



Saltfisksvind Eftirlit og upprunagreinig fyrir Íslenskar Saltfiskafurðir

Davíð Gíslason

Skýrsla Matís nr. 07-25

Mai 2025
ISSN 1670-7192
DOI nr. 10.5281/zenodo.15411562



Report Summary

Icelandic Food and Biotech R&D

ISSN 1670-7192

Titill / Title	Saltfisksvindl – Eftirlit og upprunagreining fyrir Íslenskar Saltfiskafurðir		
Höfundar / Authors	Davíð Gíslason		
Skýrsla / Report no.	07-25	Útgáfudagur / Date:	14. maí 2025
Verknr. / Project no.	62758		
Styrktaraðilar /Funding:	Matvælasjóður		
Ágrip á íslensku:	Saltfiskframleiðendum hér á landi hefur lengi grunað að saltaðar þorskafurðir séu oft ranglega merktar sem íslenskar á mörkuðum í Suður-Evrópu. Til þessa að rannsaka uppruna saltfisks sem merktur er sem íslenskur á mörkuðum var safnað saltfisk á fiskmörkuðum, stórverslunum og sælkeraverskunum í þremur borgum á Spáni og tveimur í Portúgal. Sýnin voru arfgerðargreind og borin saman við ætlaða stofngerð þorsk við Ísland og Barentshaf. Niðurstöður benda til að um 15% af sýnum á markaði eru ekki úr íslenskum þorski heldur úr þorski frá Barentshafi.		
Lykilorð á íslensku:	Saltfiskur, Svindl, Upprunagreining, Eftirlit, Spánn, Portúgal		
Summary in English:	Salted cod producers in Iceland have long had suspicion that salted cod is wrongly labelled as Icelandic in markets in south Europa. To investigate the origin of salted cod labelled as Icelandic in markets salted cod was sampled in fish markets, superstores and gourmet stores in three cities in Spain and two in Portugal. The samples were genotyped and traced to genotyped samples of spawning stock of cod from Iceland and Barent Sea. Results indicate that around 15% of samples from markeds are not from Icelandic cod but from Barent Sea cod.		
English keywords:	Salted cod, Foodfraud, Source analysis, Monitoring, Spain, Porugal		

Efnisyfirlit

Myndir	1
Töflur	1
Inngangur	3
Aðferðir:	4
Sýni og sýnataka	4
Þróun aðferða og erfðagreining.	6
Tölfræðileg greining.	7
Niðurstöður.	9
Umræður	16
Þakkir	19
Heimildir	20

Myndir

Mynd 1. Kökurit sem sýnir fjölda safnaðra sýna (í sviga) og hlutfall sýna af ólíkum mörkuðum fyrir öll sýnin, hvert land og borgir.	5
Mynd 2. Kökurit sem sýnir fjölda arfgerðargreindra sýna (í sviga) og hlutfall sýna af ólíkum mörkuðum fyrir öll sýni, hvert land og borgir.	7
Mynd 3. Stöplarit sem sýnir líkurnar á að markaðsýni sé frá Barentshafi eða Íslandi fyrir STRUCTURE reikninga. X-ás sýnir einstaklinga, gular lóðréttar línur skilja á milli markaðsýna, Íslands og Barentshafs. Y-ás sýnir líkurnar á að einstaklingur sé frá Íslandi (appelsínugulur) og frá Barentshafi (blár). Gular lóðréttar línur aðskilja sýnin.	11
Mynd 4. Stöplarit sem sýnir líkurnar á að markaðsýni tilheyri Barentshafi eða Íslandi byggt á rakningu í ONCOR. X-ás sýnir einstaklinga frá markaði. Y-ás sýnir líkurnar á að hver einstaklingur sé frá Barentshafi (blár) og frá Íslandi (appelsínugulur).	12

Töflur

Tafla 1. Öll erfðamörk sem notuð voru á viðmiðunarsýni. Endurtekningar eru fjöldi basa í tafsroðum, Fjöldi samsæta AR er heildar fjöldi samsæta fyrir hvert erfðamark, séð arfblandni (H_0), Væntanleg arfblandi (H_E) og F_{ST} erfðafjarlægðir milli viðmiðunar sýna frá Íslandi og Barentshafi. Græn merking sýnir þau átta erfðamörk sem sýna jákvæð F_{ST} erfðafjarlægðir milli viðmiðunarsýna. Blátt sýnir þau

