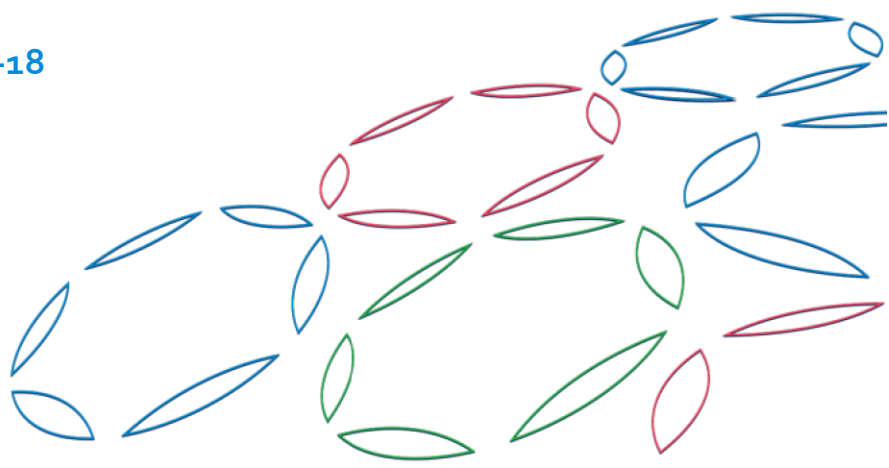




Rýnt í Kver Hafrannsóknastofnunar - Skyldleiki laxastofna í ám á Austfjörðum við aðra laxastofna á Íslandi (KV 2018-4)

Höfundur: Davíð Gíslason

Ráðgjafarskýrsla R04-18
September 2018



Í þessari skýrslu Hafrannsóknastofnunar var leitast við að meta skyldleika laxa í ám á Austfjörðum við stofna laxa í ám frá öðrum landsvæðum á Íslandi, sem og innbyrðis skyldleika laxa úr ám á Austfjörðum. Notast var við breytileika á tíðni erfðasetta (allele) í tafsröðum (microsatellites) til þess að meta skyldleika laxa í nokkrum ám á Austfjörðum við laxastofna af öðrum landsvæðum á Íslandi. Niðurstöður skýrslunnar voru að samkvæmt skyldleikatré flokkist stofnar á Austurlandi almennt saman og bendi til meiri skyldleika milli austfirskra stofna og stofna á Vestfjörðum, en milli austfirskra stofna og stofna af Norðurlandi og Norðausturlandi. Að auki var gerð fjölvíddargreining á erfðamun milli laxastofna sem sýndi í grófum dráttum samskonar niðurstöður.

Skýrslan byggir á bráðabirgðaniðurstöðum um stofngerð laxa á Austurlandi og skyldleika þeirra við aðra laxastofna á Íslandi. Í skýrslunni er sérstaklega tekið fram að frekari sýnataka úr ám á Austfjörðum sé nauðsynleg svo unnt sé að lýsa betur stofngerð innan svæðisins. Þetta ber því að hafa í huga þegar niðurstöður eru skoðaðar og túlkaðar, þ.e. að niðurstöðurnar eru byggðar á fáum laxasýnum fyrir ár á Austurlandi og bráðabirgða greiningu á þeim. Marktækni þeirra niðurstaðna bíður því frekari greininga.

Í annarri af tveim greiningum á erfðagögnunum í skýrslunni var notast við skyldleikatré sem byggir á Nei's D_A erfðafjarlægðum til að meta skyldleika laxa úr ám á Austurlandi innbyrðis og við aðra stofna laxa á Íslandi (2. Mynd). Greiningin sýnir vísbendingar um að laxar á Austurlandi séu almennt skyldari innbyrðis en þeir eru við aðra stofna á landinu eins og sagt er í skýrslunni, en greiningin er ekki óyggjandi og byggir á bráðabirgðarniðustöðum. Hér var notast við staðlaða aðferð og eru þær erfðafjarlægðir sem notaðar voru til þess að byggja tréð, þær sem eru oftast notaðar við greiningu á tafsraða erfðagögnum. Það er ljóst af skyldleikatrénu að margar af grunngreinum skyldleikatrésins voru ekki studdar. Á trénu voru þær greinar skyldleikatrésins sem studdar voru í yfir 50% endurtekninga, heldur fáar. Við bygginu á skyldleikatré var notast við 10.000 endurúrtök til þess að meta áræðanleika trésins. Þetta þýðir í raun að byggð eru 10.000 tré sem eru síðan sameinuð í eitt tré. Þegar sama greinin á trénu er studd í 50% eða fleiri tilfella þýðir það að kvíslun greinar er nokkuð ábyggileg og er ekki byggð á tilviljunum. Þegar skyldleikatréð er skoðað má sjá að engar greinar skyldleikatrésins fyrir Austurland eru studdar með yfir 50%, nema á milli Laxá í Nesjum og Stöðvará. Þá bendir skyldleikatréð til þess að laxar í ám á Austfjörðum myndi ekki einstakan

