o.fl. 2005; Svásand o.fl. 2016; Vitenskapelig råd for lakseforvaltning 2022).

Á Íslandi fer framleiðsla á laxi í sjó fram á Vestfjörðum (68% framleiðslunnar 2022) og Austfjörðum (32%) en víðast hvar annars staðar umhverfis landið er starfsemin óheimil til verndar íslenskum laxastofnum (Guðjónsson og Scarnecchia 2009) eða umhverfisaðstæður óhagstæðar. Sjókvíaeldi á eldislaxi af norskum uppruna hefur áður verið reynt á Íslandi. Stærsta tilraunin var gerð á Austfjörðum í upphafi aldarinnar og náði framleiðsla mest um 6.000 tonnum. Árið 2019 var *áhættumat erfðablöndunar* innleitt í lög sem ákveðið stjórnþæki á framleiðslumagni þar sem markmiðið er að *koma í veg fyrir hugsanleg spjöll á villtum nytjastofnum* (Lög um fiskeldi nr. 71/2008 með síðari breytingum). Samkvæmt matinu er heimilt að framleiða 106.500 tonn á ári á Íslandi. Talið er að núverandi framleiðslugeta í sjókvíaeldi á laxi sé um helmingur þess eða um 50.000 tonn á ári (MAST 2022).

Rannsóknir sýna að íslenskir laxastofnar eru erfðafræðilega frábrugðnir öðrum stofnum Atlantshafslax á útbreiðslusvæði hans og mynda sérstaka þróunarlínu (Daníelsdóttir o.fl. 1997; King o.fl. 2001; Verspoor o.fl. 2005; Ozerov o.fl. 2013; Rougemont og Bernatchez 2018). Mismunandi þróunarlínur má finna hjá villtum laxi í Evrópu og endurspegla þær aðskilnað fyrir eða um lok síðustu ísaldar (Finnegan o.fl. 2013).

Almennt er talið að villtir laxastofnar séu aðlagðir að umhverfisaðstæðum landsvæða/sjávar og jafnvel staðbundnum aðstæðum í ám (Garcia de Leaniz o.fl. 2007; Fraser o.fl. 2011; O'Toole o.fl. 2015; Kjærner-Semb o.fl. 2016; Lehnert o.fl. 2020). Á hinn bóginn má segja að eldislaxar séu aðlagðir að eldisaðstæðum en eldisumhverfið og kynbætur leiða til breytinga á erfðasamsetningu þeirra (Waples 1999; Garcia de Leaniz o.fl. 2007; Jonsson og Jonsson 2011). Erfðamunurinn endurspeglast í þáttum sem snúa að atferli, svipfari og lífeðlisfræðilegum ferlum (Jonsson og Jonsson 2011). Að auki getur erfðamunur endurspeglað eldri þróunarfræðilegan mun foreldrastofna eldislaxa og villtra laxa, t.d. á Íslandi og í Skotlandi þar sem alinn er lax af norskum uppruna (Guðjónsson og Scarnecchia 2009; Gilbey o.fl. 2021; Bradbury o.fl. 2022).

Langt er síðan varað var við mögulegum skaðlegum áhrifum erfðablöndunar laxfiska af eldisuppruna og villtra stofna (Behnke 1972; Maitland 1986; Hindar o.fl. 1991). Rannsóknir hafa síðan sýnt að þrátt fyrir minni æxlunarárangur fullorðinna eldislaxa og vals gegn blendingum í náttúrunni hefur erfðablöndun við eldislax breytt erfðasamsetningu margra villtra laxastofna (Fleming o.fl. 1996; Skaala o.fl. 2006, 2019; Glover o.fl. 2012, 2013; Wacker o.fl. 2021). Enn fremur að erfðablöndun hefur valdið breytingum á lífssögu og hæfnispáttum og þannig getað leitt til hnignunar stofna (Fleming o.fl. 2000; McGinnity o.fl. 2003; Bourret o.fl. 2011; Bolstad o.fl. 2017; 2021; Besnier o.fl. 2022). Erfðablöndun hefur greinst í þeim löndum þar sem sjókvíaelði á laxi er stundað á útbreiðslusvæði lax og þar sem það hefur verið kannað. Þannig hefur hún greinst í mörgum ám í Noregi, Skotlandi og Kanada (Wringe o.fl. 2018; Diserud o.fl. 2020; Gilbey o.fl. 2021). Umfang erfðablöndunar virðist aðallega háð framleiðslumagni, fjarlægð frá eldi og hlutfall strokulaxa í stofnum (Karlsson o.fl. 2016; Keyser o.fl. 2018; Diserud o.fl. 2022).

Á Íslandi fundust árið 2017 vísbendingar um erfðablöndun á Vestfjörðum (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017a). Í þeirri rannsókn voru um 700 laxaseiði rannsökuð með 15 örtunglum (e. microsatellites). Niðurstöðurnar voru ekki alltaf afgerandi og ekki hægt að greina á milli fyrstu kynslóðar blendinga og eldri blöndunar enda ekki nægilegur erfðamunur milli hópa m.t.t. fjölda greindra örtungla (Vähä og Primmer 2006). Því hefur verið þörf á öflugri aðferðum til greiningar á erfðablöndun. Í þessari rannsókn voru 6.348 laxaseiði rannsökuð úr 89 ám með 60.250 SNP-erfðamörkum og áhersla lögð á svæði í nálægð við sjókvíaelði. Til samanburðar voru erfðaupplýsingar 250 eldislaxa nýttar við greiningar. Flest sýni tilheyrðu hrygningarárgöngum 2014-2018 þegar framleiðsla á eldislaxi var um 6.900 tonn að meðaltali.

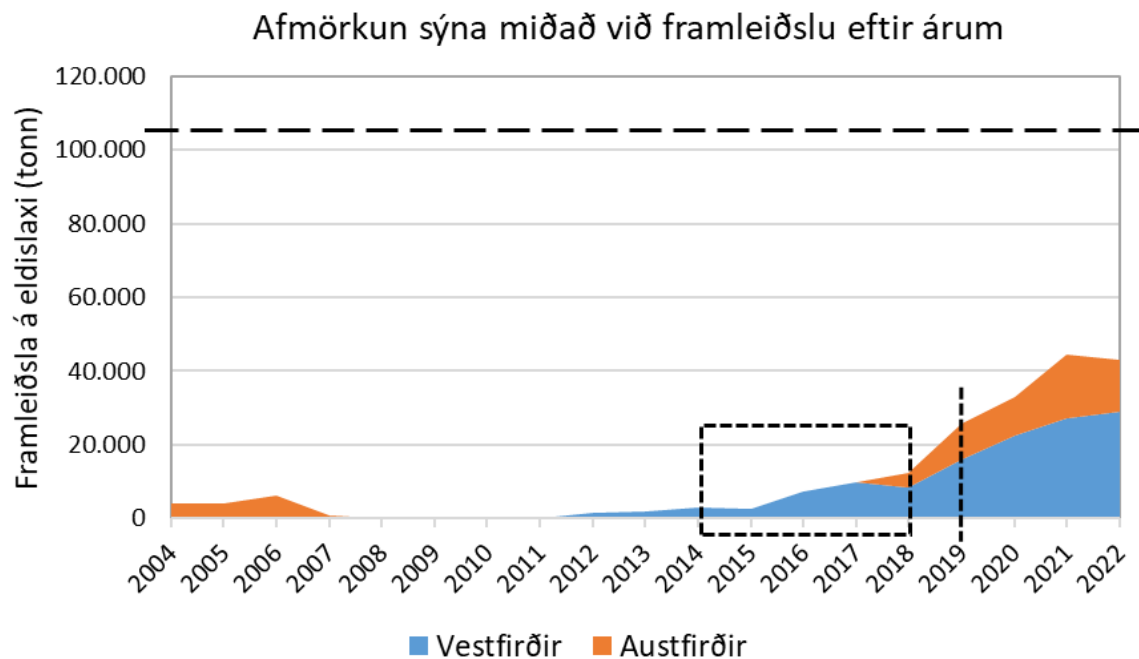
Framkvæmd

Sýni og erfðagreining

Á undanförunum árum hefur Hafransóknastofnun safnað erfðasýnum úr laxaseiðum úr ám hringinn í kringum landið (verklagi við sýnatöku t.d. lýst í Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017a). Tilgangurinn með sýnatökunni hefur verið að greina mögulega erfðablöndun og kortleggja erfðasamsetningu og stofngerð laxastofna. Áhersla hefur verið lögð á söfnun sýna úr ám nærri eldissvæðum, þar sem meiri hættu er á erfðablöndun, en einnig fjærri eldissvæðum til að meta mögulega útbreiðslu erfðablöndunar.

Sýni af eldissvæðum sem greind voru með SNP-erfðamörkum í þessari rannsókn eru að mestu úr leiðöngurum sem farnir voru 2018 og 2019 á Vestfirði og 2017 og 2020 á Austfirði. Árið 2020 var auk sýnasöfnunar á Austfjörðum safnað úr ám víða um landið og voru þau sýni greind í rannsókninni fyrir utan 384 fiska úr ám á Norðausturlandi og Suðurlandi. Erfðagreining þeirra

sýna mistókst vegna bilunar í tækjabúnaði en verður endurtekin síðar. Af Suðvestur- og Vesturlandi voru 751 sýni úr sjö ám send í erfðagreiningu, af Vestfjörðum voru sýnin 4.220 úr 39 ám, 598 sýni úr sjö ám af Norðvestur- og Norðurlandi, 602 sýni úr 13 ám af Norðausturlandi, Austfjörðum og Suðausturlandi og loks 225 sýni úr átta ám af Suðurlandi. Almennt var safnað úr mismunandi árgöngum á hverri sýnatökustöð, venjulega úr þremur til fimm. Sýnin tilheyra því hrygningarárgöngum 2012-2019 en yfirleitt eru eldri árgangar færri í sýnum, þ.e. 3-5⁺ seiði. Ef einnig er horft til þess að 0⁺ seiði eru minna dreifð innan áa en eldri árgangar (og því meiri hættu á söfnun systkinahópa) ásamt því að sýnataka fer fram á afmörkuðum svæðum, má draga þá ályktun að hrygningarárgöngum 2014-2018 sé best lýst í verkefninu. Á þeim árum var framleiðsla á eldislaxi í sjókvímum 2.500 til 12.200 tonn, 6.900 tonn að meðaltali (1. mynd). Í viðauka 1a við skýrsluna er yfirlit yfir fjölda erfðagreindra sýna og sýnatökustaði.



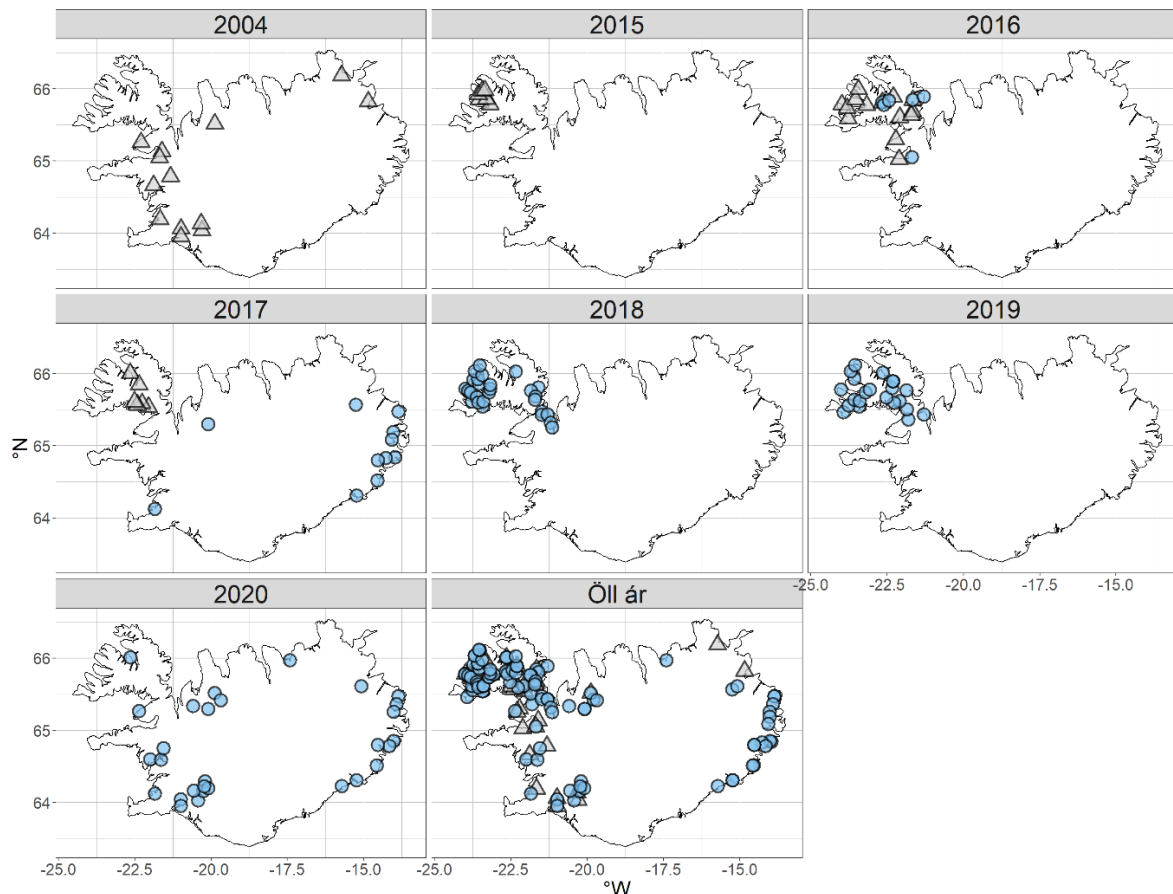
1. mynd. Árlegt framleiðslumagn (í tonnum) á eldislaxi af norskum uppruna úr sjókvímum við Ísland skipt eftir framleiðslusvæðum. Kassi með brotalínum er dreginn utan um það tímabil sem sýni verkefnisins taka helst til og lóðrétt punktalína sýnir yngsta hrygningarárganginn sem sýni voru tekin af. Lárétt strikaalína efst á mynd sýnir leyfilegt framleiðslumagn skv. endurskoðuðu áhættumati erfðablöndunar 2020 (106.500 tonn).

Figure 1. Yearly production volume (in tons) of farmed salmon of Norwegian origin from sea cages in Iceland by production areas. A box is drawn around the period best described by the project's samples, and a vertical dotted line displays the youngest spawning cohort collected. The horizontal dashed line at the top of the figure shows the permitted production volume according to the revised risk assessment of genetic mixing 2020 (106,500 tons).

Til viðbótar voru 175 sýni frá 2015-2017, úr tveimur ám af Vesturlandi og 25 ám af Vestfjörðum, send til greiningar. Þau höfðu, ásamt ofangreindum sýnum af Austfjörðum 2017, áður verið erfðagreind með 15 örtunglum (SalSea-erfðamörk (Ellis o.fl. 2011); alls 2.463 fiskar) og sumar niðurstöður greininganna áður birst í skýrslu (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017a, 2018a). Sýni frá þeim árum voru valin á grunni vísbendinga um mögulega erfðablöndun (ekki tæmandi úttekt), byggða á greiningu SalSea-erfðamarka, eða voru valin til þess að styrkja gagnagrunn erfðaupplýsinga um íslenska laxastofna. Í nokkrum tilvikum voru fyrirbyggjandi erfðaupplýsingar notaðar til að greina og eyða systkinahópum úr sýnum áður en þau voru send til greiningar með SNP. Í viðauka 2a er yfirlit yfir þessi tilteknu sýni og sýnatökustaði. Í viðaukanum má einnig finna yfirlit yfir öll sýni Hafrannsóknastofnunar sem greind hafa verið með SalSea-erfðamörkum á þessu árabili. Þess má geta að sýni frá 2017 eru síðustu sýnin sem erfðagreind voru með SalSea-erfðamörkum í þeim tilgangi að greina erfðablöndun.

Loks voru 43 sýni frá árinu 2004 send til greiningar en þau voru úr 14 ám hringinn í kringum landið. Sýnin tilheyra stærra sýnasafni ($N = 2.203$) vegna doktorsverkefnis Kristins Ólafssonar um stofngerð lax á Íslandi og höfðu áður verið greind með SalSea-erfðamörkum. Sýnin voru tekin fljótlega eftir að sjókvíaelði á norskum laxi hófst fyrir alvöru á Íslandi og því fyrirfram talin án erfðablöndunar vegna strokulaxa úr kvíum að mestu eða öllu leyti. Skoðun á SalSea-erfðagögnum þessara sýna bentu til erfðablöndunar í sumum tilvikum. Nokkur slík tilvik voru send til frekari greiningar með SNP-erfðamörkum ásamt nokkrum sýnum þar sem enginn grunur var um erfðablöndun. Líta má á SNP-greiningu fiskanna frá 2004 sem ákveðna forkönnun en óvissa var um gæði þeirra erfðasýna vegna aldurs. Í viðauka 3a er yfirlit yfir sýnin frá 2004 og hversu mörg hafa verið greind með SalSea- og SNP-erfðamörkum. Að auki eru niðurstöður greininga á erfðablöndun allra fiska sem Hafrannsóknastofnun hefur látið greina með SalSea-erfðamörkum að finna í viðaukum 2b og 3b. Ekki verður fjallað um þær niðurstöður sérstaklega í þessari rannsókn nema minnst á ákveðin dæmi í umræðum.

Samantekið fyrir öll ár voru 6.998 seiði úr 89 ám send í SNP-greiningu, sýnatökustöðvar/sýnatökur voru a.m.k. 263 og rafveiðisvæði samanlagt $>50.000 \text{ m}^2$.



2. mynd. Staðsetning 89 áa og ártal sýnatöku 6.614 erfðasýna af laxaseiðum. Gráir þríhyrningar gefa til kynna að yfirleitt voru fáir fiskar valdir á grunni vísbendinga um mögulega erfðablöndun (greining örtungla) eða til að styrkja gagnagrunn erfðaupplýsinga villtra laxa (N = 218). Að baki sýnatöku úr hverri á geta verið ein eða fleiri sýnatökustöðvar, allt upp í átta. Sjá nánari upplýsingar um sýni í viðaukum 1a, 2a og 3a.

Figure 2. Location of 89 rivers and sampling year of 6,614 genetic samples of salmon juveniles. Gray triangles indicate few fish selected on the basis of evidence of possible hybridization (microsatellite analysis) or to strengthen the database of genetic information of wild salmon (N = 218). Each river was sampled at one or more locations, up to eight. More sampling information is shown in appendices 1a, 2a and 3a.

Viðmiðunarsýni af 193 norskum eldislögum, sem þegar höfðu verið erfðagreindir með sömu SNP-erfðamörkum og í þessari rannsókn, var nýtt fyrir verkefnið. Fiskarnir voru undaneldislaxar hjá Stofnfiski (nú Benchmark Genetics Iceland) af hrygningarárgöngum 2014-2017. Að auki voru sýni úr 69 strokulögum send til greiningar en þeir bárust Hafrannsóknastofnun (og áður Veiðimálastofnun) á árabílinu 2014-2020.

Erfðaefni var einangrað úr lífsýnum hjá fyrirtækinu BioBank AS í Noregi og þynnt í réttan styrkleika. Því næst var erfðagreining með 60.250 SNP-erfðamörkum (Affymetrix SNP array) framkvæmd hjá norska fyrirtækinu CIGENE. Fyrirtækið gæðaprófaði hvert SNP-erfðamark og flokkaði í sex mismunandi hópa eftir eiginleikum og gæðum greininga (Thermo Fisher 2023). Sýni af lögum voru greind í tveimur lotum (e. batches), u.þ.b. helmingur fiska í senn, eða í þremur lotum ef viðmiðunarsýnin frá Stofnfiski eru talin með.

Gagnameðhöndlun

SNP-erfðagögn voru umbreytt úr 012 formatti í ATGC PLINK formatt (.ped og .map) í forritinu snptranslate sem aðgengilegt er á vefslóðinni <https://github.com/haraldgrove/snptranslate>. Gagnasöfnin þrjú voru sameinuð að undangenginni hreinsun sem einkum fól í sér brottfalli tiltekinna SNP flokka og SNP sem ekki voru erfðagreindir með sambærilegum hætti milli lota (e. batch effect). Nánar tiltekið, SNP flokkarnir „MonoHighResolution“, „OTV“, „CallRateBelowThreshold“ og „Other“ voru fjarlægðir skv. ráðleggingum CIGENE og „PolyHighResolution“ og „NoMinorHom“ haldið eftir (flokkar útskýrðir í Thermo Fisher 2023). Auk þess voru SNP án upplýsinga um staðsetningu í erfðamengi fjarlægðir. Tekin voru frá 159 SNP-erfðamörk á hvatberalitningi (e. mitochondrial chromosome) og ekki notuð í eiginlegri greiningu á erfðablöndun þar sem litningurinn er einlitna og erfist eingöngu frá móður. Þeir voru hins vegar nýttir í öðrum tilgangi, sjá neðar.

Ósamræmi eða villur í ákvörðun samsæta milli lota eða gagnasafna (e. scoring error), þ.e. ósamræmi í því hvort samsæta var skilgreind sem algengari (e. major allele) eða fágætari (e. minor allele), var kannað með greiningu á erfðajafnvægi (e. Hardy-Weinberg equilibrium) og erfðamun einstakra SNP meðal fiska sem tilheyrðu sömu stofnum en greindir í mismunandi lotum (UK BioBank 2015; Pritchard o.fl. 2016). Þau SNP-erfðamörk sem sýndu merki um ósamræmi voru flokkuð frá. Erfðajafnvægi var reiknað í PLINK v. 1.9 (Chang et al., 2015) með skipuninni `-hwe 0.0001` og erfðamunur (e. genotypic differentiation; $p < 0.0001$) í GENEPOP v. 4.7.5 í R (Raymond og Rousset 1995; Rousset 2008). Að því loknu voru SNP með $>10\%$ eyðum og með $<1\%$ tíðni fágætari samsæta eytt í PLINK með skipununum `-geno 0.1` og `-maf 0.01`; fyrst fyrir Stofnfisk sýnið og síðan fyrir öll sýnin saman. Að lokum voru SNP í tengslaójafnvægi (e. linkage disequilibrium) fjarlægð úr heildargögnum með skipuninni `-indep-pairwise 50 5 0.5` í PLINK. CIGENE var þegar búið að taka út fiska með $>10\%$ eyðum í gögnum og voru þeir fiskar ekki hafðir með í greiningum.

Greining á erfðablöndun

Greining á erfðablöndun var framkvæmd með nokkrum mismunandi aðferðum. Fyrst voru heildargögn (að lokinni hreinsun) skoðuð með fjölþáttagreiningu (PCA) í PLINK. Öll seiði úr ám, ásamt strokulöxum og eldislöxum úr eldisstöð, voru greind saman. Því næst var forritið ADMIXTURE (Alexander o.fl. 2009) notað á sömu gögn til greingar á uppruna eða erfðahlutdeildar (e. admixture proportions), þ.e. hvort fiskar séu af íslenskum og/eða af norskum uppruna og að hve miklu leyti. ADMIXTURE, sem er sérsniðið að greiningu stórra SNP gagnasafna, byggir á aðferð sennilegustu gilda (e. maximum likelihood) og metur erfðahlutdeild hvers einstaklings (q -gildi á bilinu núll til einn) til erfðahópa (K). Notast var við

sjálfgefnar stillingar, tvo erfðahópa í gögnum ($K = 2$) og engar fyrirfram upplýsingar um uppruna fiska veittar. Stofnar af Suðurlandi voru greindir sér þar sem þeir eru talsvert frábrugðnir öðrum stofnum á Íslandi (Ólafsson o.fl. 2014) en flokkun þeirra sýna styrktist við þá tilhögun (sjá einnig Karlsson o.fl. 2016).

Að lokinni greiningu í ADMIXTURE var gagnasafnið smættað og 196 SNP valdir sem sýndu mestan aðskilnað milli íslenskra laxa og eldislaxa af norskum uppruna. SNP voru valdir á grundvelli F_{ST} -gilda sem reiknuð voru í PLINK milli seiða af íslenskum uppruna (fiskar með $q \geq 0,90$ úr ADMIXTURE-greiningunni) og eldislaxa (bæði strokulaxa og laxa úr eldisstöð). Í þeim greiningum var Suðurlandi haldið sér líkt og að ofan er greint frá. Smættað gagnasafn var greint í forritunum STRUCTURE v. 2.3.4 (Pritchard o.fl. 2000; Falush o.fl. 2003) og NewHybrids (Anderson og Thompson 2002). Líkt og ADMIXTURE greinir STRUCTURE erfðahlutdeild hvers einstaklings (q -gildi á bilinu núll til einn) til erfðahópa (K), auk 90% líkindamarka (e. probability limits), en greining byggir á Bayesískri tölfræði og Markov chain Monte Carlo (MCMC)-hermun. Í greiningunni voru engar fyrirfram upplýsingar um uppruna fiska veittar og eftirfarandi stillingar notaðar: *Admixture model, allele frequencies correlated among pops*. Sérfræðingar NINA (Norsk institutt for naturforskning) greindu erfðahlutdeild sömu fiska í STRUCTURE með annarri nálgun. Úr hreinsuðum heildargögnum voru 50 SNP valdir, sem sýndu mestan aðskilnað milli eldislaxa og villtra laxa, og erfðahlutdeild eða $P(\text{wild})$ reiknað skv. forskrift sem lýst er í Karlsson o.fl. (2014; 2016). Í einfaldri mynd er $P(\text{wild})$ það sama og q -gildi en nálgunin er ólík að því leyti að hver fiskur er greindur sérstaklega og viðmiðunarsýnin (eldislax og villtur lax) eru búin til með hermun (e. simulation).

Forritið NewHybrids, sem einnig byggir á Bayesískri tölfræði og MCMC-hermun, var notað til að flokka seiði í sex mismunandi hópa eftir uppruna. Nánar tiltekið, forritið metur líkur (e. posterior probability) á því hvort fiskur tilheyrir öðrum af tveimur foreldrahópum (villtur lax eða eldislax), fyrstu kynslóðar blendingum (F1; afkvæmi villtra laxa og eldislaxa), annarra kynslóða blendingum (F2; afkvæmi tveggja F1-blendinga) og að lokum hópa blendinga þar sem F1-blendingar bakæxlast annað hvort við villta laxa eða eldislaxa, þ.e. F1-blendingur X villtur lax eða F1-blendingur X eldislax. Bæði STRUCTURE (q -gildi og $P(\text{wild})$) og NewHybrids voru keyrð án upplýsinga um uppruna fiska og notast var við 100.000 MCMC og 50.000 greiningarkeyrslur (burn-in).

Greining á fjölda og kyn strokulaxa sem lögðu til hrygningar

Fjöldi foreldra af eldisuppruna þeirra fiska sem greindir voru sem fyrstu kynslóðar blendingar eða eldisseiði var metinn. Var það gert með forritinu COLONY v. 2.0.6.8 (Wang 2004; 2018) sem með aðferð sennilegustu gilda greinir samhliða systkina- og foreldratengsl fiska. Allir F1-

blendingar og eldisseiði (veidd í ám) voru greind saman með 4.681 SNP-erfðamörkum. Í greiningunni var gert ráð fyrir fjölkvæni (e. polygamy) hjá báðum kynjum, *Full-Likelihood (FL) method, medium precision* og *medium run*. Þar sem aldur fyrstu kynslóðar blendinga og eldisseiða hafði verið greindur eða áætlaður var unnt að meta hvenær eldislaxar hrygndu í ám og bera saman fjölda þeirra við þann fjölda sem Hafrannsóknastofnun hafði áður staðfest fyrir tiltekin ár með greiningu á strokulöxum.

Að lokum var greint kyn foreldra fyrstu kynslóðar blendinga (F1-blendinga). Var það gert með skoðun á 159 SNP á hvatberalitningi, sem líkt og áður segir erfist í móðurlegg. Fyrst var breytileiki setraða (e. haplotype) kannaður og hvort munur væri á milli íslenskra laxa og eldislaxa. Þær upplýsingar voru síðan notaðar til greiningar á uppruna mæðra fyrstu kynslóðar blendinga. Þar sem breytileiki innan setraða getur ráðist af fáum og jafnvel einni stökkbreytingu eru gögnin viðkvæm fyrir mögulegum villum í ákvörðun samsæta milli lota (sjá ofar). Af þeim sökum var greining takmörkuð við strokulaxa ($N = 30$), F1-blendinga og villta laxa (með $q \geq 0,95$ úr STRUCTURE) úr sömu lotu (hér var aðeins notast við fiska með öll gögn). Greiningu var skipt eftir landshlutum og viðmiðunarsýni af villtum löxum voru 472 af Vestfjörðum og Norðvesturlandi og 186 af Austurlandi.

Niðurstöður

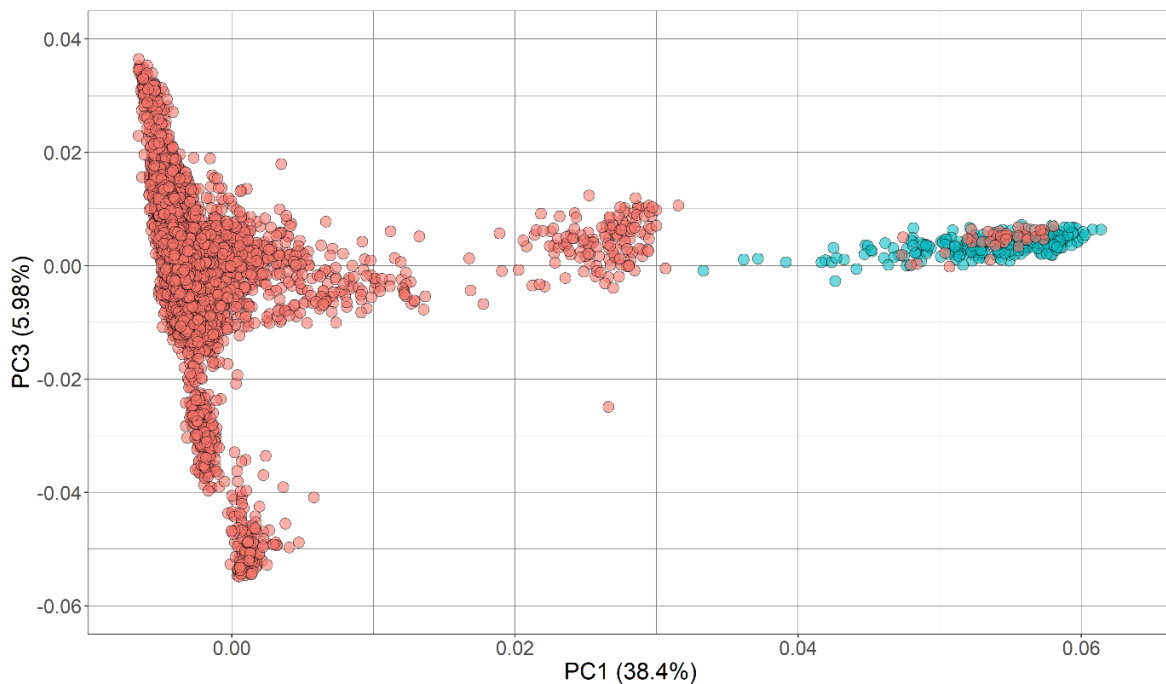
Erfðagreining með allt að 60.250 SNP erfðamörkum tókst hjá 6.405 af 7.067 fiskum. Fyrir var búið að nefna að erfðagreining 384 fiska mistókst vegna bilunar í tækjabúnaði hjá CIGENE. Af hinum 278 fiskum sem ekki tókst að erfðagreina voru 110 sem ekki náðist erfðaefni úr (a.m.k. ekki í nægum styrkleika) og 168 fiskar voru með >10% eyður í gögnum; 266 seiði úr ám og 12 strokulaxar. Fiskar sem ekki tókst að erfðagreina komu úr mörgum ám en flestir úr Kaldeyrará í Tálknafirði, 18 talsins af 19 sem sendir voru til greiningar. Fyrirfram var vitað að gæði þeirra sýna gætu verið léleg vegna meðhöndlunar í annarri rannsókn. Erfðagreining tókst hjá öllum 43 fiskunum frá 2004. Heildarfjöldi fiska sem nýttur var til greiningar á erfðablöndun var 6.598, 6.348 seiði úr ám og 250 eldislaxar (193 eldislaxar úr klakfiskeldi og 57 strokulaxar). Í viðaukum 1a, 2a og 3a er gefinn upp fjöldi erfðagreindra fiska eftir ám, árum og sýnatökustöðvum.

Af 60.250 SNP tilheyrðu 5.917 flokkum sem voru fjarlægðir, 388 SNP voru fjarlægðir vegna ósamræmis í erfðagreiningu milli lota eða gagnasafna og 3.810 vegna eyða í gögnum eða lítils breytileika. Eftir hreinsun á tengslaójafnvægi í gögnum voru eftir 34.700 SNP sem notaðir voru til áframhaldandi greininga.

Erfðamunur (F_{ST}) milli íslenskra laxa og eldislaxa af norskum uppruna var að meðaltali 0,16 (m.v. fiska utan Suðurlands) og 0,12 (m.v. fiska á Suðurlandi) fyrir 34.700 SNP. Erfðamunur

þeirra 196 SNP sem sýndu mestan aðskilnað var hins vegar 0,60 (m.v. fiska utan Suðurlands) og 0,64 (m.v. fiska á Suðurlandi) að meðaltali og 67 SNP voru sameiginlegir í báðum gagnasöfnum. SNP-erfðamörkin 196 dreifðust um alla 29 litninga lax í gagnasafni fiska á Suðurlandi (1-16 SNP per litning) en 28 litninga fiska utan Suðurlands (2-19 SNP per litning).

Fjölpáttagreininga (PCA) á öllum fiskum með 34.700 SNP sýndi erfðablöndun milli íslensks lax og eldislax af norskum uppruna (3. mynd). Fyrsta víddin (PC1) útskýrði stærstan hluta breytileikans í gögnunum eða 38,4% og aðgreindi íslenska laxa og eldislaxa. Á 3. mynd sést að villtir laxar (seiði) lenda vinstra megin á myndinni, eldislaxar hægra megin og blendingar mitt á milli. Á myndinni sést að nokkur fjöldi seiða lendar milli blendinganna á miðri mynd og megin hópi íslenskra laxa en það er vísbending um eldri erfðablöndun. Að sama skapi er nokkur fjöldi eldislaxa (bæði klaklaxa og strokulaxa) sem greinast frá megin hópi eldislaxa og leita í átt að miðjunni sem bendir til að hluti eldislaxa sé ekki af hreinum norskum uppruna. Meðal eldislaxa má sjá seiði af eldisuppruna, þ.e. afkvæmi eldishænga og eldishrygna sem tímgast hafa í ám.



3. mynd. Niðurstöður fjölpáttagreiningar (PCA) á öllum lögum verkefnisins sem greind voru með 34.700 SNP. Seiði úr ám (N = 6.348) eru pastel rauð og eldislaxar af norskum uppruna (fullorðnir strokulaxar og klakfiskar, N = 250) eru sægrænir. Á mynd eru sýndar víddir PC1 og PC3. Greinilegur hópur fiska sést koma fyrir mitt á milli íslensk lax og eldislax.

Figure 3. Principal component analysis (PCA) on all salmon samples analyzed with 34,700 SNPs. Salmon juveniles collected in rivers (N = 6,348) are colored pastel red, while farmed salmon (adult escapees and broodfish, N = 250) are turquoise. The figure shows the dimensions of PC1 and PC3. A clear cluster of individuals appear half way between the wild Icelandic salmon and the farmed salmon.

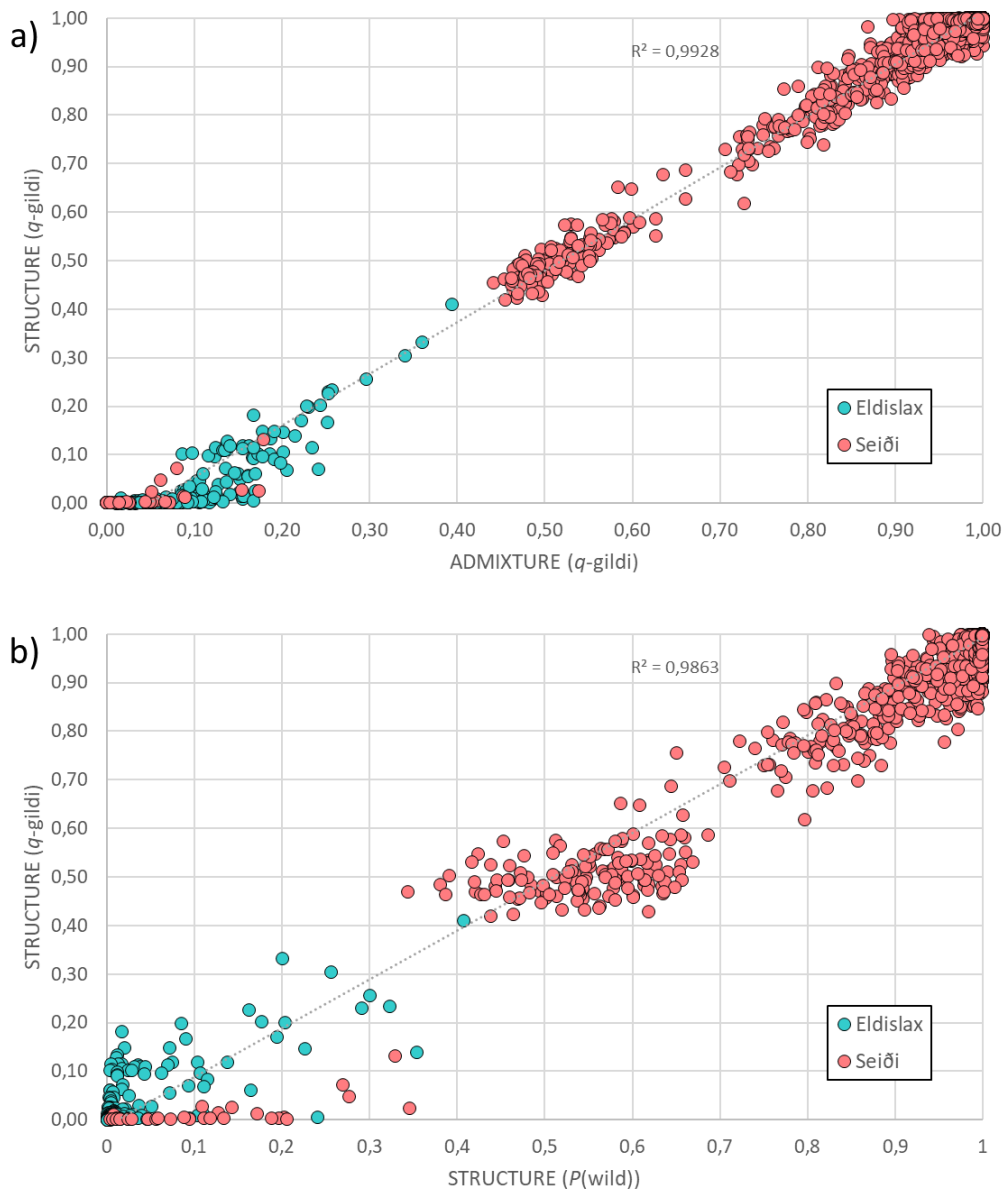
Víddir PC2 og PC3 útskýrðu um 6-7% breytileikans hvor um sig en vídd PC3 er sýnd á mynd þar sem hún lýsti betur þeirri megin skiptingu sem greina má milli laxastofna á Íslandi (Ólafsson o.fl. 2014). Þannig eru stofnar af Suðurlandi á bilinu -0,06 til -0,04, stofnar í Borgarfirði á bilinu -0,04 til -0,02 og aðrir stofnar á landinu þar fyrir ofan á mynd.