fjögur erfðamörk sem hafa nægjanlega F_{ST} erfðafjarlægðir til þess að hægt sé að nota þau til aðgreiningar markaðssýna til viðmiðunar stofna.	10
Tafla 2. Erfðafjarlægðir F_{ST} milli viðmiðunar stofna þorsks og milli viðmiðunarstofna og allra markaðssýna. Á ská fyrir neðan F_{ST} erfðafjarlægðir, á ská fyrir ofan marktækni gildi P . Feitletruð gildi eru marktækt frábrugðin milli sýna.	11
Tafla 3. Tafla sem sýnir fjölda og prósent einstaklinga frá markaði sem eru frá Barentshafi eða Íslandi eftir rakningu í ONCOR.	12
Tafla 4. Markaðssýni sem voru rakin til Barentshafs með forritunum ONCOR og GeneClass2 (GC2). Númer neðst í töflu er fjöldi sýna.	14
Tafla 5. Tafla sem sýnir fjölda arfgerðargreindar markaðssýna, fjölda markaðssýnasýna frá Barentshafi og hlutfall markaðssýna frá Barentshafi fyrir öll markaðssýni, hvert land, borg og markað.	15

Inngangur

Saltfiskframleiðendur hér á landi hafa lengi grunað að saltaðar þorskafurðir frá Noregi geti verið ranglega merktar sem íslenskar á mörkuðum í Suður-Evrópu. Markaðsstaða íslenskra saltfiskafurða hefur um langa tíð verið mjög sterk í Suður-Evrópu, sérstaklega á Spáni og Portúgal. Á þessum mörkuðum hafa íslenskar afurðir ákveðna sérstöðu og er verð fyrir Íslenskan saltfisk almennt hærra en fyrir saltfisk frá öðrum svæðum. Ef grunur íslenskra saltfisksframleiðenda er á rökum reistur og satt reynist að norskur saltfiskur sé seldur sem íslenskur á þessum mörkuðum, skekkir það samkeppnishæfni íslensks saltfisks. Ef satt reynist að norskur saltfiskafurðir séu merktar sem íslenskar á mörkuðum í Suður-Evrópu grefur það undan því góða orðspori sem íslenskur saltaður þorskur hefur byggt upp á undanförnum áratugum. Einnig sem það mun rýra útflutningsverðmæti íslensks saltfisks. Nauðsynlegt er að verja íslenskar afurðir á erlendum mörkuðum og koma í veg fyrir að erlendar afurðir séu merktar og seldar sem íslenskar. Ljóst er að matvælasvindl (e. food fraud) er vaxandi vandamál á erlendum fiskmörkuðum. Þannig eru ódýrar afurðir, jafnvel af lágum gæðum, smyglað inn á markað og auglýstar og seldar sem verðmeiri afurð. Þetta grefur undan markaðsetningu á hágæða saltfiski frá Íslandi á þessum mikilvægu mörkuðum. Því er mikil þörf fyrir vísindalegri aðferð sem getur sannreynt hvort saltfiskur sem er merktur sem íslenskur á mörkuðum sé íslenskur eða frá öðrum svæðum. Þannig gæti aðferðin einnig verið notuð til þess að votta saltfisk frá Íslandi í söluferli afurða til markaðar.

Vegna þessara grunsemda um að saltfiskur gæti verið ranglega merktur sem Íslenskur á mörkuðum á Spáni og Portúgal var ákveðið að ráðast í rannsóknarverkefni til að kanna uppruna saltfisks sem merktur er Íslenskur á þessum mörkuðum. Til þess að geta kannað uppruna saltfiskafurða var þróuð erfðafræðileg aðferð til þess að greina megi á milli þorsks frá Íslandsmiðum og þorsks sem er veiddur er við Noregsstrendur.

Í maí 2023 var nokkrum sýnum safnað af markaði í Portúgal. Í mars 2024 fóru 4 starfsmenn Matís til Portúgals og Spánar til þess að safna saltfiskafurðum sem merktar eru á pakkningunum sem íslenskar. Þar sem seldur var saltfiskur á markaði án pakkninga var talið nóg ef fisksali sagði að fiskurinn væru frá Íslandi. Ekki var safnað saltfiski þar sem aðeins kom fram að saltfiskurinn kæmi úr Norður Atlandshafi. Á Spáni var farið í borgirnar Barcelona og Bilbao en í Portúgal var farið til Porto og Lisbon en einnig voru tekin nokkur sýni frá Aveiro (sýnin frá 2023). Farið var í þrjár tegundir af mörkuðum/verslunum: 1. Fiskmarkaðir, 2.

