



Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal



Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal

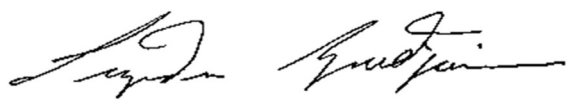
Höfundar
Davíð Gíslason

Dagsetning
27. mars 2024

Lykilsíða

Skýrsla LV nr	LV-2024-019	Dagsetning	27. mars 2024
Fjöldi Síðna	0	Upplag	1
Dreifing	[x] Birt á vef LV	[] Opin	[] Takmörkuð til [Dags.]
Titill	Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal		
Höfundar/fyrirtæki	Davíð Gíslason, Matís		
Verkefnisstjóri	Sigurður Guðjónsson		
Unnið fyrir	Landsvirkjun		
Samvinnuaðilar	Veiðifélag Laxár í Aðaldal		
Útdráttur	Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal var skoðaður yfir tíma. Unnið var með erfðasýni sem tekin voru 1980, 2004, 2022 og 2023 í Laxá. Sýnin voru arfgerðagreind fyrir 14 tafsraðir frá SalSea arfgerðarsettinu. Ljóst er að breytingar hafa orðið á erfðasamsetningu í Laxá í Aðaldal. Niðurstöður sína að meðal arfblendni hefur breyst lítilega en arfblendni fyrir einstök erfðaset hefur breyst nokkuð. Erfðabreytileiki mældur sem fjöldi samsæta á erfðaseti eða sem fjöldi einkasamsæta á erfðaseti hefur aukist í sýnunum frá 2022 og 2023. Hins vegar er ljóst að virk stofnstærð (æxlunarstofnstærð á ári) hefur minnkað yfir tíma sérstaklega í nýjasta sýninu frá 2023. Þá er ljóst að stofngerð laxa í Laxá hefur breyst, þannig flokkast færri laxar til Laxár nú en áður. Ræktun hefur átt sér stað í Laxá síðan 1984. Vísbendingar eru um aukinn skyldleika í stofninum sem gæti verið vegna ræktunar eða fækkunar í stofninum þó svo að nokkur aukning hafi orðið í veiði síðasta ár.		
Lykilorð	Erfðabreytileiki, Laxá í Aðaldal, Virk stofnstærð		

Samþykki verkefnisstjóra Landsvirkjunar



Titill / Title	Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal		
Höfundar / Authors	Davíð Gíslason		
Skýrsla / Report no.	10-24	Útgáfudagur / Date:	27. mars 2024
Verknr. / Project no.	Rágjafasamningur 3736		
Styrktaraðilar /Funding:	Gert fyrir Landsvirkjun		
Ágrip á íslensku:	Erfðabreytileiki laxa í Laxá í Aðaldal var skoðaður yfir tíma. Unnið var með erfðasýni sem tekin voru 1980, 2004, 2022 og 2023 í Laxá. Sýnin voru arfgerðagreind fyrir 14 tafsraðir frá SalSea arfgerðarsettinu. Ljóst er að breytingar hafa orðið á erfðasamsetningu í Laxá í Aðaldal. Niðurstöður sína að meðal arfblandni hefur breyst lítilega en arfblandni fyrir einstök erfðaset hefur breyst nokkuð. Erfðabreytileiki mældur sem fjöldi samsæta á erfðaseti eða sem fjöldi einkasamsæta á erfðaseti hefur aukist í sýnunum frá 2022 og 2023. Hins vegar er ljóst að virk stofnstærð (æxlunarstofnstærð á ári) hefur minnkað yfir tíma sérstaklega í nýjasta sýninu frá 2023. Þá er ljóst að stofngerð laxa í Laxá hefur breyst, þannig flokkast færri laxar til Laxár nú en áður. Ræktun hefur átt sér stað í Laxá síðan 1984. Vísbendingar eru um aukinn skyldleika í stofninum sem gæti verið vegna ræktunar eða fækkunar í stofninum þó svo að nokkur aukning hafi orðið í veiði síðasta ár.		
Lykilorð á íslensku:	Erfðabreytileiki, Laxá í Aðaldal, Virk stofnstærð		
Summary in English:	Genetic diversity of Atlantic almon in river Laxá was investigated over time. Samples were collected in the river Laxá in 1980, 2004, 2022 and 2023. The samples were genotyped with the SalSea microsatellite marker set. Changes have occurred in genetic composition of salmon of river Laxá. Mean heterozygosity has only changed insignificantly but larger changes are seen for individual markers. Genetic diversity as number of alleles per loci and the number of private alleles per loci have increased over time. However effective population size in year has declined especially for the sample in 2023. The stock structure in the river has also changed as fewer salmon are traced back to river Laxá than in earlier samples. There has been an effort in enhanching the stock with hatchery fish from the river since 1984. The study showed increased relatedness in the stock.		
English keywords:	Genetic variation, Laxá í Aðaldal, Effective population size		

Efnisyfirlit:

Myndir:.....	v
Inngangur:	1
Aðferðir:	4
Söfnun og sýni.	4
Einangrun erfðaefnis og tafsraðagreining.	4
Tölfræðileg greining.	4
Niðurstöður:.....	7
Umræður:.....	14
Niðurlag:.....	17
Þakkarorð:	17
Heimildir:.....	18
Viðaukar:	21

Tölur:

Tafla 1. Tafla sem sýnir séða arfblandni (Hobs) og ætlaða arfblandni (Hexp) fyrir hvert ár og hvert erfðamark ásamt meðaltali yfir öll erfðamörk.....	9
Tafla 2. Tafla sem sýnir fyrir hvert sýna ár fjölda einstaklinga, séða arfblandni (Ho), væntanlega arfblandni (He), meðalfjölda samsæta á seti með standard error (Ar), meðalfjölda einkasamsæta á seti með standard error (Ap), innæxlunarstuðullinn F_{IS} og marktækni F_{IS} (P).....	11
Tafla 3. Tafla sem sýnir metinn fjölda laxa sem æxlast á ári (Nb) ásamt 95% öryggismörkum fyrir Nb.	12

Myndir:

Mynd 1. Stöplarit sem sýnir séða arfblandni fyrir sýni úr Laxá í Aðaldal fyrir öll erfðamörk og meðaltal yfir öll erfðamörk.	10
Mynd 2. Stöplarit sem sýnir áætlaða arfblandni fyrir sýni úr Laxá í Aðaldal fyrir öll erfðamörk og meðaltal yfir öll erfðamörk.	10
Mynd 3. Línurit sem sýnir fjölda samsæta á erfðaseti (locus) í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.	11

Mynd 4. Línurit sem sýnir fjölda einkasamsæta á erfðaseti (locus) í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.	12
Mynd 5. Virk æxlunarstofnstærð (Nb) fyrir hvert ár með 95% öryggismörkum fyrir öll seiða- og veiðisýni úr Laxá í Aðaldal.	13
Mynd 6. Aðskilnaðargreining fjölþáttgreiningar (DAPC) fyrir grunnlínugögn seiðasýna frá 2004 og veiðisýna í Laxá í Aðaldal. LA (rauð), Laxá í Aðaldal 2004; Mid (græn), Miðfjarðará; Sel (blá), Selá; Haf (brún), Haffjarðará; Hof (fjólublá), Hofsá; L80 (appelsínugul), Laxá 1980; L22 (ljós appelsínugul), Laxá 2022; L23 (bleik), Laxá 2023. Punktar sýna gildi fyrir einstaklinga, línur tengja einstaklinga til miðgildi hóps, hringir um hóp sýnir 95% tregðu mörk.	14

Inngangur:

Erfðafjölbreytileiki er undirstaða þess að stofnar dýra geti aðlagast að breyttu umhverfi og verið lífvænlegir (Franklin og Allendorf 2014, Lande 1988, Waples et al. 2016). Með veiðum og breyttum umhverfisaðstæðum geta stofnar minnkað og samfara því oft erfðabreytileiki stofnsins. Laxastofnar í Norður Atlandshafi hafa farið hratt minnkandi síðan 1980 (ICES, 2021a). Ekki er fullkomlega ljóst hvað veldur en mengun, breyttar aðstæður í hafinu, stíflur vegna virkjanna og flóða stjórnunar sem og veiðar hafa verið nefnd sem helstu ástæður (Consuegra and Nilsen 2007). Í Laxá í Aðaldal hefur veiði einnig dalað síðan 1980 þegar um 2.600 laxar voru veiddir í samanburði við um 685 laxa veidda 2023. Þessi minnkun í veiði yfir tíma veldur áhyggjum þar sem hrygningarstofn árinna hefur minnkað að sama skapi yfir sama tíma. Þrátt fyrir að frá árinu 2006 hefur megin veiðiaðferðin verið að sleppa löxum aftur í ána (Guðbergsson, 2023) hefur veiddum löxum ekki fjölgað þrátt fyrir að veiðialag sé svipað.

Hvað veldur fækkun laxa í Laxá er ekki ljóst umfram það sem talið var upp hér að framan en rannsóknir á seiðabéttleika í ánni með rafveiði sýnir að þéttleikinn er mjög breytilegur milli ára en hefur farið vaxandi á síðustu árum (Guðbergsson, 2023). Þannig virðast uppeldis aðstæður í ánni fyrir ungviðið ekki hafa breyst mjög. Það er þó ljóst að veiði hefur haft áhrif á samsetningu stofnsins þar sem stórlöxum, þ.e. laxar sem eru 2 ár í sjó áður en þeir koma aftur til hrygningar hafði fækkað mjög. Væntanlega vegna meiri ásóknar í þá en smálaxa (sem eru eitt ár í sjó). Eftir að tekin var upp reglan um að veiða og sleppa öllum löxum hefur hlutfall stórlaxa aftur aukist í stofninum (Guðbergsson, 2023). Stórlaxar eru mikilvægir þar sem hrognaframleiðsla þeirra er tvöföld í samanburði við smálaxa.

Veiðifélag árinna hefur stundað fiskrækt í ánni. Frá árinu 1984 hefur verið að meðaltali verið sleppt á ári 41.070 smáseiðum og 31.576 gönguseiðum í ána (Guðbergsson, 2023).

Undaneldislax var veiddur úr ánni og seiðum undan honum sleppt aftur í ána. Nú nýlega hefur veiðifélag Laxár tekið upp nýjar aðferðir við fiskrækt í ánni. Í stað þess að taka kynþroska lax úr ánni til undaneldis fyrir ræktun á smáseiðum og gönguseiðum þá hefur verið farin sú leið að taka seiði úr ánni og ala þau í ferskvatni í fiskeldisstöð til kynþroska. Þá er hrognum úr hryggnum úr fiskeldisstöðinni safnað og þau frjóvguð með svílum úr hængum

úr ánni. Frjóvguðum hrognum er síðan haldið í fiskeldisstöð í stuttan tíma áður en hrognin eru grafinn niður í árfarveginn þar sem góð uppeldisskilyrði eru til staðar.

Ekki er fyllilega ljóst hver árangurinn er af fiskrækt í Laxá. Það er vitað að meðal endurheimtur gönguseiða frá 1990 – 2000 er 0,1 – 1,0% í veiði og er endurheimtu meðaltalið 0,49% fyrir smálax en 0,07 – 0,36% fyrir stórlax. Þannig var samanlögð endurheimta fyrir smá og stórlaxa að meðaltali 0,73% (Guðbergsson, 2023). Ekki hefur verið metin endurheimta fyrir smáseiði. Þá er ljóst að ekki verður mögulegt að meta endurheimtur frá hrognagreftri nema að beita erfðafræðilegum aðferðum. Vel er þekkt sú erfða- og vistfræðileg áhætta sem er samfara ræktun fyrir náttúrulega stofna. Þessu hefur verið vel lýst bæði fræðilega og með rannsóknum (Allendorf og Ryman 1987, Hindar et al. 1991, Waples 1991). En helsta áhættan er tap á erfðabreytileika innan stofns og tap á hæfni stofns (Waples et al. 2016).

Það er áhyggjuefni hversu lítil hrygningarstofn Laxár í Aðaldal er þrátt fyrir fiskrækt í ánni ásamt „veiða og sleppa“ aðferðinni. Litlir stofnar lífvera tapa erfðabreytileika hratt vegna genareks (genetic drift), verða erfðafræðilega einsleitari og eiga á hættu að hverfa alveg. Erfðabreytileiki í dýrastofni er forsenda þess að stofninn sé sjálfbær og geti aðlagast breyttum umhverfisaðstæðum. Þannig hefur verið sett fram reglan 50/500 (Franklin 1980, Anderson et al. 2022) sem er þumalputta regla sem í stuttu máli segir að virk stofnstærð yfir stuttan tíma ætti ekki að vera minni en 50 einstaklingar og ekki færri en 500 til langs tíma. Það er ljóst að ef heldur áfram sem horfir að laxastofn Laxár nálgast hættumörk í stofnstærð.

Arfblendni (heterozygosity) hefur í langan tíma verið notuð sem mælikvarði á erfðabreytileika sem merki um þróunar (aðlögunar) hæfni stofna (Franklin 1980), þar sem hún er tengd hæfni (fitness) (Reed og Frankham 2003). Arfblendni minnkar oftast í litlum stofnum þar sem erfðasamsætum fækkar, innæxlun eykst og erfðarek einnig. Því er áhugavert að skoða breytingar í arfblendni yfir tíma.