Greining á erfðahlutdeild (q -gildi) seiða í ADMIXTURE með 34.700 SNP og STRUCTURE með 196 SNP gaf sambærilegar niðurstöður (4a. mynd). Munur á q -gildum sömu fiska miðað við skiptingu gagna í tvo erfðahópa ($K = 2$) var að meðaltali 0,014 ($\pm 0,018$ SD) milli aðferða og fylgni $R^2 = 0,993$ sem er í samræmi við könnun höfunda ADMIXTURE (Alexander o.fl. 2009). Samanburður q -gilda og $P(\text{wild})$ úr STRUCTURE sýndi einnig sambærilegar niðurstöður (4b. mynd). Munur á gildum var að meðaltali 0,009 ($\pm 0,023$) og fylgni $R^2 = 0,987$.

Greiningarnar í ADMIXTURE og STRUCTURE sýndu svipaða mynd og fjölþáttagreiningin, þ.e. skiptingu fiska í tvo megin hópa (íslenska laxa og eldislaxa) og blendinga þar á milli. Hrein eldisseiði greindust og merki um eldri blöndun eldislaxa og villtra laxa fundust í hópi seiða úr ám og í eldisstofninum. Almennt var aðgreining íslenskra laxa frá eldislöxum góð en um 94% seiða var með $q \geq 0,90$ með báðum aðferðum og mörg seiði voru með q -gildi á bilinu 0,95-1,00 eða 89,4% með ADMIXTURE og 91,3% með STRUCTURE (5. mynd).

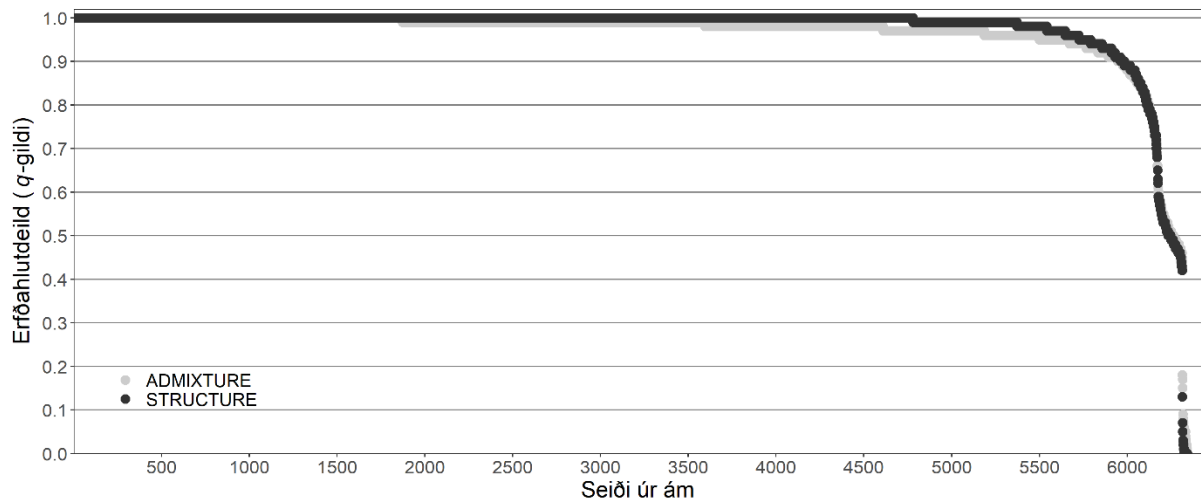
Alls voru 30 seiði (0,5% seiðagagna) með $q < 0,20$ í báðum greiningum og féllu innan dreifingar q -gilda þekktra eldislaxa (4ab. mynd). Önnur seiði greindust með q -gildi þar á milli sem bendir til erfðablöndunar; um 3% seiða (197 seiði með ADMIXTURE en 181 með STRUCTURE) voru á bilinu 0,71-0,89 og 2,3% (143 seiði með ADMIXTURE en 148 með STRUCTURE) á bilinu 0,40-0,70.

Flokkun seiða með forritinu NewHybrids í foreldrahóp (villtur lax eða eldislax) eða einn af fjórum blendingshópum var yfirleitt með háar líkur. Af seiðum flokkuðust 6.274 (98,8% seiðagagna) í tiltekinn hóp með 100% líkum. Því var miðað við hátt þröskuldsgildi fyrir flokkun og taldist fiskur tilheyra ákveðnum hópi ef líkur voru $\geq 95\%$. Af 6.346 seiðum flokkuðust 5.999 (94,5% seiðagagna) sem villt, 29 seiði (0,5%) sem eldislax (báðir foreldrar úr eldi), 133 seiði (2,1%) sem F1-blendingar, fimm seiði sem F2-blendingar (blendingar tveggja F1-blendinga) og 136 seiði (2,1%) sem bakæxlaðir F1-blendingar við villta laxa, þ.e. afkvæmi F1-blendinga og villtra laxa. Engin seiði flokkuðust í hóp bakæxlaðra F1-blendinga við eldislaxa. Sá fiskur sem var með mestar líkur á flokkun í þann hóp var með 9% líkur en hjá þeim fiski voru 91% líkur á flokkun til eldis sem var sambærilegt og sást hjá sumum þekktum eldislöxum. Hann var því álitinn af hreinum eldisuppruna.



4 mynd. Efri myndin (a) sýnir samanburð á erfðahlutdeild (q -gildi) allra greindra laxa ($N = 6.598$) úr forritunum ADMIXTURE (34.700 SNP) og STRUCTURE (196 SNP) m.v. tvo erfðahópa ($K = 2$). Neðri myndin (b) sýnir sömu q -gildi úr STRUCTURE og á efri mynd nema borin saman við $P(\text{wild})$ úr sama forriti með 50 SNP, skv. aðferð Karlsson o.fl. (2014). Q -gildi og $P(\text{wild})$ eru frá 0 til 1 þar sem 0 er eldislax með mestan aðskilnað frá villtum og 1 er villtur með mestan aðskilnað frá eldi. Q -gildi og $P(\text{wild})$ sem ekki haldast nálægt 0 eða 1 gefa til kynna mögulega erfðablöndun. Seiði úr ám eru pastel rauð og eldislaxar af norskum uppruna sægrænir.

Figure 4. The figure above (a) shows comparison of admixture proportions (q -value) of all analyzed salmon ($N = 6,598$) from the softwares ADMIXTURE (34,700 SNPs) and STRUCTURE (196 SNPs) assuming two genetic groups ($K = 2$). The figure below (b) shows the same q -values from STRUCTURE compared with $P(\text{wild})$ from the same software with 50 SNPs, according to the method of Karlsson et al. (2014). Q -values range from 0 to 1, where 0 is farmed salmon with the greatest separation from wild and 1 is wild with the greatest separation from farmed. Q -values that deviate from 0 and 1 values suggest possible admixture. Salmon juveniles collected in rivers are pastel red colored and farmed salmon are turquoise.



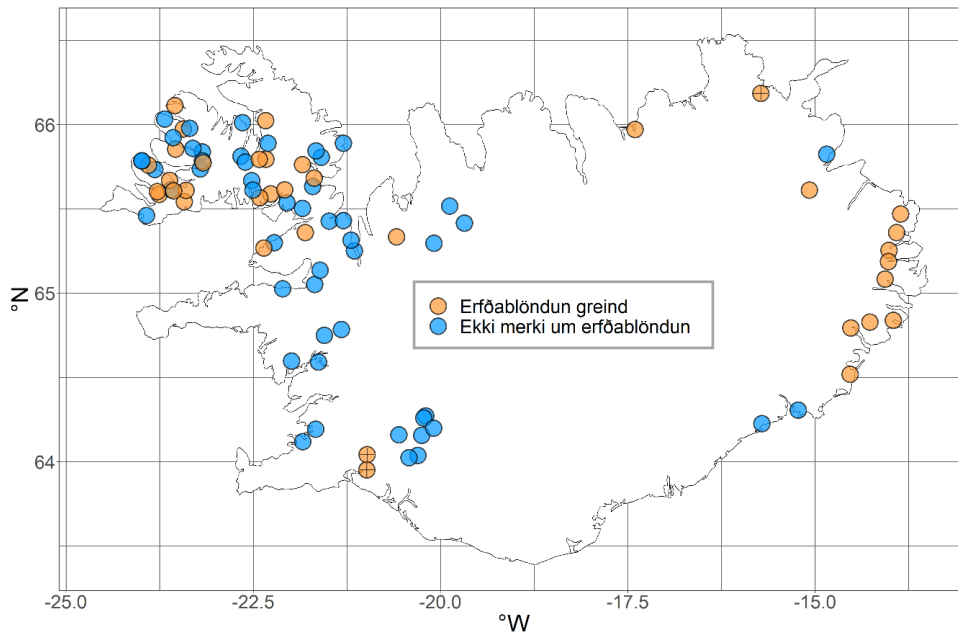
5 mynd. Erfðahlutdeild (q -gildi) allra laxaseiða ($N = 6.348$) úr ADMIXTURE- og STRUCTURE-greiningum. Q -gildum er raðað frá háum gildum til lágra. Myndin byggir á sömu gildum og 4. mynd. Q -gildi sem ekki haldast nálægt 0 eða 1 gefa til kynna mögulega erfðablöndun.

Figure 5. Admixture proportions (q -value) of all salmon juveniles ($N = 6,348$) from ADMIXTURE- and STRUCTURE-analysis. Q -values are sorted from high values to low. The plot is based on the same values as Figure 4. Q -values that deviate from 0 and 1 values suggest possible admixture.

Af öðrum fiskum sem ekki náðu 95% þröskuldsgildi voru 22 seiði með >50% líkur á flokkun sem villtur lax, tvö seiði með >50% líkur á flokkun til F1-blendinga og 21 seiði með >50% líkur á flokkun til bakæxlaðra F1-blendinga við villta laxa; samtals 45 seiði með óvissa flokkun skv. viðmiði eða 0,7% seiðagagna.

Ef niðurstöður flokkunar í NewHybrids eru bornar saman við q -gildi STRUCTURE-greininga sést að þeir fiskar sem flokkast sem villtir voru allir með $q \geq 0,89$ utan þriggja fiska með 0,88. Bakæxluð seiði F1-blendinga og villtra laxa voru á bilinu 0,65-0,88, F1-blendingar á bilinu 0,42-0,59, F2-blendingar á bilinu 0,41-0,62 og hrein eldisseiði með $q \leq 0,07$. Seiði með óvissa flokkun í NewHybrids skv. viðmiði voru yfirleitt á bilinu 0,87-0,89 (41 af 46 seiðum), eitt seiði með 0,90 en önnur með lægri gildi.

Þegar litið er til landfræðilegrar dreifingar erfðablöndunar skv. NewHybrids sést að hún fyrirfinnst bæði á Vestfjörðum og Austfjörðum en einnig í öðrum landshlutum (6. Mynd).

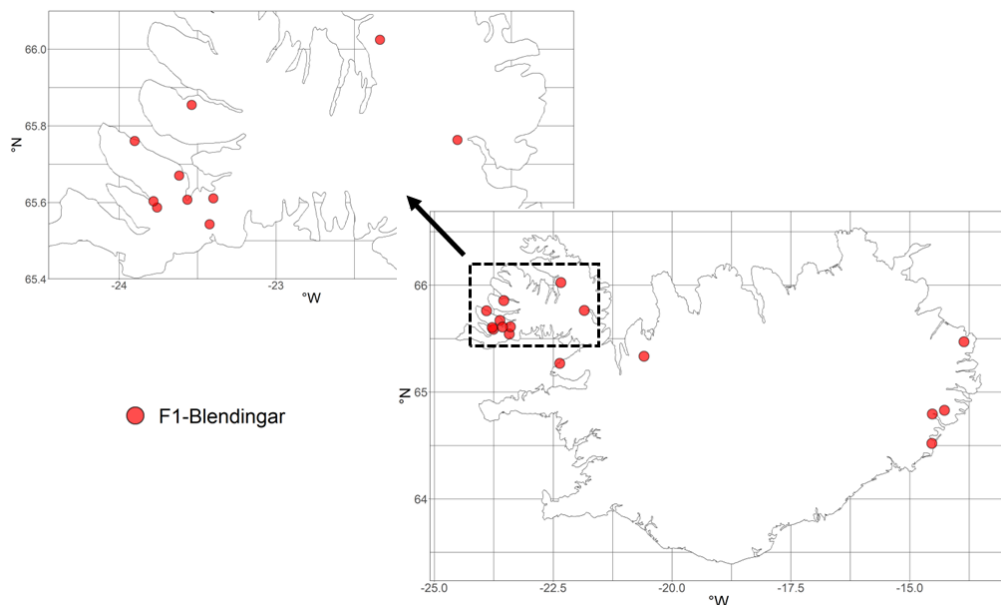


6 mynd. Dreifing erfðablöndunar villts lax og eldislax (gömul og ný) í ám skv. greiningu í NewHybrids á öllum laxaseiðum (stutt niðurstöðum greininga annarra aðferða). Bláir punktar merkja að engin erfðablöndun greindist. Appelsínugulir punktar merkja að erfðablöndun greindist hjá einum eða fleiri fiskum. Appelsínugulir punktar með krossi eru sýni frá 2004. Frekari upplýsingar um sýni og niðurstöður má finna í viðaukum 1-5.

Figure 6. Distribution of wild-farmed hybridization (old and new) according to NewHybrids analysis on all salmon juveniles (supported by results of other methods). Blue dots mean that no hybridization was detected. Orange dots indicate that hybridization was detected in one or more fish. Orange dots with a cross are samples from 2004. More information about the samples and results can be found in appendices 1-5.

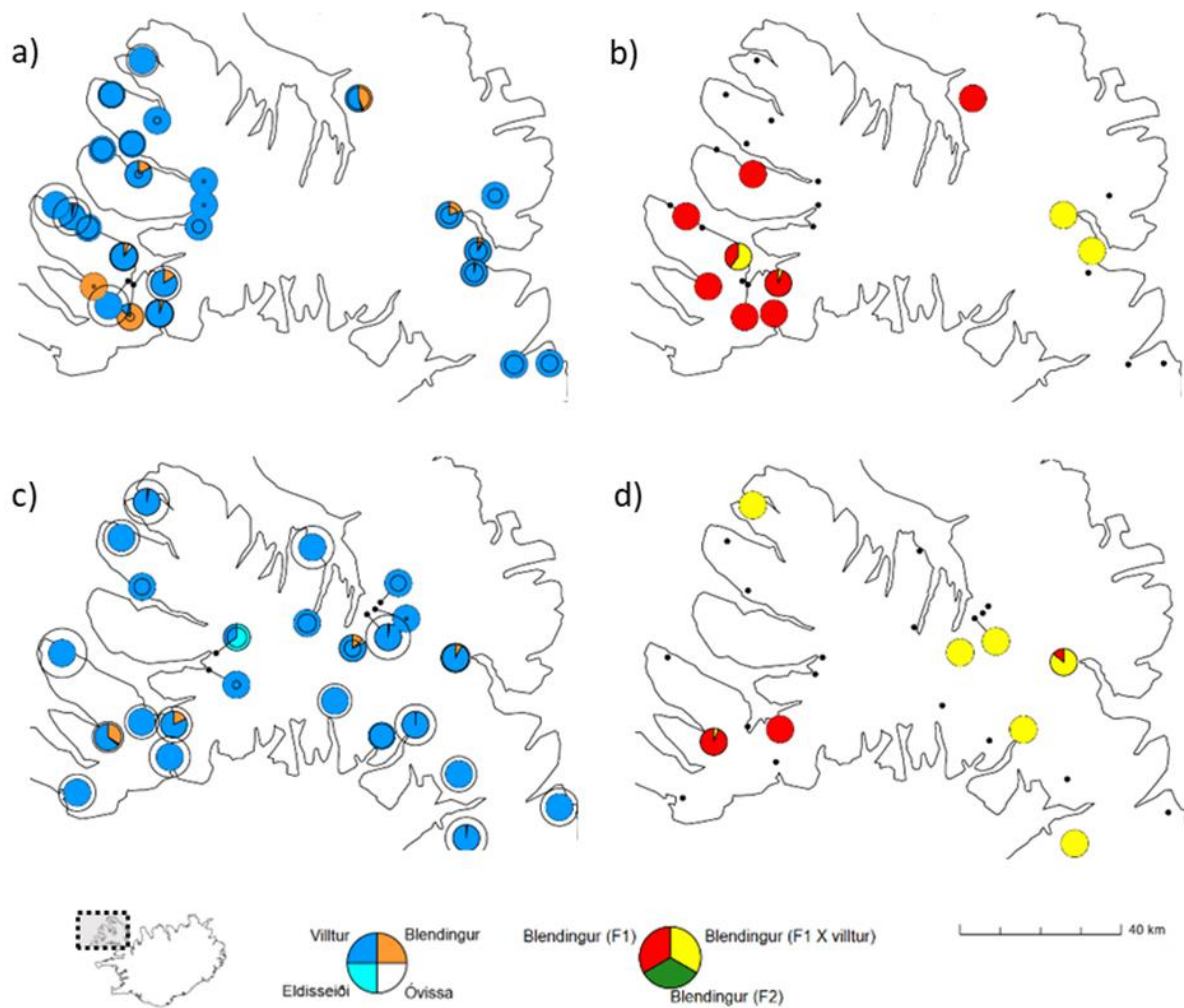
Af 133 F1-blendingum greindust flestir á Vestfjörðum, 118 talsins í 10 ám, en 10 greindust á Austfjörðum í fjórum ám. Í öðrum landshlutum fundust þrír F1-blendingar í Krossá á Skarðsströnd (Vesturland) og einn í Víðidalsá í V-Húnavatnssýslu (Norðvesturland) (7. Mynd). Af 136 eldri blendingum, n.t.t. blendingum F1-blendinga og villtra, greindust 44 í 13 ám á Vestfjörðum og 85 í átta ám á Austfjörðum. Flestir blendingar F1-blendinga og villtra greindust í Breiðdalsá (71 af 228 greindum fiskum) og var hlutfall þeirra 40% árið 2017 og 24% árið 2020. NewHybrids greindi einnig slíka blöndun í Hvolsá á Skarðsströnd (Vesturland), í Laxá í Aðaldal og í Hofsá í Vopnafirði (Norðausturland) en í litlu mæli. F2-blendingar greindust í Botnsá í Tálknafirði (Vestfirðir), í Fjarðaránum í Borgarfirði eystra og Mjóafirði, í Breiðdalsá og Berufjarðará (Austfirðir). F2-blendingar voru fimm talsins og greindust aðeins í sýnum frá 2016 og 2017. Af 43 sýnum frá 2004 greindist einn F1-blendingur í Soginu, einn blendingur F1-blendinga og villts greindist í Ölfusá (báðar á Suðurlandi) og einn samskonar blendingur greindist í Svalbarðsá (Norðausturland). Myndir 8 og 9 sýna niðurstöður greininga NewHybrids fyrir sýnatökur árána 2018 og 2019 á Vestfjörðum og 2017 og 2020 á Austfjörðum. Í viðaukum 1b, 2b og 3b má sjá niðurstöður greininga á erfðablöndun með STRUCTURE, ADMIXTURE og NewHybrids fyrir hverja á.

Systkinagreining í COLONY á 162 seiðum (132 fyrstu kynslóðar blendingum (blendingur í Soginu frá 2004 undanskilinn) og 30 eldisseiðum) sýndi að 132 fiskar tilheyrðu hópum alsystkina (2-26 fiskar í hóp) og hóparnir voru 21 talsins. Fiskarnir sem greindust sem alsystkini tilheyrðu alltaf sömu á, þ.e. engin systkini greindust milli áa (á einnig við um hálf-systkini). Almennt var góð samsvörun milli skiptingu seiða í systkinahópa og aldurs seiða, þ.e. systkini skiptust sannfærandi eftir árgöngum. Undantekning frá því fannst í Botnsá þar sem í fjögurra seiða systkinahópi mældist eitt seiði 7,0 cm og annað 10,1 cm meðan hin tvö voru 8,6-8,8 cm. Stærsti hópur alsystkina veiddist í Mjólka þar sem öll 26 eldisseiðin voru undan sömu foreldrum. Aðrir stórir systkinahópar greindust í Hraundalsá (21 blendingar), Sunndalsá (11 og 13 blendingar) og í Botnsá (11 blendingar). Í einni á var veitt úr sömu systkinahópum blendinga í sýnatökum aðskildum í tíma. Það var í Sunndalsá þar sem veiddust systkini (al- og hálf-systkini) úr sömu tveimur hópunum árið 2018 og 2019. Árið 2018 voru seiði í öðrum hópnum 3,0 cm ($N=2$) og 6,1 cm ($N=17$) að meðaltali ári síðar. Í hinu tilvikinu voru seiðin 7,7 cm ($N=16$) og 10,2 cm ($N=3$) að meðaltali árið eftir.



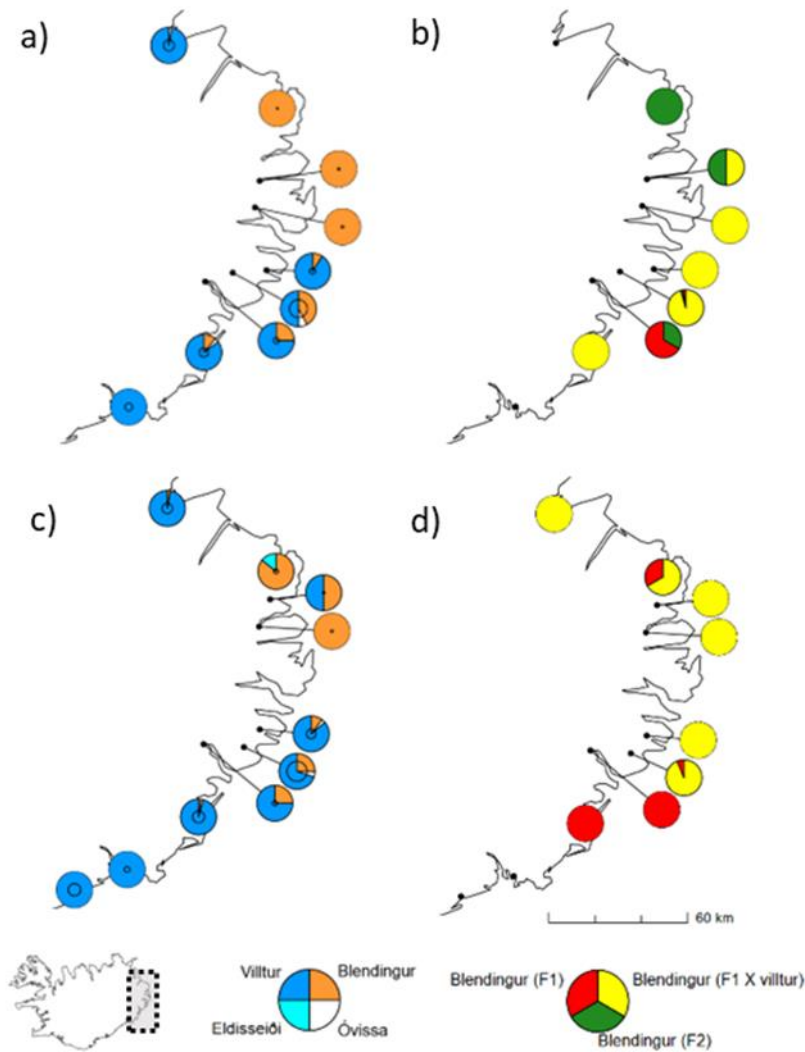
7 mynd. Dreifing fyrstu kynslóðar blendinga (F1-blendinga) villts lax og eldislax af norskum uppruna skv. greiningu í NewHybrids (stutt niðurstöðum greininga annarra aðferða). Sýnin ná til hrygningarárganga 2012 og 2014-2019. Frekari upplýsingar um niðurstöður má finna í viðaukum 1b, 2b og 4.

Figure 7. Distribution of first generation hybrids (F1) of wild salmon and farmed salmon of Norwegian origin according to analysis in NewHybrids (supported by results of other methods). The samples cover the spawning years of 2012 and 2014-2019. More information about the results are given in appendices 1b, 2b and 4.



8 mynd. Niðurstöður greininga úr NewHybrids á erfðablöndun villts lax og eldislax meðal seiða á Vestfjörðum úr sýnatökum árána 2018 (a-b) og 2019 (c-d). Á fyrri myndum beggja sýnatökuára (myndir a og c) sést hlutdeild villtra seiða (blár), blendinga (appelsínugulur) og eldisseiða (túrkisblár) auk fiska með óvissa greiningu (hvítur). Stærð svartra hringja tákna hlutfallslegan sýnafjölda. Á seinni myndum (b-d) er greint á milli F1-blendinga (rauður) og eldri blöndunar, þ.e. blendinga F1-blendinga og villtra (gulur). F2-blendingar greindust ekki í sýnunum en slíkur blendingur fannst í Botnsá í Tálknafirði í sýni sem tekið var 2016.

Figure 8. Results of NewHybrids analysis on hybridization between wild and farmed salmon among juveniles in the Westfjords from samples collected in 2018 (a-b) and 2019 (c-d). The first images of both sampling years (images a and c) show the proportion of wild juveniles (blue), hybrids (orange) and farmed juveniles (turquoise) as well as fish with uncertain identification (white). The sizes of the black circles represent the relative number of samples. In the second pictures (b-d) the proportion of F1-hybrids (red) and older hybrids is shown, i.e. second generation hybrids of F1 X Wild (yellow). F2-hybrids were not detected in these samples but such a hybrid was found in Botnsá in Tálknafirður (Westfjords) in a sample collected in 2016.



9 mynd. Niðurstöður greininga úr NewHybrids á erfðablöndun villts lax og eldislax meðal seiða á Austfjörðum úr sýnatökum árána 2017 (a-b) og 2020 (c-d). Á fyrri myndum beggja sýnatökuára (myndir a og c) sést hlutdeild villtra seiða (blár), blendinga (appelsínugulur) og eldisseiða (túrkisblár) auk fiska með óvissa greiningu (hvítur). Stærð svartra hringja tákna hlutfallslegan sýnafjölda m.t.t. sýna á Vestfjörðum (þ.e. sýna á 8. mynd). Á seinni myndum (b-d) er greint á milli F1-blendinga (rauður) og eldri blöndunar, þ.e. blendinga F1-blendinga og villtra (gulur) og F2-blendinga (grænn).

Figure 9. Results of NewHybrids analysis on hybridization between wild and farmed salmon among juveniles in the Westfjords from samples collected in 2018 (a-b) and 2019 (c-d). The first images of both sampling years (images a and c) show the proportion of wild juveniles (blue), hybrids (orange) and farmed juveniles (turquoise) as well as fish with uncertain identification (white). The sizes of the black circles represent the relative number of samples. In the second pictures (b-d) the proportion of F1-hybrids and older hybrids is shown, i.e. backcrosses of F1-hybrids to wild (yellow) and F2-hybrids (green).

Greining á fjölda foreldra í COLONY meðal 162 eldis- og F1-blendingsseiða gaf heildarfjöldann 88 þar sem 37 fiskar tínguðust við 51. Ástæða þess mismunar í fjölda skýrist af því að einn fiskur gat tíngast við tvo eða fleiri fiska en fjölkvæni er vel þekkt hjá laxfiskum. Þá er yfirleitt um það að ræða að fullorðinn hængur og hrygna tíngast og einn eða fleiri snemmkynþroska hængar (seiði) frjóvgi hluta hrognanna, jafnvel tæplegan helming (Thomaz o.fl. 1997).

Mögulegt dæmi um slíkt sást í Botnsá, Berufjarðará, Fjarðará í Borgarfirði eystra, Hraundalsá og var mest áberandi í Sunndalsá þar sem einn fiskur tímgaðist við sjö fiska. Í dæmunum úr Fjarðará og Sunndalsá voru blendingar með breytileika í setröð hvatbera sem aðeins fannst hjá strokulöxum og styður það þá túlkun (sjá neðar). Að því gefnu að öll tilvik þar sem fleiri fiskar en tveir fiskar tóku þátt í hrygningu sé vegna framlags villtra snemmkynþroska hænga var heildarfjöldi eldislaxa sem tók þátt í hrygningu þeirra seiða sem hér voru til rannsóknar samtals 42, 32 tímgaðist aðeins við villtan lax, fjögur eldispör tímguðust og einn eldislax tímgaðist bæði við annan eldislax og tvo villta laxa en það var í Fjarðará í Borgarfirði eystra. Í töflu 1 má sjá samantekt á fjölda greindra eldisseiða í ám, blendingseiða villtra laxa og eldislaxa, stærð alsystkinahópa og fjölda eldislaxa sem tóku þátt í hrygningu, skipt niður á ár.

Breytileiki setraða hvatberalitnings var kannaður hjá 47 F1-blendingum, 41 af Vestfjörðum og sex af Austfjörðum, og borinn saman við breytileikann hjá villtum löxum og eldislöxum. Líkt og áður hefur komið fram erfist hvatberalitningur frá móður. Alls greindust sjö setraðir hjá strokulöxum ($N = 30$), 16 hjá villtum löxum á Vestfjörðum/Norðvesturlandi ($N = 472$) og 11 hjá villtum löxum á Austfjörðum ($N = 186$). Fjórar setraðir einstakar fyrir eldislaxa fundust meðal 27 F1-blendinga; tvær mismunandi setraðir fundust í Sunndalsá ($N = 23$) og skiptust milli tveggja systkinahópa, ein setröð í einum fiski í Kaldeyrará á Vestfjörðum og ein hjá þremur seiðum í Fjarðará í Borgarfirði eystra á Austfjörðum. Fjórar setraðir einstakar fyrir villta laxa fundust í fimm seiðum; þrjár setraðir hjá fjórum seiðum í Sunndalsá og ein setröð hjá einu seiði í Staðará í Steingrímsfirði. Aðrir blendinga voru með breytileika sem fyrirfannst bæði hjá eldislöxum og villtum löxum (þrjár setraðir meðal 13 fiska) eða fundust ekki í viðmiðunarsýnum (tvær setraðir hjá tveimur seiðum).

Tafla 1. Mat á fjölda eldislaxa sem tóku þátt í hrygningu þeirra seiða sem greind voru, skipt eftir ám og árum. Fjöldi eldis- og F1-blendingseiða eru uppgæfin ásamt upplýsingum um systkinahópa (greint í COLONY). Neðst í töflu er fjöldi strokulaxa sem bærust Hafrannsóknastofnun til greiningar og staðfestir sem slíkir.

Table 1. Estimated number of farmed escapees which participated in spawning the juveniles that were analyzed, divided by river and year. Number of pure farmed juveniles and F1-hybrids are provided as well as information on sibling groups (analyzed in COLONY). At the bottom of the table is the number of farmed escapees which were received by the Marine and Freshwater Research Institute for analysis and confirmed as such.

Á / river	Eldi / Farmed*	Blendingar / Hybrids*	2012	2014	2015	2016	2017	2018	2019	Öll ár /all years
Krossá		3 (3)							1	1
Móra		6 (2,4)			1	1				2
Botnsá	3	34 (2-11)		6	3	3	6			18
Kaldeyrará**		1								1
Fífustaðadalsá		4 (4)					1			1
Litlueyrará		2 (2)				1				1
Þernudalsá		6 (6)		1						1
Sunnaldalsá		41 (2-13,19)			1	1	2			4
Mjólká	26 (26)							2		2
Kirkjubólsá		1			1					1
Hraundalsá		22 (21,22)				1				1
Staðará		1				1				1
Víðidalsá		1					1			1
Fjarðará BE	1	2 (,3)							2	2
Breiðdalsá		3 (2)			1			1		2
Berufjarðará		4 (2)	1					1		2
Selá		1						1		1
Eldislaxar hrygndu / farmed spawners			1	7	7	8	10	5	3	42
Greindir strokulaxar /analyzed escapees			0	64	10	0	7	10	6	97

*stærðir systkinahópa eru sýndar innan sviga, fyrst alsystkini og síðan er stærsti hópur al- og hálsystkina uppgæfinn eftir kommu ef við á. Í Fjarðará í Borgarfirði eystra (BE) voru eldisseiðið og blendingarnir tveir hálsystkini / sizes of sibling groups in parenthesis, full siblings first and then the largest group of full- and half-siblings is given after a comma. In River Fjarðará BE, the pure farmed juvenile and the two hybrids were half-siblings.

**ekki aldursgreint / age not assessed.

Umræður

Erfðablöndun eldislax og villts lax hefur verið álitin ógn við villta laxastofna og telst hún í dag meðal alvarlegri ógna sem steðja að villtum stofnum. Hún getur breytt erfðasamsetningu stofna, breytt lífsögu, valdið hnignun stofna og þannig skaðað líffræðilegan fjölbreytileika. Erfðablöndun hefur greinst í þeim löndum þar sem sjókvíaeldi á laxi er stundað á útbreiðslusvæði Atlantshafslax, þ.e. þar sem það hefur verið kannað (Glover o.fl. 2017; Wringe o.fl. 2018; Gilbey o.fl. 2021).

Með samburði við erfðaupplýsingar eldislaxa af þeim stofni sem notaður er á Íslandi, og er af norskum uppruna, greindist erfðablöndun í 36 ám af 89 í mismiklu mæli (6. mynd; viðauki 4). Rannsóknin styður þannig niðurstöður rannsóknar Hafrannsóknastofnunar frá 2017 og frumniðurstöður rannsóknar Laxfiska ehf. um að erfðablöndun vegna eldis á norskum stofni hafi orðið (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017a; Jóhannes Sturlaugsson og Snæbjörn Pálsson 2023). Rannsóknin nú byggði á mun öflugri nálgun heldur en 2017, t.d. hvað varðar fjölda eða eiginleika erfðamarka og fjölda og dreifingu sýna í tíma og rúmi. Nú voru næstum tíu sinnum fleiri erfðasýni úr laxaseiðum greind og sýnatökusvæðið ekki einskorðað við Vestfirði þótt flest sýnin hafi verið af því svæði. Gott úrtak var greint af Austfjörðum og nærliggjandi svæðum en þar greindist erfðablöndun líkt og á Vestfjörðum. Eldisseiði greindust í nokkrum ám en slíkir fundir hafa sjaldan verið skrásettir (Wringe o.fl. 2018; Jóhannes Sturlaugsson og Snæbjörn Pálsson 2023).

Erfðablöndun var greind með nokkrum mismunandi aðferðum og voru niðurstöðurnar í megin dráttum samhljóða og skýrar. Hinn mikli erfðamunur sem er á milli íslenskra og norskra laxa auðveldar greiningu á erfðablöndun og að því leyti er auðveldara að greina erfðablöndun hér en í Noregi. Þar í landi má aðeins vera með eldisstofna af norskum uppruna í eldi og erfðamunur þ.a.l. minni milli eldislaxa og villtra laxa sem getur torveldað greiningar einstakra fiska, einkum ef um er að ræða eldri blöndun.

Sú nálgun að greina öll sýni saman (en þó aðskilja Suðurland frá öðrum svæðum) virðist ekki hafa haft mikil áhrif á niðurstöður samanborið við að greina einn fisk í einu ásamt viðmiðunarsýnum líkt og venjan er nú í Noregi, þ.e. $P(wild)$. Aðferðin að greina einn fisk í einu í STRUCTURE (eða NewHybrids) er hugsuð til að staðla greiningu hvers fisks en þekkt er að stofngerð, sýnastærð og systkinahópar geta bjagað greiningar á erfðahlutdeild (Besnier og Glover 2013; Karlsson o.fl. 2016; Wringe o.fl. 2017). Vegna hins hlutfallslega litla erfðamunar milli eldislaxa í Noregi og villtra laxa hefur verið talið mikilvægt að minnka mögulega bjögun þar eins og kostur er. Gögnin í þessu verkefni voru greind af sérfræðingum NINA (sem vakta erfðablöndun í Noregi) skv. þeirra forskrift og voru niðurstöður sambærilegar og nánast undantekningarlaust innan líkindamarka (mynd 4b; sjá dæmi í viðauka 5), þrátt fyrir að

greiningu á aðeins 50 SNP sbr. við 196 SNP hér. Sú niðurstaða sýnir styrk gagnanna og réttlætir þá nálgun að greina sýnin saman.