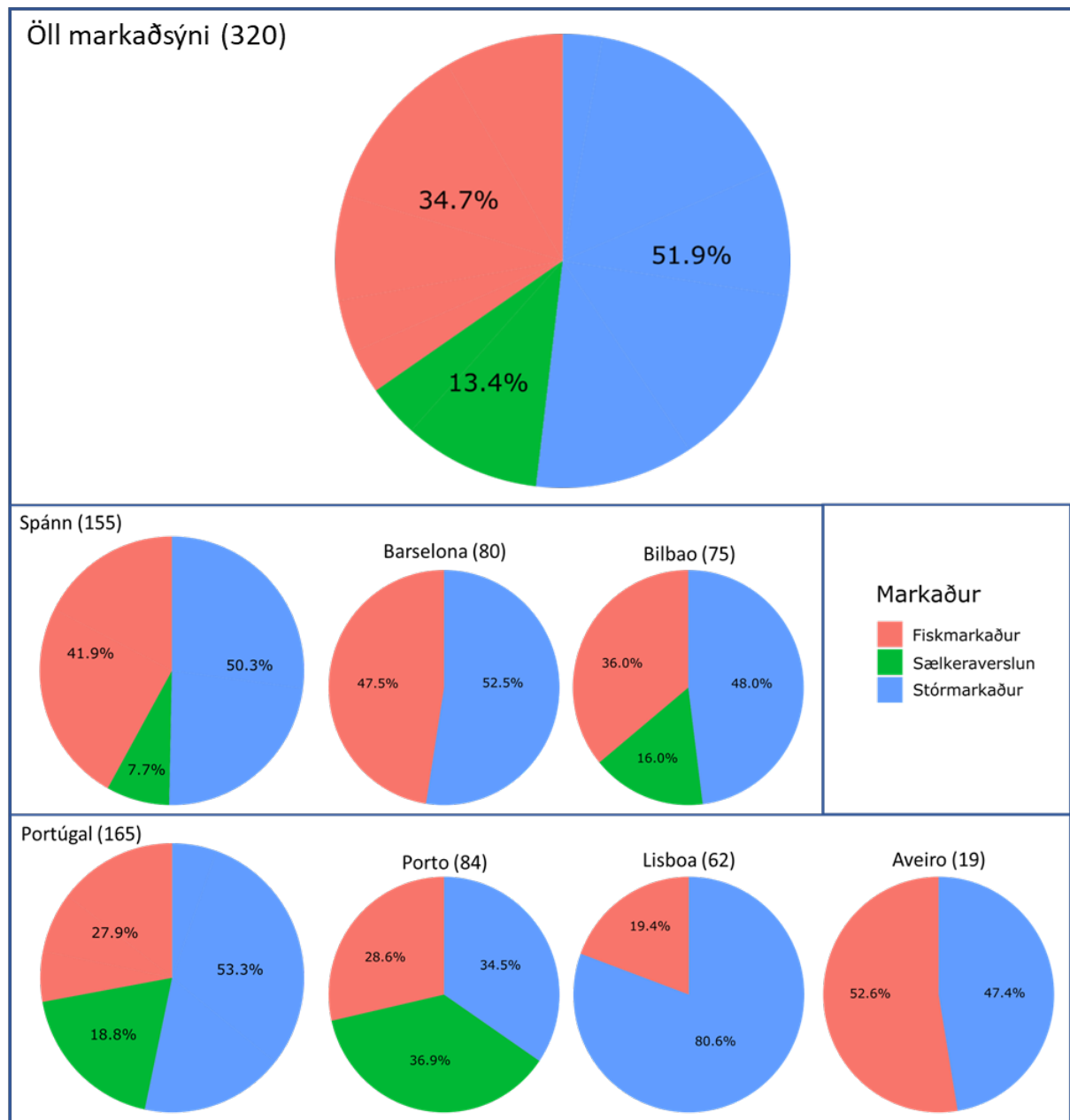
Sælkeraverslanir og 3. Stórmarkaðir. Keypt var heill flattur saltfiskur, saltfiskur í bitum bæði frosinn og ófrosinn og afskurður í pokum.