Annar mælikvarði á erfðafjölbreytileika í stofnum er fjöldi erfðasamsæta og fjöldi einkasamsæta. Tafsraðaerfðamörk (e. Microsatellites) hafa oftast mikinn fjölda erfðasamsæta í hverju erfðaseti. SalSea er sett af 14 erfðamörkum og fundust 2 til 32 samsætur í hverju erfðaseti þegar þau voru skoðað er í 26 laxa stofnum á Íslandi (Ólafsson et al., 2010, Ólafsson et al., 2014). Mismunandi er eftir á m hversu margar samsætur eru í

hverjum stofni, en einnig getur verið munur í fjölda einkasamsæta það er samsætur sem aðeins finnast í einum stofni. Með því að greina erfðasýni sem tekin eru yfir langt tímabil í Laxá má skoða og nema breytingar í fjölda samsæta og einkasamsæta.

Í mörgum vist- og þróunarfræðilegum rannsóknum á villtum stofnum lífvera eru nokkur gildi sem er mikilvægt að meta til þess að nálgast stofnstærð. Þetta eru virk stofnstærð (Effective population size, N_e) sem er mæld yfir kynslóðir, eða yfir æxlunar tímabil og er þá mæling á fjölda af virkum foreldrum (N_b) og fjöldi kynþroska einstaklinga N_c (adult census size) (Frankham 1995, Waples 2005, Waples et al. 2014). N_e er mikilvægt þar sem það ræður hraða í tapi á erfðafjölbreytileika og hraða innæxlunar (Ferchaud et al., 2016). Það getur hins vegar verið flókið að meta N_e í villtum stofnum vegna aldursdreifingar, skörun kynslóða og einstaklinga sem æxlast oft en einu sinni (e. iteroparity) (Waples et al., 2014). Í þessari rannsókn var N_e metið fremur sem N_b þar sem gögnin eru fyrir þá laxa sem eru að koma inn til hrygningar og gefur mælingu fyrir fjölda yfir æxlunar tímabil fremur en yfir kynslóðir.

Í Laxá í Aðaldal er ekki teljari þannig að ekki er vitað hversu margir laxar ganga í ána á hverju ári. Samkvæmt Hafrannsóknastofnun hefur stofnstærð fyrir ár á Íslandi verið metin út frá veiði. Þannig hefur N_c verið áætlað sem tvöföld veiði fyrir hvert ár (<https://www.hafogvatn.is/is/rannsoknir/voktun-veidiaa/ar-og-eldi>). Samkvæmt þessu er mat Hafrannsóknastofnunar á $N_c = 2.415$ fyrir Laxá byggt á meðalveiði síðustu 10 ára sem er 1.208 laxar. Það er þó ljóst að síðustu 5 ár hefur veiði verið mun minni en þetta og farið minnkandi fyrir utan síðustu tvö ár. Þannig var minnsta veiði sem þekkt er í ánni 2020 eða 388 laxar en hefur aukist lítilega síðan með 433 laxa 2022 og 685 laxa 2023.

Í þessari skýrslu verður reynt að svara þremur spurningum um erfðabreytileika laxa yfir tíma í Laxá í Aðaldal: 1) Hefur arfblendni í Laxá í Aðaldal minnkað yfir tíma? 2) Hefur orðið fækkun í fjölda samsæta og einkasamsæta í Laxá í Aðaldal? 3) Hefur virk stofnstærð verið stöðug í Laxá í Aðaldal yfir tíma?

Aðferðir:

Söfnun og sýni.

Fyrir lax úr Laxá í Aðaldal frá árinu 2004 var til arfgerðargagnasett á Matís fyrir SalSea tafstraðasettið sem greint var á rafveiddum seiðum. Þessi gögn voru notuð í vísindagrein um stofngerð íslenskra laxa sem var birt 2014 (Ólafsson et al., 2014). Sumarið 2022 var farið af stað með nýja söfnun á sýnum úr stangveiði og var safnað vef (klippt af kviðugga), hreistri og upplýsingum um veidda laxa (dagsetning veiði, veiðistaður, lengd og kyn). Verkefnastjóri fór norður í Laxá fyrir veiðitímabilið með sýnatökusett og leiðbeiningar um söfnun sýna og ræddi við leiðsögumenn sem sjá um sýnatöku úr veiði. Yfir sumarið var safnað sýnum úr 97 veiddum löxum á tímabilinu frá 20.06.2022 til 22.08.2022. Sumarið 2023 var söfnun sýna haldið áfram og sýnum safnað úr 102 löxum úr veiði á tímabilinu 20.06.2023 til 24.08.2023. Til þess að nálgast eldri gögn úr Laxá var leitað til Hafrannsóknastofnunar og fengið hreistur úr veiði frá árunum 1978, 1980, 1982 og 1983. Alls var 100 hreistursýnum safnað frá þessu tímabili og er þetta sýni til einföldunar nefnt Laxá 1980 hér eftir. Hreistur af löxum sem safnað var sumrin 2022 og 2023 var komið til Hafrannsóknastofnunar til greiningar á uppruna og aldri laxanna.

Einangrun erfðaefnis og tafsraðagreining.

Eftir að sýni komu til Matís var erfðaeefni úr vef og hreistri einangrað með Agowa kitti (LGC Genomics). Arfgerðagreining var framkvæmd með SalSea arfgerðagreiningar settinu fyrir 15 tafsraða erfðamörk þar sem fylgt var aðferðum sem er lýst í Ólafsson et al. (2010). Eitt af þessum erfðamörkum er notað til þess að þekkja lax frá N-Ameríku og öðum laxfiskum en er ekki notað í tölfræðilegum greiningum enda með engan breytileika í Evrópskum Atlandshafs laxi.

Tölfræðileg greining.

Áður en tölfræðileg greining var gerð voru erfðagögnin hreinsuð og laxar með meira en fimm erfðamörk af 14 sem ekki mögnuðust í PCR (e. Polymerase chain reaction, PCR) teknir úr gögnunum. Gögnin voru síðan greind í MICRO-CHECKER (Van Oosterhout et al., 2004) til þess

að athuga með samsætur sem ekki magnast upp í PCR (e. null alleles), fyrir stam (e. stuttering) þar sem smávægilegar breytingar verða í stærð samsæta í PCR og fyrir brottfalli stærri samsæta (e. large allele dropout) þar sem stærri samsætur magnast ekki eins vel og smærri samsætur. Nauðsynlegt er að skoða skyldleika í sýnum og hversu mikið er af systkinum í hverju sýni. Í þessum tilgangi var forritið COLONY v. 2.0.6.8 (Wang 2008) notað sem notast við aðferð sennilegustu gilda til greininga á systkinum. Hér var fyrst of fremst verið að greina alsystkina hópa. Tengslaójafnvægi (e. linkage disequilibrium) var einnig áætlað í GENEPOP v. 4.7.0. (Rousset, 2008). Þetta próf metur tilgátuna um að arfgerðir á einni samsætu séu óháðar arfgerðum á öðrum samsætum. Þar sem við erum að nota erfðamörk sem eiga að vera hlutlaus (e. neutral genetic markers) ætti ekki að vera tengsl milli arfgerða á ólíkum erfðamörkum. Hardy-Weinberg jafnvægi (HWE) fyrir hvert sýnasett var áætlað með GENEPOP með prófi fyrir vöntun á arfblendingum (e. heterozygote deficiency). Prófið var framkvæmt með Markov chain aðferð og gefur líkur (P) á fyrir hvort hver einstök samsæta sé með vöntun í arfblendni, staðarfrávik (standard error) fyrir P sem og innæxlunarstuðulinn F_{IS} (Weir & Cockerham, 1984). Innæxlunarstuðulinn F_{IS} ætti að vera nálægt núll þegar sýnasafn er í HWE. Gera má ráð fyrir að sýni úr einni á sem tekin eru á sama ári á hrygningar slóð séu í HWE ef erfðablöndun er lítil við laxa frá öðrum ám og þegar laxastofninn er nægjanlega stór til að innæxlun og gena rek (genetic drift) sé lítið. Arfblendni var reiknuð út frá erfðabreytileika fyrir samsætur fyrir hvert sýni tekið árin 1980, 2004, 2022 og 2023. Reiknuð var séð arfblendni (e. observed heterozygosity) og væntanleg arfblendni (e. expected heterozygosity) sem byggir á Hardy-Weinberg jafnvægi.

Dreifni samsæta í stofni er mikilvæg til að upplýsa um erfðafjölbreytileika. Það eru tvö magnngildi sem hér er mikilvægt að meta fyrir hvert sýni fyrir hverja samsætu, fjöldi greinanlegra samsæta í sýni og fjöldi einkasamsæta (e. private alleles) þ.e. sem aðeins finnast í einum stofni eða hér sýni. Þessi gildi gefa góðar upplýsingar í rannsóknum með tafsroðum þar sem mikill fjöldi samsæta er á hverju erfðaseti (locus). Fjöldi einstakra samsæta og einkasamsæta er háð sýnastærð og getur verið erfitt að meta þegar sýnastærð er ólík milli sýna sem meta á. Til þess að meta fjölda samsæta og fjölda einkasamsæta í sýnum frá Laxá í Aðaldal var notast við forritið ADZE (Szpiech et al., 2008) sem notast við þynningaraðferð (e. rarefaction) (Kalinowski, 2004) sem gefur niðurstöður sem eru samanburðarhæfar milli ólíkra sýna. Aðferðin byggir á því að draga ólíkar sýnastærðir og

notast við sömu stöðluðu sýnastærðina, stærð sem er minni eða jöfn við sýnastærð smæsta sýnisins yfir öll sýnin. Fyrir staðlaða sýnastærð g , eru sýni borin saman með því að taka tillit til mats á samsætu fjölda (e. allelic richness) og einkasamsætu fjölda (e. private allelic richness) sem myndi verða fundinn ef tekið væri meðaltal yfir öll sýni af stærðinni g (Petit et al., 1998). Í þynningaraðferðinni er samsætu fjöldi sýnis fjöldi einstakra samsæta sem er væntanlegur í handahófskenndu úrtaki sem dreginn er úr sýni af stærðinni g . Fjöldi einkasamsæta er metin sem fjöldi einkasamsæta sem er væntanlegur í sýni þegar handahófskennt úrtak af stærðinni g er dregið úr hverju sýni sem er skoðað (Kalinowski 2004).

Virk stofnstærð (N_e) var metin með forritinu NeEstimator v.2.1 (Do et al., 2014). Notast var við eins sýnis aðferð við mat á N_e með tengslaójafnvægis aðferð með leiðréttingar stuðli (e. bias correction) (Hill 1981, Waples 2006, Waples & Do, 2008). Aðferðin byggir á frávikum frá væntanlegri tíðni kynfruma og arfgerðar til að meta N_e með útreikningum á tegslaójafnvægi með Burrows's Δ metli. Þannig fæst mat fyrir N_b fyrir hvert sýni. Valin var að lægsta tíðni samsæta væri 0.02 en athuganir sýna að þessi tíðni gefur nokkuð gott jafnvægi milli þess að auka nákvæmni og minnka villu (Waples and Do, 2008).

Til þess að athuga uppruna laxa í Laxá í Aðaldal var notast við forritið ONCOR (Anderson et al., 2008). ONCOR er forrit sem notast við erfðagögn til þess að meta upprunastofn einstaklinga. Þetta eru greiningar sem miða að því að rekja uppruna einstaklings í sýni til stofns eða áar. Notuð var grunnlína (e. baseline) erfðaupplýsinga um arfgerðir laxaseiða í íslenskum ám fyrir SalSea erfðamörkin frá 2004 og var birt í vísindagrein Kristins Ólafssonar (2014). Í þeirri rannsókn voru laxar úr 26 ám á Íslandi arfgerðagreind fyrir SalSea arfgerðarsettið, þar á meðal Laxá í Aðaldal. Þessi gögn mynda grunnlínu fyrir rakningar laxa til áa á Íslandi. Hér voru þessi gögn notuð til þess að rekja laxa sem veiddust í Laxá í Aðaldal árin 1980, 2022 og 2023 til áa.

Til þess að sjá mynðrænt samband stofna á norðausturlandi og veiðisýna úr Laxá í Aðaldal var aðskilnaðargreining fjölþáttagreiningar (Discriminant analysis of principal components, DAPC, Jombart et. al. 2008) framkvæmd á grunnlínu- og veiðigögnum frá Laxá í Aðaldal ásamt grunnlínugögnum frá árinu 2004 frá Selá, Hofsa, Hafralónsa og Miðfjarðará (Ólafsson et al. 2014). DAPC greiningin byggir á umbreytingu gagna með fjölþáttagreiningu (PCA) sem er fyrsta skref áður en aðskilnaðargreining er framkvæmd. DAPC greiningin var gerð í

forritinu ADEGENET í R. Notuð var víxlstaðfesting með xvalDapc reikniaðferðinni í ADGENET til þess að ákvarða fjölda PC ása. Sjöttíu og átta PC ásar og 5 DA þættir (Discriminant factors) voru notaðir í greiningunni.

Niðurstöður:

Fengin voru 102 hreistur sýni úr veiði frá árunum 1978 (24 sýni), 1980 (21 sýni), 1982 (12 sýni) og 1983 (42 sýni) úr hreisturssafni Hafrannsóknastofnunar. Þessi sýni öll saman eru nefnd Laxá 1980. Tvö af þessum sýnum reyndust úr urriða og voru ekki tekin með.