Alls greindust 132 F1-blendingar, þ.e. afkvæmi villts lax og eldislax, í 16 ám. Algengast var að finna F1-blendinga í ám nærri eldissvæðum, bæði á Vestfjörðum og Austfjörðum. Það er í samræmi við almenna þekkingu um útbreiðslu erfðablöndunar út frá eldissvæðum sem og göngur strokulaxa í ár (Diserud o.fl. 2022). Þó ber að hafa í huga að í þessari rannsókn var sýnataka ekki jafndreifð um landið og voru fleiri sýni tekin nærri eldissvæðum. Á Vestfjörðum greindust F1-blendingar í 10 ám og í fjórum ám á Austfjörðum. Möguleg ástæða fyrir þessum mun er að núverandi laxeldi fór fyrr af stað á Vestfjörðum (fyrsta slátrun 2011) en skv. tölum frá MAST fór framleiðslan á Austfjörðum úr engu árið 2017 og upp í 3,7 þúsund tonn árið 2018 og 9,7 þúsund tonn ári síðar (MAST 2022). Mögulega gæti einnig skipt máli að á Austfjörðum er strandlengjan mun styttri og þar eru færri ár sem lax nýtir til hrygningar en kaldari bleikjuár eru einkennandi fyrir svæðið norðan Stöðvarfjarðar (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2018b). Þó ber að nefna að niðurstöður rannsóknarinnar sýna að strokulaxar úr eldi hrygna ekki eingöngu í vatnsmiklum laxám, sem gæti verið algengara þar sem framleiðsla er meiri og útbreiddari (sjá t.d. Mahlum o.fl. 2021), heldur einnig í litlum ám þar sem hrygning lax gæti í sumum tilvikum verið stopul. Dæmi um slíkar ár á Vestfjörðum gætu t.d. verið Kaldeyrará og Þernudalsá og á Austfjörðum, Fjarðará í Borgarfirði eystra og Berufjarðará (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2018b; Hafrannsóknastofnun, óbirt gögn). Dæmi um erfðablöndun í litlum ám hafa fundist í Noregi. Þar hefur verið lagt til að mögulegt mikilvægi lítilla áa fyrir hrygningu eldislaxa og dreifingu erfðablöndunar verði rannsakað (Pulg o.fl. 2021). Með dreifingu erfðablöndunar er átt við að vísbendingar eru um að fullorðnir blendingar hafi verri rötun (í heimaá) en villtir laxar og þannig gæti erfðablöndun í einni á leitt til erfðablöndunar í annarri á (Jonsson og Jonsson 2017). Litlar laxár eru taldar gegna mikilvægu hlutverki í viðhaldi erfðabreytileika stærri yfirstofna (e. metapopulation; t.d. Hindar o.fl. 2004; Schtickzelle og Quinn 2007) og erfðablöndun getur mögulega raskað slíkum kerfum (Mahlum o.fl. 2021).

F1-blendingar greindust oftast í sama firði og sjókvíaeldi er stundað eða innan 50 km fjarlægðar frá eldi. Erfðablöndun í meiri fjarlægð greindist í Móru á Barðaströnd, Hraundalsá í Ísafjarðardjúpi og Fjarðará í Borgarfirði eystra en þessar ár eru allar í um 100 km fjarlægð frá sjókvíaeldi á laxi. Í enn meiri fjarlægð greindist erfðablöndun í Krossá á Skarðsströnd (~140 km), Staðará í Steingrímsfirði og Víðidalsá í Vestur-Húnavatnssýslu (báðar í ~250 km fjarlægð). Dreifing erfðablöndunar er í samræmi við aðrar rannsóknir þar sem mest erfðablöndun greinist á eldissvæðum og þekkt er að strokulaxar geta gengið í ár í nokkur hundruð kílómetra fjarlægð frá strokstað (Hansen og Youngson 2010; Keyser o.fl. 2018; Diserud o.fl. 2022).

Fjöldi greindra F1-blendinga í ám var frá einum upp í 41 í Sunndalsá í Arnarfirði (2018 og 2019) eða 16% fiska sem rannsakaðir voru úr þeirri á. Hærra hlutfall greindist þó í Botnsá í Tálknafirði (32%) og í Hraundalsá í Ísafjarðardjúpi (45%) og enn hærra í tveimur öðrum ám en þá var sýnastærð mjög lítil. Fjöldi F1-blendinga í sýnum er ekki alltaf vísbending um hversu margir eldislaxar tóku þátt í hrygningu. Til að mynda voru líklega fjórir eldislaxar að baki F1-blendingunum í Sunndalsá og aðeins einn í Hraundalsá en í sýnunum greindust stórir hópar systkina. Samhliða COLONY-greiningu á alsystkinum og hálf-systkinum aldursgreindra F1-blendinga og hreinna eldisseiða var fjöldi foreldra sem tóku þátt í hrygningu metinn. Athygli vakti að seiði nokkurra systkinahópa áttu fleiri en tvo foreldra og í einu tilfelli hafði einn fiskur tímgað við sjö aðra. Líklegasta skýringin er framlag snemmkyrnþroska hænga og studdi greining á hvatberum í þessari rannsókn þá túlkun. Fundist hafa dæmi um að yfir 30 hængir frjóvgi eina hrygnu en talið er að snemmkyrnþroska hængir geti almennt gegnt veigamiklu hlutverki í varðveislu erfðabreytileika lítilla stofna með því að stækka hrygningarstofna þeirra, jafnvel allt að þrefaldað stærð þeirra (Martinez o.fl. 2000; Richard o.fl. 2013). Þegar gert var ráð fyrir að greint fjölkvæni væri vegna villtra snemmkyrnþroska hænga var fjöldi stökulaxa sem hrygndi í ám 42, 33 tímgaðust við villta laxa og tíu tímgaðust innbyrðis (athuga ber að einn eldislax tímgaðist bæði við villta laxa og eldislax). Höfundar þekkja aðeins eitt dæmi þess að lagt hafi verið mat á fjölda foreldra af eldisuppruna meðal seiða veiddum í ám. Í rannsókn Wringe o.fl. (2018), greindust með sömu aðferð mun fleiri foreldrar af eldisuppruna en í þessari rannsókn eða 164 (byggt á greiningu 1.700 seiða). Eldislaxarnir hrygndu sama ár í kjölfar slysasleppingar á 20.000 fullorðnum löxum.

Samkvæmt niðurstöðum rannsóknarinnar hafa stökulaxar hrygnt árlega í ám á árabílinu 2012-2019 með einni undantekningu (Tafla 1). Fjöldi hrygnandi stökulaxa nam frá einum árið 2012 til 10 árið 2017 en árið 2016 var hrygnt í flestum ám, sex talsins. Hér verður ekki leitast við að tengja einstakar hrygningar stökulaxa við tiltekin stök eða tilkynnta „atburði“. Hins vegar verða nokkur atriði dregin fram. Á Austfjörðum hrygndi eldislax 2012 og 2015 en skv. upplýsingum MAST var engin framleiðsla þau ár í landshlutanum. Reyndar er skráð nokkurra tonna framleiðsla árin á milli þessara atburða og 2010 svo ekki útilokað að erfðablöndunin tengist eldisstarfsemi á svæðinu. Annar möguleiki er að eldislaxarnir komu frá Vestfjörðum (700 km fjarlægð) eða öðru framleiðslulandi (Ingi Rúnar Jónsson 2005). Fjarlægð frá suðurhluta Austfjarða til Færeyja er um 450 km, 800 km til Skotlands og 1.000 km til Noregs en dæmi eru um svipuð og lengri ferðalög stökulaxa (Diserud o.fl. 2022). Sjávarstraumar gætu skipt máli í því sambandi (Hansen 2006). Árið 2018 veiddist stökulax í klakveiði í Breiðdalsá sem ekki var rakinn til Stofnfisks. Erfðagreining með SalSea-erfðamörkum benti til að fiskurinn væri af öðrum norskum eldisstofni en notaður er hér á landi (Tækniskýrsla Hafrannsóknastofnunar 2020). SalSea-erfðamörk hafa hins vegar ekki alltaf góða upplausn,

t.d. er ekki alltaf hægt að greina upprunaland villtra laxa innan Evrópu (Gilbey o.fl. 2018). Einnig er misjafn árangur SalSea-erfðamarka við greiningu á erfðablöndun íslensks lax og eldislax af norskum uppruna (sjá t.d. Breiðdalsá og Berufjarðará 2017 í viðauka 2b). Frekari rannsókna á fiskinum í Breiðdalsá er hins vegar þörf til að greina uppruna hans og á þeim möguleika að strokulaxar frá öðrum löndum hrygni á Íslandi.

Fjöldi strokulaxa, sem borist hefur Hafrannsóknastofnun frá veiðimönnum og Fiskistofu, á árabílinu 2012-2019 er 97. Því til viðbótar veiddust fjórir eldislaxar í Fífustaðadalsá 2015-2018 í vöktunarveiði Laxfiska ehf. (Jóhannes Sturlaugsson 2021). Það er samtals rúmlega tvöfaldur foreldrafjöldi þeirra F1-blendinga og eldisseiða sem greind voru í rannsókninni. Mestu munar um 64 strokulaxa sem veiddust í og við Ósá í Patreksfirði 2014 í kjölfar slyssaleppingar 2013. F1-blendingar af hrygningarárgangi 2014 greindust hins vegar aðeins í tveimur ám á Vestfjörðum. Aftur á móti greindust F1-blendingar af hrygningarárgangi 2016 í sex ám á Vestfjörðum, þar á meðal í Staðará í Steingrímsfirði (~250 km fjarlægð frá eldissvæðum), en það ár barst Hafrannsóknastofnun enginn strokulax úr veiði. Ekki er hægt álykta út frá gögnunum að hrygningarárangur strokulaxa hafi verið meiri 2016 en 2014 enda aðeins lítil hluti búsvæða lax kannaður og fjöldi strokulaxa óþekktur. Hins vegar má álykta að fjöldi veiddra/greindra strokulaxa í ám gefur ekki alltaf góða mynd af umfangi og dreifingu strokulaxa. Ástæðurnar fyrir því gætu verið takmörkuð (eða engin) laxveiði í mörgum smærri ám á Vestfjörðum, veiddir strokulaxar ekki skráðir og/eða ekki borin kennsl á þá og strokulaxar geta gengið seint í ár, t.a.m. eftir veiðitímann (Madhun o.fl. 2017). Flestir strokulaxar hafa hrygnt í Botnsá í Tálknafirði eða 18 talsins og næst flestir eða fjórir í Sunndalsá í Trostansfirði (Arnarfirði), þ.e. samkvæmt fyrirbyggjandi gögnum. Báðar árnar eru innst í fjörðum þar sem umtalsverð framleiðsla er á eldislaxi.

Athygli vekur að í Selárdalsá í Ketildöllum, sem er yst í Arnarfirði, greindust engin afkvæmi strokulaxa þrátt fyrir greiningu 452 seiða. Það er í samræmi við rannsókn Laxfiska ehf. á 74 seiðum í sömu á þar sem engir F1-blendingar greindust en mögulega eitt seiði með eldri blöndun (Jóhannes Sturlaugsson og Snæbjörn Pálsson 2023). Líkt og í Sunndalsá er mikill þéttleiki laxaseiða í Selárdalsá og stofnar (eða stofnhlutar í skilningi hugtaksins yfirstofn) þeirra væntanlega hlutfallslega sterkir innan svæðisins (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017b; Hafrannsóknastofnun, óbirt gögn). Með hliðsjón af því gætu niðurstöðurnar verið í ágætu samræmi við þær vísbendingar sem fundust í rannsókn Mahlum o.fl. (2021) um dreifingu eldislaxa í ám innan fjarða Noregs. Í sömu rannsókn voru jafnframt vísbendingar um öfugt samband ef stofnstærðir villts lax voru litlar, þá greindust fleiri strokulaxar í ám utar í fjörðum. Dregin var sú ályktun að þessi tilhneiging gæti tengst bæði farhegðun og atferli (Mahlum o.fl. 2021). Við hlið Selárdalsár, um 500 m innar í Arnarfirði, rennur Fífustaðadalsá og þar greindust F1-blendingar í þessari rannsókn sem og vísbendingar um eldri blöndun í

rannsókn Jóhannesar Sturlaugssonar og Snæbjarnar Pálssonar (2023). Í þeirri á hafa átta strokulaxar verið fjarlægðir í sérstakri vöktunarveiði á tímabilinu 2015-2020 en enginn strokulax hefur veiðst í sambærilegri vöktun í Selárdalsá (Jóhannes Sturlaugsson 2021; Jóhannes Sturlaugsson, munnleg heimild). Hvers vegna eldislax virðist fremur ganga í Fífustaðadalsá en Selárdalsá, sem gætu haft svipaðan fjölda fullorðinna hrygningarlaxa (Jóhannes Sturlaugsson 2017; Jóhannes Sturlaugsson, munnleg heimild), er ekki vitað en ein möguleg skýring gæti verið að strokulax innan úr Arnarfirði kæmi fyrr að Fífustaðadalsá en Selárdalsá og gengi því fremur í hana.

Árið 2018 veiddust samtals 10 strokulaxar í níu ám og var dreifing þeirra víðfeðm. Eldislaxar veiddust í ám á Vesturlandi, Vestfjörðum, Norðurlandi og Austfjörðum. Ekki hafa áður fundist strokulaxar í jafn mörgum ám með skráða veiði (átta af níu) og með álíka dreifingu. Hins vegar hefur áður greinst meiri fjöldi strokulaxa í ám með skráða veiði. Það var árið 2003 í kjölfar slyssaleppingar í Norðfirði sama ár. Þá veiddust 12 strokulaxar (greindir út frá útliti, hreistri og fjórir voru örmerktir); sex í Breiðdalsá, fimm í Hofsá og einn í Selá (báðar í Vopnafirði). Níu voru veiddir á stöng en þrjú komu fram í klakveiði, tveir í Breiðdalsá og einn í Hofsá (Ingi Rúnar Jónsson og Þórólfur Antonsson 2004). Árið eftir veiddist einn eldislax úr sjókví (útlit og hreistur) í Laxá í Aðaldal (Ingi Rúnar Jónsson 2005). Líkt og nefnt var í inngangi hefur sjókvíaeldi á laxi af norskum uppruna áður verið reynt á Austfjörðum. Það hófst árið 2001 en leið að mestu undir lok árið 2007 og nam framleiðslan mest um 6.000 tonnum.

Skýr merki um eldri erfðablöndun mátti greina í gögnunum. Alls greindust 136 seiði sem blendingar F1-blendinga og villtra laxa skv. NewHybrids, þ.e. blendingar af annarri kynslóð. Að auki fimm F2-blendingar sem eru afkvæmi tveggja F1-blendinga og því einnig af annarri kynslóð. Í greiningunni var óvissa í flokkun 43 seiða sem flest höfðu mestar líkur á að tilheyra annað hvort hópi villtra eða blendinga F1-blendinga og villtra. Flest sýnin með óvissa greiningu í NewHybrids voru með q -gildi úr STRUCTURE á bilinu 0,87-0,89, sem myndi þýða 11-13% erfðahlutdeild eldisstofns ef viðmiðunarsýni væru lýsandi og unnt væri að aðgreina erfðahópa fullkomlega eða því sem næst. Sú erfðahlutdeild er sú sama og búast mætti við í þriðju kynslóð erfðablöndunar, þ.e. ef F1-blendingur parast við villtan lax og afkvæmi þeirra myndi aftur parast við villtan lax. Í þessari rannsókn var notast við þá sex tíðnihópa arfgerða (e. genotype frequency classes) sem höfundar NewHybrids mæltu með við flokkun blendinga við útgáfu forritsins, þ.e. tvo foreldrahópa og þá fjóra mismunandi flokka blendinga sem mögulegir eru við tvær kynslóðir af blöndun (Anderson og Thompson 2002). Ef þriðju kynslóð blöndunar er bætt við í greiningunni eykst fjöldi tíðnihópa úr sex í 21, þar af 15 einstakir, og erfitt getur verið að greina milli þeirra (Anderson og Thompson 2002; Pritchard o.fl. 2016). Hins vegar hefur það verið gert í rannsókn á erfðablöndun eldislax og villts lax með góðum árangri en þá var árangur kannaður með greiningu á „tilbúnum“ (e. simulated) blendingum (Pritchard o.fl.

2016). Til stendur að gera það síðar fyrir gögn þessa verkefnis. Þangað til verður að hafa fyrirvara á greiningu fiska sem eru í neðri mörkum dreifingar q -gilda úr STRUCTURE hjá fiskum sem NewHybrids flokkaði sem villta og efri mörkum q -gilda hjá blendingum F1-blendinga og villtra (sjá dæmi á mynd af erfðahlutdeild laxaseiða í Botnsá (Tálknafirði) 2019 í viðauka 1b). Mögulega er hluti þeirra fiska, auk fiska með óvissa flokkun, blendingar af þriðju kynslóð af þeirri gerð sem nefnd var hér að ofan.

Annað sem vert er að hafa í huga er að í sumum eldislögum viðmiðunarsýnis (bæði úr eldisstöð og strokulaxar) fundust skýrar vísbendingar um blöndun við íslenskan lax (3. og 4ab. mynd). Þekkt er að tilraunir með blöndun eldislaxa af norskum uppruna og íslenskra laxa voru gerðar á tíunda áratug síðustu aldar (Valdimar Ingi Gunnarsson og Eiríkur Beck 2004). NewHybrids greindi 232 af 250 eldislögum (93%) til eldis en aðrir eldislaxar greindust með eldri blöndun eða óvissa flokkun (gögn ekki sýnd). Ef hluti erfðamengis þeirra strokulaxa sem blandast íslenskum lögum er íslenskt getur það haft áhrif á niðurstöður greininga á erfðablöndun. Þótt niðurstöður þessarar rannsóknar bendi til að það geti átt við minnihluta eldislaxa þarf að kanna það nánar, sem og hvort erfðasamsetning eldisstofnsins hafi breyst í tíma. Í þessu sambandi er einnig mikilvægt að greina nánar þann breytileika sem fyrirfinnst í hvatberum eldisstofnsins.

Flest seiði sem NewHybrids flokkaði í hóp blendinga F1-blendinga og villtra veiddust í Breiðdalsá, samtals 71 (31%) af 228 seiðum í þeirri á. Slíkir blendingar greindust í öllum 13 sýnatökum árána 2017 og 2020 (viðauki 4). Fjöldi þeirra nam frá einu upp í 12 per sýnatöku og í sumum tilvikum var hlutfall þeirra um og yfir 50%. Blendingar af þessari gerð í Breiðdalsá voru 52% allra slíkra fiska sem greindust í verkefninu. NewHybrids flokkaði einungis 139 (61%) seiða sem villt í ánni og samanborið við aðrar ár voru q -gildi marga þeirra lág (viðauki 1b). Að auki voru fiskar með óvissa flokkun hlutfallslega margir í Breiðdalsá, samtals 14 eða 33% allra fiska með óvissa flokkun. Líkt og nefnt var að ofan veiddust sex strokulaxar í Breiðdalsá 2003. Því til viðbótar voru tveir laxar úr stangveiði sama ár og einn árið 2005 greindir úr eldi skv. útliti og síðar með greiningu á SalSea-erfðamörkum (ekki tæmandi greining á veiðinni; gögn ekki sýnd). Það að mögulega 39% seiða sé einhvers konar blendingur (sjá Anderson og Thompson 2002) þarfnast sérstakrar skýringar, sér í lagi þar sem álíka blöndun greindist ekki í öðrum laxveiðiám. Í Hofsá í Vopnafirði (170 km fjarlægð frá Breiðdalsá), þar sem einnig veiddust strokulaxar árið 2003, greindist aðeins vottur af eldri blöndun. Ein möguleg skýring gæti verið sú að laxastofn Breiðdalsár er margfalt minni en laxastofn Hofsár (Guðmunda Þórðardóttir og Guðni Guðbergsson 2022) og því hefur að öllu jöfnu þurft færri eldislaxa til að valda meiri áhrifum í Breiðdalsá (Diserud o.fl. 2022). Þess utan var Breiðdalsá nær eldisvæðum þess tíma svo mögulega hefur fjöldi strokulaxa verið meiri í þeirri á.

Önnur möguleg skýring á hinni hlutfallslega miklu erfðablöndun í Breiðdalsá er sú að erfðablöndun hafi verið mögnuð upp í ánni með seiðasleppingum. Í rannsókn Hagen o.fl. (2019) var sýnt að gönguseiði af eldisuppruna (blendingar eldislaxa og villtra) voru allt að fjórfalt líklegri að skila sér í veiði en gönguseiði undan villtum löxum. Aðlögun eldislaxa (og blendinga) að eldisaðstæðum á seiðastiginu vóg þannig þyngra en væntrar lélegri endurheimtur blendinga úr hafi (Hagen o.fl. 2019). Í Breiðdalsá hefur gönguseiðum verið sleppt í yfir 20 ár til að auka veiði. Á árabílinu 1997-2018 var yfir 1,8 milljón gönguseiðum sleppt, þar af um hálfri milljón á sama tíma og fyrra tímabil laxeldis með stofni af norskum uppruna (hér var gert ráð fyrir kynþroska fyrstu eldislaxa árið 2003 og eitt og hálf ár fyrir seiði að ná gönguseiðastærð). Samkvæmt lögum má aðeins ala gönguseiði til sleppinga undan foreldrum (klaklöxum) úr viðkomandi á til að koma í veg fyrir stofnablöndun innan Íslands. Þekkt eru tvö dæmi þess að eldislax hafi komið fram í klakfiskveiði í Breiðdalsá. Þótt þeir fiskar hafi verið teknir frá er ekki fyrirfram hægt að útiloka þann möguleika að eldislaxar hafi verið notaðir þar sem þeir geta verið án ytri einkenna, sérstaklega ef þeir sleppa úr eldi sem seiði. Eins má vera að blendingar eldislaxa og villtra laxa hafi verið notaðir í klak en þeir líta út eins og villtir laxar. Þess má geta að á sama tímabili virðast ekki hafa verið stundaðar seiðasleppingar í Hofsa, a.m.k. var þeirra ekki getið í fiskrannsóknum á ánni (t.d. Þórólfur Antonsson 2006, 2010). Frekari rannsókna er þörf til að skýra umfang erfðablöndunar í Breiðdalsá. Hluti af þeirri rannsókn væri t.d. frekari greining á kynslóðum blöndunar samhliða aldri seiða, skyldleika blendinga, erfðagreining á fullorðnum löxum úr veiði (erfðaefni einangrað úr hreistri) og mögulega úr klaklöxum ef tiltæk lífsýni eru af nægjanlegum gæðum. Árið 2014 voru settar reglur í Noregi um að erfðagreina þyrfti alla væntanlega klaklaxa sem ekki báru skýr merki þess að koma úr eldi. Með þeim hætti hefur árlega tekist að forða hundruðum eldislaxa (eða blendingum) frá því að verða notaðir til undaneldis í fiskrækt (Karlsson o.fl. 2018 og heimildir þar í).

Eldri blöndun greindist í öðrum ám á Austfjörðum og nærliggjandi svæðum. Sunnan Breiðdalsár greindist eldri blöndun í Berufjarðará og í Selá í Álftafirði en ekki í Laxá í Nesjum og Smyrlabjargará sem eru fjær. Norðan Breiðdalsár greindust nokkrir eldri blendingar í Stöðvará en meirihluti seiða var af villtum uppruna. Niðurstöður í Stöðvará 2020 voru nokkuð svipaðar og í Breiðdalsá hvað varðar dreifingu q -gilda úr STRUCTURE en 20 km eru milli ósa ána. Athygli vekur að í bleikjuánum norðan Stöðvarár veiddust 16 laxaseiði í fimm ám og reyndust þau öll nema eitt flokkast sem eldri blendingar eða af annars konar eldisuppruna. Fleiri sýni úr Hofsa og úr öðrum ám af Norðausturlandi eru í erfðagreiningu svo betri mynd af umfangi og dreifingu erfðablöndunar ætti fást innan tíðar. Í Laxá í Aðaldal greindist einn eldri blendingur af 43 seiðum sem rannsökuð voru. Í rannsókn Jóhannesar Sturlaugssonar og Snæbjarnar Pálssonar (2023) fannst vísbending um sams konar blending. Áður hefur verið

nefnt að strokulax úr eldi veiddist í Laxá í Aðaldal árið 2004. Ekki er vitað hvaðan sá fiskur strauk. Mögulega var hann úr sjókvíaeldi af Austfjörðum eða mögulega úr Lóni í Kelduhverfi sem er í innan við 50 km fjarlægð frá ánni. Í Lóni var, með undanþágu, starfrækt sjókvíaeldi á eldislaxi af norskum uppruna frá miðjum níunda áratug síðustu aldar (Valdimar Ingi Gunnarsson 2002). Mögulega hefur framleiðslan mest numið um 500 tonnum á ársgrundvelli. Ekki fundust heimildir um strok eldislaxa af norskum uppruna úr eldinu en árið 1981 sluppu 30.000 laxar af íslenskum uppruna (Eyjólfur K. Jónsson 1987 eins og vitnað er í Valdimar Ingi Gunnarsson 2008).

Í sýnum frá 2004, sem greind voru í þessari rannsókn vegna gruns um mögulega erfðablöndun, greindist einn eldri blendingur í Svalbarðsá í Þistilfirði, í 110 km fjarlægð frá Lóni í Kelduhverfi. Í öðrum sýnum frá því ári greindist F1-blendingur í Sogi á Suðurlandi og einn eldri blendingur í Ölfusá í sama vatnakerfi (viðaukar 3b og 4). Í landeldisstöðvum í Ölfusi hafa verið framleidd laxaseiði af norskum uppruna í áratugi en engar heimildir fundust um leka seiða úr stöðvunum. Slík dæmi eru þó þekkt erlendis (Carr og Whoriskey 2006). Erfðablöndun greindist ekki í yngri sýnum af Suðurlandi.

Eldri blöndun greindist í 13 af 44 ám á Vestfjörðum og rétt utan svæðisins, í Hvolsá á Skarðsströnd (viðauki 1b og 4). Blendingar F1-blendinga og villtra voru nokkuð áberandi í Staðará í Súgandafirði (5 seiði, 1,6% sýna), í Staðará í Steingrímsfirði (12 seiði, 10%) og Múlaá í Ísafirði (8 seiði, 19,5%). Í Bjarnadalsá í Önundarfirði greindust fjórir eldri blendingar í sýnum frá 2015 og 2016. Þrír af fjórum blendingum í Bjarnadalsá voru af hrygningarárgangi 2011 þannig að ekki er hægt að tengja þá við núverandi sjókvíaeldi á Vestfjörðum (hér gert ráð fyrir annarrar kynslóðar blöndun en ekki eldri og að strokulax sé ekki blandaður íslenskum laxi). Að sama skapi var ekki hægt að tengja eldri blöndun í Botnsá í Tálknafirði, Sunndalsá og Mjólká í Arnarfirði, Djúpadalsá og Gufudalsá (báðar innarlega í Breiðafirði) við núverandi eldi. Í Staðará í Steingrímsfirði voru flestir ef ekki allir blendingar af hrygningarárgöngum 2016 og/eða 2017. Í Víðidalsá í Steingrímsfirði greindust þrír eldri blendingar og tilheyrðu þeir sömu hrygningarárgöngum. Jafnframt hafa fundist vísbendingar um eldri blöndun í Selá í sama firði í sýnum frá 2019 en aldur seiða var ekki upp gefinn (Jóhannes Sturlaugsson og Snæbjörn Pálsson 2023). Ekki er útilokað að tengja megi hluta þessarar blöndunar við núverandi eldi á Vestfjörðum ef ákveðnar forsendur eru gefnar; eldislaxar voru kynþroska árið 2013 og 2014, blöndun er af annarri kynslóð en ekki eldri, F1-blendingar af hrygningarárgöngum 2013 og 2014 tóku þátt í hrygningu sem snemmkynþroska 2⁺ eða 3⁺ hængseiði. Ekki verður lagt mat á hversu líkleg þessi sviðmynd er, sér í lagi þar sem eldri blöndun í nokkrum ám var ekki hægt að tengja við núverandi eldi. Þó má nefna að strokulaxar voru kynþroska 2014 (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2014), hængseiði geta orðið kynþroska 2⁺ (sjö seiði í þessari rannsókn), F1-blendingar geta orðið snemmkynþroska þrátt fyrir kynbótaval gegn þeim eiginleika hjá

eldislöxum (eitt slíkt seiði fannst í Berufjarðará), hlutfallslega mörg (jafnvel flest) hængseiða F1-blendinga geta orðið snemmkynþroska (Holborn o.fl. 2022) og æxlunarárangur þeirra getur verið meiri en villtra hængseiða (Garant o.fl. 2003).

Í viðamikilli rannsókn í Kanada greindist hátt hlutfall F1-blendinga í kjölfar stórrar slysasleppingar á eldislöxum. Hlutfall F1-blendinga lækkaði með tímanum en skömmu síðar hækkaði hlutfall blendinga af annarri kynslóð sem rakið var til hrygningar snemmkynþroska F1-blendinga (Holborn o.fl. 2022). Frekari greining á gögnunum ásamt væntanlegum viðbótargögnum úr yngri sýnum mun mögulega varpa ljósi á mikilvægi þessa þáttar á Íslandi. Líklega verður ekki hægt að finna augljósar skýringar á allri eldri blöndun þar sem óvissuþættir eru almennt margir, saga notkunar eldisstofnsins virðist ekki fyllilega skráð og ekki öll slys eða atvik þekkt, t.a.m. var upplýst um losun 160.000 eldisseiða af norskum uppruna út í sjó í Tálknafirði árið 2002, 15 árum eftir þann gjörning (Magnús Jóhannsson og Sigurður Már Einarsson 2001 eins og vitnað er í Valdimar Ingi Gunnarsson 2002; Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017a).

Niðurlag

Rannsóknin sem lýst hefur verið í þessari skýrslu sýnir að erfðablöndun eldislaxa og villtra laxa á sér stað hér á landi líkt og í öðrum löndum þar sem sjókvíaeldi á laxi er stundað á útbreiðslusvæði Atlantshafslax. Blendingar af fyrstu kynslóð voru mest áberandi í ám nærri eldi en greindust einnig í talsverðri fjarlægð. Rannsóknin náði að mestu til laxaseiða frá árum þegar framleiðsla á eldislaxi var að meðaltali um 6.900 tonn. Framleiðslan er margfalt meiri í dag og mun að öllum líkindum aukast enn frekar á komandi árum.

Í rannsókninni var lagt mat á fjölda eldislaxa sem hrygndu í ám, þ.e. fjölda foreldra F1-blendinga, en óvissa er um heildarfjölda hrygningarfiska af eldisuppruna þar sem lítill hluti búsvæða lax var rannsakaður. Eldri erfðablöndun greindist í ám sem a.m.k. má tengja við sjókvíaeldi í byrjun þessarar aldar. Ástæður þess að eldri blöndun greindist í mismiklu mæli og á mismunandi stöðum þarfnast frekari skoðunar. Í því sambandi er nauðsynlegt að meta áhrif snemmkynþroska hænga af blendingsuppruna á mögnun erfðablöndunar (Holborn o.fl. 2022).

Gera má ráð fyrir aukinni erfðablöndun samfara aukinni framleiðslu (Mahlum o.fl. 2021; Diserud o.fl. 2022). Með núverandi tækni í sjókvíaeldi er alltaf hættu á sleppingum fiska og á meðan ekki er notaður ófrjór lax í eldi þarf að veiða strokulaxa úr ám fyrir hrygningu. Í Noregi er það talin nauðsynleg aðgerð á meðan iðnaðurinn hefur ekki innleitt lausnir til að útrýma sleppingum (Glover o.fl. 2020). Fyrirtækið Laxfiskar ehf. hefur frá árinu 2015 fjarlægt strokulaxa úr einni laxá nærri sjókvíaeldi og þannig minnkað líkur á erfðablöndun. Hafrannsóknastofnun hefur í sjö ár sótt um fjármagn til Umhverfissjóðs sjókvíaeldis vegna

samskonar aðgerða í fleiri ám á sjókvíaeldissvæðum en án árangurs. Þar var um að ræða „hreinsun“ eldislaxa úr ám á Vestfjörðum samhliða yfirborðsköfun (e. drift diving) að norskrri fyrirmynd (Skoglund o.fl. 2021). Nauðsynlegt er að tryggja fjármagn í slíkar aðgerðir til að minnka líkur á erfðablöndun í laxastofnum á sjókvíaeldissvæðum sem eru ekki inni í áhættumati erfðablöndunar. Jafnframt er nauðsynlegt að tryggja að eldislaxar eða blendingar verði ekki notaðir í fiskrækt með seiðasleppingum hér á landi. Upprunagreining allra klaklaxa með erfðafræðilegum aðferðum ætti því að setja sem skilyrði hér á landi.

Rannsóknin veitir mikilvægar upplýsingar um stöðu erfðablöndunar norskættaðra eldislaxa og villtra laxa á Íslandi við upphaf núverandi eldis. Von er á erfðagögnum úr 4.000 laxaseiðum úr ám hringinn í kringum landið. Sýnin voru tekin árið 2021 og ættu því að gefa betri mynd af þeirri erfðablöndun sem varð 2019, þegar framleiðslan fór yfir 25.000 tonn, og veita vísbendingar um stöðuna 2020 þegar framleiðslan var enn meiri. Þótt áhrif tiltekins framleiðslumagns geta verið lengi að koma fram (Erfðanefnd landbúnaðarins 2019) er öflug vöktun á erfðablöndun ein forsenda þess að unnt sé að leggja mat á hvort þau teljist ásættanleg, t.d. með hliðsjón af varðveislu líffræðilegs fjölbreytileika. Með aukinni þekkingu á því hvernig erfðablöndun kemur fram eru líkur til að gera megi líkön til að spá fyrir erfðablöndun miðað við mismunandi sviðsmyndir í umfangi eldis og eftir stofnum m.t.t. stærða þeirra og fjarlægðar frá eldissvæðum. Slíkar mögulegar rannsóknir geta verið lengi í vinnslu.

Þakkarorð

Rannsóknin var styrkt af Umhverfissjóði sjókvíaeldis. Fiskræktarsjóður styrkti erfðasýnatöku og erfðagreiningu sýna úr Breiðdalsá 2020 og sýnatöku af Austfjörðum 2017 til helmings á móti Umhverfissjóði sjókvíaeldis. Auk höfunda skýrslunnar frá Hafrannsóknastofnun, tóku Sigurður Már Einarsson, Ingi Rúnar Jónsson, Jóhannes Jónu Guðbrandsson, Friðþjófur Árnason, Guðni Guðbergsson, Eydís Njarðardóttir, Fjóla Rut Svavarsdóttir, Magnús Jóhannsson, Benóný Jónsson, Jóhanna Margrét Haraldsdóttir, Jónína Herdís Ólafsdóttir, Tumi Tómasson og Sigurður Óskar Helgason þátt í söfnun sýna. Guðni Guðbergsson las yfir handritið og færði margt til betri vegar.

Heimildir

Alexander, D.H., Novembre, J. og Lange, K. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19: 1655 – 1664.

Anderson, E.C. og Thompson E.A. (2002). A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics*, 160: 1217 – 1229.

Behnke, R.J. (1972). The systematics of salmonid fishes of recently glaciated lakes. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 29: 639 – 671.

Besnier, F., Ayllon, F., Skaala, Ø., Solberg, M.F., Fjeldheim, P.T., Anderson, K., Knutar, S. og Glover, K.A. (2022). Introgression of domesticated salmon changes life history and phenology of a wild salmon population. *Evolutionary Applications*, 15: 853 – 864.

Besnier, F. og Glover, K.A. (2013). ParallelStructure: A R Package to Distribute Parallel Runs of the Population Genetics Program STRUCTURE on Multi-Core Computers. *PLoS ONE* 8: e70651.

Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægrov, H., Diserud, O.H., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Næsje, T.F., Barlaup, B.T., Florø-Larsen, B., Lo, H., Niemelä, E. og Karlsson, S. (2017). Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution*, 1: 0124.

Bolstad, G.H., Karlsson, S., Hagen, I.J., Fiske, P., Urdal, K., Sægrov, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Østborg, G., Diserud, O.H., Jensen, A.J. og Hindar, K. (2021). Introgression from farmed escapees affects the full life cycle of wild Atlantic salmon. *Science Advances*, 7: eabj3397.

Bourret, V., O'Reilly, P.T., Carr, J.W., Berg, P.R. og Bernatchez, L. (2011). Temporal change in genetic integrity suggests loss of local adaptation in a wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) population following introgression by farmed escapees. *Heredity*, 106: 500 – 510.

Bradbury, I.R., Lehnert, S.J., Kess, T., Van Wyngaarden, M., Duffy, S., Messmer, A.M., Wringe, B., Karoliussen, S., Dempson, J.B., Fleming, I.A., Solberg, M. F., Glover, K.A. og Bentzen, P. (2022). Genomic evidence of recent European introgression into North American farmed and wild Atlantic salmon. *Evolutionary Applications*, 15: 1436 – 1448.

Carr, J.W. og Whoriskey, F.G. (2006). The escape of juvenile farmed Atlantic salmon from hatcheries into freshwater streams in New Brunswick, Canada. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1263 – 1268.

Chang, C.C., Chow, C.C., Tellier, L.C., Vattikuti, S., Purcell, S.M. og Lee, J.J. (2015). Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 4: 7.

Daniélsdóttir, A.K., Marteinsdóttir, G., Árnason, F. og Guðjónsson, S. (1997). Genetic structure of wild and reared Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) populations in Iceland. *ICES Journal of Marine Science*, 54: 986 – 997.

Diserud, O.H., Fiske, P., Karlsson, S., Glover, K.A., Næsje, T. o.fl. (2022). Natural and anthropogenic drivers of escaped farmed salmon occurrence and introgression into wild Norwegian Atlantic salmon populations. *ICES Journal of Marine Science*, 79: 1363 – 1379.