Aðferðir:

Sýni og sýnataka

Saltfiski var safnað í fimm borgum Barcelona, Bilbao, Porto, Lisboa og Aveiro. Til þess að saltfisksýni væri samþykkt í rannsóknina þurfti fiskurinn að vera, 1. Merktur sem íslenskur saltaður þorskur, eða að fisksali sagði að fiskurinn væri frá Íslandi. Ekki var nóg að fiskurinn væri frá Norður Atlandshafi. 2. Fiskurinn þurfti að vera fullunnin saltfiskur og markaðsettur sem þorskur (cod) eða bacalao en einnig mátti afurðin vera útvatnaður saltfiskur. Keyptur var saltfiskur sem var óbyggjandi merktur íslenskur á pakkingu eða á markaði þar sem stóð skrifað íslenskur eða að fisksali sagði að fiskurinn væri frá Íslandi. Safnað var á fiskmörkuðum, stórmörkuðum og sælkeraverslunum. Ekki var leift að kaupa meira en 3 pakkingar af saltfiski á hverjum markaðsstað á hverjum degi söfnunar. Fyrir allan saltfisk sem var safnað voru skráðar upplýsingar um verslunarstað, mynd tekin af pakkingu sem sýndi uppruna eða merkingu á fiskmarkaði. Í mörgum tilfellum voru keyptir pakkar með mörgum bitum af saltfiski í og var þá safnað úr 2-3 bitum úr pakkingunni, þar sem gera má ráð fyrir að fleiri en einn fiskur fyllti pakkinguna. Öllum þessum upplýsingum ásamt myndum af pakkingum var safnað og skráð. Eftir hvern sýnasöfnunardag var lítið sýni tekið af hverjum saltfiski eða saltfisk bita (2 gr.) með dauðhreinsuðum áhöldum og sýnið varðveitt í 500 µl eppendorf túpum sem höfðu að geyma varðveitingarlausn (RNA later) svo sýni spillist ekki fyrir DNA einangrun. RNA later varðveitingalausnin var valin vegna þess að hún er ekki eitruð né eldfim og því hægt að flytja sýnin með í farangri aftur til Matís til rannsókna. Sýnin voru geymd í kæli á meðan sýnasöfnun fór fram og eftir komu til Íslands þar til DNA var einangrað úr sýninu. Eftir sýnatöku af saltfiskafurðum var saltfiskurinn gefinn hótélstarfsfólki við mikla ánægju þeirra til þess að sóa ekki þessum góðu afurðum.

Alls var safnað 322 sýnum af saltfiski af markaði til arfgerðargreiningar fyrir rannsóknina (Mynd 1.).



Mynd 1 Kókurit sem sýnir fjölda safnaðra sýna (í sviga) og hlutfall sýna af ólíkum mörkuðum fyrir öll sýnin, hvert land og borgir.