hóp, heldur geti verið skyldur laxi í ám á Norðausturlandi, Norðurlandi og Vestfjörðum. Þetta er nokkuð frábrugðið því hvernig ár á Suðvestur- og Vesturlandi, Suðurlandi og Vestfjörðum flokkast saman á skyldleikatrénu. Hér skal þó ítrekað að um bráðabirgðaniðurstöður er að ræða og með fleiri sýnum og greiningum fæst áreiðanlegri niðurstaða.

Í seinni greiningunni í skýrslunni var notast við fjölvíddargreiningu sem er birt myndrænt (3. Mynd). Eins og með skyldleikatréð er hér um að ræða myndræna greiningu á gögnunum þar sem laxa ár sem hafa að geyma skylda stofna laxa, eða laxa með svipaða arfgerð, hnappast saman á grafinu og eru aðskyldar frá öðrum laxám sem eru óskyldar eða hafa ólíka arfgerð. Fjölvíddargreining byggir á því að hámarka þann breytileika sem finnst í gögnunum þannig að mestu af breytileikanum er varpað á fyrstu vídd, þá á aðra vídd, o.s.frv. Fyrstu tvær víddirnar eru síðan plottaðar til þess að greina aðskilnað milli hópa eða í þessu tilfelli lax í einstökum ám. Ekki var getið hversu mikið af breytileikanum kemur fram á hvorri vídd, en fjölvíddargreiningin sýndi í grófum dráttum samskonar niðurstöðu og skyldleikatréð. Það virtist vera meiri skörun á milli stofna frá ólíkum landssvæðum fjölvíddargreiningunni en á skyldleikatrénu, ef undanteknir eru laxar frá Suðurlandi. Það væri áhugavert að taka út Suður- og Vesturland og gera fjölvíddargreininguna án þeirra, þar sem þau eru töluvert ólík öðrum hópum. Við það kæmi meiri breidd á vídd 1 fyrir hina stofnana og áhugavert að sjá hvernig vídd 2 kæmi út.

Ekki voru fleiri greiningar á gögnunum kynntar í skýrslunni en þess er getið að sýnin hafi einnig verið greind með forritinu STRUCTURE og að það hafi gefið sambærilegar niðurstöður við skyldleikatréð og fjölvíddargreininguna. Í skýrslunni, er bent á þörf fyrir frekari sýnatöku úr ám á Austfjörðum svo unnt sé að lýsa betur stofngerð innan svæðisins. Þekking á stofngerð laxa úr ám á Austfjörðum bíður því upplýsinga sem fást þegar frekari sýna hefur verið aflað og greiningu þeirra er lokið.

Höfundar skýrslunnar um skyldleika laxa í ám á Austurlandi benda á lágar sýnastærðir fyrir þær ár sem lagt er upp með að rannsaka, nema fyrir Breiðdalsá. Sýnastærð (N) fyrir Laxá í Nesjum (N=18), Selá í Álftafirði (N=27), Berufjarðará (N=6) og Stöðvará í Stöðvarfirði (N=21), þ.e. allar árnar á Austfjörðum nema ein. Höfundar skýrslunnar benda á að vegna lágra sýnastærða hafi ekki verið gerð tilraun til þess að skýra sérstaklega stofngerð eða tengsl lax í ám á Austfjörðum. Í túlkun niðurstaðna skýrslunnar þarf að taka tillit til að um bráðabirgðaniðurstöður er að ræða, en túlkunin virðist stundum sett fram af meiri vissu en

gögnin bera. Sem dæmi má vísa í setningu á bls. 5 í umræðum, en þar segja höfundar: „Fyrirfram má búast við að genaflæði sé ríkjandi frá Breiðdalsá í aðra stofna og þannig gæti laxastofn Breiðdalsár haft mótandi áhrif á aðra stofna“ og í framhaldi síðar í skýrslunni „Einkennandi fyrir svæðið er að á því er aðeins einn stór laxastofn á íslenskum mælikvarða, þ.e. Breiðdalsá. Laxastofn Breiðdalsár gæti því verið mikilvægur með hliðsjón af varðveislu líffræðilegs fjölbreytileika“. Telja má að þessar fullyrðingar séu ekki studdar af nægum gögnum og greiningum.