Diserud, O.H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K.A. og Skaala, Ø. 2020. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – oppdatert status 2020. NINA Rapport 1926. Norsk institutt for naturforskning. 80 bls.

Ellis, J.S., Gilbey, J., Armstrong, A., Balstad, T., Cauwelier, E. o.fl. (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.

Erfðanefnd landbúnaðarins (2019). Umsögn erfðanefndar landbúnaðarins um frumvarp til laga um breytingu á ýmsum lagaákvæðum sem tengjast fiskeldi, þingskjal 1060-647. Mál. [<https://www.althingi.is/alttext/erindi/149/149-4901.pdf>]

- Falush, D., Stephens, M. og Pritchard, J.K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164: 1567 – 1587.
- Finnegan, A.K., Griffiths, A.M., King, R.A., Machado-Schiaffino, G., Porcher, J.-P., Garcia-Vazquez, E., Bright, D. og Steven, J.R. (2013). Use of multiple markers demonstrates a cryptic western refugium and postglacial colonisation routes of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in northwest Europe. *Heredity*, 111: 34 – 43.
- Fleming, I.A., Hindar, K., Mjølneröd, I.B., Jonsson, B., Balstad, T. og Lamberg, A. (2000). Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B-Biological Sciences*, 267: 1517 – 1523.
- Fleming, I.A., Jonsson, B., Gross, M.R., og Lamberg, A. (1996). An Experimental Study of the Reproductive Behaviour and Success of Farmed and Wild Atlantic Salmon (*Salmo salar*). *Journal of Applied Ecology*, 33: 893 – 905.
- Fraser, D.J., Weir, L.K., Bernatchez, L., Hansen, M.M. og Taylor, E.B. (2011). Extent and scale of local adaptation in salmonid fishes: review and meta-analysis. *Heredity*, 106: 404 – 420.
- Garant, D., Fleming, I.A., Einum, S. og Bernatchez, L. (2003). Alternative male life-history tactics as potential vehicles for speeding introgression of farm salmon traits into wild populations. *Ecology Letters*, 6: 541 – 549.
- Garcia de Leaniz, C., Fleming, I.A., Einum, S., Verspoor, E., Jordan, W.C., Consuegra, S., Aubin-Horth, N., Lajus, D., Letcher, B.H., Youngson, A.F., Webb, J.H., Vøllestad, L.A., Villanueva, B., Ferguson, A. og Quinn, T.P. (2007). A critical review of adaptive genetic variation in Atlantic salmon: implications for conservation. *Biological Reviews*, 82: 173 – 211.
- Gilbey, J., Coughlan, J., Wennevik, V., Prodöhl, P., Stevens, J.R. o.fl. (2018). A microsatellite baseline for genetic stock identification of European Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *ICES Journal of Marine Science*, 75: 662 – 674.
- Gilbey, J., Sampayo, J., Cauwelier, E., Malcolm, I., Millidine, K., Jackson, F., og Morris, D.J. (2021). A national assessment of the influence of farmed salmon escapes on the genetic integrity of wild Scottish Atlantic salmon populations. *Scottish Marine and Freshwater Science*, 12: 12. 70 bls.
- Glover, K.A., Pertoldi, C., Wennievik, V., Kent, M og Skaala, Ø. (2013). Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees. Quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. *BMC Genetics*, 14: 74.
- Glover, K.A., Quintela, M., Wennevik, V., Besnier, F., Sørvik, A.G.E. og Skaala, Ø. (2012). Three decades of farmed escapees in the wild: a spatio-temporal analysis of Atlantic salmon population genetic structure throughout Norway. *PloS One* 7: e43129.
- Glover, K.A., Solberg, M.F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M.W., Hansen, M.M., Araki, H., Skaala, Ø. og Svåsand, T. (2017). Half a century of genetic interaction between farmed and wild Atlantic salmon: Status of knowledge and unanswered questions. *Fish and Fisheries*, 18: 890 – 927.
- Glover, K.A., Wennevik, V., Hindar, K., Skaala, Ø., Fiske, P., Solberg, M.F., Diserud, O.H., Svåsand, T., Karlsson, S., Andersen, L.B. og Grefsrud, E.S. (2020). The future looks like the past: Introgression of domesticated Atlantic salmon escapees in a risk assessment framework. *Fish and Fisheries*, 21: 1077 – 1091.
- Guðjónsson, S. og Scarnecchia, D.L. (2009). “Even the evil need a place to live”: wild salmon, salmon farming, and zoning of the Icelandic coastline. *Fisheries*, 34: 477 – 486.
- Guðmunda Þórðardóttir og Guðni Guðbergsson (2022). Lax- og silungsveiðin 2022. Hafrannsóknastofnun, HV 2023-22. 39 bls.
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bolstad, G.H., Diserud, O.H., Hindar, K., Lo, H. og Karlsson, S. (2019). Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. *Nature Communications*, 10: 199.
- Hansen, L.P. (2006). Migration and survival of farmed Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) released from two Norwegian fish farms. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1211 – 1217.

- Hansen, L.P. og Youngson, A.F. (2010). Dispersal of large farmed Atlantic salmon, *Salmo salar*, from simulated escapes at fish farms in Norway and Scotland. *Fisheries Management and Ecology*, 17: 28 – 32.
- Hindar, K., Ryman, N. Og Utter, F. (1991). Genetic effects of cultured fish on natural fish populations. *Canadian journal of fisheries and aquatic sciences*, 48: 945 – 957.
- 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.
- Holborn, M.K., Crowley, S.E., Duffy, S.J., Messmer, A.M., Kess, T., Dempson, J.B., Wringe, B.F., Fleming, I.A., Bentzen, P. og Bradbury, I.R. (2022). Precocial male maturation contributes to the introgression of farmed Atlantic salmon into wild populations. *Aquaculture Environmental Interactions*, 14: 205 – 218.
- Ingi Rúnar Jónsson (2005). Uppruni fiska sem bárust Veiðimálastofnun til skoðunar árið 2004. Veiðimálastofnun, VMST-R/0516. 5 bls.
- Ingi Rúnar Jónsson og Þórólfur Antonsson (2004). Laxar af eldisuppruna endurheimtir á Austurlandi sumarið 2003. Veiðimálastofnun, VMST-R/0403. 14 bls.
- Jonsson, B. Og Jonsson, N. (2011). *Ecology of Atlantic Salmon and Brown Trout: Habitat as a template for life histories*. Fish & Fisheries Series, 33. Bindi. Springer, New York. 708 bls.
- Jonsson, B. Og Jonsson N. (2017). Maternal inheritance influences homing and growth of hybrid offspring between wild and farmed Atlantic salmon. *Aquaculture Environmental Interactions*, 9: 231 – 238.
- Jóhannes Sturlaugsson (2017). Rannsókn á fiskistofnum í ám í Ketildölum 2016. Laxfiskar. 7 bls.
- Jóhannes Sturlaugsson (2021). Eldislaxar á hrygningarslóð villtra laxa í Fífustaðadalsá í Arnarfirði 2015 – 2020. Laxfiskar. 8 bls.
- Jóhannes Sturlaugsson og Snæbjörn Pálsson (2023). Annual monitoring 2015-2022 of spawning of farmed salmon in small rivers with Atlantic salmon stocks in the vicinity of salmon farming in net pens in Arnarfjörður NW-Iceland. Fyrirlestur á Salmon Summit 2023, NASF, Reykjavík, 16.-17. Mars 2023.
- Karlsson, S., Diserud, O.H., Fiske, P. og Hindar, K. (2016). Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. *ICES Journal of Marine Science*, 73: 2488 – 2498.
- Karlsson, S., Diserud, O.H., Moen, T. og Hindar, K. (2014). A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. *Ecology and Evolution*, 16: 3256 – 3263.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Anders-skog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. og Hemphill, E.J.K. (2018). Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning. 15 bls.
- Keyser, F., Wringe, B.F., Jeffery, N.W., Dempson, J.B., Duffy, S. og Bradbury, I.R. (2018). Predicting the impacts of escaped farmed Atlantic salmon on wild salmon populations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 75: 1 – 7.
- King, T.L., Kalinowski, S.T., Schill, W.B., Spidle, A.P. og Lubinski, B.A. (2001). Population structure of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): a range-wide perspective from microsatellite DNA variation. *Molecular Ecology*, 10: 807 – 821.
- Kjærner-Semb, E., Ayllon, F., Furmanek, T., Wennevik, V., Dahle, G., Niemelä, E., Ozerov, M., Vähä, J.-P., Glover, K.A., Rubin, C.J., Wargelius, A. og Edvardsen, R.B. (2016). Atlantic salmon populations reveal adaptive divergence of immune related genes – a duplicated genome under selection. *BMC Genomics*, 17: 610.
- Lehnert, S.J., Kess, T., Bentzen, P., Clément, M. og Bradbury, I.R. (2020). Divergent and linked selection shape patterns of genomic differentiation between European and North American Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Molecular Ecology*, 29: 2160 – 2175.

- Leó Alexander Guðmundsson, Guðni Guðbergsson, Halla Margrét Jóhannesdóttir og Eydís Njarðardóttir (2014). Rannsókn á löxum veiddum í Patreksfirði í ágúst 2014. Veidimálastofnun, VMST/14047. 34 bls.
- Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson og Eydís Salome Eiríksdóttir (2018b). Útbreiðsla laxfiska og umhverfisþættir vatnsfalla á Austfjörðum. Hafrannsóknastofnun, HV 2019-40. 37 bls.
- Leó Alexander Guðmundsson, Hlynur Bárðarson, Jón S. Ólafsson, Ingi Rúnar Jónsson, Eydís H. Njarðardóttir, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson (2018a). Skyldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra laxastofna á Íslandi. Hafrannsóknastofnun, KV 2018-4. 9 bls.
- Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir, Jóhannes Guðbrandsson og Sigurður Már Einarsson (2017a). Erfðablöndun eldislaxa af norskum uppruna við íslenska laxastofna. Hafrannsóknastofnun, HV 2017-031. 31 bls.
- Leó Alexander Guðmundsson, Ragnhildur Þ. Magnúsdóttir og Sigurður Már Einarsson (2017b). Útbreiðsla og þéttleiki seiða laxfiska á Vestfjörðum, frá Súgandafirði til Tálknafjarðar. Hafrannsóknastofnun, HV 2017-004. 16 bls.
- Madhun, A.S., Wennevik, V., Skilbrei, O.T., Karlsbakk, E., Skaala, Ø., Fiksdal, I.U., Meier, S., Tang, Y. og Glover, K.A. (2017). The ecological profile of Atlantic salmon escapees entering a river throughout an entire season: diverse in escape history and genetic background, but frequently virus-infected. ICES Journal of Marine Science, 74: 1371 – 1381.
- Mahlum, S., Vollset, K.W., Barlaup, B.T., Skoglund, H. og Velle, G. (2021). Salmon on the lam: Drivers of escaped farmed fish abundance in rivers. Journal of Applied Ecology, 58: 550 – 561.
- Maitland, P. S. (1986). The potential impact of fish culture on wild stocks of Atlantic salmon in Scotland. Í Jenkins, D. og Shearer, W.M. (ritstj.), The Status of the Atlantic Salmon in Scotland (bls. 73 – 78). Institute of Terrestrial Ecology, Huntingdon. ITE Symposium No. 15.
- Martinez, J.L., Moran, P., Perez, J., De Gaudemar, B., Beall, E. og Garcia-Vazquez, E. (2000). Multiple paternity increases effective size of southern Atlantic salmon populations. Molecular Ecology, 9: 293 – 298.
- MAST (2022). Ársskýrsla dýralæknis fisksjúkdóma 2022. Matvælastofnun. 63 bls.
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Maoiléidigh, N. Ó., Baker, N., Cotter, D., O’Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J. og Cross, T. (2003). Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. Proceedings of the Royal Society of London, Series B, 270: 2443 – 2450.
- Naylor, R., Hindar, K., Fleming, I.A., Goldburg, R., Williams, S., Volpe, J., Whoriskey, F., Eagle, J., Kelso, D. og Mangel, M. (2005). Fugitive salmon: assessing the risks of escaped fish from net-pen aquaculture. BioScience, 55: 427 – 437.
- O’Toole, C.L., Reed, T.E., Bailie, D., Bradley, C., Cotter, D., Coughlan, J., Cross, T., Dillane, E., McEvoy, S., Ó Maoiléidigh, N., Prodöhl, P., Rogan, G. og McGinnity, P. (2015). The signature of fine scale local adaptation in Atlantic salmon revealed from common garden experiments in nature. Evolutionary Applications, 8: 881 – 900.
- Ozerov, M., Vasemägi, A., Wennevik, V., Diaz-Fernandez, R., Kent, M., Gilbey, J., Prusov, S., Niemelä, E. og Vähä, J.-P. (2013). Finding markers that make a difference: DNA pooling and SNP-arrays identify population informative markers for genetic stock identification. PLoS ONE, 8: e82434.
- Ólafsson, K., Pampoulie, C., Hjörleifsdóttir, S., Guðjónsson, S. og Hreggviðsson, G.Ó. (2014). Present-day genetic structure of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in Icelandic rivers and ice-cap retreat models. PLoS ONE 9: e86809.
- Pritchard, V.L., Erkinaro, J., Kent, M.P., Niemelä, E., Orell, P., Lien, S. og Primmer, C.R. (2016). Single nucleotide polymorphisms to discriminate different classes of hybrid between wild Atlantic salmon and aquaculture escapees. Evolutionary Applications, 9: 1017 – 1031.

- Pritchard, J.K., Stephens, M. og Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945 – 959.
- Pulg, U., Karlsson, S., Diserud O.H., Postler, C., Stranzl, S., Espedal, E.O. og Lennox, J. R. (2021). Laks i sjøørretbekker – villaks eller oppdrettslaks? NORCE LFI rapport 376. Norwegian Research Center, Bergen. 26 bls.
- Raymond, M. og Rousset, F. (1995). GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86: 248 – 249.
- Richard, A., Dionne, M., Wang, J. og Bernatchez, L. (2013). Does catch and release affect the mating system and individual reproductive success of wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.)?. *Molecular Ecology*, 22: 187 – 200.
- Rougemont, Q. og Bernatchez, L. (2018). The demographic history of Atlantic salmon (*Salmo salar*) across its distribution range reconstructed from approximate Bayesian computations. *Evolution*, 72: 1261 – 1277.
- Rousset, F. (2008). genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8: 103 – 106.
- Schtickzelle, N. og Quinn, T.P. (2007). A metapopulation perspective for salmon and other anadromous fish. *Fish and Fisheries*, 8: 297 – 314.
- Skaala, Ø., Besnier, F., Borgstrøm, R., Barlaup, B.T., Sørvik, A.G., Normann, E., Østebø, B.I., Hansen, M.M. og Glover, K.A. (2019). An extensive common-garden study with domesticated and wild Atlantic salmon in the wild reveals impact on smolt production and shifts in fitness traits. *Evolutionary Applications*, 12: 1001 – 1016.
- Skaala, Ø., Wennevik, V. og Glover, K.A. (2006). Evidence of temporal genetic change in wild Atlantic salmon, *Salmo salar* L., populations affected by farm escapees. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1224 – 1233.
- Skoglund, H., Vollset, K.W., Lennox, R., Skaala, Ø. og Barlaup, B.T. (2021). Drift diving: A quick and accurate method for assessment of anadromous salmonid spawning populations. *Fisheries Management and Ecology*, 28: 478 – 485.
- Svåsand T., Karlsen Ø., Kvamme B.O., Stien L.H., Taranger G.L. og Boxaspen K.K. (ritstj.) (2016). Risikovurdering norsk fiskeoppdrett 2016. Fisken og havet, særnr. 2-2016. 190 bls.
- Thermo Fisher (2023). Axiom™ Genotyping Solution Data Analysis User Guide. Thermo Fisher Scientific Inc. 165 bls.
- Thomaz, D., Beall, E. og Burke, T. (1997). Alternative Reproductive Tactics in Atlantic Salmon: Factors Affecting Mature Parr Success. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B*, 264: 219 – 226.
- Tækniskýrsla Hafrannsóknastofnunar (2020). Hætta á göngu strokulaxa úr laxeldi í íslenskar laxveiðjár. 41 bls.
- UK BioBank (2015). Genotyping and quality control of UK Biobank, a large-scale, extensively phenotyped prospective resource. Information for researchers v1.2. Interim Data Release 2015. 27 bls.
- Vähä, J.-P. og Primmer, C.R. (2006). Efficiency of model-based Bayesian methods for detecting hybrid individuals under different hybridization scenarios and with different numbers of loci. *Molecular Ecology*, 15: 63 – 72.
- Valdimar Ingi Gunnarsson (2002). Hugsanleg áhrif eldislaxa á náttúrulega laxastofna. Embætti veiðimálastjóra. 67 bls.
- Valdimar Ingi Gunnarsson (2008). Reynsla af sjókvíaelði á Íslandi. Hafrannsóknastofnun, fjölrit nr. 136. 47 bls.
- Valdimar Ingi Gunnarsson og Eiríkur Beck (2004). Slysasleppingar á eldislaxi á árinu 2003. Kynþroskahlutfall og endurheimtur. Veiðimálastjóri, EV-2004-002. 18 bls.
- Verspoor, E., Beardmore, J.A., Consuegra, S., García de Leániz, C., Hindar, K., Jordan, W.C., Koljonen, M-L., Mahkrov, A.A., Paava, T., Sánchez, J.A., Skaala, Ø., Titov, S. og Cross, T.F. (2005). Population structure in the

Atlantic salmon: insights from 40 years of research into genetic protein variation. *Journal of Fish Biology*, 67: 3 – 54.

Vitenskapelig råd for lakseforvaltning (2022). Status for norske laksebestander i 2022. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr. 17. 125 bls.

Wacker, S., Aronsen, T., Karlsson, S., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Hindar, K. og Næsje, T.F. (2021). Selection against individuals from genetic introgression of escaped farmed salmon in a natural population of Atlantic salmon. *Evolutionary Applications*, 14: 1450 – 1460.

Wang, J. (2004). Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166: 1963 – 1979.

Wang, J. (2018). Estimating genotyping errors from genotype and reconstructed pedigree data. *Methods in Ecology and Evolution*, 9: 109 – 120.

Waples, R.S. (1999). Dispelling some myths about hatcheries. *Fisheries*, 24: 12 – 21.

Wringe, B.F., Stanley, R.R.E., Jeffery, N.W., Anderson, E.C. og Bradbury, I.R. (2017). parallelnewhybrid: an R package for the parallelization of hybrid detection using newhybrids. *Molecular Ecology Resources*, 17: 91 – 95.

Wringe, B.F., Jeffery, N.W., Stanley, R.R.E., Hamilton, L.C., Anderson, E.C., Fleming, I.A., Grant, C., Dempson, J.B., Veinott, G., Duffy, S.J. og Bradbury, I.R. (2018). Extensive hybridization following a large escape of domesticated Atlantic salmon in the Northwest Atlantic. *Communications Biology*, 1: 108.

Pórólfur Antonsson (2006). Rannsóknir á fiskistofnum Hofsrár 2005. Veiðimálastofnun, VMST-R/0604. 15 bls.

Pórólfur Antonsson (2010). Rannsóknir á fiskistofnum Hofsrár 2009. Veiðimálastofnun, VMST/10016. 20 bls.

Viðaukar

Viðauki 1a. Yfirlit yfir meginhluta sýna rannsóknarinnar. Fram kemur staðsetning sýnatöku (landsvæði, á og hnit), dagsetning, stærð sýnatökusvæða (m²; EM = ekki mælt) og fjöldi laxaseiða sem greind voru með 60.250 SNP-erfðamörkum. Sýnum er raðað landfræðilega, réttisælis frá Elliðaánum.

Appendix 1a. Overview of the main samples of the study. Location of sampling (territory, river and coordinates), date, size of sampling areas (m²; EM = not measured) and number of salmon juveniles genotyped with 60.250 SNP's are given. Samples are arranged geographically clockwise from River Ellidaar.

Landshluti , á / territory, river	Staðsetning / location	Ártal / year	Dags. / date	Hnit og stærð sýnatökustöðva / coordinates and size of sampling sites			Fjöldi fiska greindir / number of genotyped fish
				N°	W°	m ²	
Suðvestur- og Vesturland							
Elliðaár	Kollafjörður	2017	26.11	65,42310	19,79121	EM	16
-	-	2020	09.10	64,12087	21,84028	98	64
-	-	2020	09.10	64,12237	21,84073	72	36
Langá	Borgarfjörður	2020	30.09	64,59705	21,99015	EM	35
-	-	2020	30.09	64,60617	21,97044	EM	64
Grímsá	Borgarfjörður	2020	24.09	64,59180	21,63157	EM	18
-	-	2020	24.09	64,59196	21,62605	635	80
Norðurá	Borgarfjörður	2020	24.09	64,74935	21,55258	435	99
Haukadalsá	Dalir	2016	02.11	65,05148	21,68171	694	17
-	-	2016	02.11	65,03947	21,73136	720	19
Krossá	Skarðsströnd	2020	03.09	65,26741	22,35913	176	50
-	-	2020	01.10	65,26585	22,35427	EM	49
Hvolsá	Skarðsströnd	2019	29.09	65,35992	21,80522	225	73
-	-	2019	29.09	65,35764	21,78503	111	51
-	-	2019	30.09	65,35542	21,77181	113	57
-	-	2019	29.09	65,38092	21,88403	172	1
Vestfirðir							
Geiradalsá	Reykholahreppur	2019	30.09	65,50330	21,84530	100	11
-	-	2019	30.09	65,48351	21,89078	266	60
-	-	2019	30.09	65,47259	21,91259	357	59
Þorskafjarðará	Þorskafjörður	2019	01.10	65,61382	22,08245	242	61
-	-	2019	01.10	65,63438	22,06827	228	32
-	-	2019	01.10	65,60900	22,08730	432	82
Djúpadalsá	Djúpifjörður	2019	02.10	65,58916	22,26626	220	62
Fjarðarhornská	Kollafjörður	2019	02.10	65,66729	22,52158	210	40
-	-	2019	02.10	65,64714	22,54898	604	81
Móra	Barðaströnd	2018	27.08	65,54261	23,42298	54	29
-	-	2018	27.08	65,52128	23,41554	95	53
-	-	2019	03.10	65,54152	23,42147	136	14
-	-	2019	03.10	65,52111	23,41496	308	85
-	-	2019	03.10	65,52793	23,41087	225	75
Suðurfossá	Rauðisandur	2019	04.10	65,46161	23,92577	297	34
-	-	2019	04.10	65,46009	23,91370	192	60
-	-	2019	04.10	65,46319	23,92841	171	49
Botnsá	Tálknafjörður	2019	07.10	65,58651	23,75798	179	10
-	-	2019	07.10	65,58727	23,75729	85	43
-	-	2019	07.10	65,58743	23,76014	84	27
-	-	2019	07.10	65,59208	23,77898	168	9
-	-	2019	07.10	65,59161	23,77800	39	1
-	-	2019	07.10	65,59165	23,77692	161	7
-	-	2019	07.10	65,59153	23,77659	EM	3

Kaldeyrará	Tálknafjörður	2018	30.08	65,60292	23,78102	EM	1
Selárdalsá	Arnarfjörður	2018	29.08	65,78509	23,98880	409	112
-	-	2018	29.08	65,77156	24,01308	96	86
-	-	2019	05.10	65,77439	24,00787	98	104
-	-	2019	05.10	65,77649	23,99687	66	33
-	-	2019	05.10	65,77534	24,00463	143	117
Fífustaðadalsá	Arnarfjörður	2018	29.08	65,76001	23,90106	485	148
Bakkadalsá	Arnarfjörður	2018	31.08	65,73478	23,81379	86	1
-	-	2018	31.08	65,73600	23,81197	89	14
-	-	2018	31.08	65,73618	23,81107	170	35
Litlueyrará	Arnarfjörður	2018	30.08	65,66992	23,61728	212	83
Dufansdalsá	Arnarfjörður	2018	28.08	65,61520	23,59501	81	27
-	-	2018	28.08	65,62019	23,57238	115	147
-	-	2019	06.10	65,62025	23,57379	276	67
-	-	2019	06.10	65,62022	23,57232	130	54
Pernudalsá	Arnarfjörður	2018	31.08	65,60691	23,56497	140	7
Sunndalsá	Arnarfjörður	2018	31.08	65,61026	23,39869	159	54
-	-	2018	28.08	65,61431	23,39909	88	69
-	-	2019	06.10	65,61433	23,39918	65	42
-	-	2019	06.10	65,61375	23,39939	120	41
-	-	2019	06.10	65,61298	23,39973	72	52
Dynjandisá	Arnarfjörður	2018	01.09	65,73734	23,20904	137	18
-	-	2019	08.10	65,73708	23,20892	144	6
Mjólká	Arnarfjörður	2019	08.10	65,77424	23,16920	195	40
Hófsá	Arnarfjörður	2018	01.09	65,78548	23,18064	112	1
Langá	Dýrafjörður	2018	02.09	65,90969	23,73522	800	38
-	-	2018	02.09	65,90897	23,73491	143	11
Kirkjubólásá	Dýrafjörður	2018	02.09	65,85443	23,53730	352	6
Botnsá	Dýrafjörður	2018	02.09	65,83855	23,18134	198	1
Núpsá	Dýrafjörður	2018	03.09	65,92278	23,57191	439	60
-	-	2019	08.10	65,92316	23,57229	324	27
Sandsá	Önundarfjörður	2018	03.09	66,03273	23,68457	204	63
-	-	2019	09.10	66,03287	23,68483	102	49
-	-	2019	09.10	66,04562	23,68726	53	41
-	-	2019	09.10	66,04534	23,68773	56	29
-	-	2019	09.10	66,04506	23,68788	55	15
Bjarnadalsá	Önundarfjörður	2018	03.09	65,97481	23,43600	563	5
Staðará	Súgandafjörður	2018	04.09	66,10952	23,51587	60	53
-	-	2018	04.09	66,12227	23,56629	147	53
-	-	2019	10.10	66,11320	23,54683	40	31
-	-	2019	10.10	66,11256	23,52480	59	51
-	-	2019	10.10	66,11227	23,52380	26	42
-	-	2019	10.10	66,11211	23,52356	26	56
-	-	2019	09.10	66,12233	23,56632	96	32
Laugardalsá	Ísafjarðardjúp	2019	04.09	66,01144	22,64368	140	30
-	-	2019	04.09	65,96817	22,66265	132	78
-	-	2019	04.09	66,00708	22,64496	147	84
-	-	2020	01.09	66,01164	22,64363	135	44
-	-	2020	01.09	66,01092	22,64378	225	34
-	-	2020	01.09	66,01199	22,64339	EM	7
Heydalsá	Mjóifjörður	2019	11.10	65,84166	22,67342	106	8
-	-	2019	11.10	65,84153	22,67459	106	19
-	-	2019	11.10	65,84134	22,67500	169	8
Ísafjarðará	Ísafjörður	2016	16.08	65,77850	22,60648	268	10
Múlaá	Ísafjörður	2016	16.08	65,79476	22,41940	214	12
-	-	2019	06.09	65,78532	22,42478	286	14
-	-	2019	06.09	65,81067	22,42286	350	15
Langadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	03.09	65,79406	22,33308	271	52
-	-	2019	03.09	65,77308	22,30327	294	31
-	-	2019	03.09	65,89845	22,34747	210	53
-	-	2019	03.09	65,82747	22,35222	189	72
-	-	2020	02.09	65,89842	22,34769	228	38

-	-	2020	02.09	65,89310	22,33997	300	59
Lágadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	11.10	65,89008	22,29782	38	1
Hvannadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	11.10	65,88931	22,30519	77	20
-	-	2019	11.10	65,89661	22,33490	110	5
Hraundalsá	Ísafjarðardjúp	2018	05.09	66,02436	22,33676	800	27
-	-	2018	05.09	66,02586	22,33544	184	23
Goðdalsá	Bjarnarfjörður	2018	14.08	65,80652	21,59261	227	20
Staðará	Steingrímsfjörður	2018	17.08	65,76286	21,84246	211	30
-	-	2019	12.10	65,76391	21,86397	45	9
-	-	2019	12.10	65,74432	21,97680	77	9
-	-	2019	12.10	65,76044	21,84719	70	4
-	-	2019	12.10	65,75901	21,86059	162	7
-	-	2019	12.10	65,75911	21,85987	300	21
-	-	2019	12.10	65,75986	21,86119	266	10
-	-	2019	12.10	65,74712	21,92322	266	28
Víðidalsá	Steingrímsfjörður	2018	16.08	65,68249	21,68653	144	36
Arnkötludalsá	Steingrímsfjörður	2018	13.08	65,63376	21,70688	205	35
Krossá	Bitrufjörður	2018	16.08	65,47180	21,48695	163	35
Norðdalsá	Bitrufjörður	2018	15.08	65,42844	21,48882	157	36

Norðvestur- og Norðurland

Víkurá	Hrútafjörður	2018	15.08	65,43086	21,29573	128	30
-	-	2019	13.10	65,42923	21,29825	80	28
-	-	2019	13.10	65,42920	21,29816	371	6
-	-	2019	13.10	65,42914	21,29986	189	4
-	-	2019	13.10	65,43687	21,29280	746	80
-	-	2019	13.10	65,45591	21,26897	204	29
Prestbakkaá	Hrútafjörður	2018	15.08	65,31468	21,19508	216	36
Laxá í Hrútafirði	Hrútafjörður	2018	15.08	65,25160	21,15137	223	23
Víðidalsá	V-Húnavatnssýsla	2020	28.08	65,33479	20,58719	648	117
Vatnsdalsá	A-Húnavatnssýsla	2017	03.09	65,29647	20,08947	108	5
-	-	2017	03.09	65,30736	20,12337	110	5
-	-	2017	04.09	65,33755	20,19336	116	5
-	-	2017	04.09	65,36507	20,20438	141	5
-	-	2017	04.09	65,38367	20,23404	112	5
-	-	2017	04.09	65,50079	20,34081	52	6
-	-	2017	04.09	65,33147	20,19056	116	5
-	-	2017	04.09	65,34959	20,17948	76	5
-	-	2020	26.08	65,29652	20,08968	110	3
-	-	2020	26.08	65,30741	20,12356	170	11
-	-	2020	26.08	65,33754	20,19335	149	4
-	-	2020	27.08	65,36501	20,20449	123	3
-	-	2020	26.08	65,50079	20,34082	72	4
-	-	2020	27.08	65,33111	20,19039	299	42
-	-	2020	27.08	65,34972	20,17960	92	4
-	-	2020	26.08	65,30773	20,12478	303	33
Blanda	A-Húnavatnssýsla	2020	07.07	65,51650	19,87857	319	19
-	-	2020	07.07	65,61370	20,14413	248	10
-	-	2020	07.07	65,63667	20,16305	190	19
Svartá	A-Húnavatnssýsla	2020	08.07	65,41520	19,68052	190	5
-	-	2020	08.07	65,44714	19,71812	162	3
-	-	2020	08.07	65,46638	19,73948	259	11
-	-	2020	08.07	65,50449	19,77517	161	12
-	-	2020	08.07	65,52476	19,87111	176	10
-	-	2020	09.07	65,53069	19,89113	213	3

Norðausturland, Austfirðir og Suðausturland

Laxá í Aðaldal	S-Pingeyjarsýsla	2020	31.08	65,97093	17,40413	>180	43
Hofsá	Vopnafjörður	2017	21.08	65,56758	15,24912	62	11
-	-	2017	21.08	65,57784	15,16702	90	2
-	-	2017	21.08	65,58653	15,13809	153	10

-	-	2017	21.08	65,59236	15,13640	153	8
-	-	2017	21.08	65,65246	15,06543	95	6
-	-	2020	23.08	65,61251	15,07778	64	21
-	-	2020	21.08	65,65246	15,06543	90	13
Fjarðará	Borgarfjörður eystri	2017	15.08	65,46936	13,85968	143	1
-	-	2020	10.09	65,46977	13,85817	215	1
-	-	2020	10.09	65,47558	13,85099	88	4
-	-	2020	10.09	65,46590	13,83715	77	2
Fjarðará	Loðmundarfjörður	2020	10.09	65,36022	13,91197	67	1
-	-	2020	10.09	65,35219	13,93057	102	1
Fjarðará	Seyðisfjörður	2020	09.09	65,25392	14,01406	80	1
-	-	2020	09.09	65,25771	14,01156	45	1
Fjarðará	Mjóifjörður	2017	13.08	65,18707	14,02222	192	2
Eskifjarðará	Eskifjörður	2017	13.08	65,08353	14,06541	140	2
Stöðvará	Stöðvarfjörður	2017	12.08	64,83856	13,95886	170	11
-	-	2020	04.09	64,85235	14,00729	178	21
-	-	2020	04.09	64,85482	14,01935	172	8
Breiðdalsá	Breiðdalur	2017	28.08	64,82883	14,26969	15	8
-	-	2017	28.08	64,82848	14,26552	93	2
-	-	2017	28.08	64,80640	14,18406	389	20
-	-	2017	28.08	64,79656	14,19803	408	17
-	-	2017	28.08	64,78635	14,18027	260	20
-	-	2017	28.08	64,78352	14,15406	238	20
-	-	2017	28.08	64,84416	14,20696	668	15
-	-	2020	08.09	64,78326	14,15285	343	28
-	-	2020	08.09	64,78636	14,18025	192	28
-	-	2020	09.09	64,84414	14,20700	189	16
-	-	2020	09.09	64,84476	14,39758	113	12
-	-	2020	08.09	64,79651	14,19785	380	29
-	-	2020	08.09	64,80630	14,18405	378	13
Berufjarðará	Berufjörður	2017	12.08	64,79443	14,52398	103	12
-	-	2020	06.09	64,79491	14,52453	EM	2
-	-	2020	06.09	64,79452	14,52356	199	6
Selá	Álftafjörður	2017	11.08	64,51822	14,53580	>167	27
-	-	2020	05.09	64,51084	14,57090	198	35
-	-	2020	05.09	64,51791	14,53637	139	10
Laxá í Nesjum	Hornafjörður	2017	10.08	64,30545	15,22818	230	18
-	-	2020	03.09	64,30555	15,22785	218	10
Smyrlabjargará	A-Skaftafellssýsla	2020	02.09	64,22650	15,71199	180	17
-	-	2020	02.09	64,23026	15,69569	>105	31

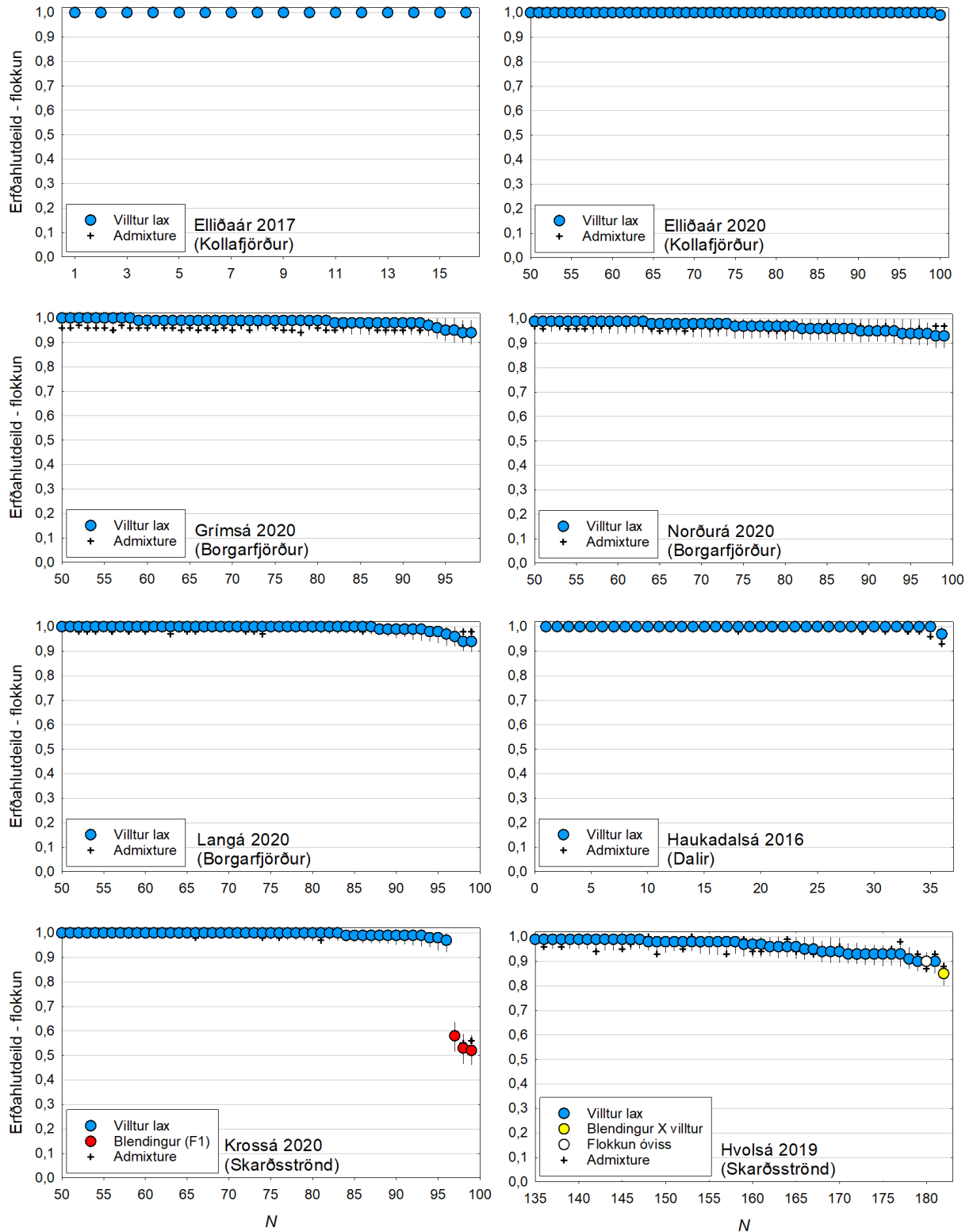
Suðurland

Þjórsá	Suðurland	2020	26.08	64,02444	20,42077	90	29
-	-	2020	26.08	63,94255	20,61706	65	13
-	-	2020	26.08	64,00833	20,33554	45	30
-	-	2020	26.08	63,85721	20,70961	49	8
Dalsá	Hrunamannahreppur	2020	27.08	64,27197	20,19835	67	10
Litla-Laxá	Hrunamannahreppur	2020	27.08	64,15611	20,25281	84	17
Stóra-Laxá	í Hreppum	2020	25.09	64,19860	20,09304	88	4
-	-	2020	25.09	64,13332	20,21087	75	3
-	-	2020	25.09	64,09028	20,27780	61	1
-	-	2020	16.09	64,06103	20,33434	116	1
Brúará	Árnessýsla	2020	27.08	64,15934	20,55841	185	19
Hvítá	Árnessýsla	2020	27.08	64,25949	20,22439	88	15
-	-	2020	27.08	64,17222	20,31936	95	9
Sog	Árnessýsla	2020	25.08	64,04112	20,98256	101	1
-	-	2020	28.08	64,00497	20,97448	65	30
Ölfusá	Árnessýsla	2020	05.10	63,95167	20,98605	45	8
-	-	2020	05.10	63,94195	20,99793	209	7
-	-	2020	05.10	63,94030	21,01120	95	5
-	-	2020	16.10	63,93719	21,05334	55	11