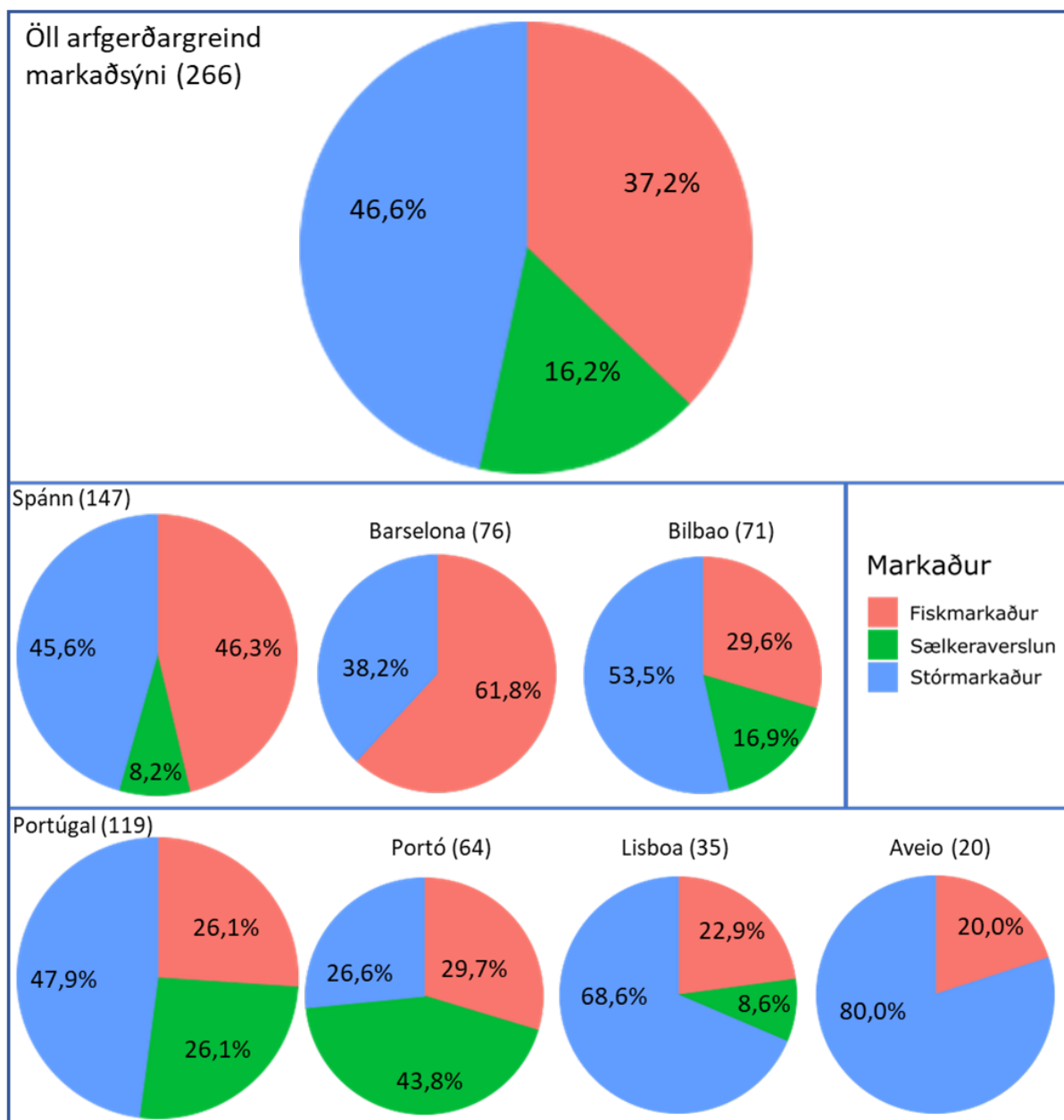
Fyrir rannsóknina þarf sýni úr hrygningarþorski fyrir þá stofna af þorski sem nota á sem viðmiðunarstofna. Viðmiðunrastofnar sem notaðir voru eru hrygningar þorskur við Ísland samtals 119 sýni sem voru tekin 2021 og voru fengin hjá Hafrannsóknastofnun. Þessi sýni skiptast í 39 sýni sem tekin voru við Vestmannaeyjar og í kantinum (e. offshore), 40 sýni sem tekin voru á aðal hrygningarstöðvum þorsk við suðvesturland og 40 sýni sem tekin voru við norðausturland. Þá voru 100 sýni úr hrygningar þorski frá Barentshafi tekin 2011 notuð sem skiptast í 90 sýni frá norðaustur Atlandshafs stofni þorsks og 10 sýni sem tekin voru úr strand

þorski (e. costal cod) við Lofoten. Þessi sýni voru fengin hjá norsku hafrannsóknarstofnunnninni (The Institute of Marine Research (IMR).

Þróun aðferða og erfðagreining.

Viðmiðunarsýni frá hygningarstofnum voru notuð til þess að finna tafsraða (e. microsatellites) erfðamörk sem sýna erfðafræðilega mun á milli þorsk frá Íslandi og þorsks frá Barentshafi. Prófuð voru 27 tafsraðerfðamörk sem hafa verið þroskuð til þessa að greina stofngerð þorsks í Norður Atlandshafi og til nota við kynbætur í þorskeldi (Tafla 2.)

Erfðaefni úr viðmiðunar stofnum var einangrað með Speadex aðferð (LGC Biosearch Technologies). Viðmiðunarsýni voru mögnuð upp með PCR hvarfi með 27 tafsraða erfðapreifurum og rafdreginn á SeqStudio 8 flex og stærðir erfðasamsæta áætlaður í forritinu Genotyper v.6.2 (Applied Biosystems). Valin voru fjögur tafsraða erfðamörk sem sýndu mestan mun á milli viðmiðunarstofna til þess að nota fyrir arfgerðargreiningu á sýnum frá markaði. Erfðaefni sýna af markaði sem höfðu verið geymd í RNA later lausn voru einangruð með HotSHOT aðferð (Truett et al., 2000). PCR mögnun tafsraða bæði fyrir viðmiðunarsýni og sýni frá markaði var framkvæmd eins og list er í Jakobsdóttir et al. (2008). Eftir arfgerðargreiningu markaðssýna voru þau sýni sem höfði meira en eitt glatað erfðamark eytt úr gögnunum, þar sem ekki er hægt að gera útreikninga fyrir sýni með aðeins eitt erfðamark. Ekki tókst að fá nein arfgerðargögn fyrir átta markaðssýni. Þessi sýni voru raðgreind fyrir COI gen á hvatberalitningi svo hægt væri að bera saman COI röð þessara sýna við sömu röð annara tegunda, en COI röðin getur ákvarðað tegund. Af þeim 322 markaðssýnum sem var safnað voru 56 (17.3%) eitt úr gögnunum vegna þess að fleiri en eitt erfðamark magnaðist ekki þannig að 266 markaðssýni voru notuð í tölfræðigreiningu (Mynd 2.).