Við frekari úrvinnslu gagnanna verða að öllum líkindum til frekari upplýsingar um gögnin, til dæmis tafla sem greinir frá fjölda erfðasamsæta fyrir hverja á og erfðamark, erfðasamsætu fjölbreytileika (allelic richness), erfðafjölbreytileika (H_E , gene diversity), innæxlunarstuðul (F_{IS} , inbreeding coefficient), líkur á Hardy Weinberg jafnvægi (probability of Hardy-Weinberg equilibrium) og hvort einhverjar laxa ár hafi einstakar erfðasamsætur (private allele). Sérstaklega mikilvægt er að skoða hvort hópur fiska úr á séu í Hardy-Weinberg jafnvægi, þar sem slíkt er sterk vísbending um að hér sé um að ræða hóp sem æxlast saman og æxlast ekki við aðra hópa. Hinir útreikningarnir í slíkri töflu gefa upplýsingar um erfðafjölbreytileika innan hugsanlegra stofna og hvort stofninn hafi eðlilegan erfðafjölbreytileika miðað við stofnstærð, svo dæmi séu tekin. Þessa upplýsingar eru nauðsynlegar til þess að ákvarða sérstöðu og mikilvægi stofna og varðveislu þeirra.

Í skýrslunni er talað um laxastofn þegar talað er um laxa í austfirsku ánum, þó ekki hafi verið sýnt fram á að um sjálfbæra náttúrulega stofna sé að ræða. Á íslensku er orðið veiðistofn stundum notað yfir hóp fiska af sömu tegund sem lifa á ákveðnu svæði (e. fish stock) en einnig er það notað yfir hóp fiska af sömu tegund sem hrygna á sama svæði og mynda eina æxlunarlega heild og æxlast ekki við aðra hópa sömu tegundar (hrygningastofn, e. population).

Enn fremur varðandi frekari gagnavinnslu, þá þarf að taka tillit til systkinahópa við gagnavinnslu. Í rannsóknum þar sem beitt er rafveiði í ám til söfnunar seiða til rannsókna er mjög algengt að mörg systkini endi saman í sýni. Þetta kemur til vegna þess að systkini nýta gjarnan sama uppeldissvæðið, þar sem hrygnan grefur frjóvguð hrognin í mól í árfarvegi. Mikilvægt er að taka tillit til þessa og eyða systkynahópum (skilja eftir einn eða tvo

einstaklinga) þar sem fjöldi systkina í sýni getur gefið ranga mynd af erfðasamsetningu og þannig brenglað niðurstöður.

Einnig þarf að meta hvort þær erfðafjarlægðir sem notaðar eru til byggingar á skyldleikatré (erfðafjarlægðin D_A) og við fjölvíddargreininguna (Jost's D) séu tölfræðilega marktækt ólíkar á milli ára. Oft er upplýsandi að nota og birta erfðafjarlægðina F_{ST} (eða G_{ST} sem er oftast notuð fyrir tafsaðir) milli ára og tölfræðilega marktækni þessara erfðafjarlægða milli ára. Gott er að reikna bæði Jost's D , sem mælir erfðamun milli hópa og G_{ST} , sem mælir dreifni í tíðni erfðasamsæta, þar sem þessar reikniaðferðir gefa ólíkar upplýsingar um þá þætti sem hafa áhrif á stofngerð.

Gríðarlegar seiðasleppingar hafa átt sér stað í Breiðdalsá allt frá árinu 1967 og af miklum krafti síðan 1997. Í skýrslunni er ekki lagt mat á eða rætt um hugsanleg áhrif þessara sleppinga á erfðasamsetningu laxa í Breiðdalsá. Þetta er mikilvægt, sérstaklega í ljósi þess að í skýrslunni er rætt um að lax í þessari á geti verið sérstakur stofn og hugsanlega mikilvægur fyrir líffræðilegan fjölbreytileika. Þegar seiðasleppingar hafa átt sér stað, er mikilvægt að vita um uppruna og fjölda laxa sem notaðir voru til undaneldisins til að meta hugsanlega erfðablöndun við villtan fisk. Ekki er ólíklegt að einhverjir af þessum fiskum hafi gengið í nálægar ár og skýri þar með tengsl laxa í Breiðdalsá við laxa í nálægum ám. Þá mætti einnig í þessu samhengi leggja mat á og ræða hversu mikil áhrif þessar seiðasleppingar hafa haft á líffræðilegan fjölbreytileika urriða og bleikju í sömu ám.

Reykjavík 19. september 2018



Davíð Gíslason Ph.D.
Sérfræðingur Matís