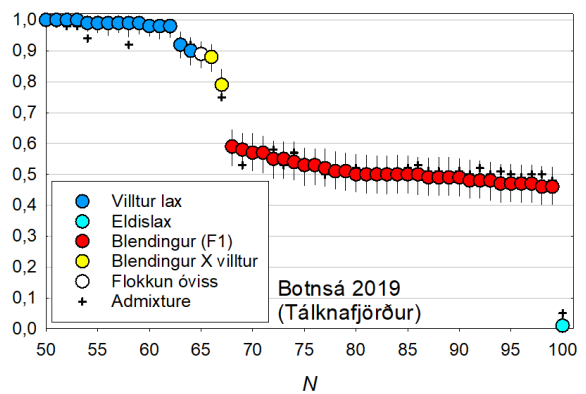
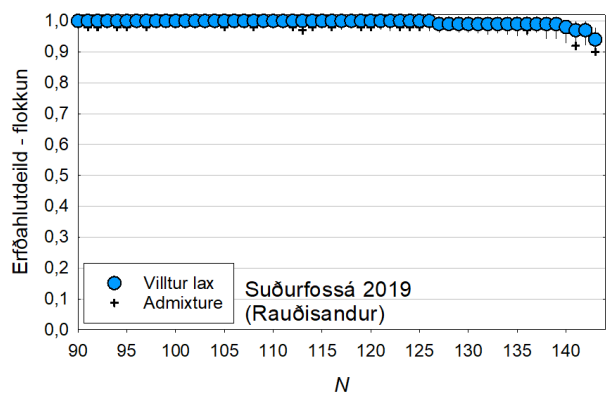
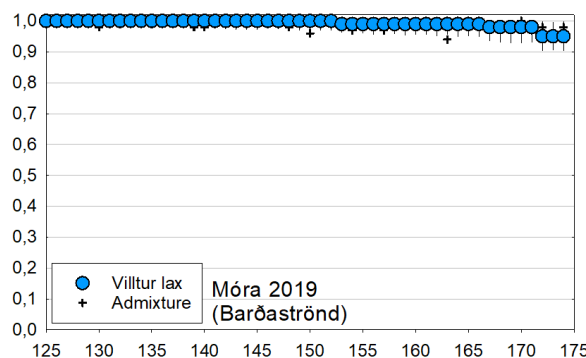
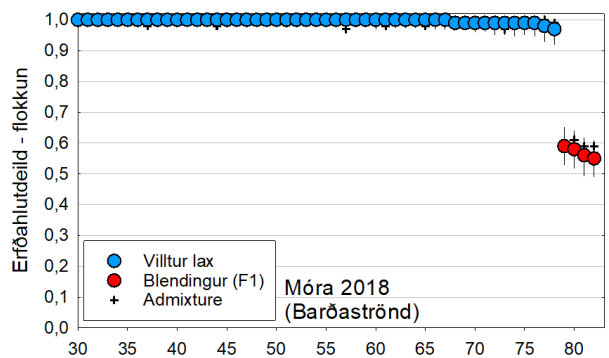
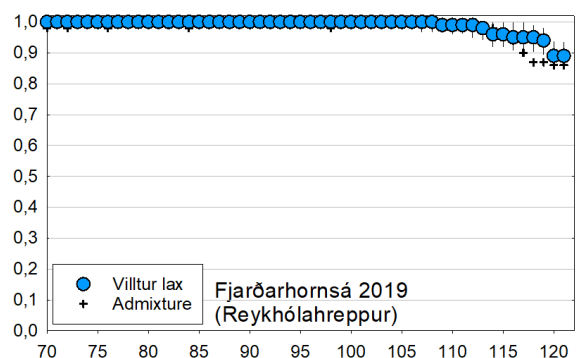
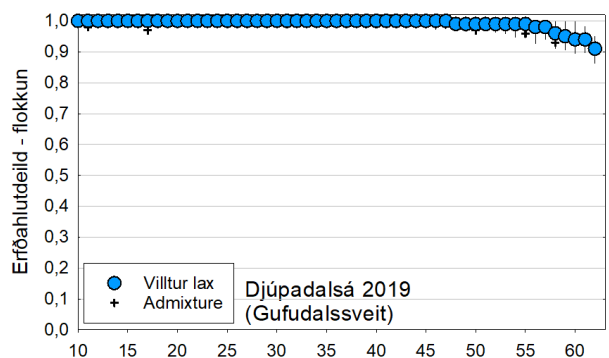
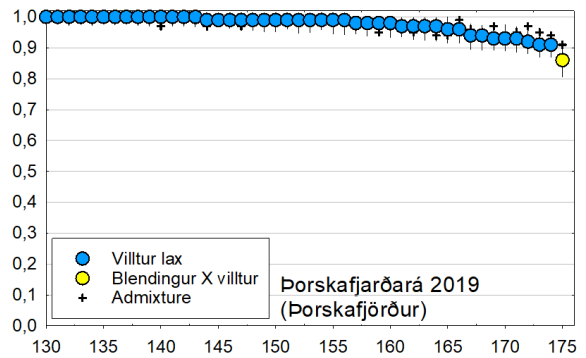
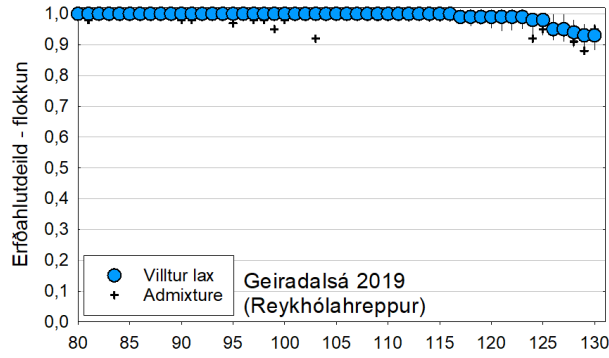
Viðauki 1b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 1a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á, skipt eftir ári sýnatöku ef við á. Myndir sýna niðurstöður greininga í STRUCTURE, ADMIXTURE og NewHybrids fyrir hvern fisk. Staðsetning punkta tákna erfðahlutdeild (q -gildi) fiska skv. STRUCTURE og eru gildi með 90% líkindamörkum. Krossar tákna erfðahlutdeild (q -gildi) fiska skv. ADMIXTURE. Krossar eru oft undir punktum og sjást þá ekki. q -gildum er raðað frá háum gildum til lágra með hliðsjón af niðurstöðum úr STRUCTURE. Litir punkta tákna niðurstöður greininga með NewHybrids; blár er villt seiði, túrkísblár eldisseiði, rauður F1-blendingur, gulur er eldri blöndun (F1-blendingur X villtur) sem og grænn (F2-blendingur). Óviss flokkun í NewHybrids er táknað með hvítum lit. Á hverri mynd er upplýsingabox með táknum mismunandi greininga og viðkomandi niðurstöðum. Ef fiskar í sýni eru margir eru þeir með hæstu q -gildin ekki sýndir.

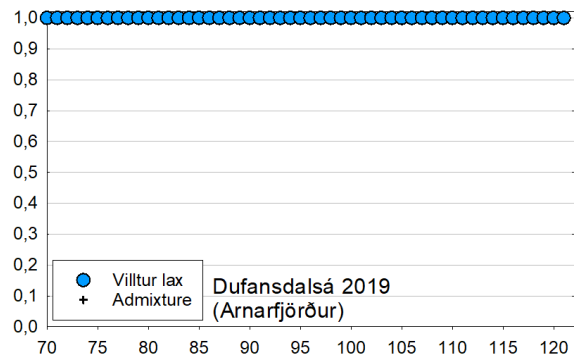
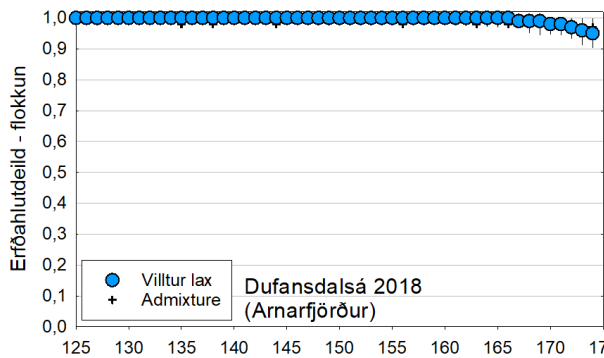
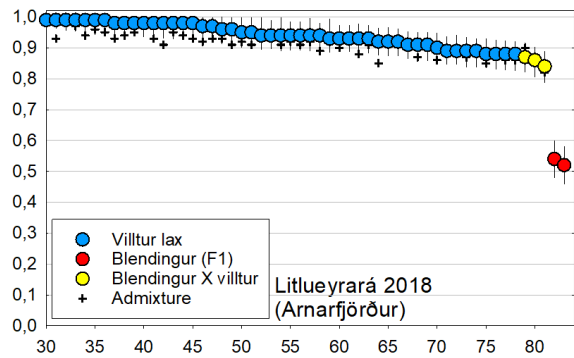
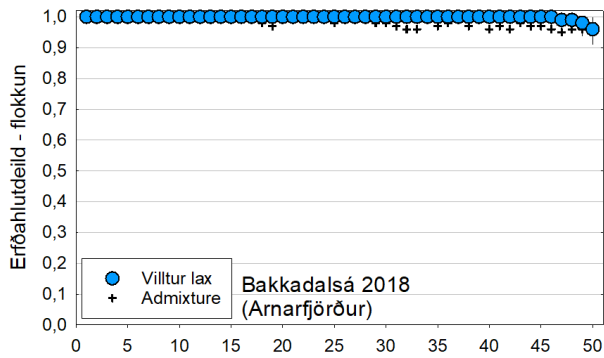
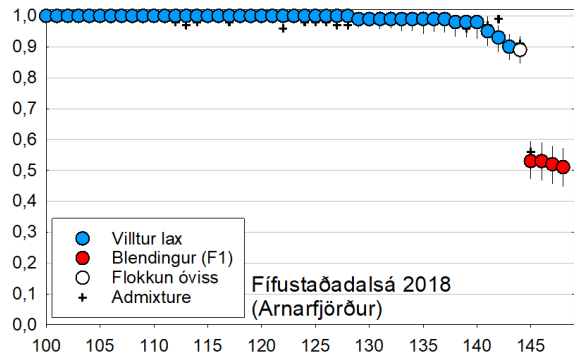
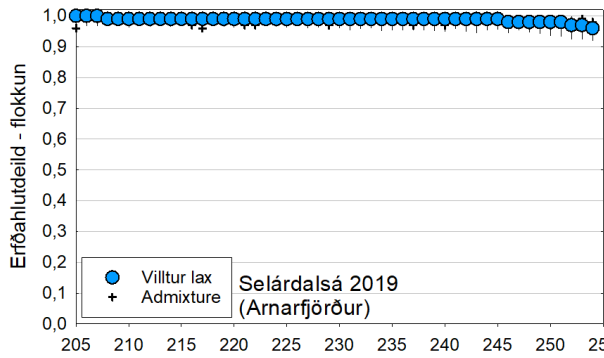
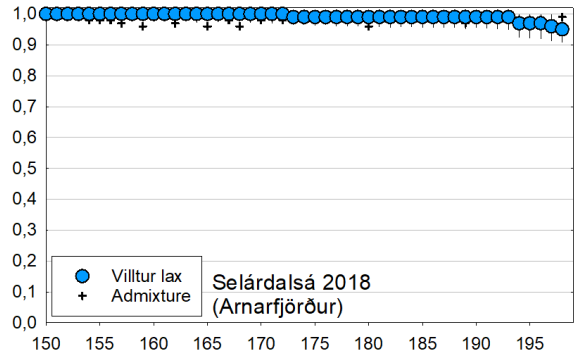
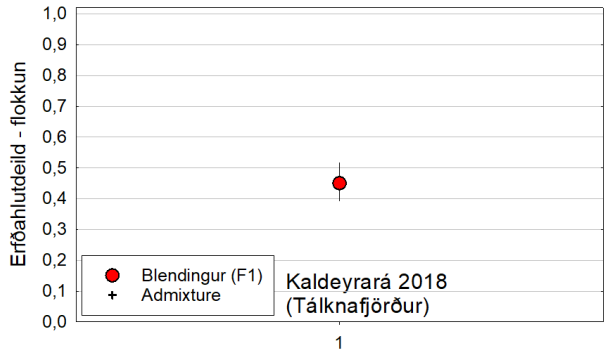
Appendix 1b. Results of wild and farmed salmon hybridization among juveniles reported in appendix 1a. Each figure shows results for one river, divided by year of sampling if applicable. Figures show the results of analyzes in STRUCTURE, ADMIXTURE and NewHybrids for each fish. The location of points represents admixture proportions (q -values) of fish according to STRUCTURE with 90% probability limits. Crosses represent admixture proportions (q -values) of fish according to ADMIXTURE. Crosses are often covered by dots and are not visible. q -values are ordered from high to low values based on the results from STRUCTURE. Colors of points represent the results of analyzes with NewHybrids; blue is wild juvenile, turquoise farm juvenile, red F1 hybrid, yellow is older hybridization (F1 hybrid x wild) as well as green (F2 hybrid). Uncertain classification in NewHybrids is represented in white. Each image has an information box with the symbols of the different analyzes and the respective results. If there are many fish in a sample, individuals with the highest q -values are not shown.

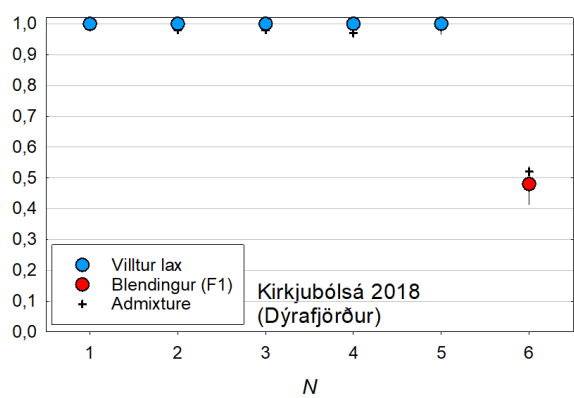
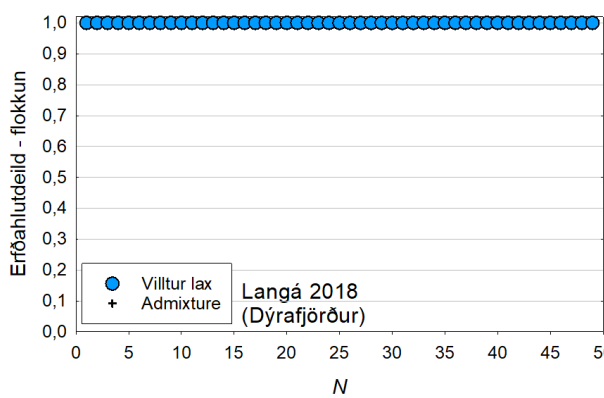
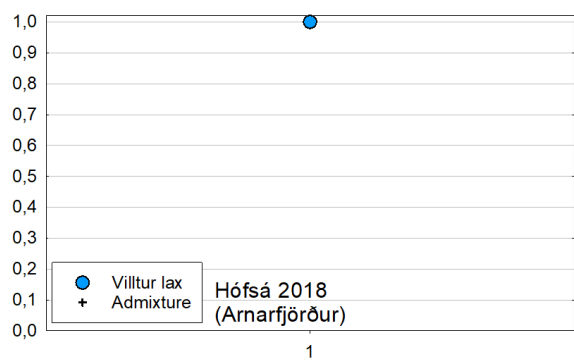
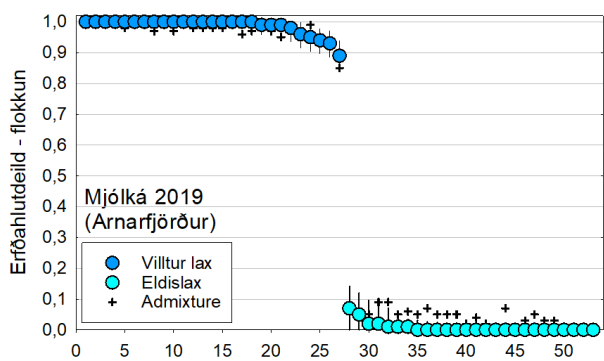
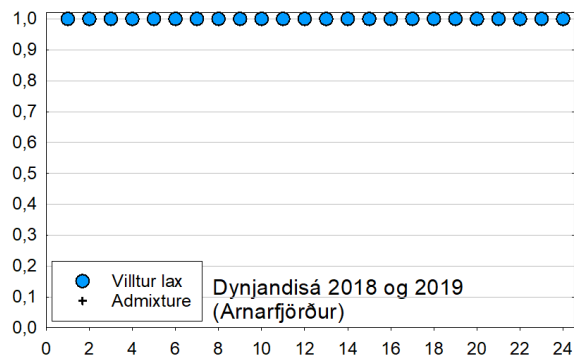
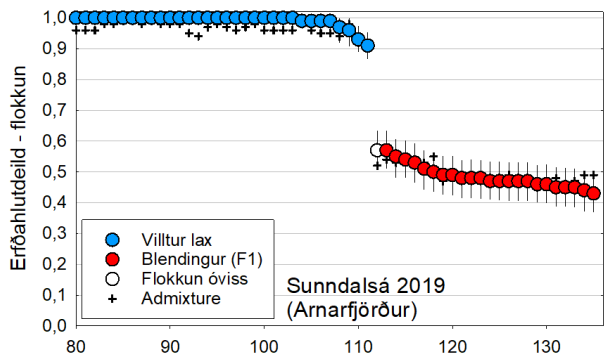
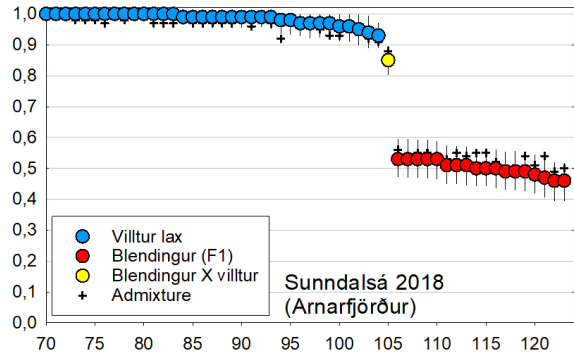
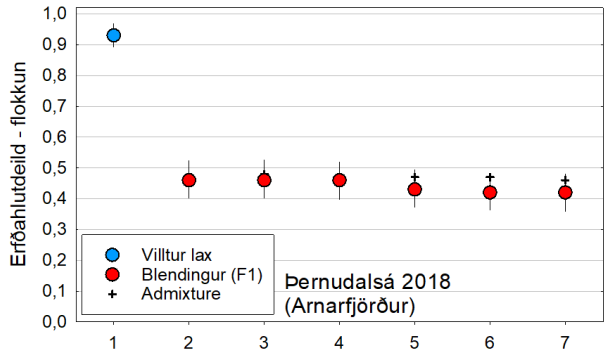
Suðvestur- og Vesturland

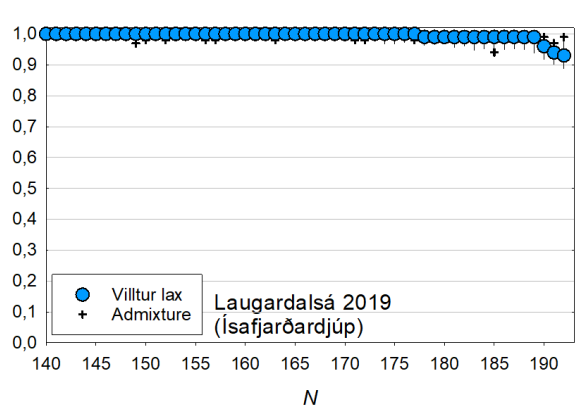
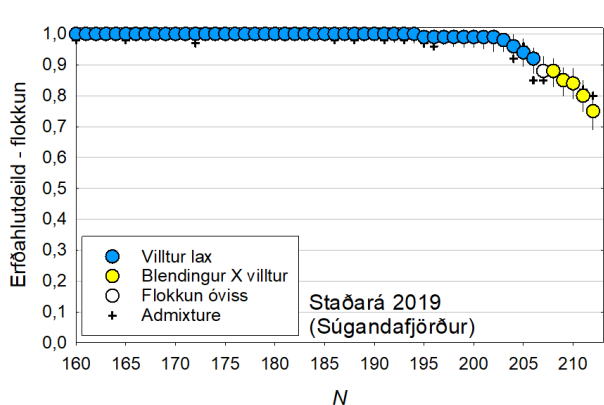
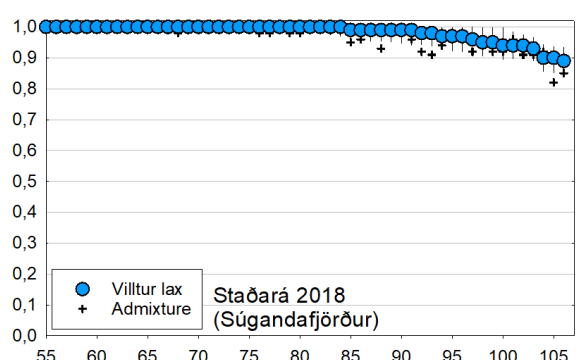
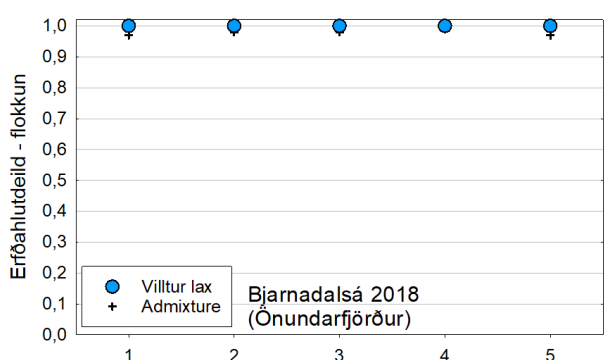
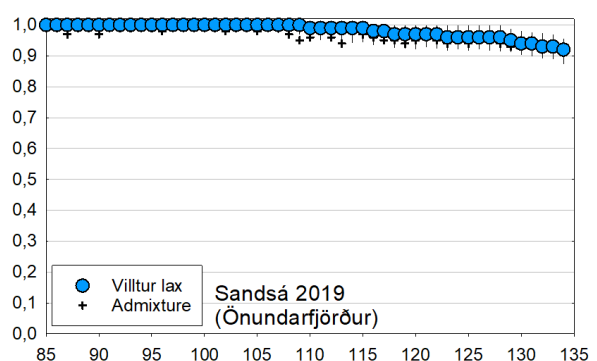
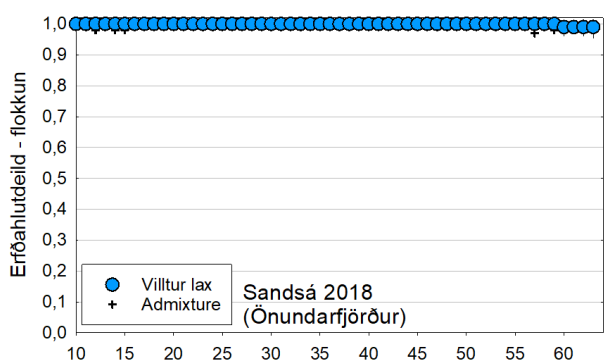
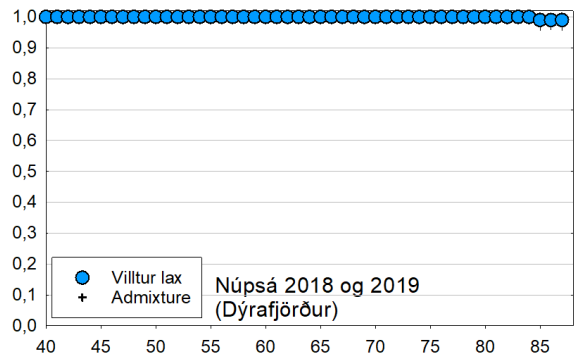
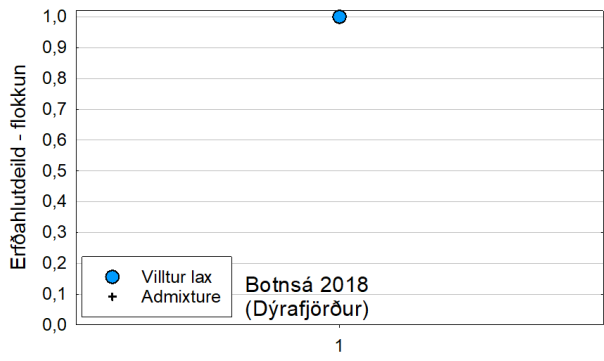


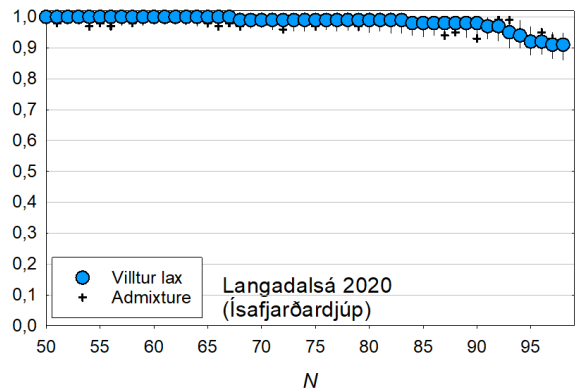
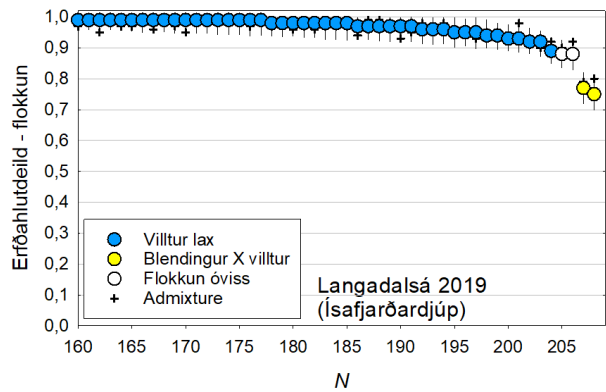
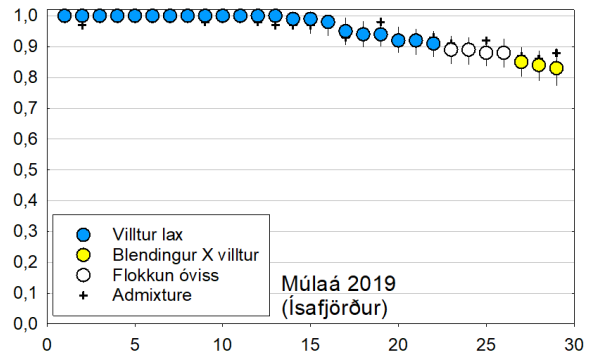
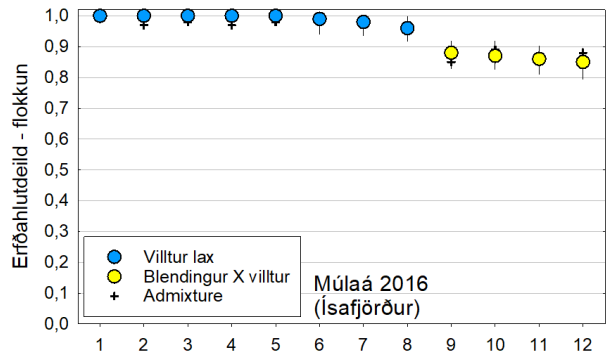
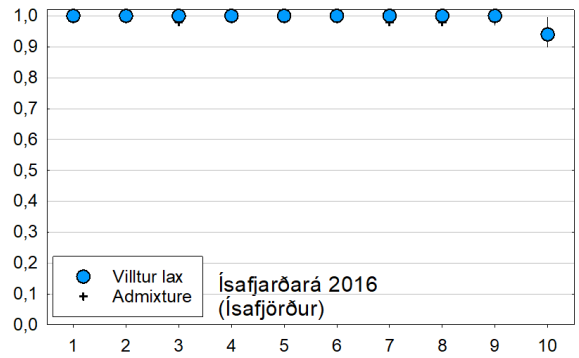
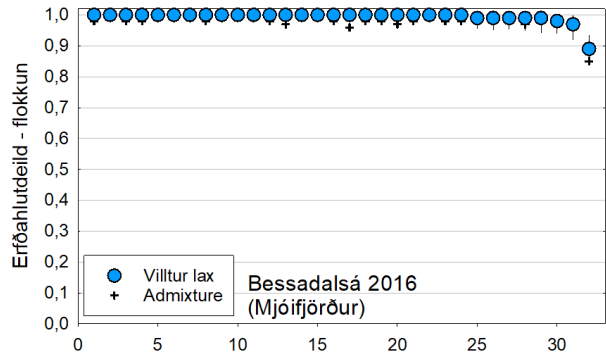
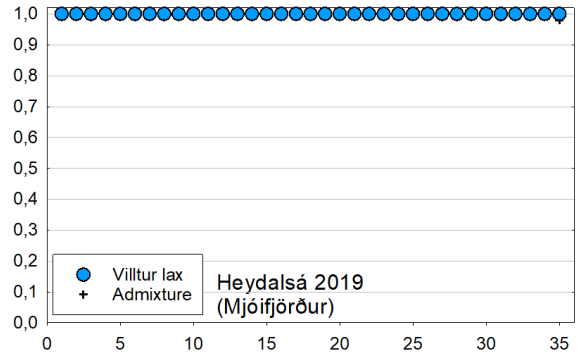
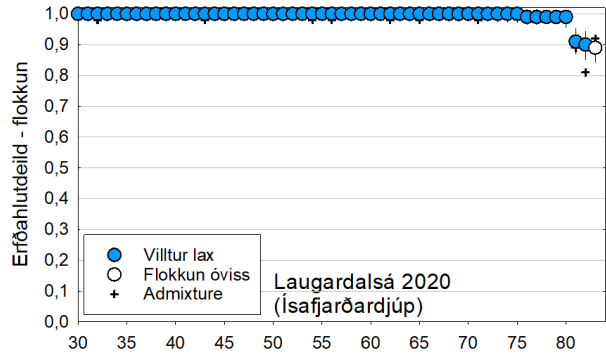
Vestfirðir

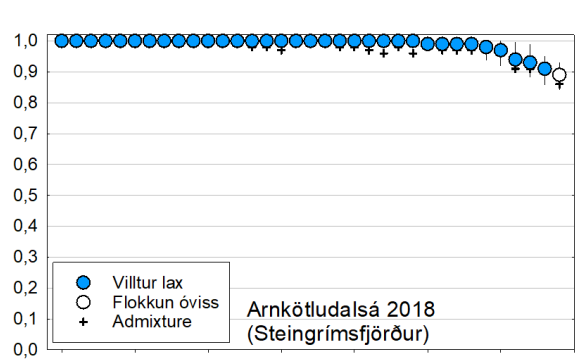
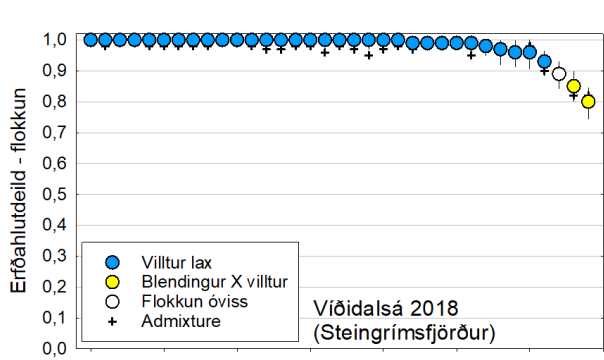
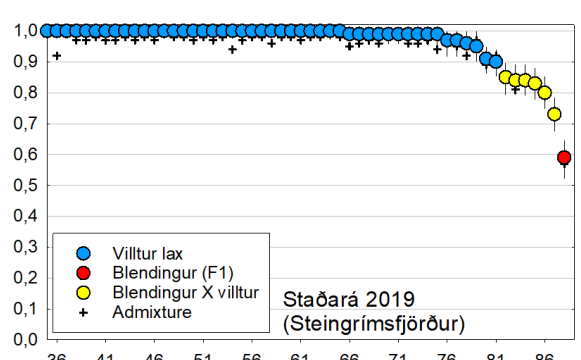
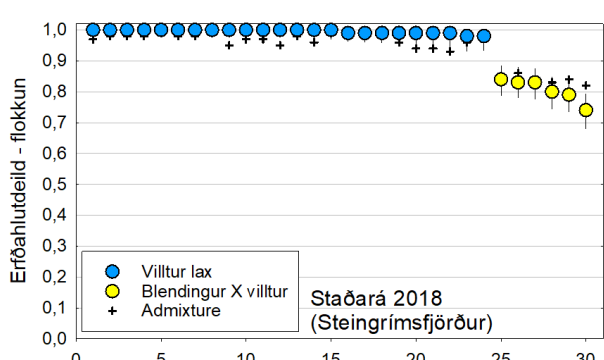
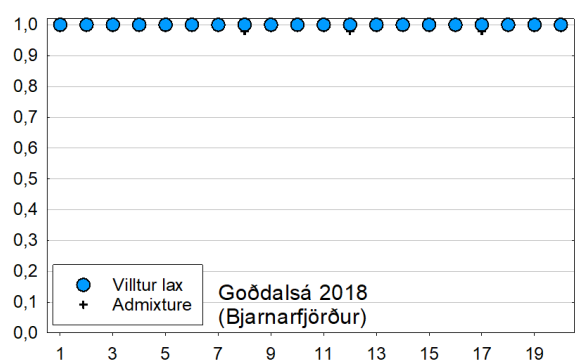
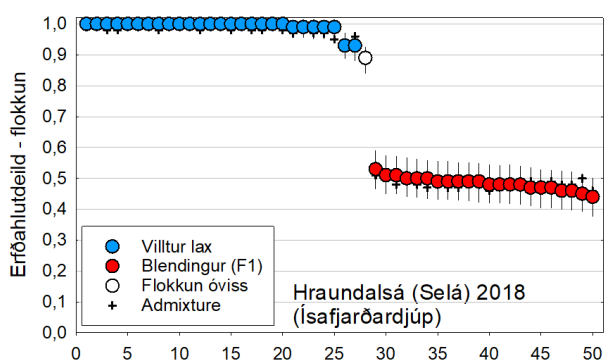
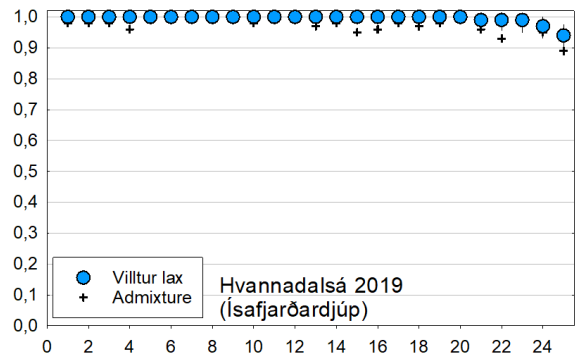
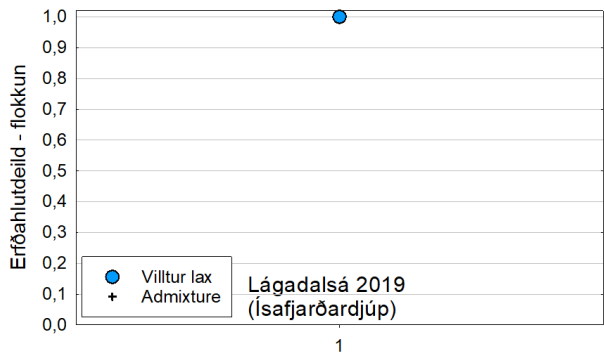


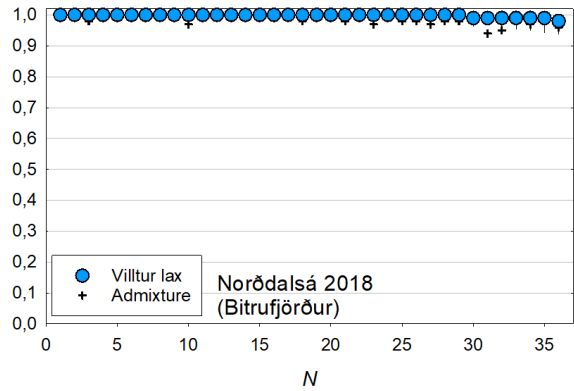
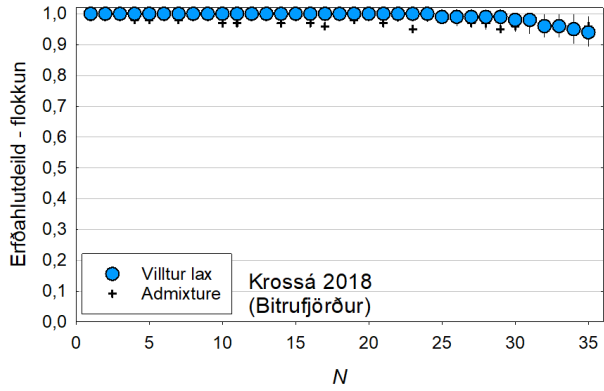