Arfgerðagreining á þessum hreistursýnum skilaði góðum arfgerðaniðurstöðum fyrir 75 sýni, þar sem töpuð gögn voru 5.02%. Við fyrstu athugun á gögnunum kom í ljós að einn einstaklingur (hrygna) var tvisvar í gögnunum (einstaklingar l80-63 veiddur 4/8/83 lengd = 75 cm, þyngd = 4,5 kg og einstaklingur l80-92 veiddur 3/8/80, lengd = 76cm, þyngd 4,5 kg). Einstaklingur l80-92 var tekinn úr gögnunum. Þannig eru 74 einstaklingar í sýninu.

Árið 2004 var 72 seiðum safnað með rafveiði úr Laxá í Aðaldal. Þessi sýni voru arfgerðagreind og notuð í vísindagrein 2014 (Ólafsson et al., 2014) og gögnin því til á Matís. Þessi gögn ásamt arfgerðagreiningum fyrir 25 aðrar íslenskar ár úr rannsókn Kristins Ólafssonar og fleiri (2014) voru notuð sem viðmiðunargögn til þess að rekja einstaka laxa til áa.

Sumarið 2022 var safnað 96 sýnum úr veiði með aðstoð leiðsögumanna við Laxá. Bæði var sýnum af hreistri og vef safnað af veiddum laxi. Í nokkrum tilfellum var vef ekki safnað en aðeins hreistri og öfugt og því voru 95 hreistursýnum safnað til greininga á Hafrannsóknastofnun og 91 vefjasýni í arfgerðagreiningu á Matís. Arfgerðagreining skilaði góðum gögnum fyrir 91 einstaklinga, með aðeins 0.08% af töpuðum gögnum. Fyrstu athuganir á gögnunum sýndu að 1 einstaklingur (hrygna) var veiddur tvisvar (einstaklingar l22-064, veiddur 19/7/22, lengd = 76 cm, einstaklingur l22-068, veiddur 30/7/22, lengd = 78 cm) og annar einstaklingur (hængur) var veiddur þrisvar (einstaklingar l22-046, veiddur 7/7/22, lengd 64 cm, einstaklingur l22-059, veiddur 18/7/22, lengd = 69 cm, einstaklingur l22-138, veiddur 25/7/22, lengd = 70 cm). Aðeins fyrsta einstaklingnum í báðum tilfellum var haldið eftir í gögnunum en hinum eytt. Þannig eru 87 einstaklingar í sýninu.

Sumarið 2023 var safnað 108 sýnum úr veiði með aðstoð leiðsögumanna við Laxá. Bæði var safnað hreistursýni og vef af veiddum laxi. Í nokkrum tilfellum var ekki safnað vef en aðeins hreistri og öfugt þannig var safnað 105 hreistursýnum, sem fóru til greininga á Hafrannsóknastofnun og 100 vefjasýnum sem voru arfgerðagreind á Matís. Arfgerðagreining skilaði góðum gögnum fyrir 100 einstaklinga, aðeins var 0,87% af töpuðum gögnum. Við fyrstu athuganir á gögnunum kom í ljós að 1 einstaklingur (hrygna) var veiddur tvisvar (einstaklingur I23-014, veiddur 9/8/23, lengd 68 cm og einstaklingur I23-102, þar sem vantar allar upplýsingar). Þá fannst einn lax (I23-078, veiddur 16/7/23, lengd 80 cm) sem ekki reyndist unnt að kyngreina og reyndist hann enn fremur vera úr sjókvíaeldi. Þessi einstaklingur var fjarlægður úr gögnunum. Við greiningu á systkinum kom í ljós nokkrir systkinahópar sem voru með fleiri systkin en tvö. Þannig fundust 2 systkinahópar með 3 alsystkin, 1 hópur með 5 og einn hópur með 7 alsystkin. Þannig að fjöldi einstaklinga í 2023 sýninu endaði í 98.

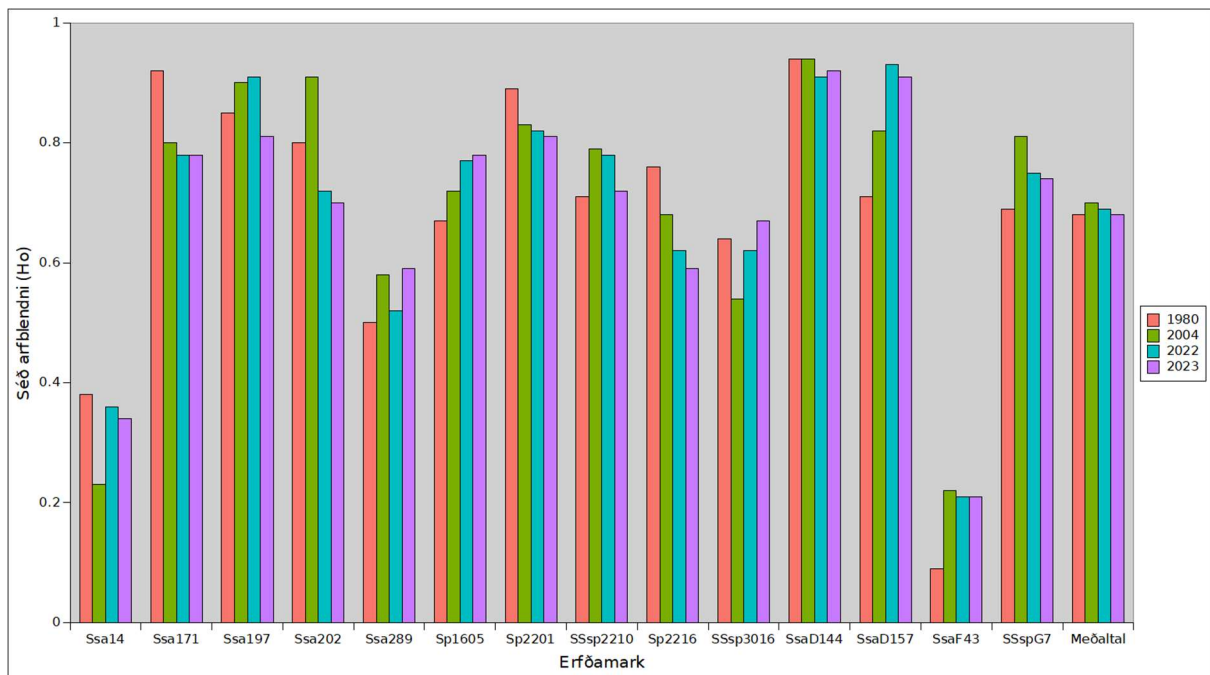
Skoðun á arfgerðagögnum með forritinu MICRO-CHECKER sýndi að engin vandamál voru við arfgerðagreininguna hvað varðar tap samsæta, stam eða brottfalli stærri samsæta. Athugun á tengslaójafnvægi sýnir að í sýnum frá 1980 og 2022 fannst ekkert marktækt tengslaójafnvægi. Fyrir sýni 2004 var tengslaójafnvægi marktækt fyrir eitt próf. Hins vegar fyrir árið 2023 fannst marktækt tengslaójafnvægi í 12 prófum milli samsæta eða í 18.7% prófa. Próf fyrir Hardy-Weinberg jafnvægi (HWE) með prófi fyrir vöntun á arfblandni (heterozygote deficiency) sýndi að öll sýni og erfðamörk eru í HWE nema Ssa157D fyrir Laxá 1980. Próf yfir öll erfðamörk sýndu að F_{IS} er lágt og ekki marktækt í sýnum (Tafla 2).

Arfblandni er almennt há fyrir öll sýni. Tvö erfðamörk sýna fremur lága arfblandni en þessi erfðamörk hafa fáar samsætur (Tafla 1., Mynd 1 og 2). Bæði séð og væntanleg arfblandni yfir öll erfðamörk er mjög svipuð milli sýna og breytist ekki mikið milli ára. Meiri breytingar eru í arfblandni milli ára ef skoðað er fyrir hvert erfðamark (Mynd 1 og 2).

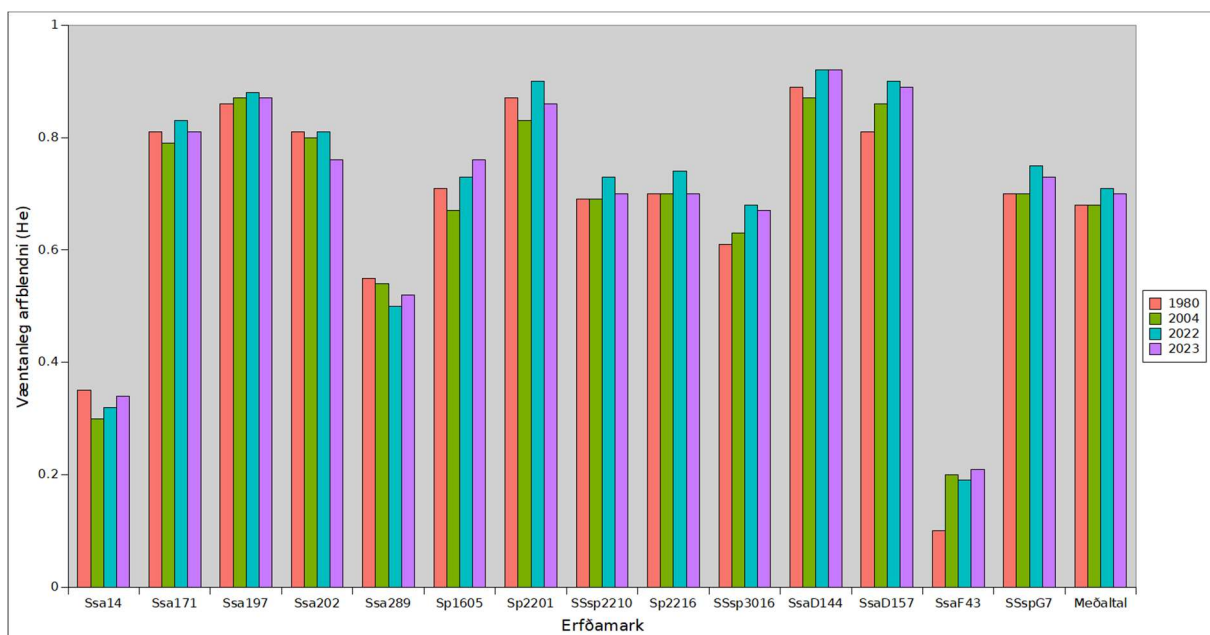
Tafla 1. Tafla sem sýnir séða arfblandni (Hobs) og ætlaða arfblandni (Hexp) fyrir hvert ár og hvert erfðamark ásamt meðaltali yfir öll erfðamörk í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.

Erfðamark/Locus	Veiði		Seiði		Veiði		Veiði	
	1980*		2004		2022		2023	
	Hobs	Hexp	Hobs	Hexp	Hobs	Hexp	Hobs	Hexp
Ssa14	0.37	0.35	0.23	0.3	0.36	0.32	0.34	0.34
Ssa171	0.92	0.81	0.8	0.79	0.78	0.83	0.78	0.81
Ssa197	0.86	0.86	0.9	0.87	0.91	0.88	0.81	0.87
Ssa202	0.78	0.81	0.91	0.8	0.72	0.81	0.7	0.76
Ssa289	0.51	0.54	0.58	0.54	0.52	0.5	0.59	0.52
Sp1605	0.65	0.71	0.72	0.67	0.77	0.73	0.78	0.76
Sp2201	0.89	0.87	0.83	0.83	0.82	0.9	0.81	0.86
SSsp2210	0.72	0.68	0.79	0.69	0.78	0.73	0.72	0.7
Sp2216	0.74	0.7	0.68	0.7	0.62	0.74	0.59	0.7
SSsp3016	0.62	0.6	0.54	0.63	0.62	0.68	0.67	0.67
SsaD144	0.95	0.89	0.94	0.87	0.91	0.92	0.92	0.92
SsaD157	0.72	0.82	0.82	0.86	0.93	0.9	0.91	0.89
SsaF43	0.09	0.1	0.22	0.2	0.21	0.19	0.21	0.21
SSspG7	0.7	0.7	0.81	0.71	0.75	0.75	0.74	0.73
Meðaltal	0.68	0.68	0.70	0.68	0.69	0.71	0.68	0.7

*Veiði 1980 = 1978, 1980, 1982 og 1983



Mynd 1. Stöplarit sem sýnir séða arfblendni fyrir sýni úr Laxá í Aðaldal fyrir öll erfðamörk og meðaltal yfir öll erfðamörk.