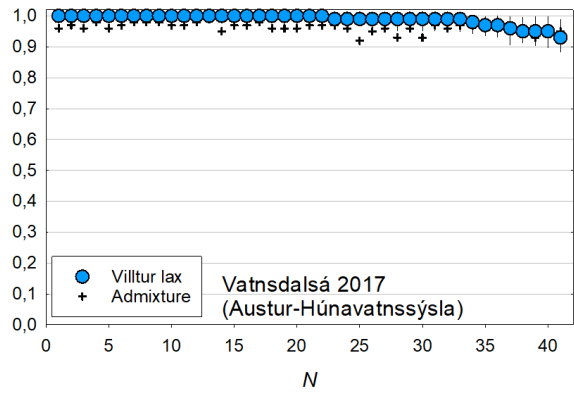
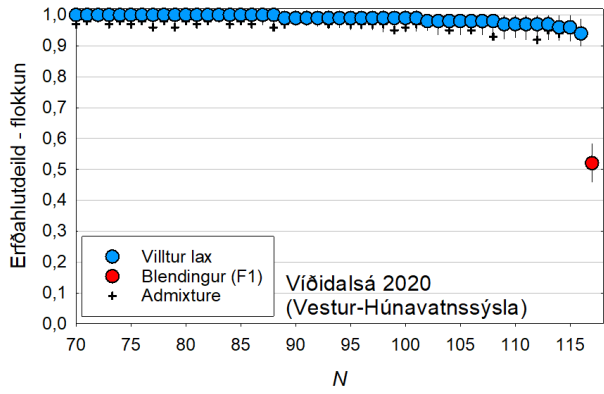
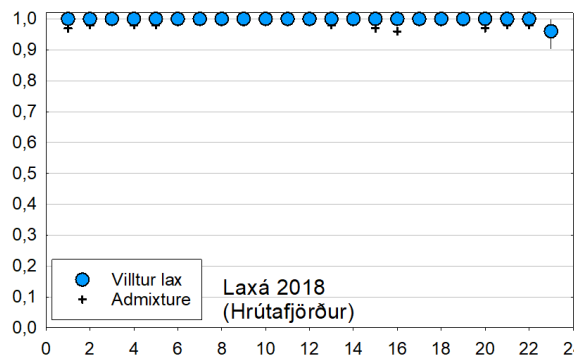
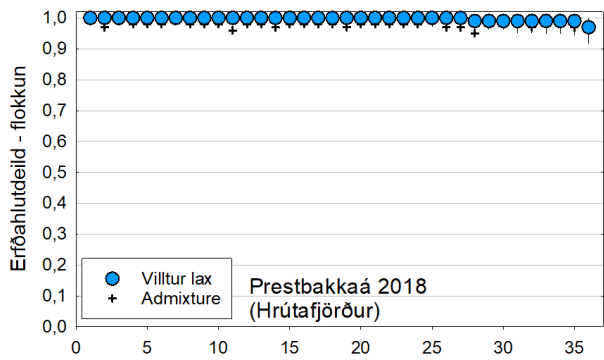
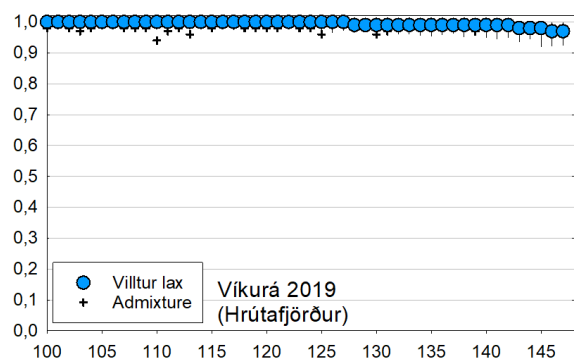
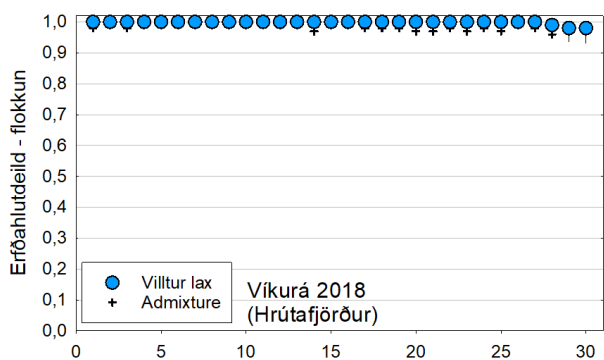


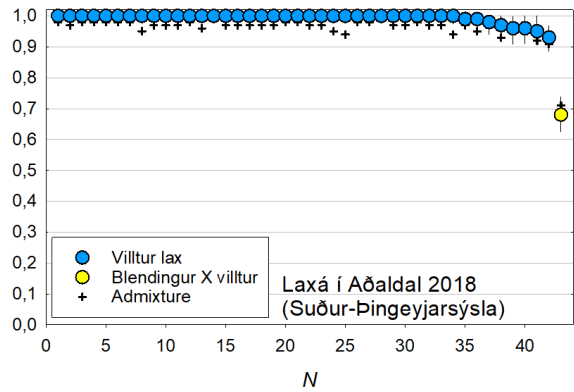
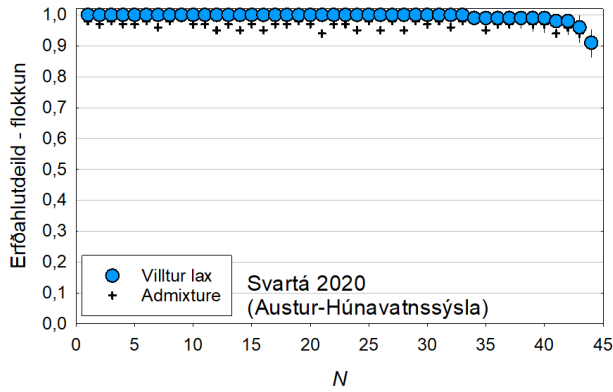
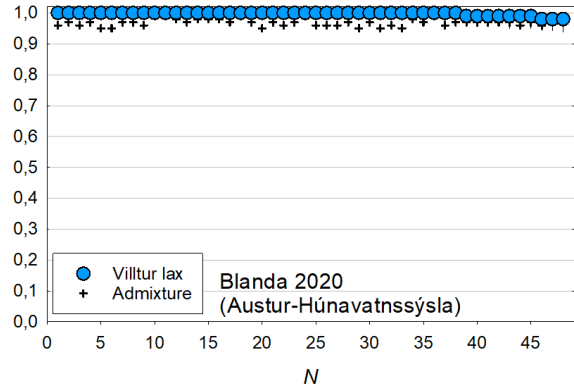
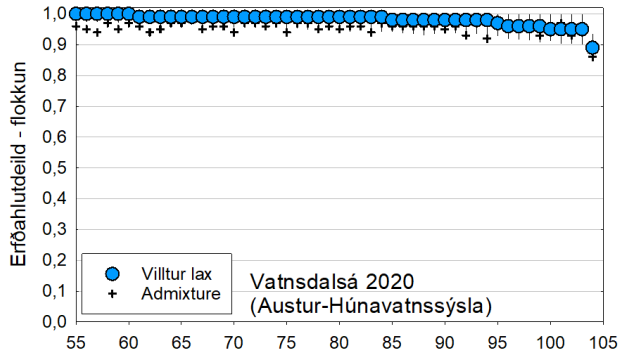




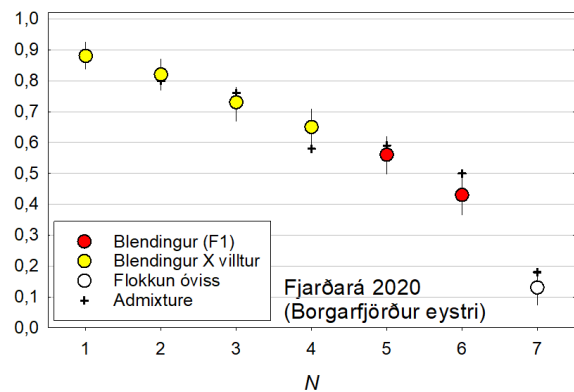
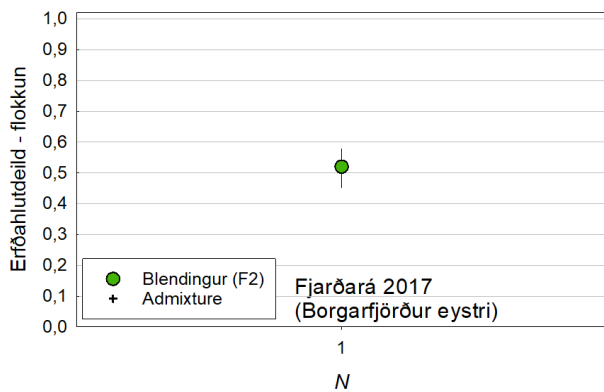
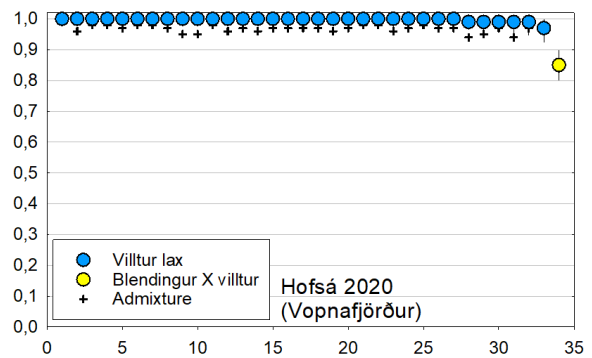
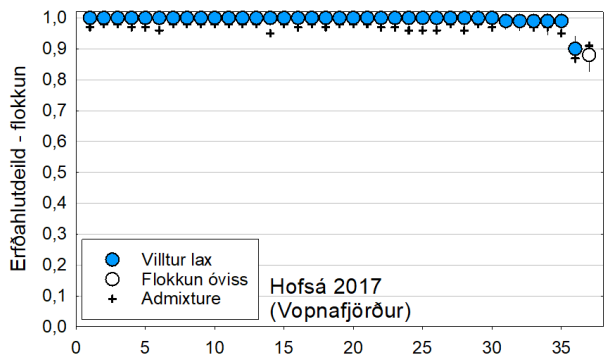


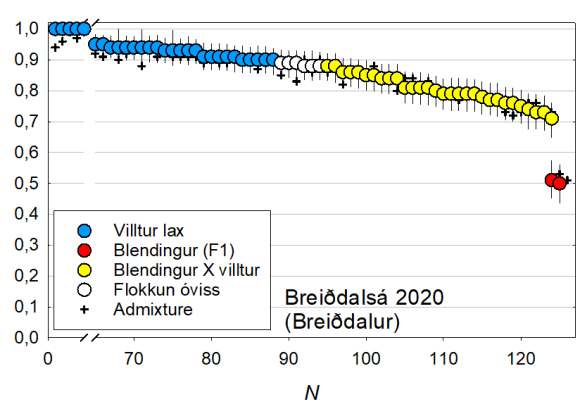
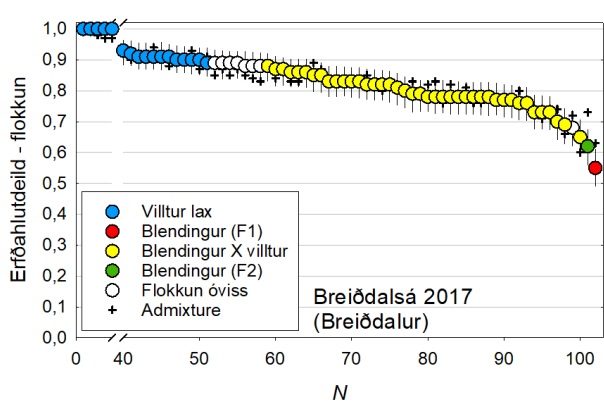
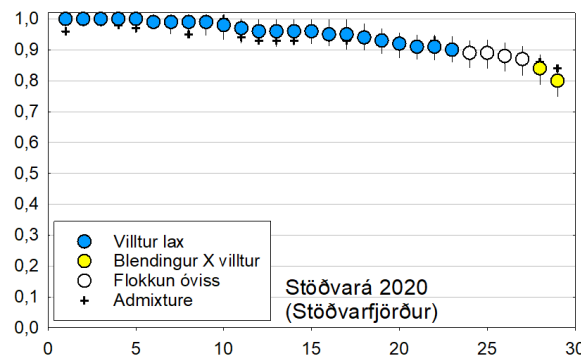
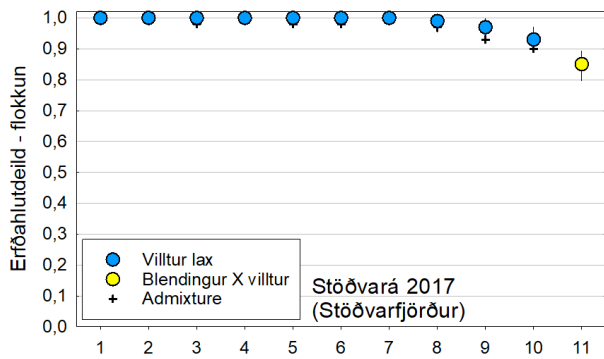
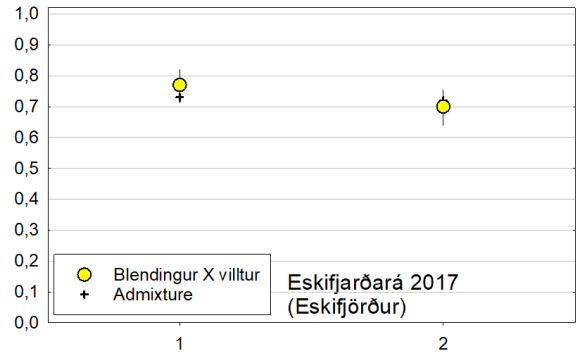
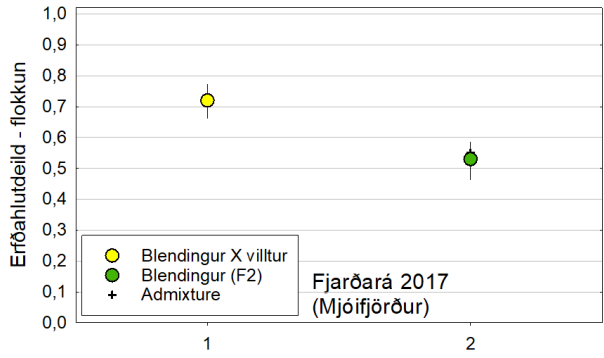
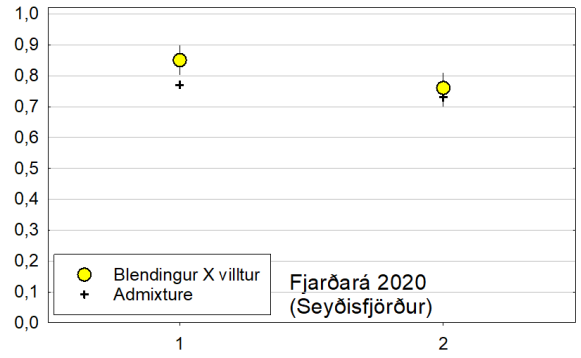
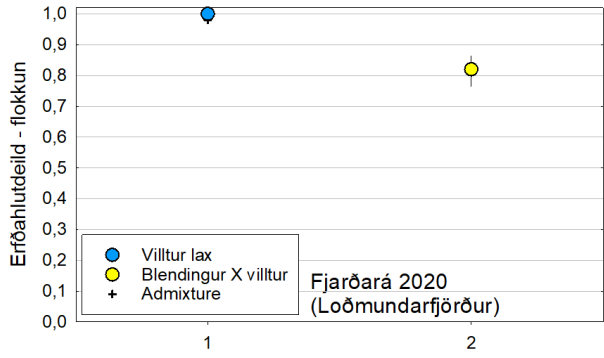
Norðvestur- og Norðurland

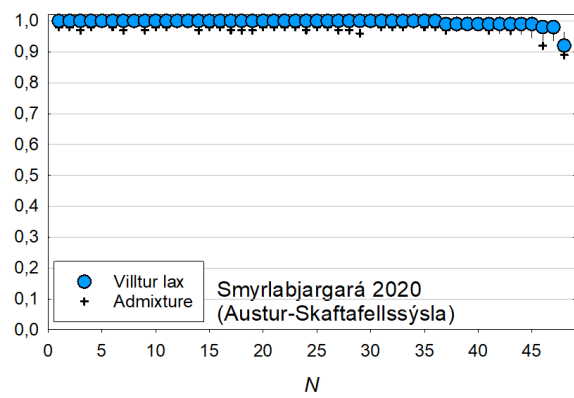
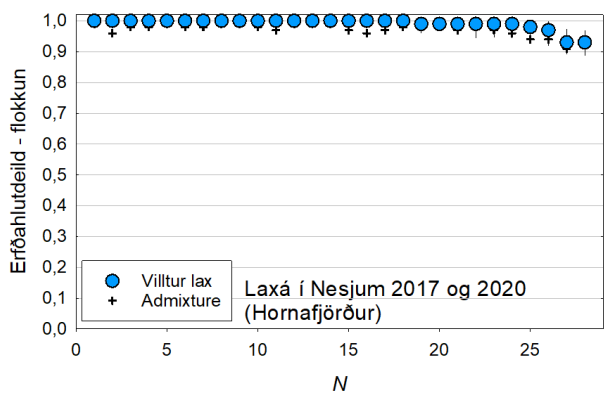
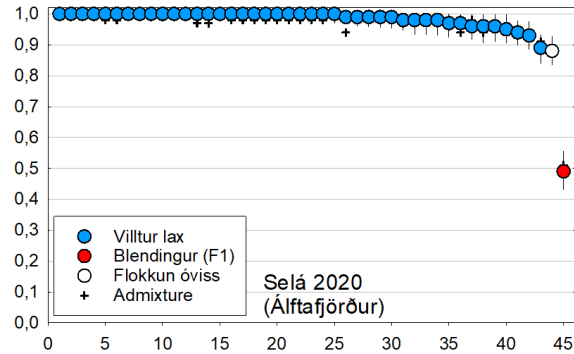
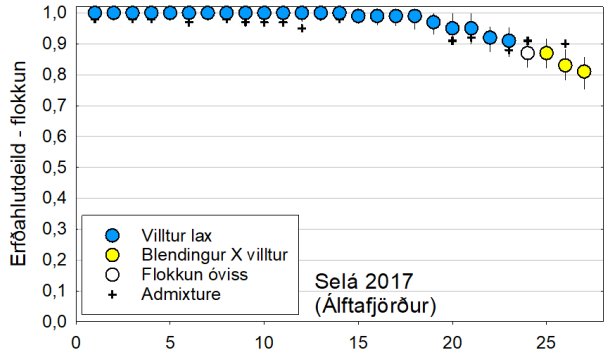
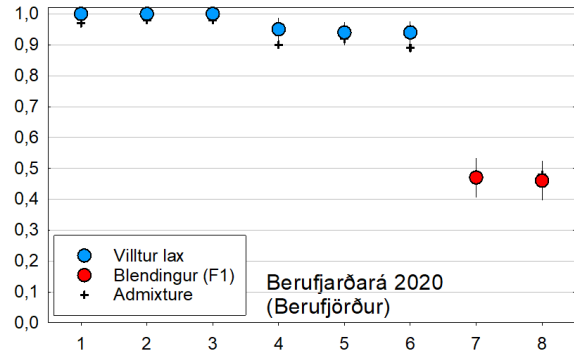
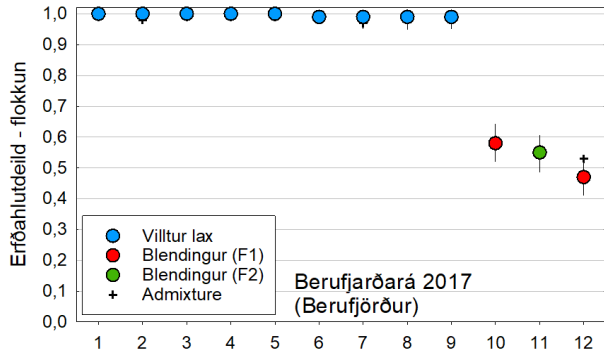




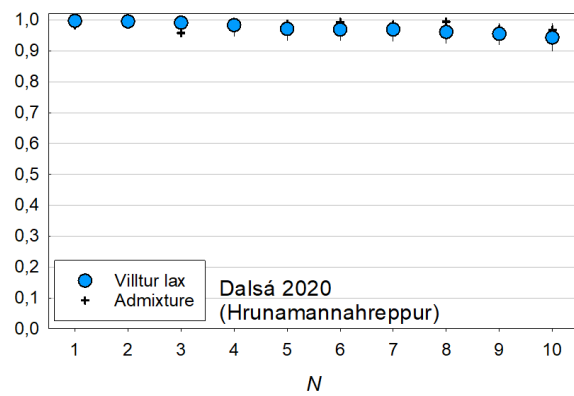
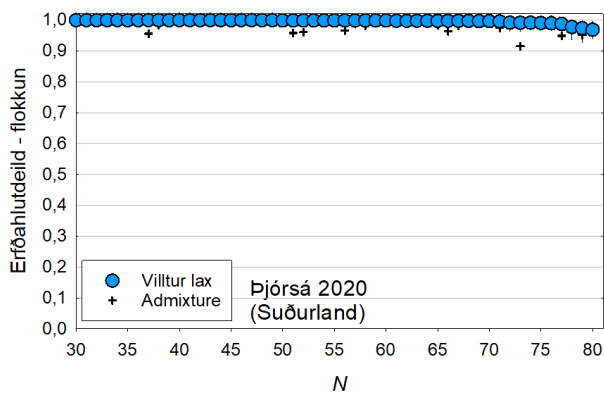
Norðausturland, Austfirðir og Suðausturland

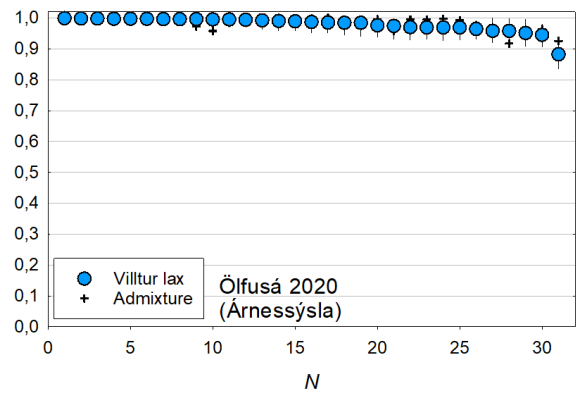
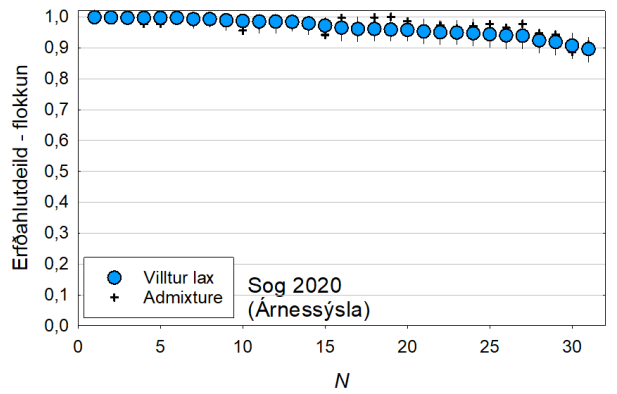
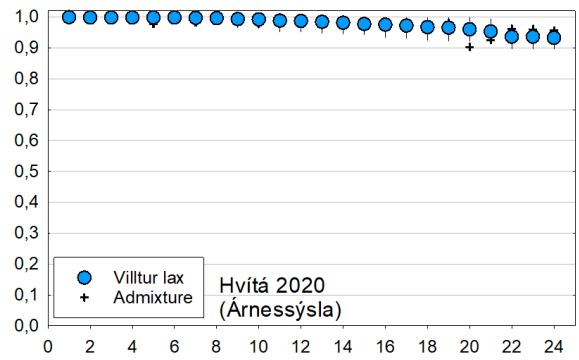
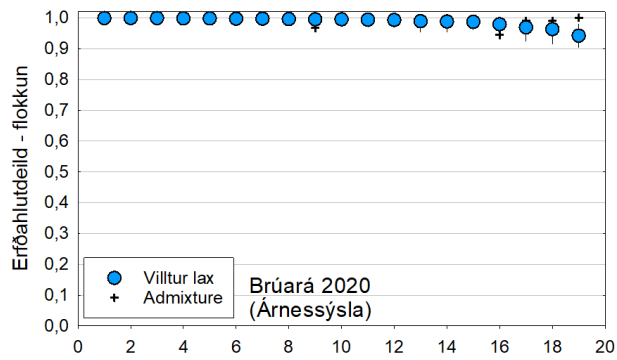
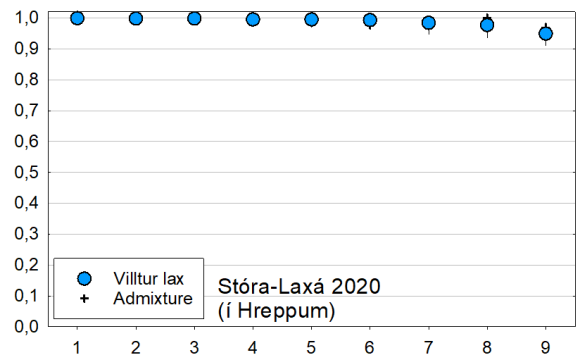
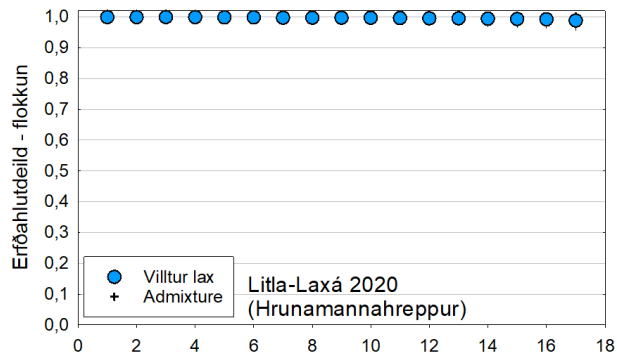






Suðurland





Viðauki 2a. Yfirlit yfir öll sýni af laxaseiðum sem Hafrannsóknastofnun (áður Veiðimálastofnun) hefur tekið á árabílinu 2015 til 2017 og greind hafa verið með SalSea-erfðamörkum (15 örtunglum). Sum seiðanna voru greind í þessari rannsókn. Fram kemur staðsetning sýnatöku (landsvæði, á og hnit), dagsetning, stærð sýnatökusvæða (m²; EM = ekki mælt) og fjöldi laxaseiða sem greind voru með SalSea- og SNP-erfðamörkum. Sýnum er raðað landfræðilega, réttisælis frá Holtsá á Snæfellsnesi.

Appendix 2a. An overview of all samples of salmon juveniles, collected by the Marine and Freshwater Research Institute (formerly the Institute of Freshwater Fisheries) between 2015 and 2017, which have been analyzed with SalSea-markers (15 microsatellites). Some of the samples were genotyped in this study. Location of sampling (territory, river and coordinates), date, size of sampling areas (m²; EM = not measured) and number of salmon juveniles genotyped with SalSea-markers and SNP's are given. Samples are arranged geographically clockwise from River Holtsá on Snæfellsnes peninsula.

Landshluti, á / territory, river	Staðsetning / location	Ártal year	Dags- date	Hnit og stærð sýnatökustöðva / coordinates and size of sampling sites			Fjöldi fiska greindir / number of genotyped fish	
				N°	W°	m ²	SalSea	60K SNP
Vesturland								
Holtsá	Snæfellsnes	2016	01.11	64,91929	23,49462	1838	52	0
Laxá/Blankur	Skógarströnd	2016	01.11	65,02582	22,10995	910	52	1
-	-	2016	01.11	65,02661	22,10729	280	20	0
Laxá í Hvammssveit	Dalir	2016	02.11	65,23109	21,78613	872	72	0
Búðardalsá	Skarðsströnd	2016	03.11	65,29971	22,22077	746	53	2
Vestfirðir								
Geiradalsá	Reykhólahreppur	2017	15.08	65,47324	21,91264	142	60	0
Laxá í Reykhólasveit	Reykhólahreppur	2017	16.08	65,53717	22,05033	149	57	1
Þorskafjarðará	Þorskafjörður	2016	03.11	65,60833	22,08878	1596	50	3
-	-	2017	16.08	65,61414	22,08124	178	29	0
Djúpadalsá	Djúpifjörður	2017	16.08	65,58929	22,26623	173	54	1
Gufudalsá	Gufufjörður	2017	17.08	65,56664	22,41490	167	31	1
Múlaá	Kollafjörður	2017	20.08	65,61154	22,50461	214	49	1
Fjarðarhornská	Kollafjörður	2017	17.08	65,64637	22,54808	210	36	0
Vattardalsá	Vattarfjörður	2017	17.08	65,63527	22,76853	257	42	0
Vatnsdalsá	Vatnsfjörður	2016	05.11	65,62794	23,10575	770	26	0
-	-	2016	05.11	65,58871	23,12731	372	54	0
-	-	2017	19.08	65,62660	23,10523	155	19	0
Móra	Barðaströnd	2016	04.11	65,52855	23,41164	1200	56	0
-	-	2017	19.08	65,53619	23,41844	170	20	2
Arnarbýla	Barðaströnd	2017	18.08	65,51431	23,45252	158	64	0
Suðurfossá(*)	Rauðisandur	2016*	04.11	65,46214	23,92647	990	59	0
-	-	2017	18.08	65,46246	23,92677	248	19	1
Botnsá*	Tálknafjörður	2015	21.08	65,59258	23,78022	192	12	0
-	-	2016	22.08	65,59187	23,77900	69	19	4
-	-	2016	22.08	65,58645	23,75679	54	20	3

Selardalsá*	Arnarfjörður	2016	21.08	65,78509	23,98881	88	39	2
Fífustaðadalsá*	Arnarfjörður	2016	21.08	65,75375	23,91264	88	9	0
Bakkadalsá*	Arnarfjörður	2016	22.08	65,73478	23,81381	88	42	2
Dufansdalsá*	Arnarfjörður	2015	20.08	65,62028	23,57219	134	34	0
-	-	2016	21.08	65,62019	23,57249	71	40	0
-	-	2016	21.08	65,61546	23,59218	90	14	0
Sunndalsá*	Arnarfjörður	2015	20.08	65,61431	23,39912	138	17	0
-	-	2016	20.08	65,61430	23,39924	61	93	1
-	-	2016	20.08	65,60807	23,39768	90	39	0
Mjólká*	Arnarfjörður	2016	19.08	65,77438	23,16926	83	16	7
Hófsá*	Arnarfjörður	2015	19.08	65,78492	23,18158	370	4	4
Kirkjubólsá*	Dýrafjörður	2015	19.08	65,85458	23,53705	367	1	1
-	-	2016	19.08	65,85446	23,53725	203	9	6
Lambadalsá*	Dýrafjörður	2015	19.08	65,85921	23,30688	101	5	5
Núpsá*	Dýrafjörður	2015	18.08	65,92329	23,57084	214	2	2
Sandsá*	Önundarfjörður	2015	18.08	66,03264	23,68468	213	24	0
-	-	2016	18.08	66,03271	23,68448	143	26	0
-	-	2016	17.08	66,04556	23,68729	80	8	0
Bjarnadalsá*	Önundarfjörður	2015	18.08	65,97476	23,43614	242	22	10
-	-	2016	17.08	65,99501	23,43692	319	6	3
-	-	2016	17.08	65,97491	23,43613	294	10	4
-	-	2016	17.08	65,94956	23,42529	157	2	1
Hestá*	Önundarfjörður	2015	18.08	65,97891	23,35021	292	3	3
Staðará*	Súgandafjörður	2015	17.08	66,12190	23,56638	200	20	0
-	-	2016	16.08	66,12234	23,56642	175	23	0
-	-	2016	16.08	66,11348	23,53491	153	25	0
-	-	2016	16.08	66,10953	23,51593	117	11	0
Laugardalsá	Ísafjarðardjúp	2016	19.08	65,96815	22,66257	198	28	0
-	-	2017	13.09	65,96812	22,66260	96	11	0
-	-	2017	13.09	66,00713	22,64490	152	70	2
-	-	2017	13.09	66,01135	22,64359	97	24	0
Heydalsá	Mjóifjörður	2016	15.08	65,84434	21,66282	169	47	24
Bessadalsá	Mjóifjörður	2016	18.08	65,81293	22,66479	360	40	32
Langadalsá	Ísafjarðardjúp	2016	19.09	65,82748	22,35217	EM	16	0
-	-	2017	13.09	65,77305	22,30322	175	19	0
-	-	2017	13.09	65,79401	22,33299	181	20	0
-	-	2017	12.09	65,82747	22,35222	176	18	0
-	-	2017	12.09	65,84237	22,35435	346	18	1
-	-	2017	12.09	65,89946	22,34754	225	19	0
Lágadalsá	Ísafjarðardjúp	2016	19.08	65,88979	22,29713	255	43	34
Víðidalsá	Steingrímsfjörður	2016	05.11	65,68358	21,67476	2200	76	1
Arnkötuldalsá	Steingrímsfjörður	2016	20.08	65,63393	21,70606	226	53	1
Norðvesturland								
Víkurá	Strandir	2016	11.06	65,45651	21,26701	1344	76	0
Víðidalsá**	V-Húnavatnssýsla	2016					79	0

Norðausturland, Austfirðir og Suðausturland

Fjarðará	Borgarfjörður eystri	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	1	1
Fjarðará	Mjóifjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	1	1
Eskifjarðará	Eskifjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	2	2
Stöðvará	Stöðvarfjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	31	11
Breiðdalsá	Breiðdalur	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	98	93
Berufjarðará	Berufjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	12	12
Selá	Álftafjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	50	27
Laxá í Nesjum	Hornafjörður	2017	Upplýsingar í viðauka 1a	42	18

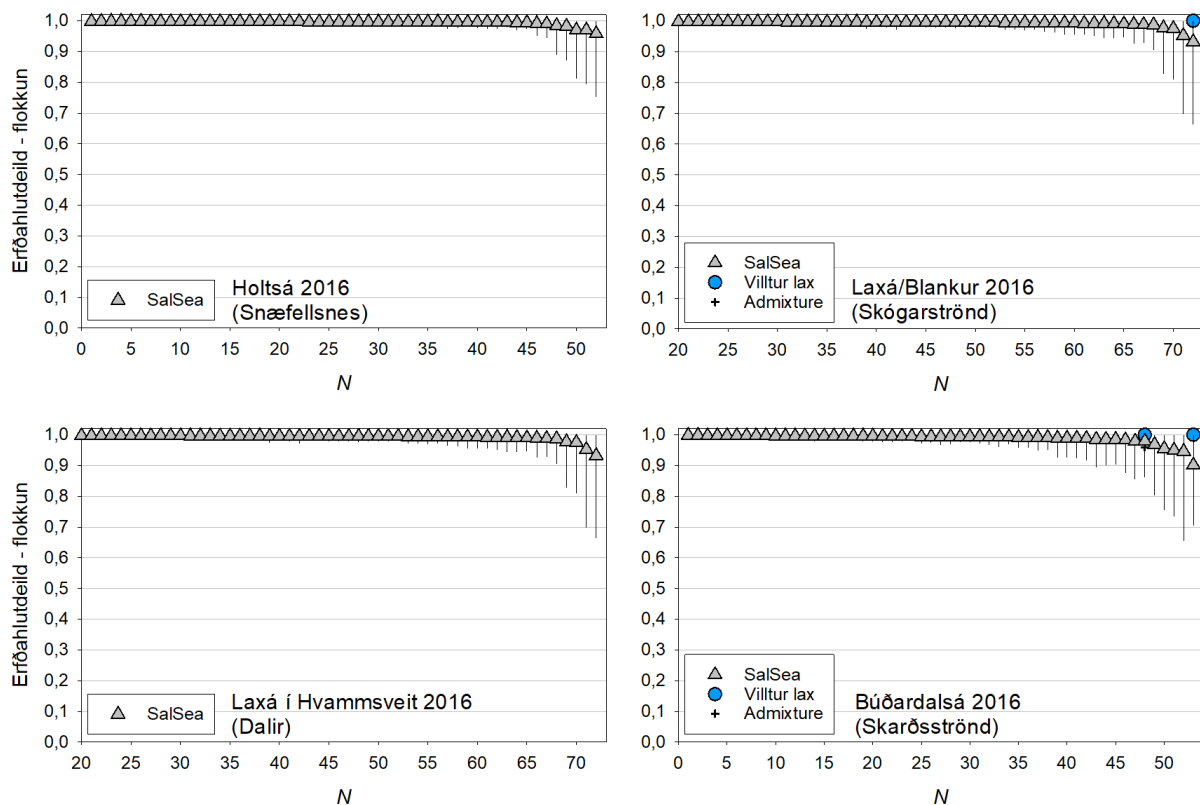
*Sýni notuð í eldri rannsókn á erfðablöndun villts lax og eldislax (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017) / Samples used in an older study on wild-farmed hybridization (Leó Alexander Guðmundsson o.fl. 2017)

**Upplýsingar vantar en sýnatökustöðvar líklega >10 / Information missing but sampling sites probably >10

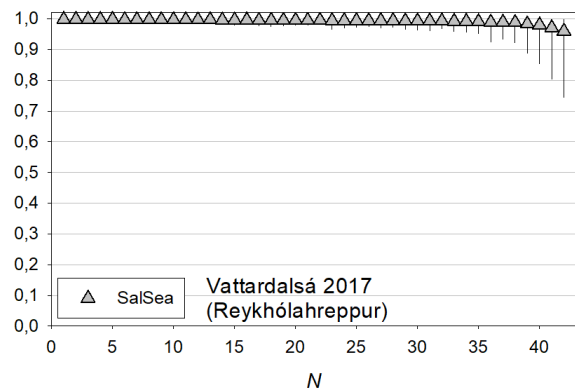
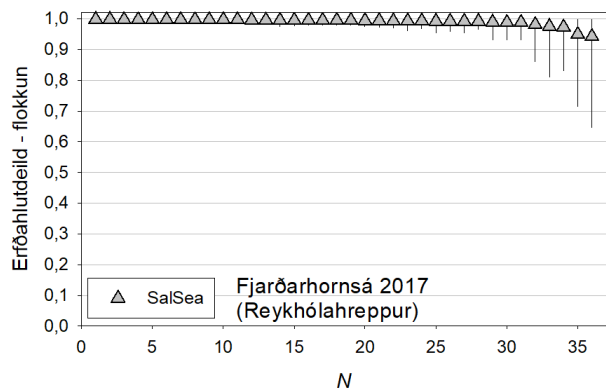
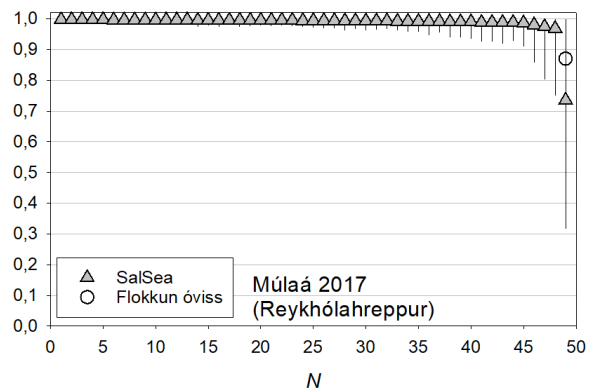
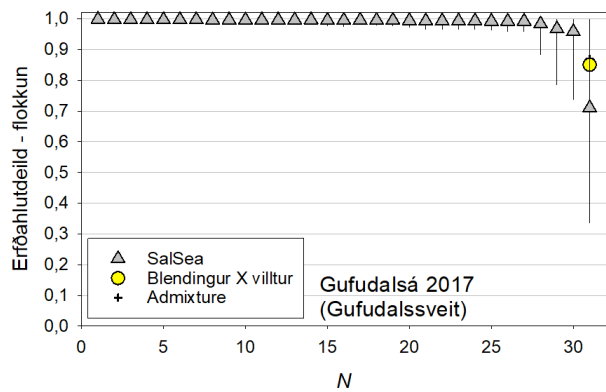
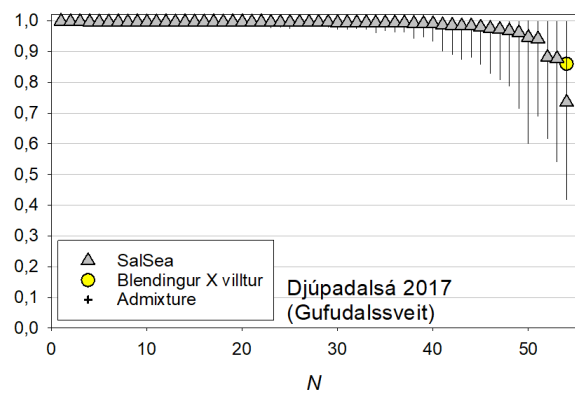
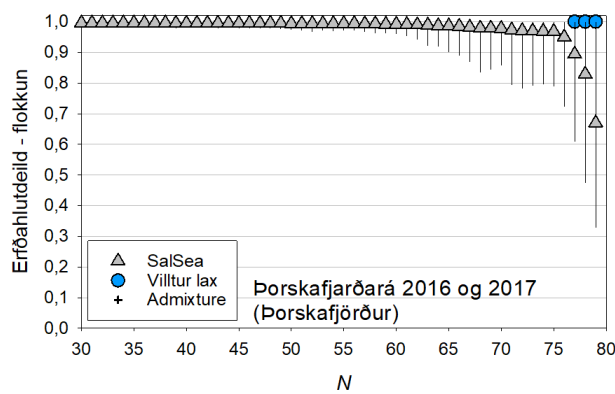
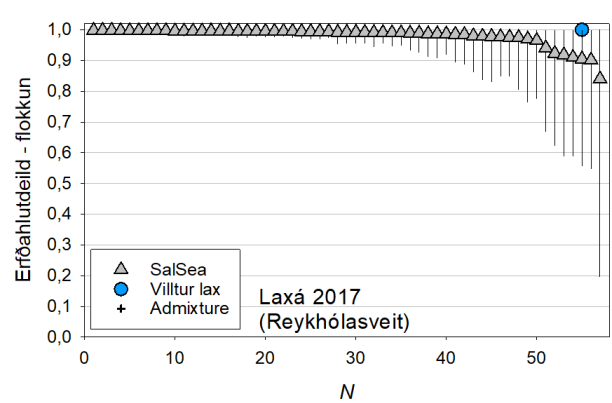
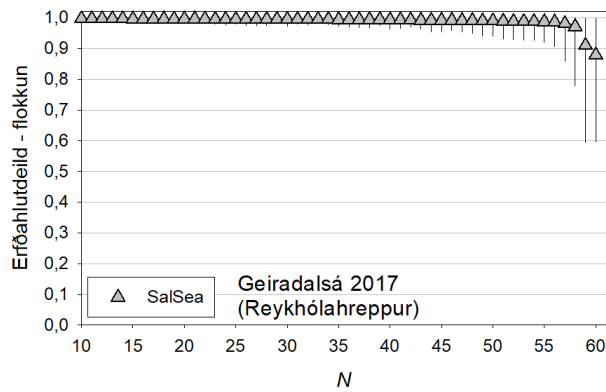
Viðauki 2b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 2a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á. Þríhyrningar tákna erfðahlutdeild ($P(\text{wild})$) fiska skv. aðferð Karlsson o.fl. (2014) með SalSea-erfðamörkum og gildum er raðað frá háum gildum til lágra. Niðurstöður þeirra fiska sem einnig voru erfðagreindir með SNP-erfðamörkum eru sýndar á myndum skv. lýsingu í viðauka 1b. Á hverri mynd er upplýsingabox með táknum mismunandi greininga og viðkomandi niðurstöðum ef við á.

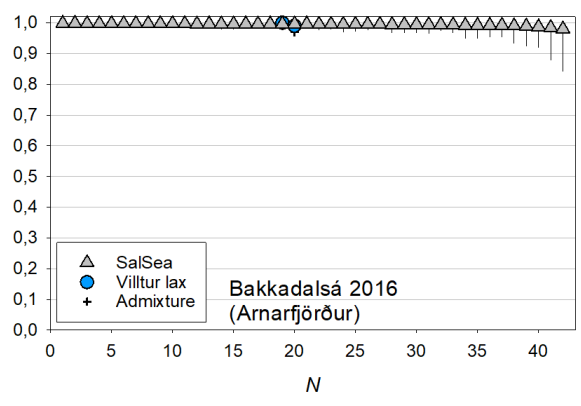
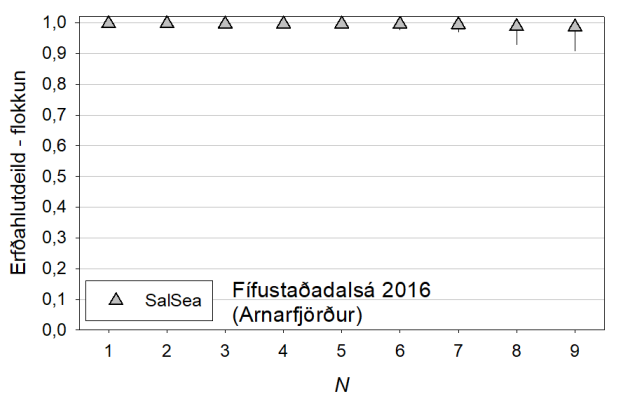
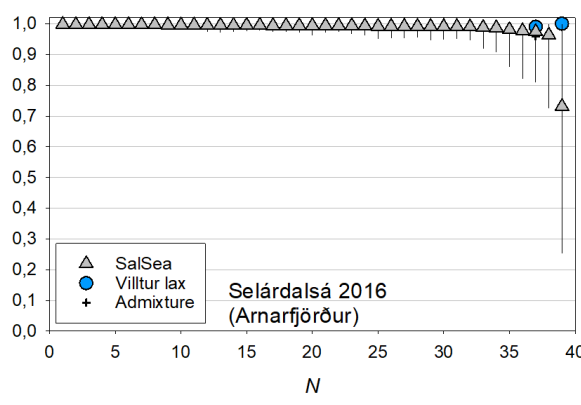
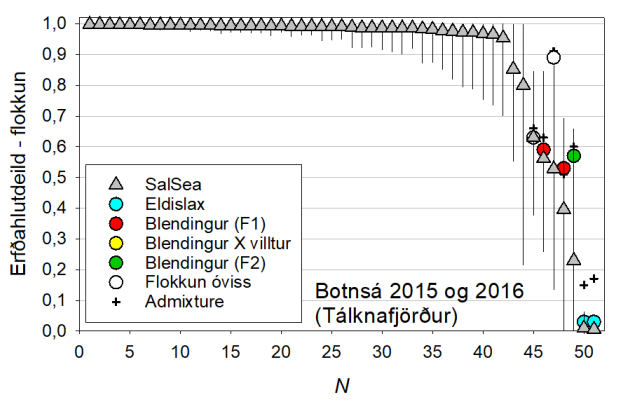
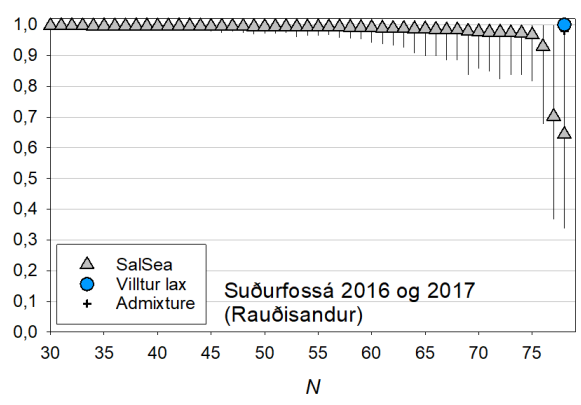
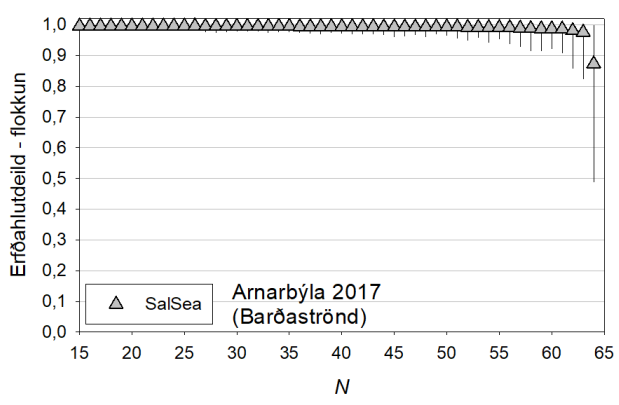
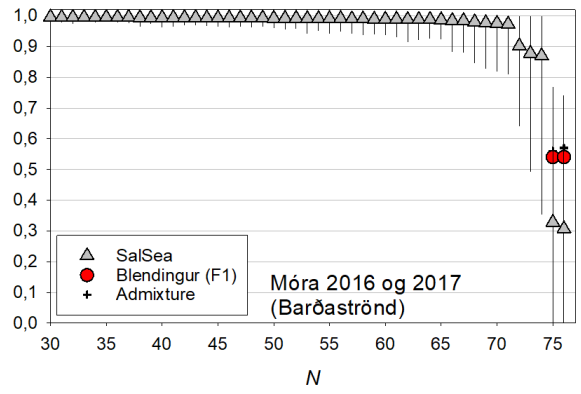
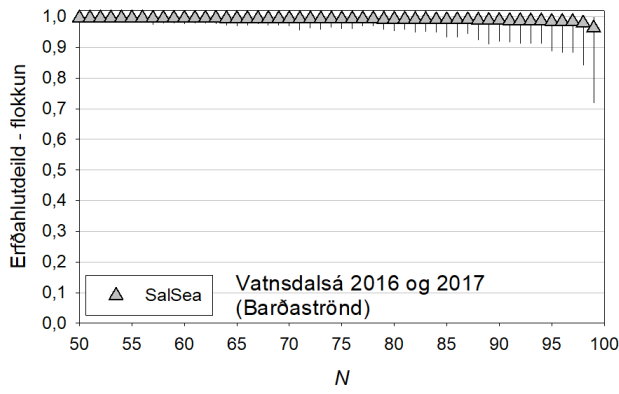
Appendix 2b. Results of wild and farmed salmon hybridization among juveniles in appendix 2a. Each figure shows results for one river. Triangles represent admixture proportions ($P(\text{wild})$) according to the approach of Karlsson et al. (2014) using SalSea-markers and values are ordered from high to low values. The results of the fish that were also genotyped with SNP's are shown in figures according to description in appendix 1b. Each image has an information box with the symbols of the different analyzes and the respective results if applicable.

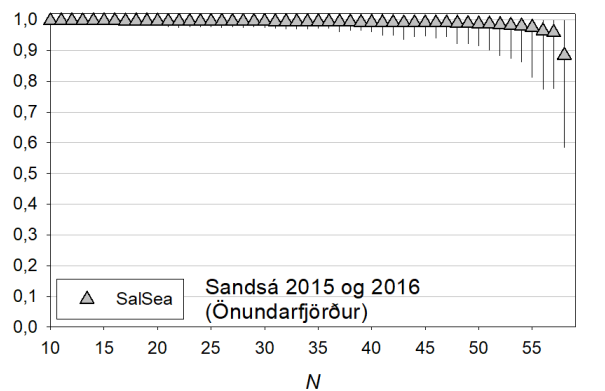
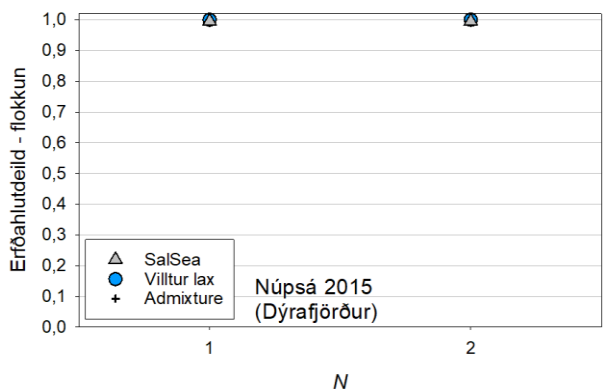
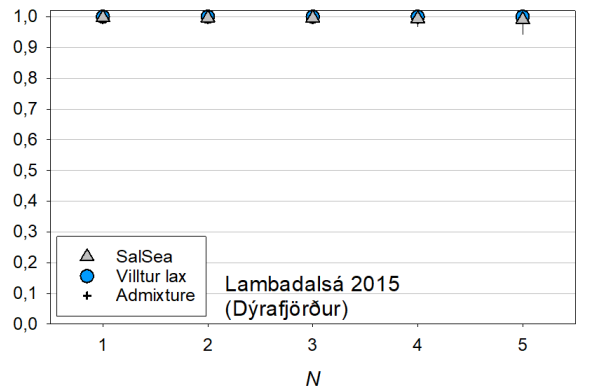
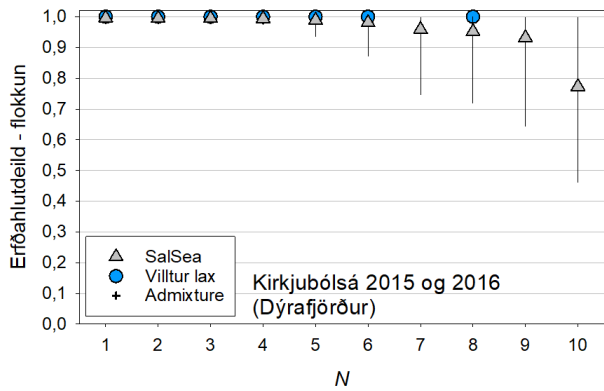
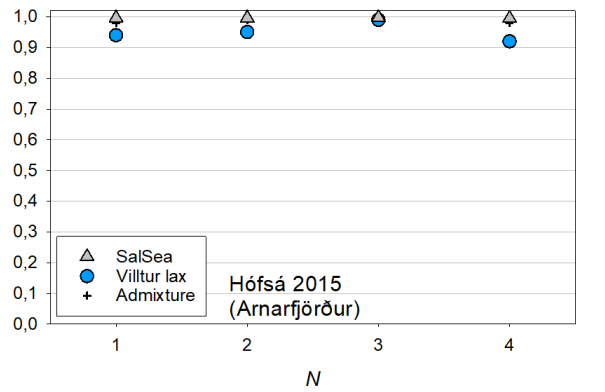
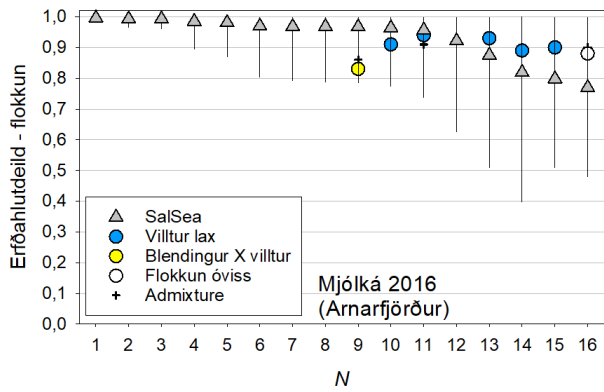
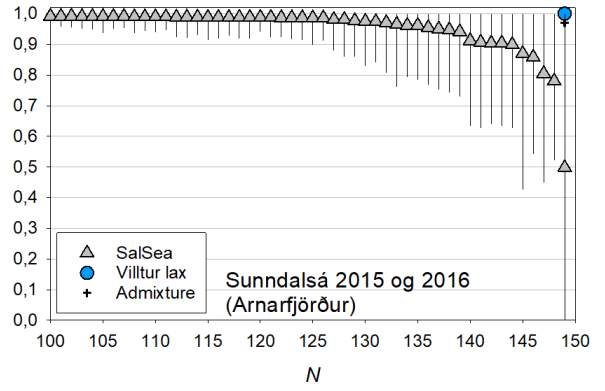
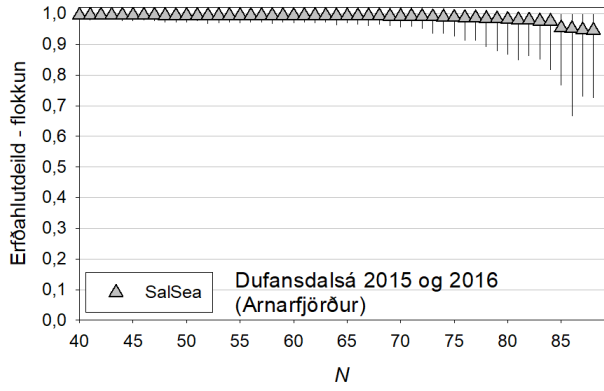
Vesturland 2016-2017

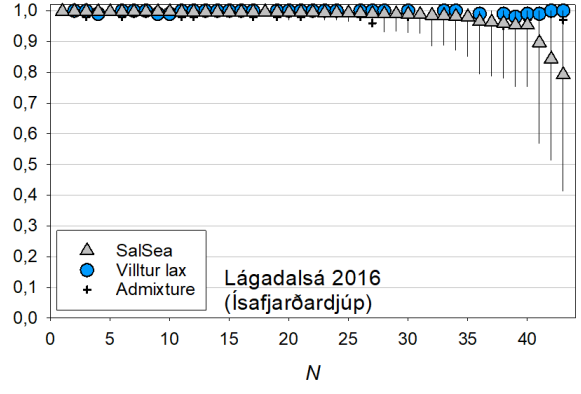
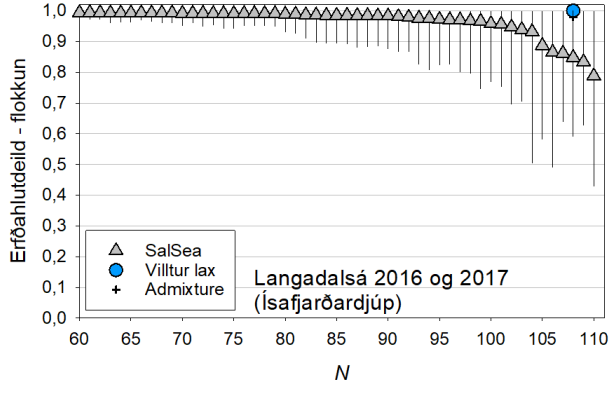
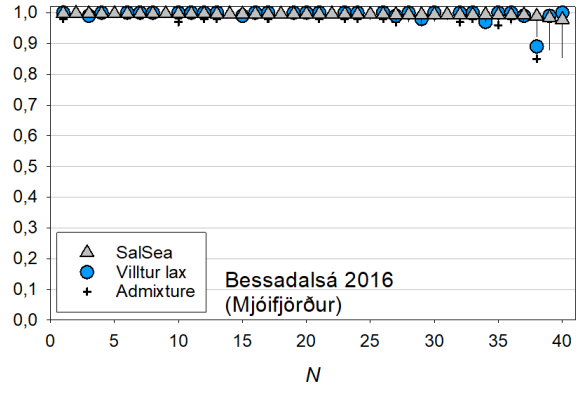
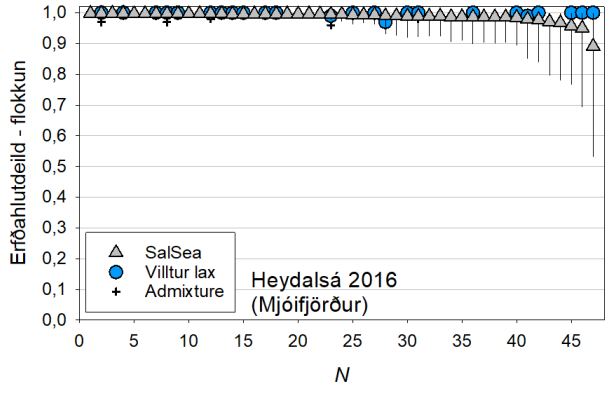
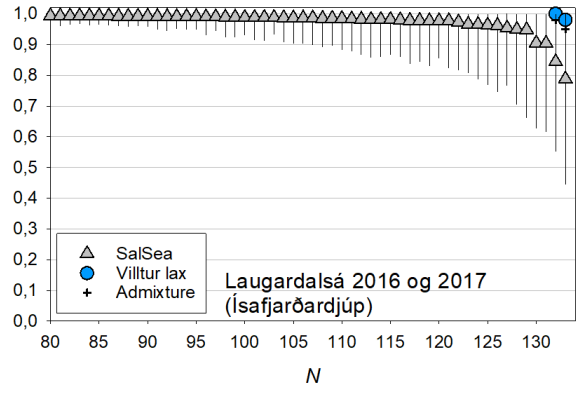
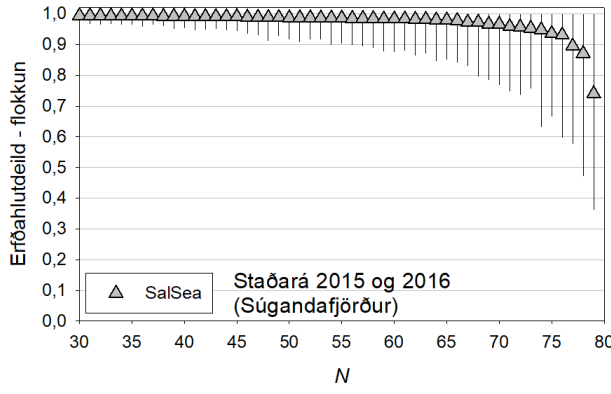
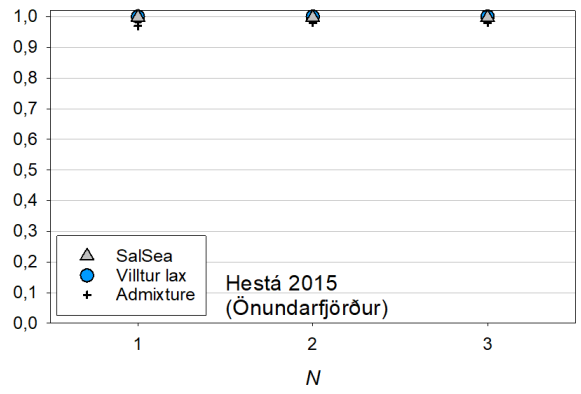
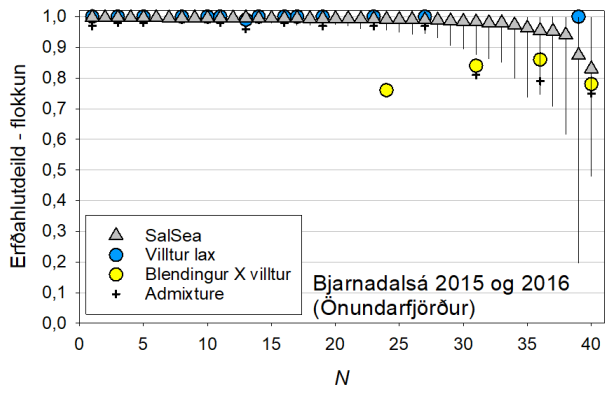


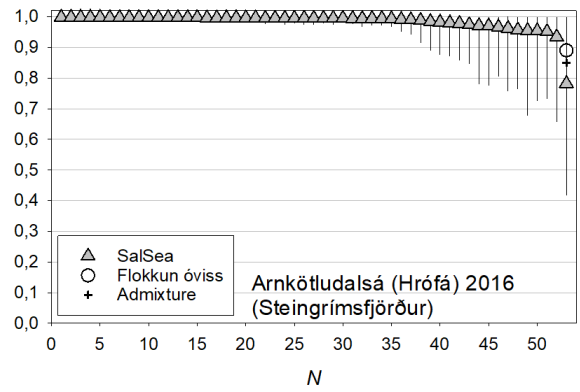
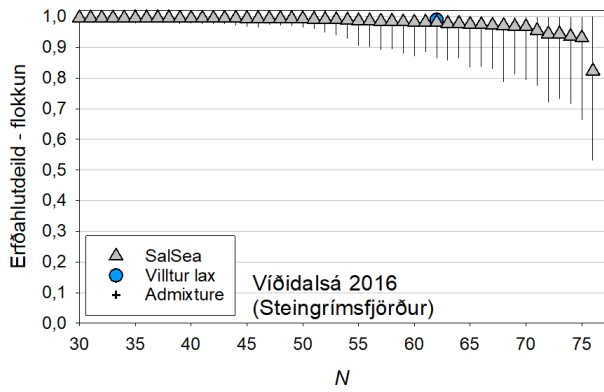
Vestfirðir 2015-2017



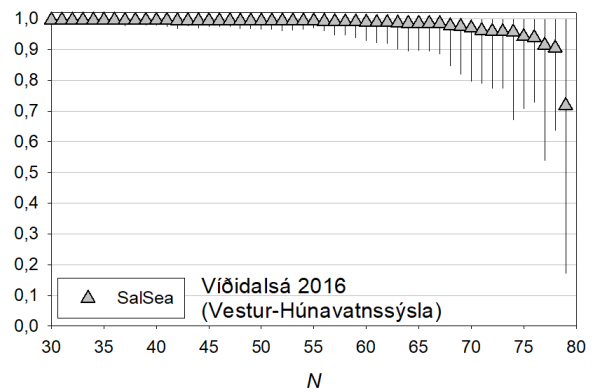
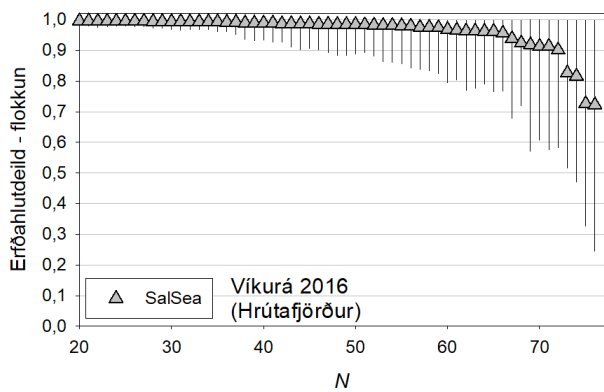




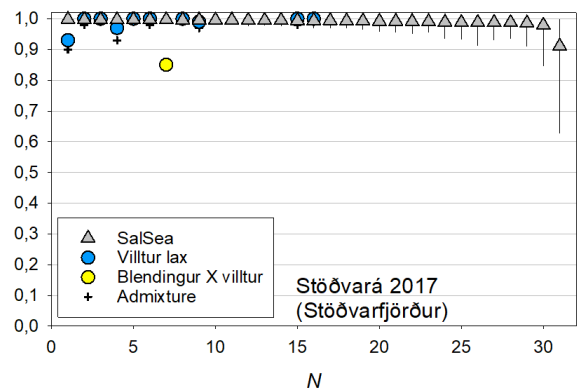
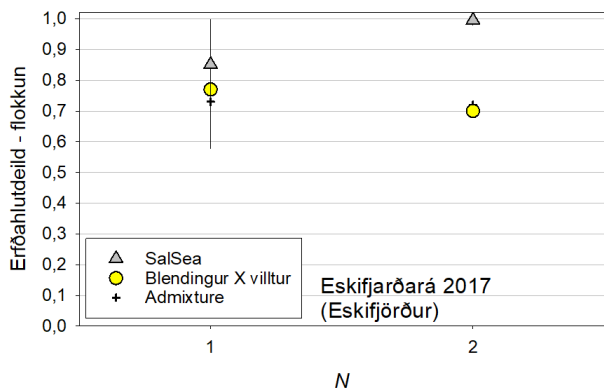
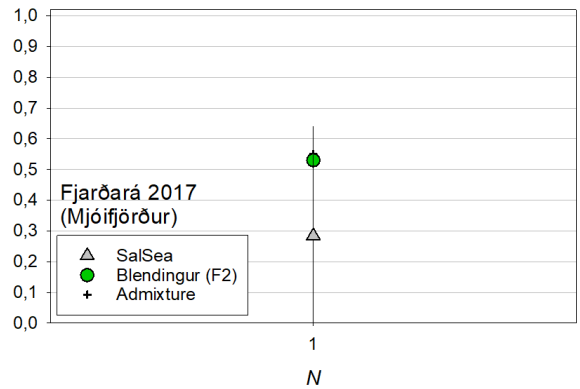
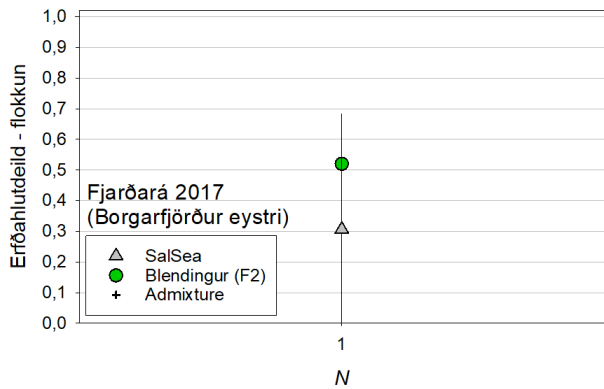


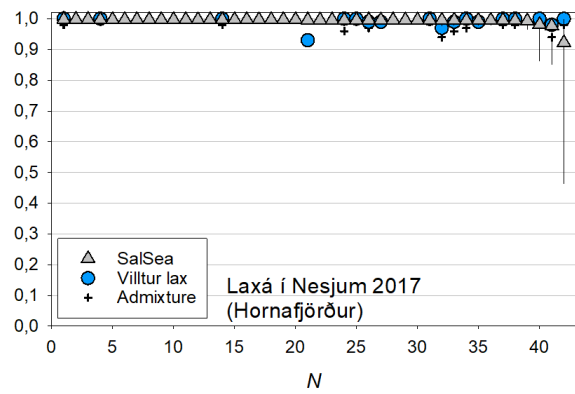
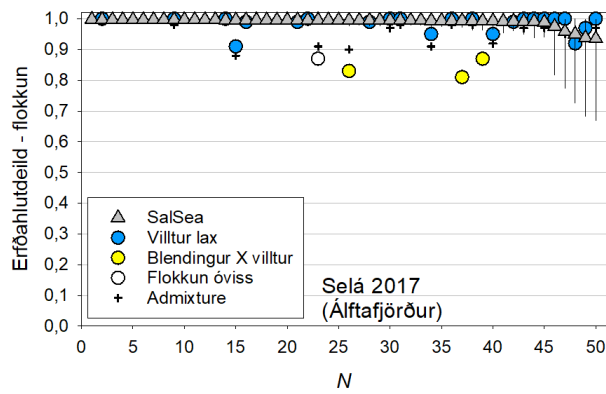
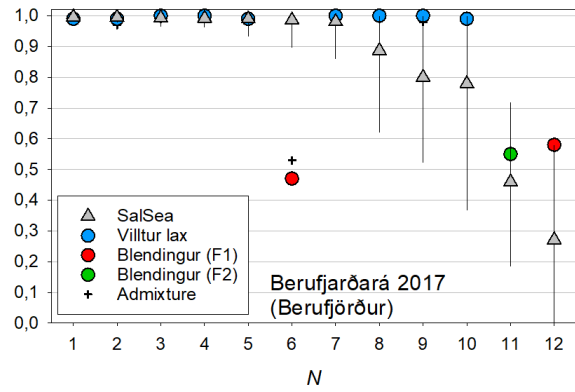
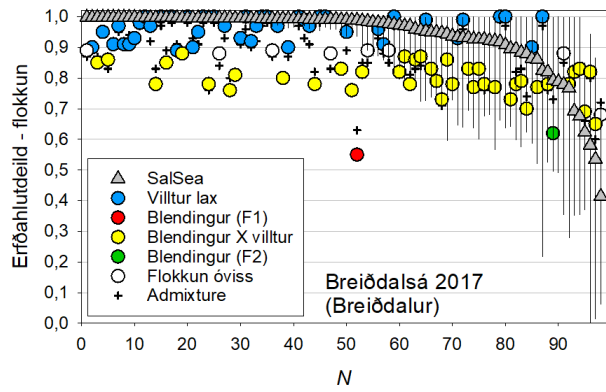


Norðvesturland 2016



Norðausturland, Austfirðir og Suðausturland 2017





Viðauki 3a. Yfirlit yfir sýni af laxaseiðum sem Veiðimálastofnun (nú Hafrannsóknastofnun) safnaði árið 2004 og greind hafa verið með SalSea-erfðamörkum (15 örtunglum). Sum seiðanna voru einnig greind með SNP-erfðamörkum í þessari rannsókn. Fram kemur staðsetning sýnatöku (landsvæði, á og hnit) og fjöldi fiska sem greind voru með SalSea- og SNP-erfðamörkum. Sýnum er raðað landfræðilega, réttsælis frá Elliðaánum.

Appendix 3a. An overview of samples of salmon juveniles, collected by the Institute of Freshwater Fisheries (now the Marine and Freshwater Research Institute) in the year 2004, which have been analyzed with SalSea-markers (15 microsatellites). Some of the samples were also analyzed with SNP's in this study. Location of sampling (territory, river and coordinates) and the number of fish genotyped with SalSea-markers and SNP's are given. Samples are arranged geographically clockwise from River Ellidaar.