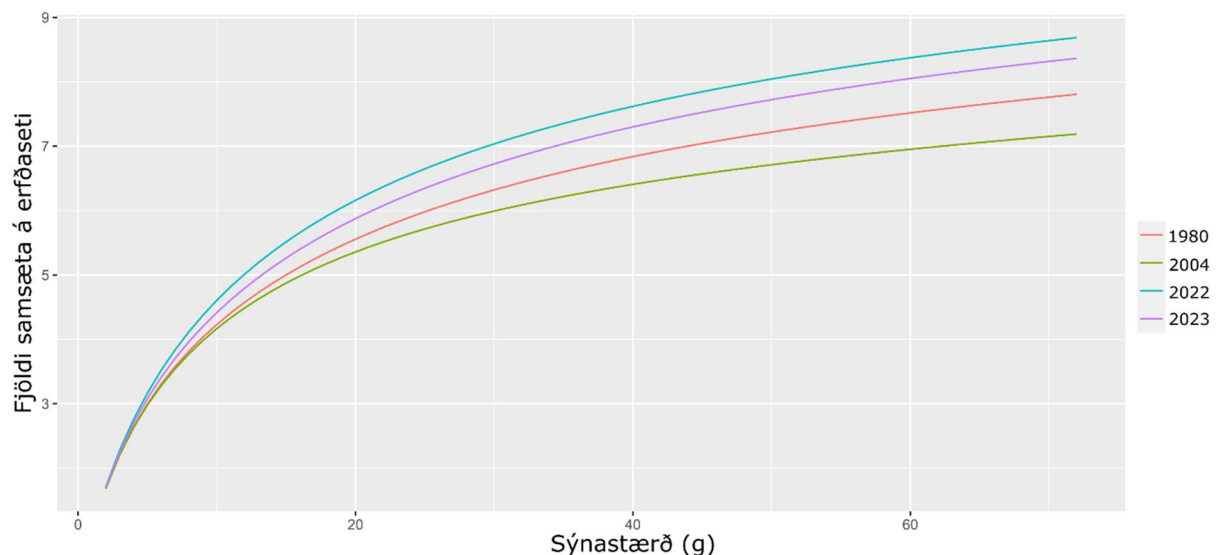
Mynd 2. Stöplarit sem sýnir áætlaða arfblendni fyrir sýni úr Laxá í Aðaldal fyrir öll erfðamörk og meðaltal yfir öll erfðamörk.

Tafla 2. Tafla sem sýnir fyrir hvert sýnaár úr Laxá í Aðaldal: fjölda einstaklinga, séða arfblandni (H_o), væntanlega arfblandni (H_e), meðalfjöldi samsæta á seti með staðalskekkju (A_r), meðalfjöldi einkasamsæta á seti með staðalskekkju (A_p), innæxlunarstuðullinn F_{IS} og marktækni F_{IS} (P).

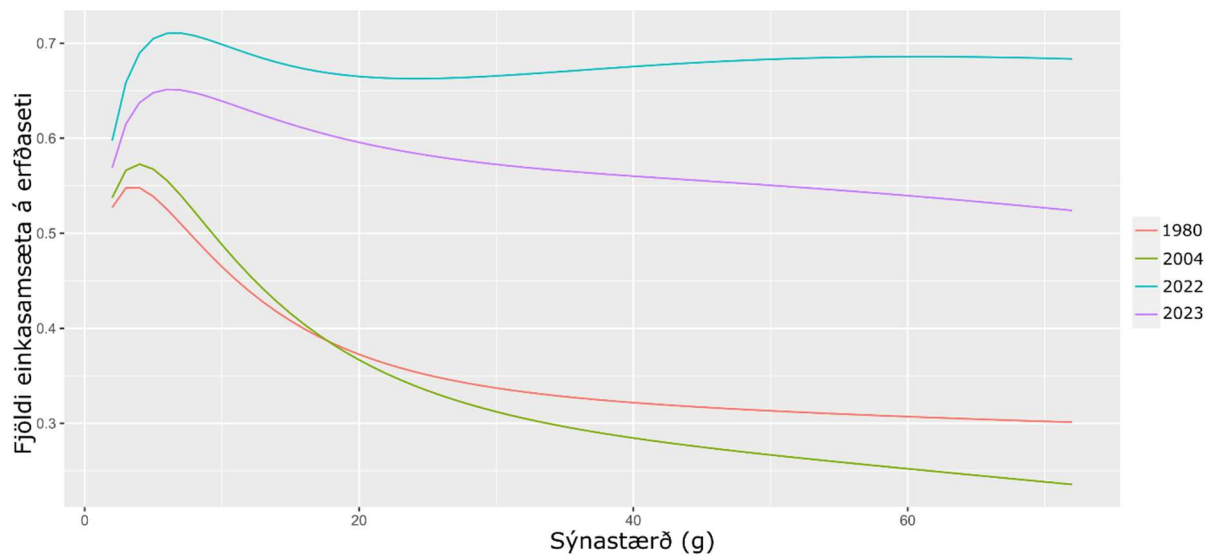
Sýni	Fjöldi einstaklinga	H_o	H_e	A_r	A_p	F_{IS}	P
Laxá 1980v	74	0,68	0,68	$7,8 \pm 1,2$	$0,30 \pm 0,09$	-0,0006	<0,05
Laxá 2004s	72	0,70	0,68	$7,2 \pm 1,0$	$0,24 \pm 0,07$	-0,0269	<0,05
Laxá 2022v	87	0,69	0,71	$8,7 \pm 1,4$	$0,68 \pm 0,19$	0,0255	<0,05
Laxá 2023v	89	0,68	0,69	$8,4 \pm 1,3$	$0,52 \pm 0,13$	0,0209	<0,05

* A_r og A_p eru reiknuð með þynningaraðferð og er sýnastærðin stöðluð fyrir útreikninga á 72 einstaklingum fyrir öll sýni. s=seiði, v=veiði, Laxá 1980 = 1978, 1980, 1982 og 1983.

Athugun á meðalfjöldi samsæta á erfðamarki í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal sýnir að meðalfjöldi samsæta á erfðamarki hefur aukist lítilega yfir tíma (Tafla 2., Mynd 3.). Meðal fjölda einkasamsæta hefur einnig aukist mikið yfir tíma (Tafla 2., Mynd 4.).



Mynd 3. Línurit sem sýnir fjölda samsæta á erfðaseti (locus) í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.

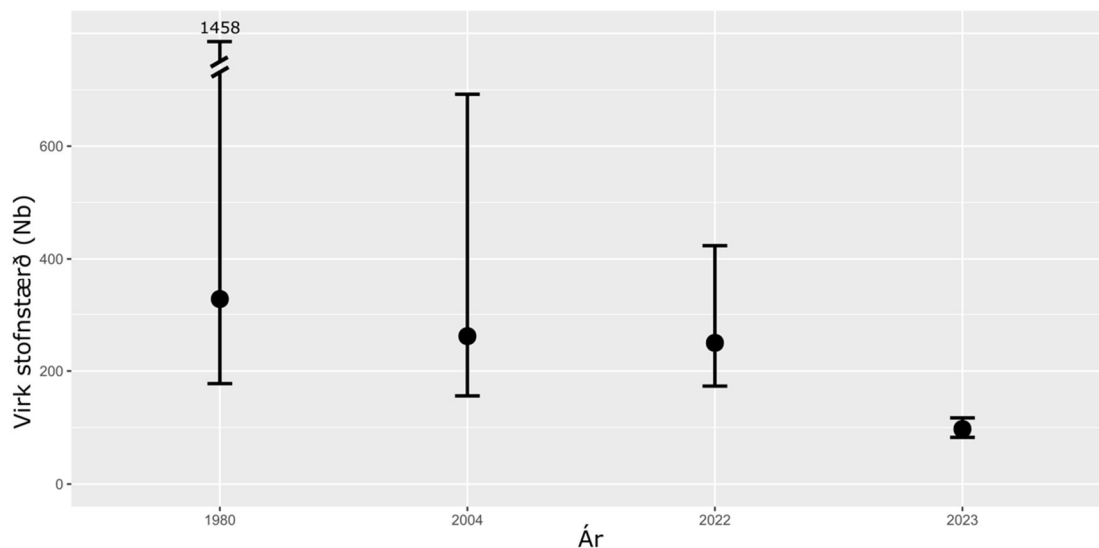


Mynd 4. Línurit sem sýnir fjölda einkasamsæta á erfðaseti (locus) í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.

Mat á fjölda einstaklinga sem æxlast á ári (Nb) sýnir að mikil fækkun er í fjölda laxa sem æxlast yfir tíma. Þannig er Nb hæst 327,3 einstaklingar í Laxá 1980 en fer minnkandi eftir það og er komið niður í 97,4 einstaklinga í Laxá 2023 (Tafla 3., Mynd 5.). Einnig er ljóst að 95% öryggismörkin hafa þrengst mjög yfir tíma.

Tafla 3. Tafla sem sýnir metinn fjölda laxa sem æxlast á ári (Nb) ásamt 95% öryggismörkum fyrir Nb í seiða- og veiðisýnum úr Laxá í Aðaldal.

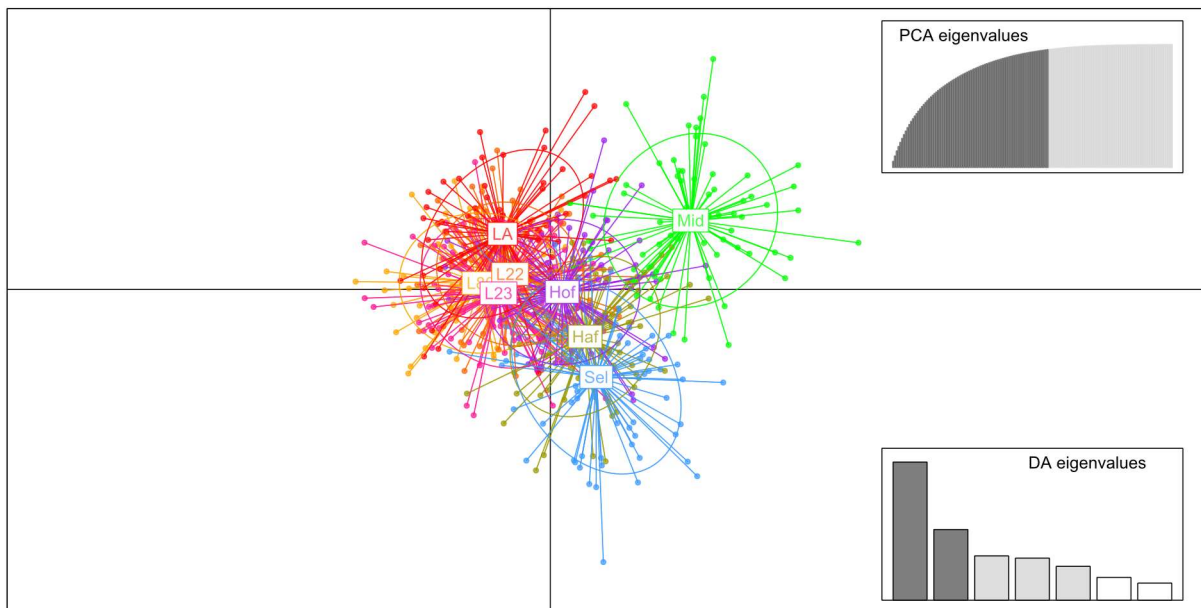
Sýni	Nb	95% CI	95% CI
Laxá 1980v	327,3	177,7	1458,9
Laxá 2004s	261,6	156,0	692,0
Laxá 2022v	249,7	173,3	423,6
Laxá 2023v	97,4	82,6	117,1



Mynd 5. Virki æxlunarstofnstærð (Nb) fyrir hvert ár með 95% öryggismörkum fyrir öll seiða- og veiðisýni úr Laxá í Aðaldal.

Rakning einstaklinga úr veiðisýnum frá 1980, 2022 og 2023 til stofna laxa úr 26 ám á Íslandi í ONCOR sýnir að nokkrar breytingar hafa orðið á stofngerð í Laxá í Aðaldal. Þannig lækkar hlutfall laxa sem eru raktir til Laxá yfir tíma en fjöldi laxa sem rekjast í aðrar ár hefur aukist. Fyrir sýnið frá 1980 eru 70,3% laxa raktir til Laxár, en 29,7% var rakið til annara áa, fyrir sýnið frá 2022 eru 32,8% rakin til Laxár en 63,2% til annara áa og fyrir sýnið frá 2023 eru 25,5% rakin til Laxár en 74,5% til annara áa.

Niðurstöður DAPC greiningar sýnir að nokkur skörun er á milli grunnlínu seiðasýna 2004 úr Laxá og Hofsá, en minni skörun við seiðasýnin úr Selá og Hafnalónsá (Mynd 6.). Það er athyglisvert að veiðisýnin (1980, 2022 og 2023) úr Laxá hafa meiri skörun við Hofsá en grunnlínusýnið frá 2004 (Mynd 6.).



Mynd 6. Aðskilnaðargreining fjölþáttgreiningar (DAPC) fyrir grunnlínugögn seiðasýna frá 2004 og veiðisýna í Laxá í Aðaldal. LA (*rauð*), Laxá í Aðaldal 2004; Mid (*græn*), Miðfjarðará; Sel (*blá*), Selá; Haf (*brún*), Haffjarðará; Hof (*fjólublá*), Hofsá; L80 (*appelsínugul*), Laxá 1980; L22 (*ljós appelsínugul*), Laxá 2022; L23 (*bleik*), Laxá 2023. Punktar sýna gildi fyrir einstaklinga, línur tengja einstaklinga til miðgildi hóps, hringir um hóp sýnir 95% tregðu mörk.

Umræður:

Það er ljóst að erfðabreytileiki hefur aukist í Laxá yfir tíma þegar litið er til meðal fjölda samsæta og meðal fjölda einkasamsæta á erfðaseti. Meðal séð arfblandni er mjög svipuð milli ára, en misjafnt er á milli erfðamarka hvort arfblandni hafi aukist eða minnkað milli ára. Útreikningar á virkri stofnstærð benda sterklega til að hún fari minnkandi yfir tíma.

Athuganir á erfðagögnunum sína að gögnin eru mjög góð. Ekki fundust nein vandamál við skorun á samsætum, þegar það var skoðað í MICRO-CHECKER. Engin merki voru um hvarf samsæta (null alleles), stam eða fall stærri samsæta. Skoðað var tengslaójafnvægi sem fannst ekki fyrir sýnin frá 1980 og 2022 og aðeins í 1 prófi (1,1% prófa) milli Ssa197 og SsaD144 í sýninu frá 2004. Fyrir sýnið frá 2023 fannst hins vegar marktækt tengslaójafnvægi í 12 prófum eða 18,7% prófa. Þetta verður að teljast hátt hlutfall erfðamarka í tengslaójafnvægi og er mun hærra en það sem fannst fyrir hin sýnin. Tengslaójafnvægi eykst í stofnum sem eru mjög litlir vegna þess að einstaklingar stofnsins eru skyldari hvor öðrum og því meiri líkur á að samsætur á ólíkum erfðamörkum séu tengd vegna skyldleikans. Tengslaójafnvægi getur

einnig komið fram ef blöndun milli ólíkra stofna á sér stað. Það getur verið erfitt að gera upp á milli þessara tveggja þátta og gætu verið báðir að verki hér.

Próf fyrir Hardy-Weinberg jafnvægi (HWE) sýndi marktækt frávik aðeins í einu tilfelli fyrir eitt erfðaset í sýni Laxá 1980 (1978, 1980, 1982 og 1983). Þegar prófað var yfir öll erfðaset í hverju sýni voru öll sýni í HWE. Þar sem þessi sýni koma öll frá einni á eða stofni má búast við þessum niðurstöðum. Helst má búast við marktækum frávikum frá HWE í safni af lífverum sem eru frá mörgum stofnum. En einnig getur komið marktækur munur frá HWE þegar stofnar eru mjög smáir og ef stofn hefur orðið fyrir mikilli innblöndun frá öðrum stofnum.

Séð arfblendni er almennt há fyrir flest erfðaset nema fyrir þau tvö sem eru með fáar samsætur eins og Ssa14 og SsaF43. Almennt er há arfblendni í villtum laxastofnum sem hafa verið greindir með SalSea arfgerðasettinu. Þó nokkrar breytingar eru í séðri arfblendni yfir tíma fyrir einstaka erfðaset þó svo að meðal arfblendni yfir öll erfðaset sé ákaflega svipuð yfir tíma. Þegar litið er á einstök erfðaset hefur séð arfblendni yfir tíma bæði aukist og minnkað. Þannig hefur séð arfblendni aukist nokkuð yfir tíma fyrir fjögur erfðaset, en minnkað yfir tíma fyrir 4 erfðaset. Önnur erfðaset eru ekki eins skýr hvað varðar breytingar yfir tíma.

Mat á æxlunarstofnstærð (Nb) á ári hefur fallið yfir tíma og virðist enn vera að falla. Nb fyrir sýnið árið 2023 er marktækt frábrugðið og minna en fyrir árin á undan (95% öryggismörk skarast ekki). Þetta eru neikvæðar niðurstöður hvað varðar framtíð stofnsins. Það er áhugavert að þessi marktæka lækkun í Nb kemur aðeins fram fyrir sýni síðasta árs. Því verður að íhuga hvað hefur breyst til dæmis á milli áranna 2022 og 2023 í Laxá. Þegar horft er á þessi tvö sýni þá sést að bæði eru í HWE fyrir öll erfðaset, hins vegar er munur þegar kemur að tengslaójafnvægi sem komið er upp í sýni 2023 fyrir mörg erfðaset. Athugun á skyldleika laxa fyrir þessi ár sýnir að það eru nokkrir alsystkinahópar í sýninu frá 2023 og einn hópur sem er með sjö alsystkinum. Í öllum hinum sýnunum var lítið um alsystkin og aldrei stærri hópar en tvö alsystkin fundin. Hvers vegna finnast svona mörg alsystkin í nýjasta sýninu er ekki ljóst. Þetta gæti stafað af ræktun í ánni, þar sem skyldir laxar hafa verið valdir til undaneldis. Þá er möguleiki að við ræktun hafi verið framleitt mjög mikið magn af systkinum sem hafa svo skilað sér til hrygningar. Einnig eru mögulegt að þegar fáir fiskar hrygna í ánni og lítill þéttleiki seiða er til staðar þá lifi systkini frekar af og komi til baka sem fullorðinn lax.

Mat á æxlunarstofnstærð fyrir sýnið frá 2023 gæti einnig verið lágt vegna þess að það var nokkuð tengslaójafnvægi í sýninu. Þetta tengslaójafnvægi gæti stafað af því að það sýnin úr veiði innhalda fiska úr öðrum stofnum. Það er áhugavert að þegar laxarnir fá ólíkum árum eru raktir til stofns þá er miklu meira af löxum fyrir árin 2022 og 2023 sem eru raktir til annara áa en Laxár í Aðaldal heldur en í sýninu frá 1980. Í sýninu frá 1980 eru 70,3% laxanna raktir til Laxá í Aðaldal, þetta hefur minnkað fyrir sýnið frá 2022 þar sem 36,8 % er rakið til Laxá og svo meiri fækkun fyrir sýnið árið 2023 þar sem aðeins 25,5% af löxunum eru raktir til Laxár. Ekki er hægt að reikna þetta fyrir sýnið frá 2004 nema notast við aðrar aðferðir þar sem þetta sýni er hluti af grunnlínu sýnunum frá Ólafsson (2014). Aukin tíðni einkasamsæta í veiðisýnum frá 2022 og 2023 er önnur vísbending um breytingar sem virðast vera að eiga sér stað í stofngerð Laxár (Mynd 4). Slík aukning yfir svo stuttan tíma getur ekki orðið vegna stökkbreytinga í erfðasetum heldur er um að ræða far eða innblöndun frá öðrum stofnum. Þar sem sýnin frá 2022 og 2023 eru úr veiði, er ekki hægt að greina á milli fars eða innblöndunar. Þekkt er að laxar á leið heim í sína á eiga það til að kíkja upp í aðrar ár á leiðinni í heimaánna. Þeir ganga síðan aftur til sjávar og halda för sinni áfram. Laxar geta þannig jafnvel kíkt upp í nokkrar ár á leið sinni. Á slíkri för geta þeir veiðst. Slíkir fiskar verða meira áberandi í veiði ef heimastofninn er lítill. Ekki eru til rannsóknir úr öðrum ám til að bera saman við niðurstöður þessarar rannsóknar. Með slíkum rannsóknum mundi niðurstöður um umfang slíks flakks í veiðiám fást.

Það er nauðsynlegt að gera sér grein fyrir því að í þessari rannsókn eru notuð tvenn ólík sýni, annars vegar sýni af seiðum úr ám sem mynda grunnlínu og hins vegar sýni úr veiði. Sýni frá 1980, 2022 og 2023 eru úr veiði en sýni frá 2004 komu úr seiðum sem safnað var í ánni. Þessi sýni eru ólík að því leiti að seiðin sem lifa í ánni eru notuð til að ákvarða stofngerð áa. Seiði í ánni eru afrakstur hrygningar síðustu ára þar á undan. Mæling á erfðaefni þeirra gefur því hugsanlega aðra mynd en greining á sýnum teknum af veiddum löxum. Veiðisýnin eru af væntanlegum foreldra seiða í næstu kynslóð en ekki er víst að allir laxar sem ganga í ána skilji eftir sig afkvæmi.

Einn lax sem veiddist í Laxá í Aðaldal 2023 reyndist vera af eldisstofni Stofnfisks (sýni I23-078, veiddur 16/7/23, lengd 80 cm). Þessum laxi var að öllum líkindum sleppt aftur í ána þar sem engar upplýsingar lágu fyrir um annað. Laxinn hefur eflaust sloppið sem seiði úr eldi og hefur þess vegna ekki verið með útlitseinkenni strokulax og því sleppt aftur. Það að eldislax með

engin einkenni eldisfisks hafi fundist í Laxá þýðir að áhættan á að slíkir laxar slæðist með í ræktun er mikil. Það þarf ekki að ræða hve neikvæð áhrif slíkt myndi hafa í för með sér fyrir laxastofninn í Laxá ef seiði væru ræktuð frá eldislaxi og sleppt í ána. Vegna þessa er nauðsynlegt að allur fiskur sem nota á til ræktunar verði arfgerðagreindur til þess að hægt sé að nema eldislax í ætluðum foreldrum fyrir ræktun.

Niðurlag:

Það er ljóst að breytingar eru að eiga sér stað í laxastofni Laxá í Aðaldal. Þessar breytingar eru minnkun í æxlunarstofnstærð yfir tíma, sérstaklega milli áranna 2022 og 2023, þrátt fyrir að erfðabreytileiki hafi aukist í Laxá mælt sem fjöldi samsæta á seti eða sem fjöldi einkasamsæta á seti. Þekkt er að ræktun getur fjölgað veiddum fiskum en á sama tíma aukið skyldleika í stofninum sem leiðir til lækkunar í æxlunarstofnstærð, svokallað Ryman-Laikre áhrif (Ryman and Laikre 1991, Ryman et al. 1995). Það er áhugavert í þessu sambandi að mun fleiri alsystkinahópar fundust í Laxá 2023 en áður sem bendir til áhrifa ræktunar. Vísbendingar eru um að veiðistofninn í Laxá sé að breytast því aukning hefur orðið á löxum í Laxá sem eru raktir til annara áa en Laxár í Aðaldal. Flestir þeir laxar sem greindir eru til annara áa koma úr nálægum ám sem hafa laxastofna sem eru mjög skyldir laxastofninum í Laxá. Hvort hér er um að ræða aukið far laxa úr nálægum ám í Laxá eða að fyrir slysni hafi verið ræktaðir fiskar frá þessum ám til sleppinga í Laxá er ekki vitað.

Það er ákaflega mikilvægt að áfram verði fylgst með erfðabreytileika laxastofns Laxá í Aðaldal. Einnig er mikilvægt að allur lax sem nota á í ræktun verði arfgerðagreindur til þess að öruggt sé að hann sé af stofni Laxá og að eldislax slæðist ekki inn í ræktun. Þrátt fyrir að veiði hafi aukist síðasta ár er ekki sama að segja um æxlunarstofnstærð, sem hefur minnkað. Þetta er þekkt þar sem mikil ræktun á sér stað í ám að veiði getur aukist en stofninn verði einsleitari og æxlunarstofnstærð minni. Þetta gefur tilefni til að það verði farið yfir ræktunaráætlanir fyrir Laxá með það að markmiði að auka æxlunarstofnstærð og viðhalda erfðamengi stofnsins.

Þakkarorð:

Ágústa Sigfúsdóttir frá Matís einangraði DNA úr sýnum. Steinunn Magnúsdóttir frá Matís sá um PCR, rafdrátt og myndaði arfgerðartöflur einstaklinga fyrir SalSea arfgerðarsettið.

Sæmundur Sveinsson frá Matís las yfir og færði til betri vegar. Árni P. Hilmarsson og leiðsögumenn í Laxá í Aðaldal söfnuðu sýnum árin 2022 og 2023. Guðni Guðbergsson frá Hafrannsóknastofnun afhenti gömul hreistursýni úr Laxá frá árunum 1978, 1980, 1982 og 1983 fyrir verkefnið.

Heimildir:

Allendorf FW, Ryman N, 1987. Genetic management of hatchery stocks. In: Ryman N, Utter F, editors. Population Genetics and Fishery Management. Seattle: University of Washington Press, 141–159.

Anderson, E. C., Waples, R., and Kalinowski, S. T. 2008. An improved method for predicting the accuracy of genetic stock identification. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science, 65:1475–1486.

Andersson A, Karlsson S, Ryman N, Laikre L. 2022. Monitoring genetic diversity with new indicators applied to an alpine freshwater top predator. Molecular Ecology 31:6422–6439 DOI 10.1111/mec.16710.

Consuegra, S and Nilsen, E.E. Poulution size reduction. 2007. In The Atlantic Salmon, Genetics, conservtion and management, Eds. Vespoor, e., Stradmeyer, L. And Nilsen, J.L. Blackell Publising, ISBN:978-1-4051-1582-7.

Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. 2014. NeEstimator v2: Re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. Molecular Ecology Resources, 14(1):209–214. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>

Ferchaud, A.-L., Perrier, C., April, J., Hernandez, C., Dionne, M., & Bernatchez, L. 2016. Making sense of the relationships between N_e , N_b and N_c towards defining conservation thresholds in Atlantic salmon (*Salmo salar*). Heredity, 117(4):268–278. <https://doi.org/10.1038/hdy.2016.62>

Frankham, R. 1995. Conservation genetics. Annu. Rev. Genetics. 29:305-327.

Franklin IR, Allendorf FW. 2014. The 50/500 rule is still valid - reply to Frankham et al. Letter to Editor. *Biological Conservation* 176:284-285

Franklin, I.R. (1980) *Evolutionary Change in Small Populations*. Sinauer Associates. Inc., Sunderland, MA, 135-150.

Guðni Guðbergsson, 2023. Laxá í Aðaldal 2021 og 2022 seiðabúskapur og veiði. HV 2023-26.

Hindar K, Ryman N, Utter F, 1991. Genetic effects of cultured fish on natural fish populations. *Can J Fish Aquat Sci* 48:945–957.

ICES. 2021a. Working Group on North Atlantic Salmon (WGNAS). *ICES Scientific Reports*, 3. 407 pp.

Jombart T. (2008) adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403-1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129

Kalinowski, S. T. 2004. Counting Alleles with Rarefaction: Private Alleles and Hierarchical Sampling Designs. *Conservation Genetics*, 5(4):539–543.