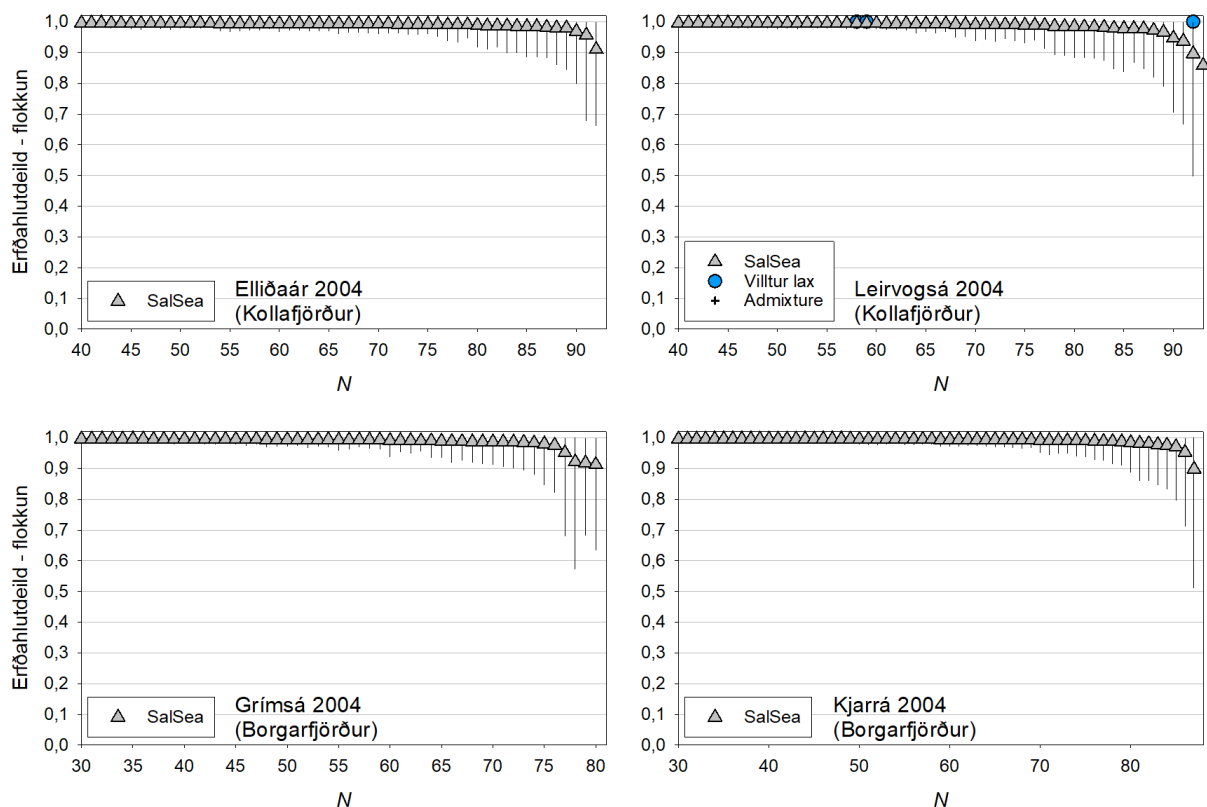
Landshluti, á / territory, river	Staðsetning / location	Hnit sýnatökustöðva / coordinates of sampling sites		Fjöldi fiska greindir / number of genotyped fish	
		N°	W°	SalSea	60K SNP
Suðvestur- og Vesturland					
Elliðaár	Kollafjörður	64,12233	-21,84022	92	0
Leirvogsa	Kollafjörður	64,19253	-21,66751	93	3
Grímsá	Borgarfjörður	64,53600	-21,31800	80	0
Kjarrá	Borgarfjörður	64,75452	-21,11860	87	1
Litla-Þverá	Borgarfjörður	64,78430	-21,32469	69	2
Langá	Borgarfjörður	64,66392	-21,88480	92	5
Laxa í Dölum	Dalir	65,13571	-21,60827	94	4
Haukadalsá	Dalir	65,05009	-21,68762	88	2
Krossá	Skarðsströnd	65,26030	-22,29861	92	2
Vestfirðir og Norðurland					
Laugardalsá	Ísafjarðardjúp	65,96883	-22,66338	90	0
Blanda	A-Húnavatnssýsla	65,51846	-19,87940	93	3
Svartá	A-Húnavatnssýsla	65,52178	-19,82447	89	0
Laxá í Aðaldal	Skjálfandi	65,95989	-17,40351	72	0
Reykjadalsá	Skjálfandi	65,74664	-17,38752	90	0
Norðausturland					
Svalbarðsá	Þistilfjörður	66,18639	-15,72615	66	4
Hafralónsá	Þistilfjörður	66,10152	-15,42570	94	0
Miðfjarðará	Bakkafló	66,03693	-15,11218	83	0
Selá	Vopnafjörður	65,82453	-14,84708	90	6
Vesturdalsá	Vopnafjörður	65,70072	-15,00062	92	0
Hofsá	Vopnafjörður	65,61893	-15,06377	93	0
Suðurland					
Kálfá	Gnúpverjahreppur	64,03706	-20,30198	81	1
Dalsá	Hrunamannahreppur	64,26968	-20,18630	81	0
Litla-Laxá	Hrunamannahreppur	64,13480	-20,32912	54	1
Hvítá	Árnessýsla	64,27528	-20,19538	76	0

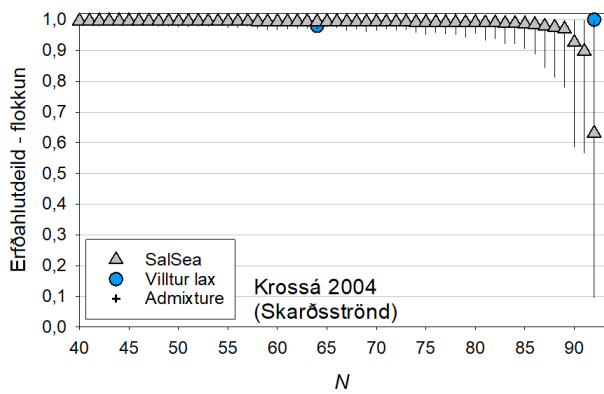
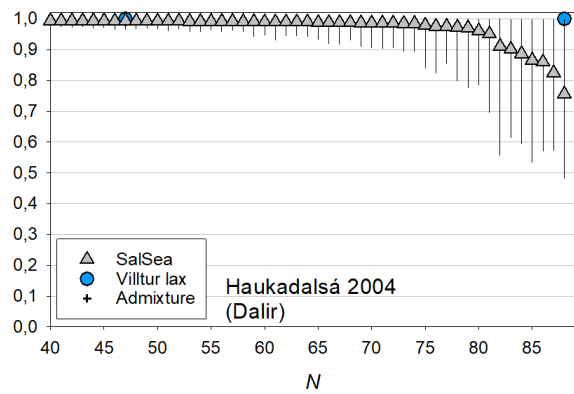
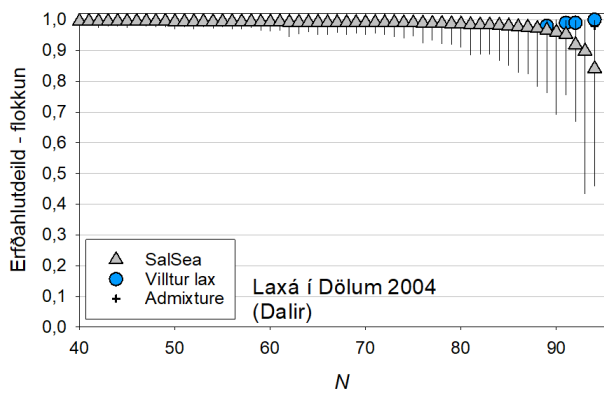
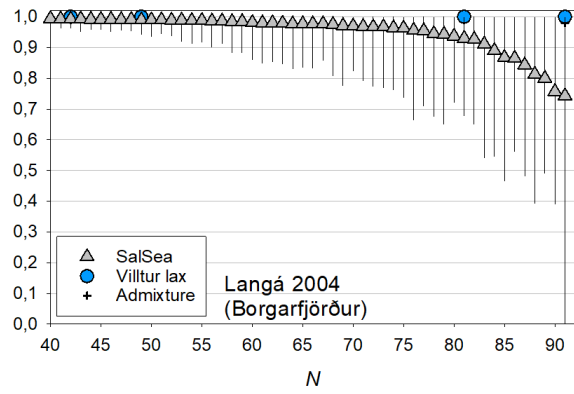
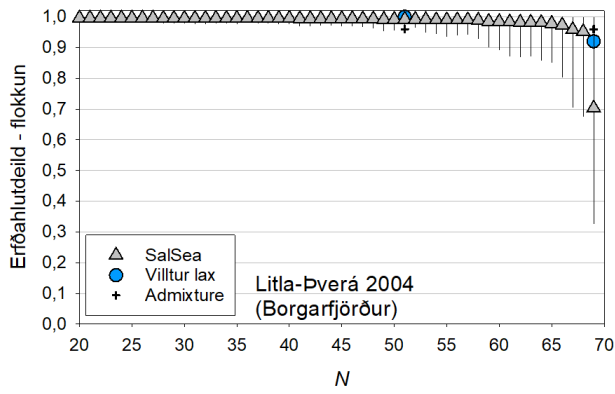
Sog	Árnessýsla	64,06164	-20,98923	88	4
Ölfusá	Árnessýsla	63,95208	-20,98320	84	5

Viðauki 3b. Niðurstöður greiningar á erfðablöndun villts lax og eldislax fyrir seiði í viðauka 3a. Á hverri mynd eru niðurstöður fyrir eina á. Þríhyrningar tákna erfðahlutdeild (q) fiska skv. STRUCTURE á SalSea-erfðamörkum og q -gildum er raðað frá háum gildum til lágra. Niðurstöður þeirra fiska sem einnig voru erfðagreindir með SNP-erfðamörkum eru sýndar á myndum skv. lýsingu í viðauka 1b. Á hverri mynd er upplýsingabox með táknum mismunandi greininga og viðkomandi niðurstöðum ef við á.

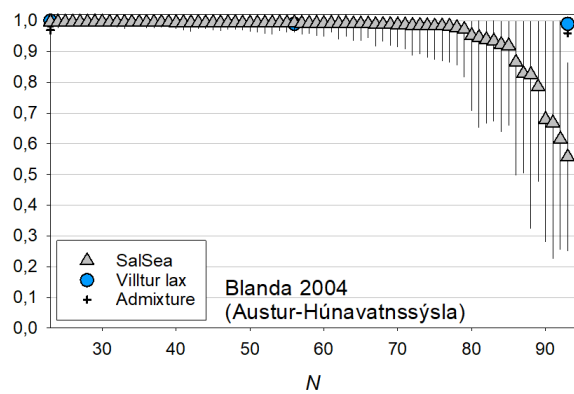
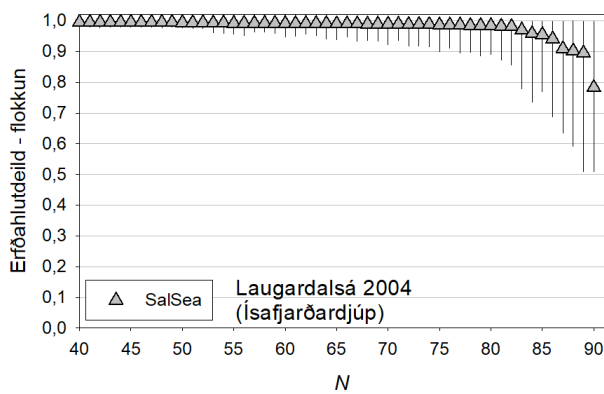
Appendix 3b. Results of wild and farmed salmon hybridization among juveniles in appendix 3a. Each figure shows results for one river. Triangles represent admixture proportions (q) of fish from STRUCTURE using SalSea-markers and q -values are ordered from high to low values. The results of the fish that were also genotyped with SNP's are shown in figures according to description in appendix 1b. Each image has an information box with the symbols of the different analyzes and the respective results if applicable.

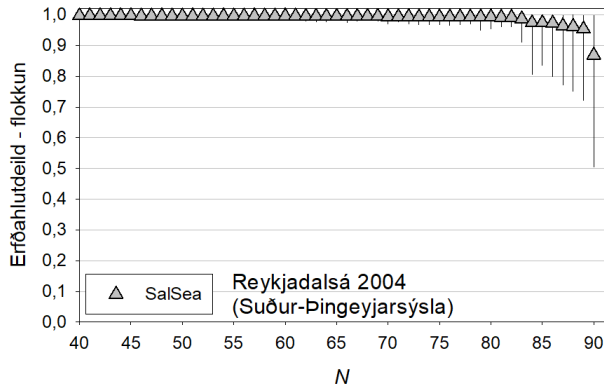
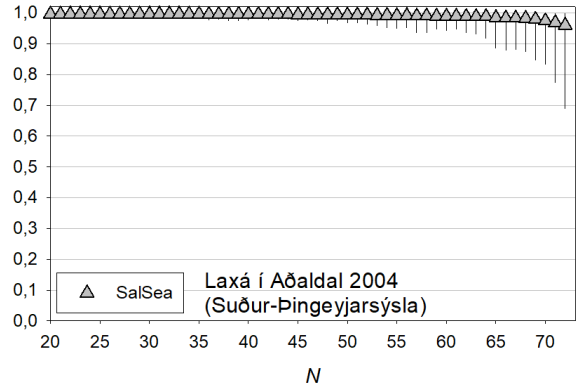
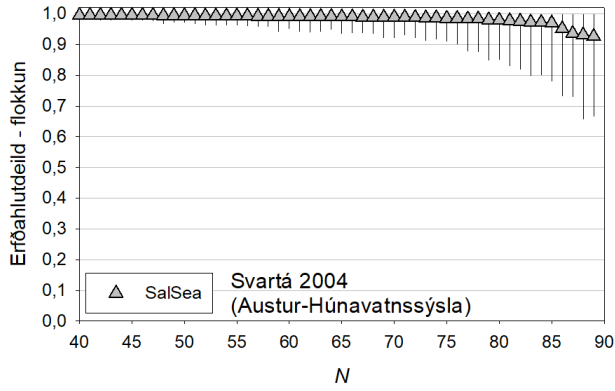
Suðvestur- og Vesturland 2004



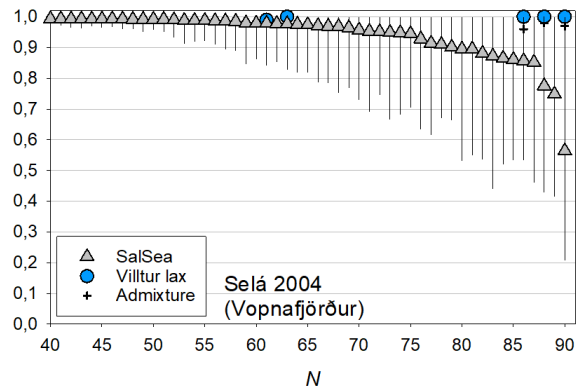
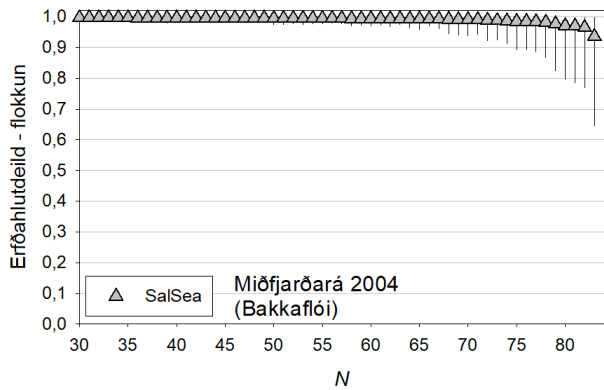
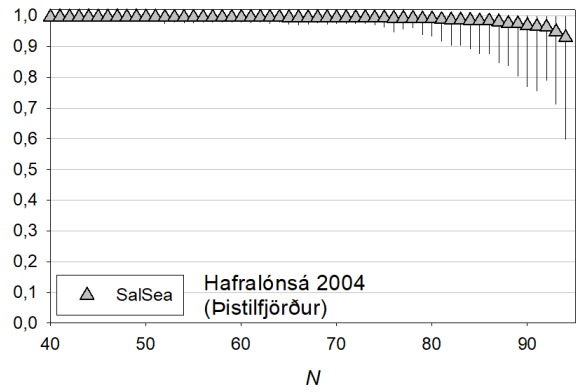
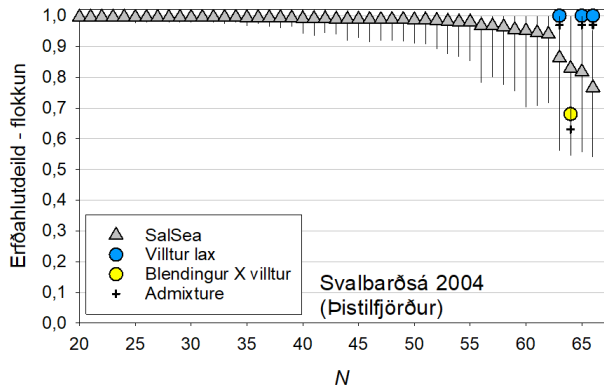


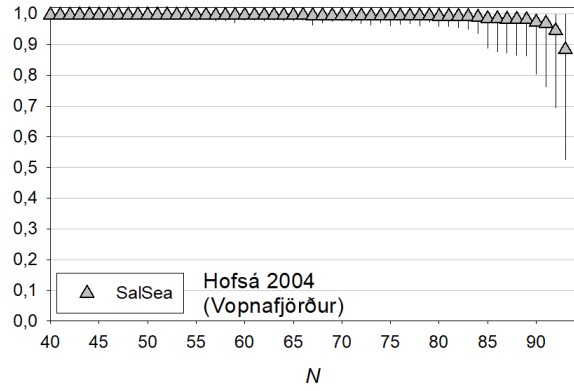
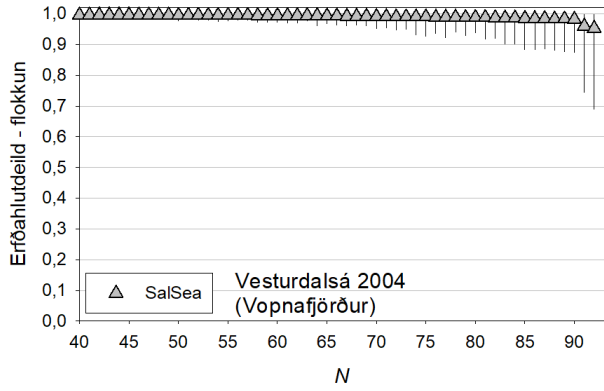
Vestfirðir og Norðurland 2004



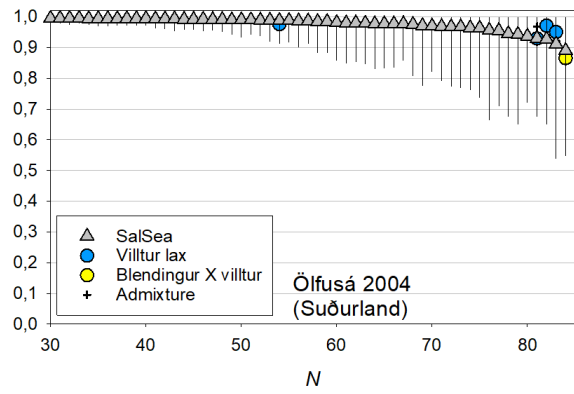
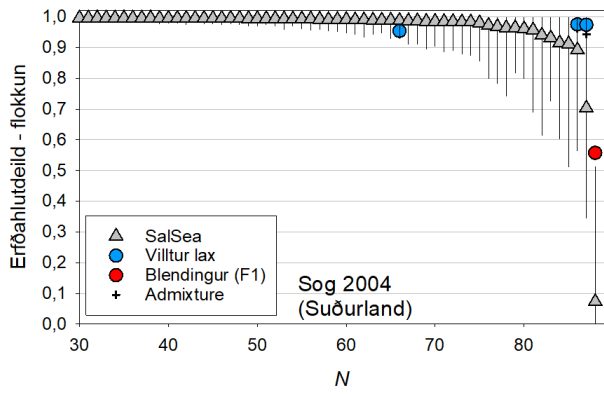
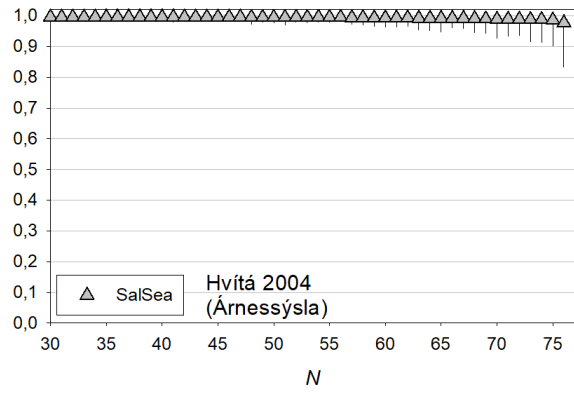
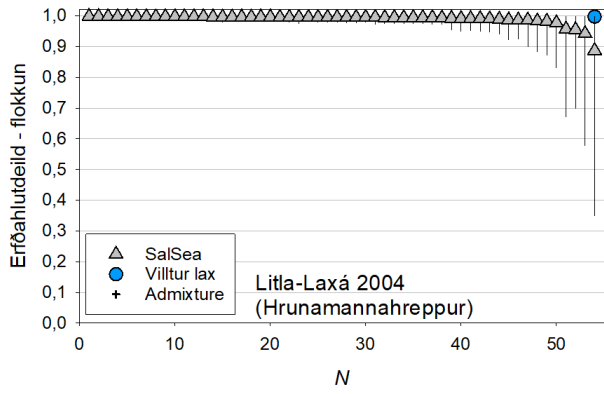
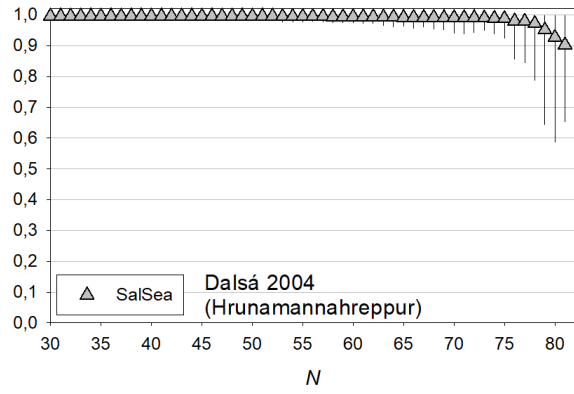
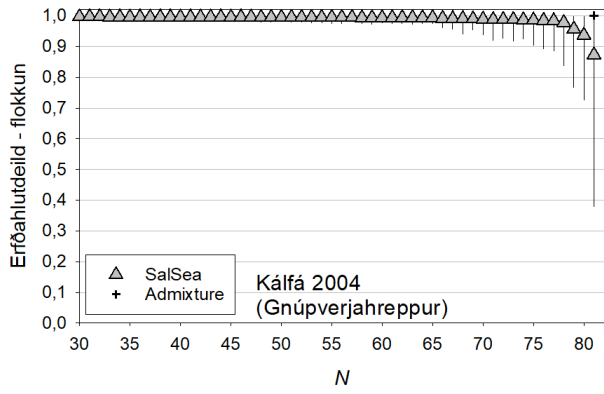


Norðausturland 2004





Suðurland 2004



Viðauki 4. Niðurstöður NewHybrids á flokkun seiða í villt (V), eldi (túrkisblár), F1-blendinga (rauður), F2-blendinga (grænn), blendinga F1-blendinga X villtra (gulur) og óvissuflokk. Niðurstöður eru sýndar fyrir hverja sýnatökustöð og röð sýna er sú sama fram kemur í viðaukum 1a-3a.

Appendix 4. *NewHybrids results for the classification of juveniles to wild (V), farmed (turquoise), F1-hybrid (red), F2-hybrid (green), hybrid of F1-hybrid X wild (yellow) and uncertain category. Results are shown for each sample site and sample order is the same as in appendices 1a-3a.*

Landshluti , á / Staðsetning / territory, river location	Ártal / year	Sýnafjöldi / sample size	NewHybrids-greining / NewHybrids analysis					Óvissa / uncert.
			Villtur (V) / wild	Eldi / farm	F1	F2	F1 x V	
Sýni í viðauka 1a / Samples in appendix 1a								
Suðvestur- og Vesturland								
Elliðaár	Kollafjörður	2017	16	16				
-	-	2020	64	64				
-	-	2020	36	36				
Langá	Borgarfjörður	2020	35	35				
-	-	2020	64	64				
Grímsá	Borgarfjörður	2020	18	18				
-	-	2020	80	80				
Norðurá	Borgarfjörður	2020	99	99				
Haukadalsá	Dalir	2016	17	17				
-	-	2016	19	19				
Krossá	Skarðsströnd	2020	50	49		1		
-	-	2020	49	47		2		
Hvolsá	Skarðsströnd	2019	73	72				1
-	-	2019	51	50			1	
-	-	2019	57	57				
-	-	2019	1	1				
Vestfirðir								
Geiradalsá	Reykholahreppur	2019	11	11				
-	-	2019	60	60				
-	-	2019	59	59				
Þorskafjarðará	Þorskafjörður	2019	61	61				
-	-	2019	32	32				
-	-	2019	82	81			1	
Djúpadalsá	Djúpifjörður	2019	62	62				
Fjarðarhornsa	Kollafjörður	2019	40	40				
-	-	2019	81	81				
Móra	Barðaströnd	2018	29	25		4		
-	-	2018	53	53				
-	-	2019	14	14				
-	-	2019	85	85				
-	-	2019	75	75				
Suðurfossá	Rauðisandur	2019	34	34				
-	-	2019	60	60				
-	-	2019	49	49				
Botnsá	Tálknafjörður	2019	10	6		4		
-	-	2019	43	24		18		1

-	-	2019	27	19	6	1	1
-	-	2019	9	8	1		
-	-	2019	1	1			
-	-	2019	7	4	1	2	
-	-	2019	3	2	1		
Kaldeyrará	Tálknafjörður	2018	1		1		
Selárdalsá	Arnarfjörður	2018	112	112			
-	-	2018	86	86			
-	-	2019	104	104			
-	-	2019	33	33			
-	-	2019	117	117			
Fífustaðadalsá	Arnarfjörður	2018	148	143	4		1
Bakkadalsá	Arnarfjörður	2018	1	1			
-	-	2018	14	14			
-	-	2018	35	35			
Litlueyrará	Arnarfjörður	2018	83	74	2	3	4
Dufansdalsá	Arnarfjörður	2018	27	27			
-	-	2018	147	147			
-	-	2019	67	67			
-	-	2019	54	54			
Pernudalsá	Arnarfjörður	2018	7	1	6		
Sunndalsá	Arnarfjörður	2018	54	38	15	1	
-	-	2018	69	66	3		
-	-	2019	42	34	7		1
-	-	2019	41	33	8		
-	-	2019	52	44	8		
Dynjandisá	Arnarfjörður	2018	18	18			
-	-	2019	6	6			
Mjólká	Arnarfjörður	2019	40	14	26		
Hófsá	Arnarfjörður	2018	1	1			
Langá	Dýrafjörður	2018	38	38			
-	-	2018	11	11			
Kirkjubólsá	Dýrafjörður	2018	6	5	1		
Botnsá	Dýrafjörður	2018	1	1			
Núpsá	Dýrafjörður	2018	60	60			
-	-	2019	27	27			
Sandsá	Önundarfjörður	2018	63	63			
-	-	2019	49	49			
-	-	2019	41	41			
-	-	2019	29	29			
-	-	2019	15	15			
Bjarnadalsá	Önundarfjörður	2018	5	5			
Staðará	Súgandafjörður	2018	53	53			
-	-	2018	53	53			
-	-	2019	31	30		1	
-	-	2019	51	48		3	
-	-	2019	42	42			
-	-	2019	56	55			1
-	-	2019	32	31		1	
Laugardalsá	Ísafjarðardjúp	2019	30	30			
-	-	2019	78	78			
-	-	2019	84	84			
-	-	2020	44	43			1
-	-	2020	34	34			
-	-	2020	7	7			
Heydalsá	Mjóifjörður	2019	8	8			

-	-	2019	19	19		
-	-	2019	8	8		
Ísafjarðará	Ísafjörður	2016	10	10		
Múlaá	Ísafjörður	2016	12	8	4	
-	-	2019	14	9	4	1
-	-	2019	15	15		
Langadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	52	50		2
-	-	2019	31	29	2	
-	-	2019	53	53		
-	-	2019	72	72		
-	-	2020	38	38		
-	-	2020	59	58		
Lágadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	1	1		
Hvannadalsá	Ísafjarðardjúp	2019	20	20		
-	-	2019	5	5		
Hraundalsá	Ísafjarðardjúp	2018	27	9	18	
-	-	2018	23	18	4	1
Goðdalsá	Bjarnarfjörður	2018	20	20		
Staðará	Steingrímsfjörður	2018	30	24	6	
-	-	2019	9	9		
-	-	2019	9	9		
-	-	2019	4	4		
-	-	2019	7	5	2	
-	-	2019	21	19	2	
-	-	2019	10	10		
-	-	2019	28	25	1	2
Víðidalsá	Steingrímsfjörður	2018	36	32	2	1
Arnkötludalsá	Steingrímsfjörður	2018	35	34		1
Krossá	Bitrufjörður	2018	35	35		
Norðdalsá	Bitrufjörður	2018	36	36		
Norðvestur- og Norðurland						
Víkurá	Hrútafjörður	2018	30	30		
-	-	2019	28	28		
-	-	2019	6	6		
-	-	2019	4	4		
-	-	2019	80	80		
-	-	2019	29	29		
Prestbakkaá	Hrútafjörður	2018	36	36		
Laxá	í Hrútafjörður	2018	23	23		
Hrútafirði						
Víðidalsá	V-Húnavatnssýsla	2020	117	116	1	
Vatnsdalsá	A-Húnavatnssýsla	2017	5	5		
-	-	2017	5	5		
-	-	2017	5	5		
-	-	2017	5	5		
-	-	2017	5	5		
-	-	2017	6	6		
-	-	2017	5	5		
-	-	2017	5	5		
-	-	2020	3	3		
-	-	2020	11	11		
-	-	2020	4	4		
-	-	2020	3	3		
-	-	2020	4	4		
-	-	2020	42	42		

-	-	2020	4	4					
-	-	2020	33	33					
Blanda	A-Húnavatnssýsla	2020	19	19					
-	-	2020	10	10					
-	-	2020	19	19					
Svartá	A-Húnavatnssýsla	2020	5	5					
-	-	2020	3	3					
-	-	2020	11	11					
-	-	2020	12	12					
-	-	2020	10	10					
-	-	2020	3	3					
Norðausturland, Austfirðir og Suðausturland									
Laxá í Aðaldal	S-Pingeyjarsýsla	2020	43	42				1	
Hofsá	Vopnafjörður	2017	11	11					
-	-	2017	2	2					
-	-	2017	10	9					1
-	-	2017	8	8					
-	-	2017	6	6					
-	-	2020	21	20				1	
-	-	2020	13	13					
Fjarðará	Borgarfjörður eystri	2017	1				1		
-	-	2020	1					1	
-	-	2020	4		1	2		1	
-	-	2020	2					2	
Fjarðará	Loðmundarfjörður	2020	1					1	
-	-	2020	1	1					
Fjarðará	Seyðisfjörður	2020	1					1	
-	-	2020	1					1	
Fjarðará	Mjóifjörður	2017	2				1	1	
Eskifjarðará	Eskifjörður	2017	2					2	
Stöðvará	Stöðvarfjörður	2017	11	10				1	
-	-	2020	21	18				2	1
-	-	2020	8	7				1	
Breiðdalsá	Breiðdalur	2017	8	6				2	
-	-	2017	2	1				1	
-	-	2017	20	9			1	9	1
-	-	2017	17	9				7	1
-	-	2017	20	11				6	2
-	-	2017	20	6				11	3
-	-	2017	15	9				5	1
-	-	2020	28	22				5	1
-	-	2020	28	21				5	2
-	-	2020	16	15				1	
-	-	2020	12	8				4	
-	-	2020	29	16				12	1
-	-	2020	13	6			2	3	2
Berufjarðará	Berufjörður	2017	12	9			2	1	
-	-	2020	2	2					
-	-	2020	6	4			2		
Selá	Álftafjörður	2017	27	23				3	1
-	-	2020	35	35					
-	-	2020	10	8			1		1
Laxá í Nesjum	Hornafjörður	2017	18	18					
-	-	2020	10	10					

Smyrlabjargar á	A-Skaftafellssýsla	2020	17	17
-	-	2020	31	31
Suðurland				
Þjórsá	Suðurland	2020	29	29
-	-	2020	13	13
-	-	2020	30	30
-	-	2020	8	8
Dalsá	Hrunamannahr.	2020	10	10
Litla-Laxá	Hrunamannahr.	2020	17	17
Stóra-Laxá	í Hreppum	2020	4	4
-	-	2020	3	3
-	-	2020	1	1
-	-	2020	1	1
Brúará	Árnessýsla	2020	19	19
Hvítá	Árnessýsla	2020	15	15
-	-	2020	9	9
Sog	Árnessýsla	2020	1	1
-	-	2020	30	30
Ölfusá	Árnessýsla	2020	8	8
-	-	2020	7	7
-	-	2020	5	5
-	-	2020	11	11

Sýni í viðauka 2a / Samples in appendix 2a

Vesturland				
Laxá/Blankur	Skógarströnd	2016	1	1
Búðardalsá	Skarðsströnd	2016	2	2
Vestfirðir				
Laxá	í Reykhólahreppur	2017	1	1
Reykhólasveit				
Þorskafjarðará	Þorskafjörður	2016	3	3
Djúpadalsá	Djúpifjörður	2017	1	1
Gufudalsá	Gufufjörður	2017	1	1
Múlaá	Kollafjörður	2017	1	1
Móra	-	2017	2	2
Suðurfossá	-	2017	1	1
Botnsá	-	2016	4	4
-	-	2016	3	3
Selardalsá	Arnarfjörður	2016	2	2
Bakkadalsá	Arnarfjörður	2016	2	2
Sunndalsá	-	2016	1	1
Mjólka	Arnarfjörður	2016	7	5
Hófsá	Arnarfjörður	2015	4	4
Kirkjubólsá	Dýrafjörður	2015	1	1
-	-	2016	6	6
Lambadalsá	Dýrafjörður	2015	5	5
Núpsá	Dýrafjörður	2015	2	2
Bjarnadalsá	Önundarfjörður	2015	10	7
-	-	2016	3	3
-	-	2016	4	3
-	-	2016	1	1
Hestá	Önundarfjörður	2015	3	3
Laugardalsá	Ísafjarðardjúp	2017	2	2
Heydalsá	Mjóifjörður	2016	24	24

Bessadalsá	Mjóifjörður	2016	32	32	
Langadalsá	Ísafjarðardjúp	2017	1	1	
Lágadalsá	Ísafjarðardjúp	2016	34	34	
Víðidalsá	Steingrímsfjörður	2016	1	1	
Arnkötludalsá	Steingrímsfjörður	2016	1		1

Sýni í viðauka 3a / Samples in appendix 3a

Suðvestur- og Vesturland

Leirvogsa	Kollafjörður	2004	3	3	
Litla-Pvera	Borgarfjörður	2004	2	2	
Kjarrá	Borgarfjörður	2004	1	1	
Langá	Borgarfjörður	2004	5	5	
Laxa í Dölum	Dalir	2004	4	4	
Haukadalsá	Dalir	2004	2	2	
Krossá	Skarðsströnd	2004	2	2	

Vestfirðir og Norðurland

Blanda	A-Húnavatnssýsla	2004	3	3	
--------	------------------	------	---	---	--

Norðausturland

Svalbarðsa	Þistilfjörður	2004	4	3	1
Selá	Vopnafjörður	2004	6	6	

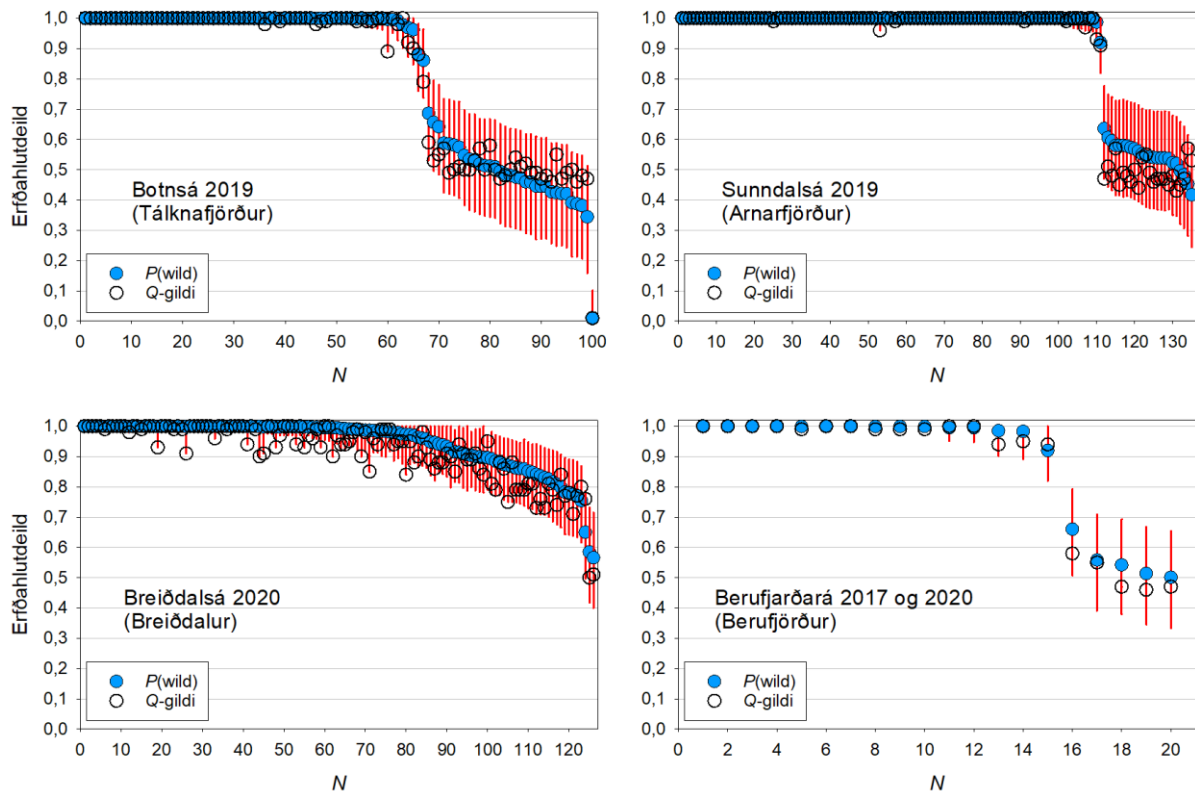
Suðurland

Kálfá	Gnúpverjahl.	2004	1	1*	
Litla-Laxá	Hrunamannahl.	2004	1	1	
Sog	Árnessýsla	2004	4	3	1
Ölfusá	Árnessýsla	2004	5	4	1

*Aðeins greint í ADMIXTURE / Only analyzed in ADMIXTURE

Viðauki 5. Samanburður á niðurstöðum greininga á erfðablöndun fiska úr STRUCTURE, þ.e. milli $P(\text{wild})$ (bláir punktar) og q -gilda (tómir hringir). $P(\text{wild})$ -gildum, ásamt 90% líkindamörkum, var raðað frá háum til lágra. Sjá nánar í texta.

Appendix 5. Comparison of results of genetic admixture analyzes of fish with STRUCTURE, i.e. between $P(\text{wild})$ (blue dots) and q -values (open circles). $P(\text{wild})$ values with 90% probability limits were ranked from high to low.





HAFRANNSÓKNASTOFNUN

Rannsókn- og ráðgjafarstofnun hafs og vatna