<https://doi.org/10.1023/B:COGE.0000041021.91777.1a>

Lande R. Genetics and demography in biological conservation. 1988. *Science* 241:1455-1460

Ólafsson, K., Pampoulie, C., Hjörleifsdóttir, S., Guðjónsson, S., and Hreggviðsson, G.O. 2014. Present-Day Genetic Structure of Atlantic Salmon (*Salmo salar*) in Icelandic Rivers and Ice-Cap Retreat Models. *PLoS ONE* 9(2): e86809. doi:10.1371/journal.pone.0086809

Olafsson, K., Hjorleifsdottir, S., Pampoulie, C., Hreggvidsson, G. O., & Gudjonsson, S. 2010. Novel set of multiplex assays (SalPrint15) for efficient analysis of 15 microsatellite loci of contemporary samples of the Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Molecular Ecology Resources*, 10(3):533–537. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02781.x>

Petit, R. J., El Mousadik, A., & Pons, O. 1998. Identifying Populations for Conservation on the Basis of Genetic Markers. *Conservation Biology*, 12(4):844–855.

<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.1998.96489.x>

Reed, D. H., & Frankham, R. 2003 . Correlation between Fitness and Genetic Diversity. *Conservation Biology*, 17(1):230–237. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.2003.01236.x>

Rousset, F. 2008. genepop'007: A complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8(1):103–106.

<https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x>

Ryman, N., & Laikre, L. 1991. Effects of Supportive Breeding on the Genetically Effective Population Size. *Conservation Biology*, 5:325–329. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.1991.tb00144.x>

Ryman, N., Utter, F., & Laikre, L. 1995. Protection of intraspecific diversity of exploited fishes. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 5:417–446. <https://doi.org/10.1007/BF01103814>

Szpiech, Z. A., Jakobsson, M., & Rosenberg, N. A. 2008. ADZE: A rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. *Bioinformatics*, 24(21):2498–2504. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn478>

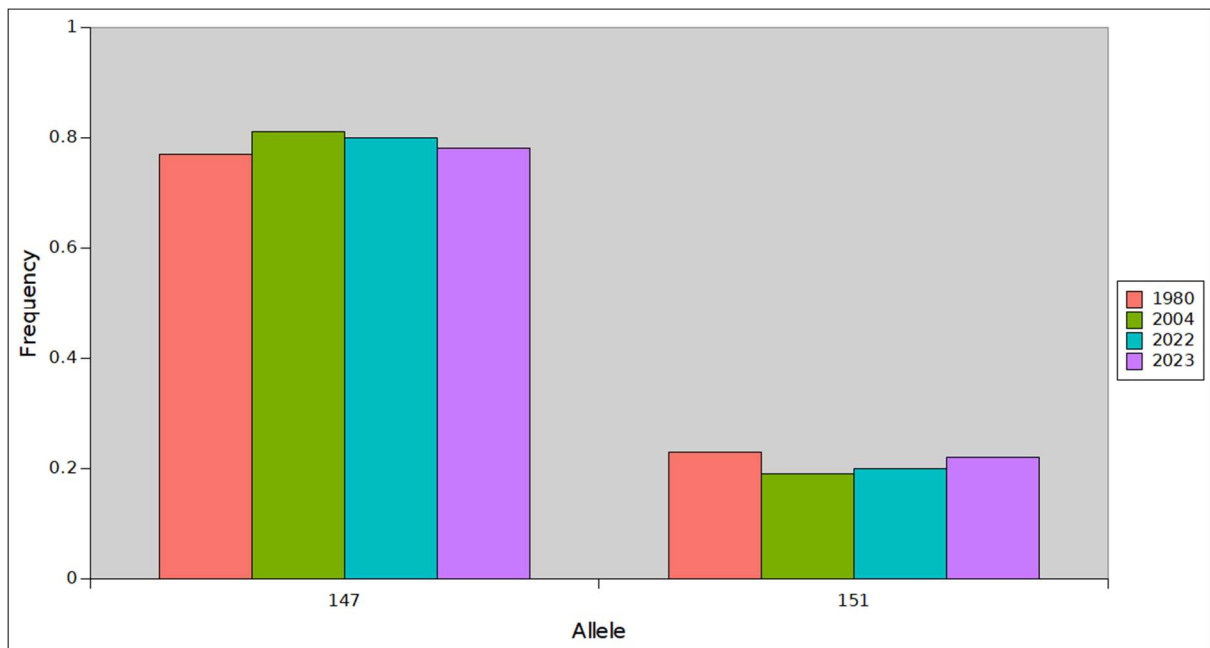
Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., & Shipley, P. 2004. micro-checker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4(3):535–538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>

Waples RS, 1991. Genetic interactions between wild and hatchery salmonids: lessons from the Pacific Northwest. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 48(Suppl 1):124–133.

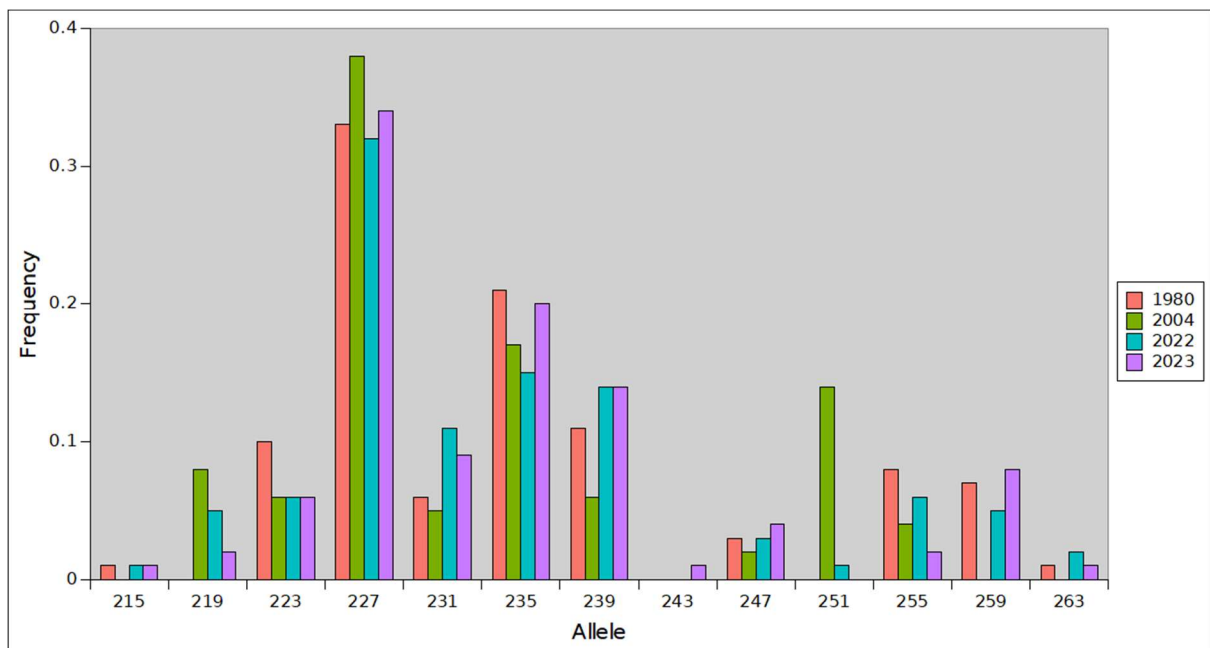
Waples, R. S., Hindar, K., Karlsson, S., & Hard, J. J. 2016. Evaluating the Ryman–Laikre effect for marine stock enhancement and aquaculture. *Current Zoology*, 62(6):617–627. <https://doi.org/10.1093/cz/zow060>

Weir, B. S., & Cockerham, C. C. 1984. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6):1358. <https://doi.org/10.2307/2408641>

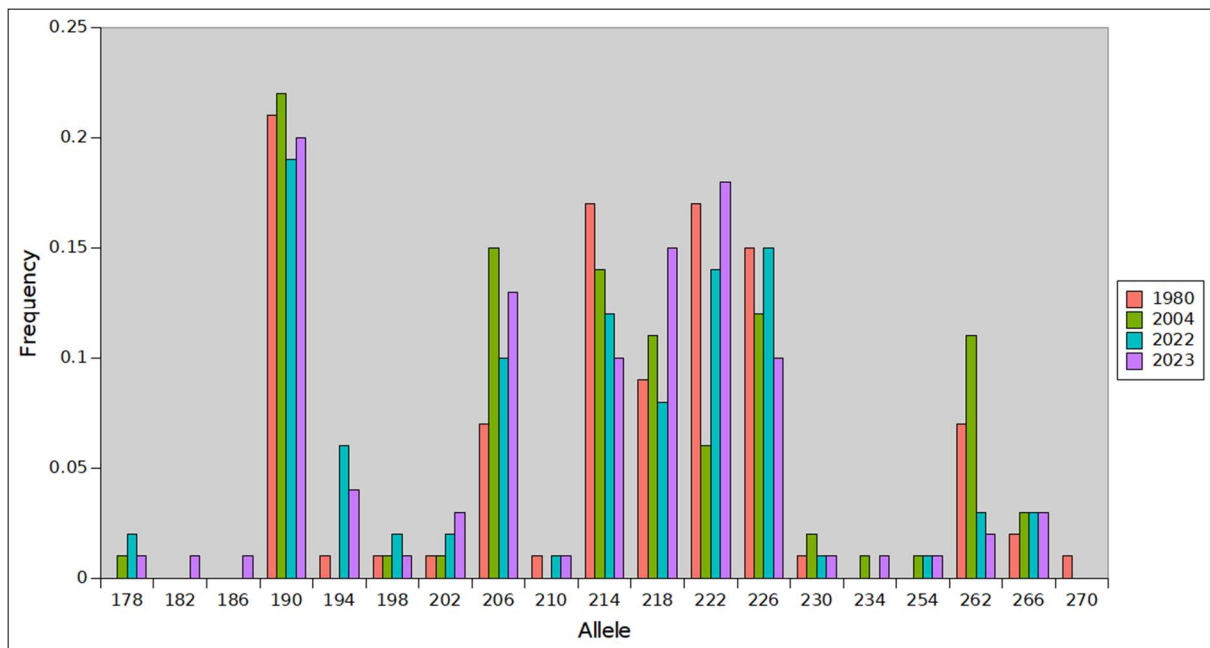
Viðaukar:



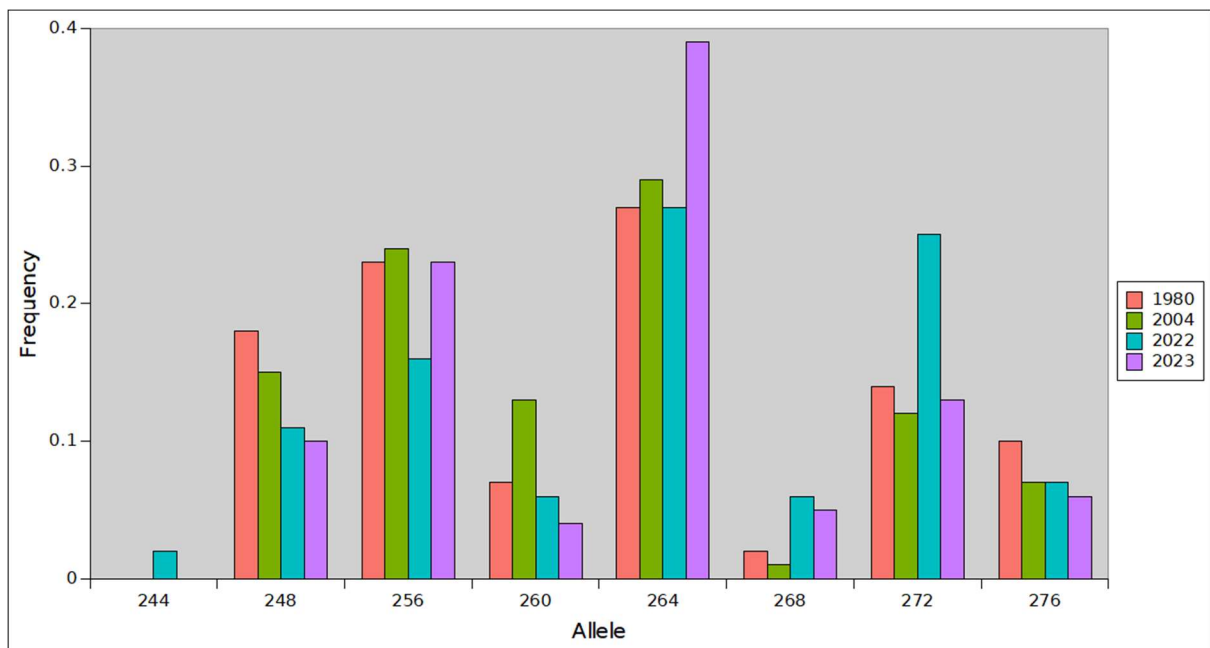
Mynd V1. Samsætu tíðni fyrir Ssa14 fyrir öll ár.



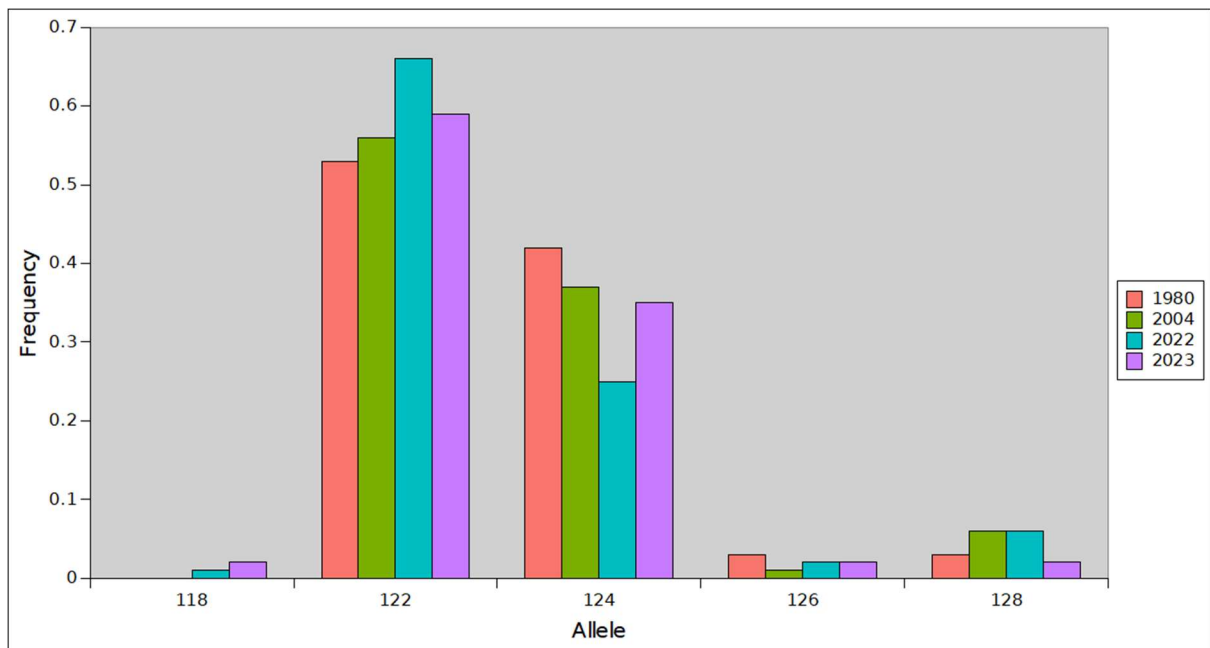
Mynd V2. Samsætu tíðni fyrir Ssa171 fyrir öll ár.



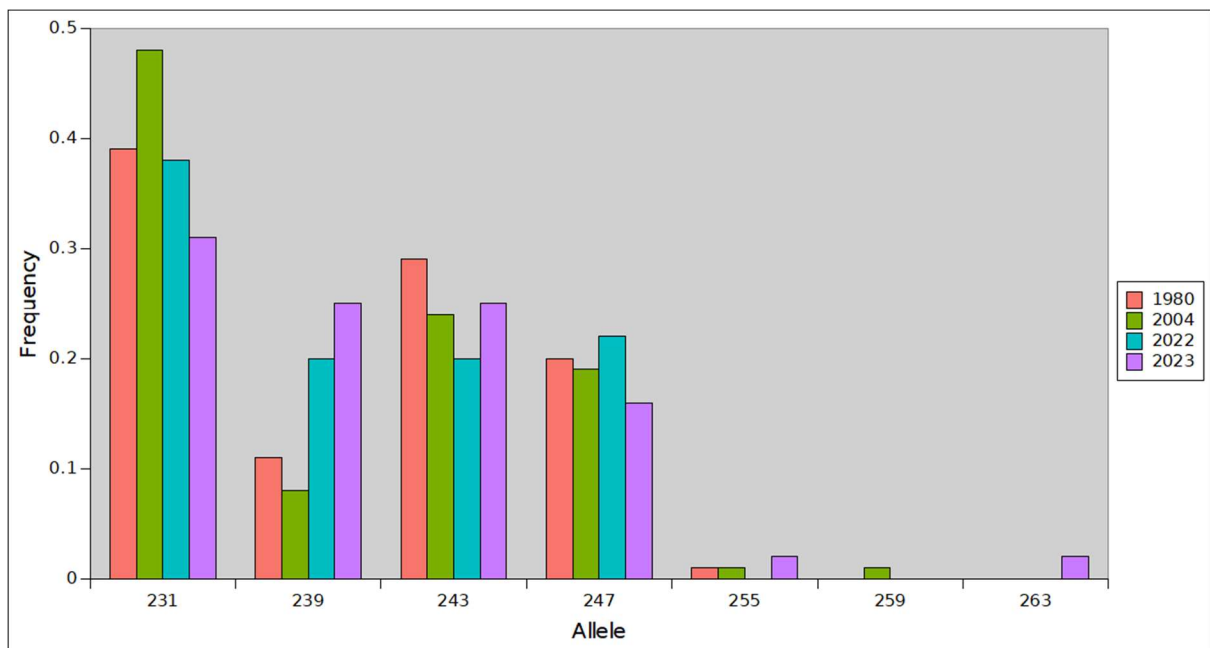
Mynd V3. Samsætu tíðni fyrir Ssa197 fyrir öll ár.



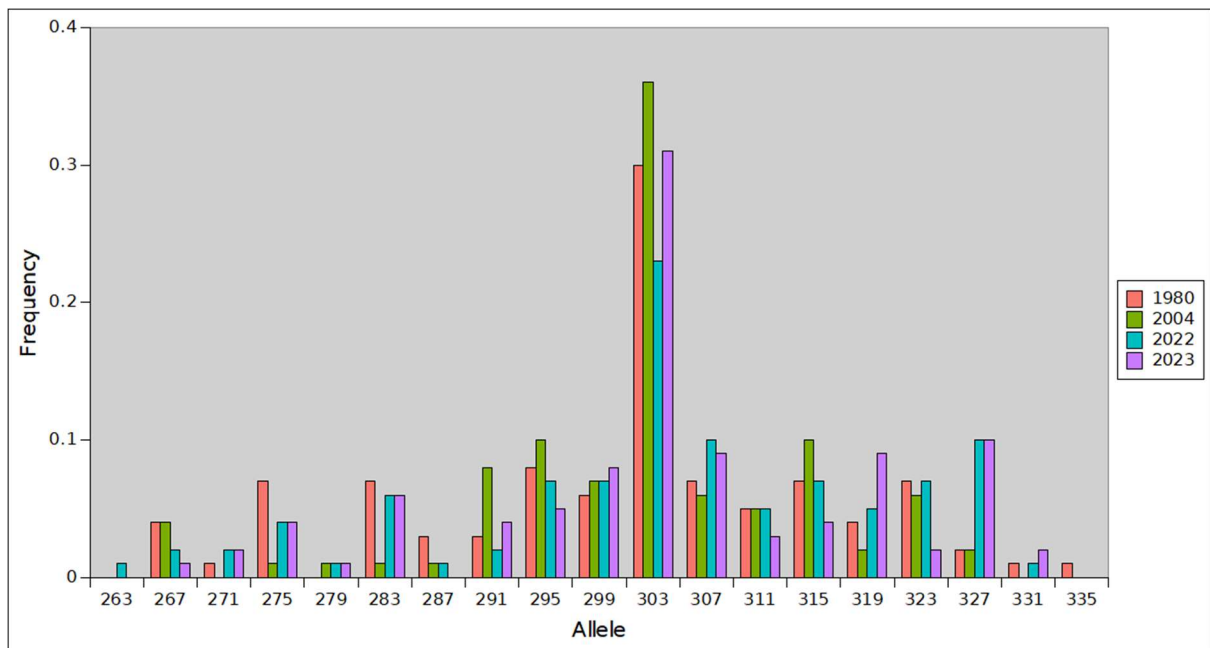
Mynd V4. Samsætu tíðni fyrir Ssa202 fyrir öll ár.



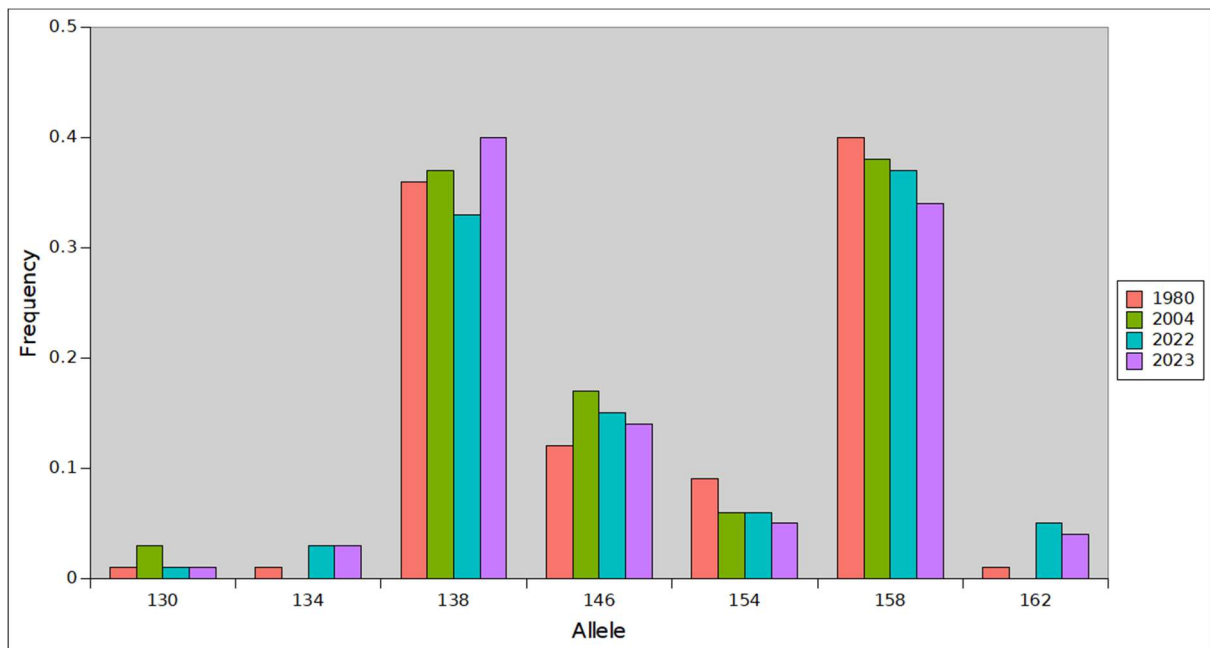
Mynd V5. Samsætu tíðni fyrir Ssa289 fyrir öll ár.



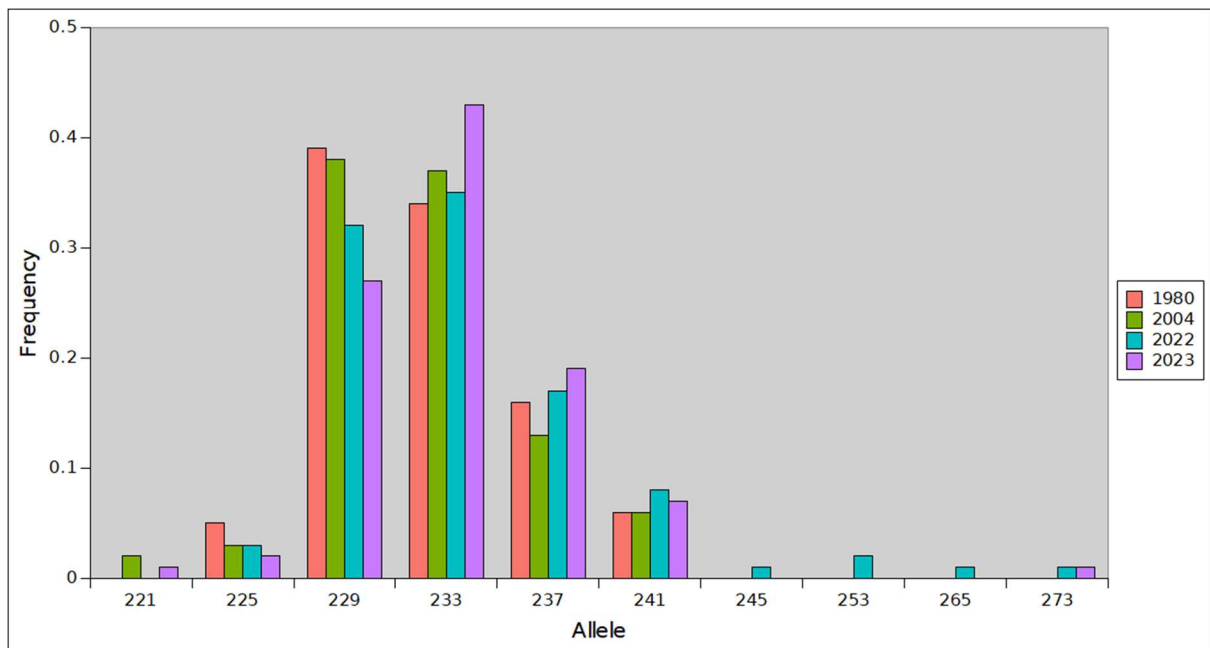
Mynd V6. Samsætu tíðni fyrir Sp1605 fyrir öll ár.



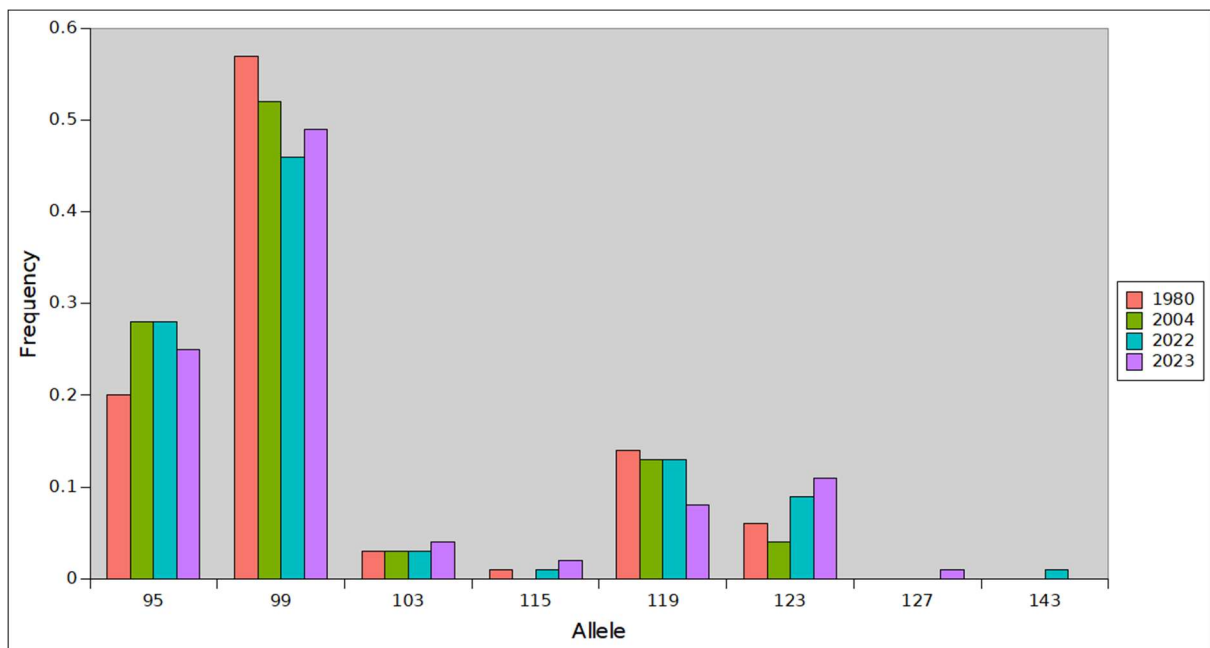
Mynd V7. Samsætu tíðni fyrir Sp2201 fyrir öll ár.



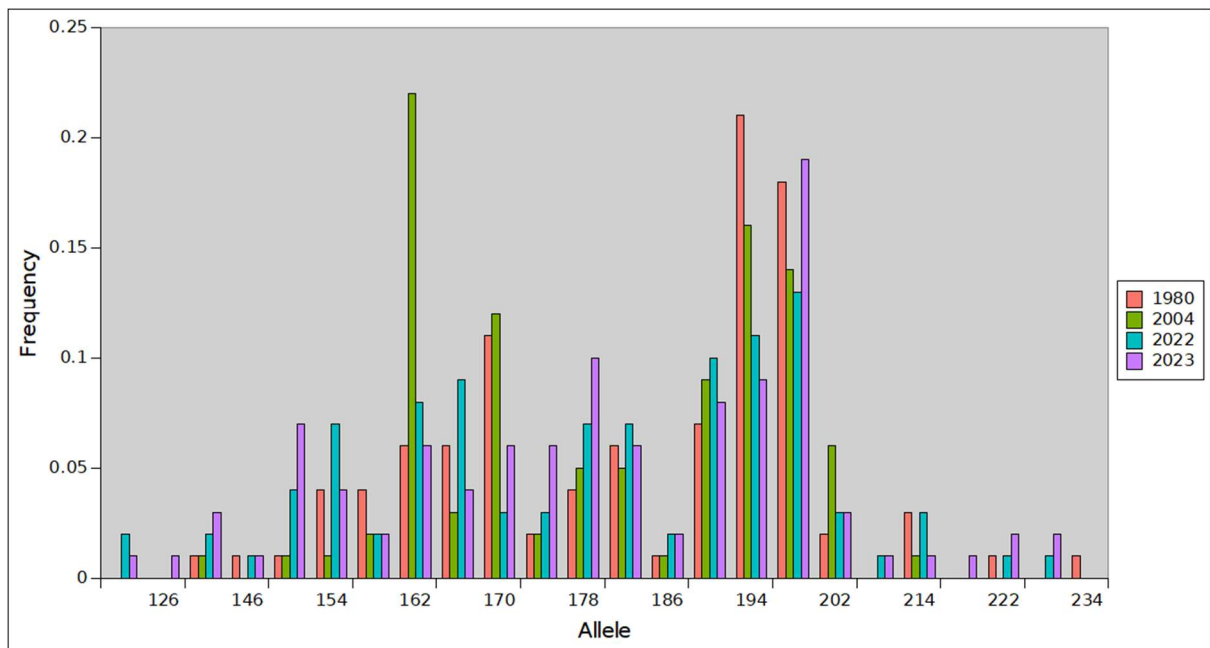
Mynd V8. Samsætu tíðni fyrir SSsp2210 fyrir öll ár.



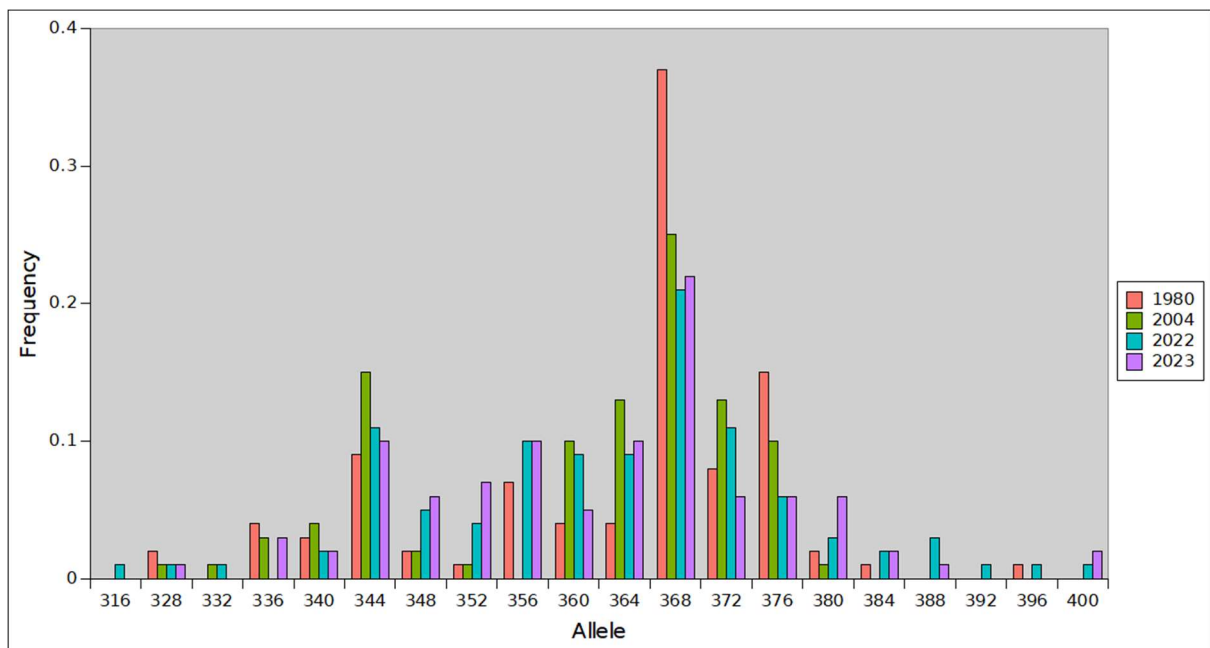
Mynd V9. Samsætu tíðni fyrir Sp2216 fyrir öll ár.



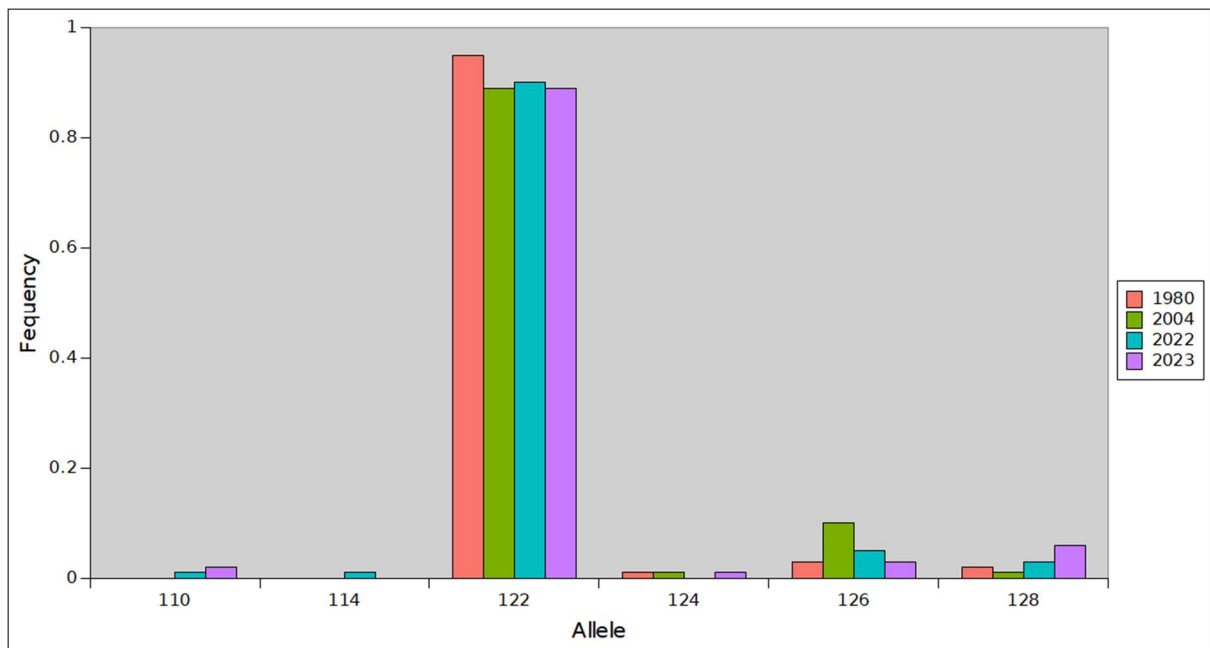
Mynd V10. Samsætu tíðni fyrir SSsp3016 fyrir öll ár.



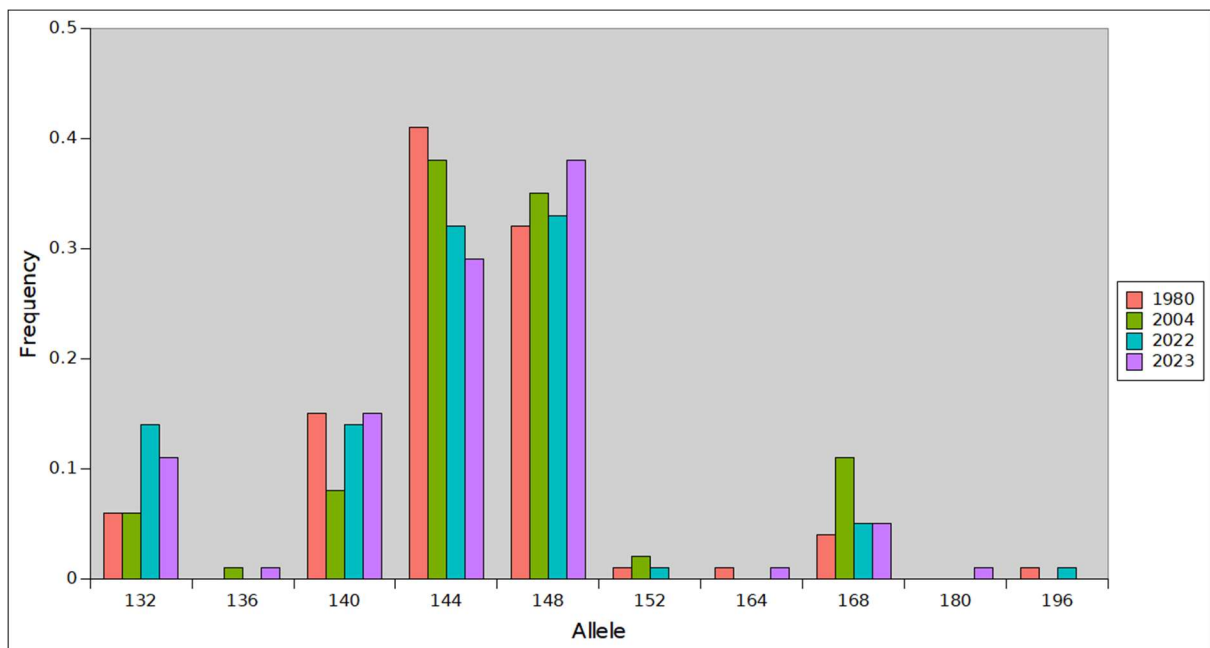
Mynd V11. Samsætu tíðni fyrir SsaD144 fyrir öll ár.



Mynd V12. Samsætu tíðni fyrir SsaD157 fyrir öll ár.



Mynd V13. Samsætu tíðni fyrir SsaF43 fyrir öll ár.



Mynd V14. Samsætu tíðni fyrir SSspG7 fyrir öll ár.