Mynd 2. Kökurit sem sýnir fjölda arfgerðargreindra sýna (í sviga) og hlutfall sýna af ólíkum mörkuðum fyrir öll sýni, hvert land og borgir.

Tölfræðileg greining.

Eftir að arfgerðartafla fyrir 27 tafsraðir í viðmiðunarstofnum var tilbúin var forritið MICRO-CHECKER (Van Oosterhout et al., 2004) notað til þess að athuga og yfirfara arfgerðargögnin. Sama aðferðarfræði var notuð til að greina arfgerðargögn fyrir sýni frá markaði. Gögnin voru skoðuð með tilliti til falls stærri samsæta (e. large allele dropout), núll samsæta (e. null allele) sem eru samsætur sem ekki magnast í upp í PCR vegna breytinga í bindiröð tafsraða og

arfblandni með tilliti til Hardy-Weinberg jafnvægis. Öll erfðamörkin reyndust í lagi hvað varðar prófin í MICROCHECKER. Þá voru reiknaðar út F_{ST} erfðafjarlægðir í forritinu stAMPP í R (Pembleton et al., 2013) milli viðmiðunarsýna frá Íslandi og Barentshafi. Út frá þessum útreikningum voru þrjú tafsraða erfðamörk sem sýndu mestan marktækan mun á milli viðmiðunar sýna valin til þess að nota fyrir arfgerðargreiningu markaðssýna og rakningu þeirra til viðmiðunarstofns. Einnig voru metin F_{ST} erfðafjarlægir milli markaðssýna og sýna frá Barentshafi og Íslandi.

Notast var við 3 ólíkar aðferðir/forrit til þess að rekja markaðssýni til viðmiðunarsýna frá Íslandi og Barentshafi.

Notast var við forritið STRUCTURE (Pritchard et al., 2000) til þess að flokka markaðssýni til Íslands eða Barentshafs. STRUCTURE notast við Bayesian tölfræðilíkan til þess að flokka einstaklinga til þess að finna stofngerð fyrir arfgerðargögn sem eru með ótengd erfðamörk. Forritið er notað meðal annars til þess að flokka óþekkta einstaklinga til stofns. Hér var forritið notað til þess að flokk markaðssýnin til Íslands eða Barentshafs. Forritið var sett upp til að keyra fyrst 100.000 forkeyrslur (e. burnin) og eftir það 200.000 keyrslur sem eru notaðar. Notast var við upplýsingar um viðmiðunarsýnin sem 2 ólíka stofna, gert var ráð fyrir fylgni milli samsætutíðni stofna.

Einnig var notast við forritið ONCOR (Kalinowski et al., 2008) til þess að rekja markaðssýni til upprunastofns/viðmiðunarstofns. ONCOR er forrit sem notast við erfðagögn til þess að meta upprunastofn einstaklinga. Forritið notast við aðferð sennilegustu gilda (e. maximum likelihood) til þess að meta uppruna einstaklinga í sýni frá mörgum stofnum. Þessar greiningar í ONCOR miða að því að rekja uppruna einstaklings í markaðssýni til viðmiðunarstofna.

Að lokum var notast við forritið GeneClass2 (Piry et al., 2004) til þess að rekja markaðssýni til viðmiðunarstofna. GeneClass2 er forrit sem getur reiknað ýmis erfðafræðileg viðmið til þess að innifela eða útiloka óþekkta einstaklinga til viðmiðunarstofna byggt á fjölsamsætuarfgerð þeirra. Forritið notast við Monte Carlo algrím sem reiknar fyrir hvern einstakling líkurnar á að einstaklingur sé frá viðmiðunarstofni.

Þau átta markaðssýni þar sem ekki fékkst arfgerðargreining fyrir voru raðgreind fyrir COI gen á hvatberalitningi. Ekki tókst að fá raðgreiningu úr þessum sýnum sem sennilega eru skemmd og óhæf til arfgerðargreiningar og raðgreiningar.

Notast var við Chi-Square tölfræði próf til þess að ákvarða hvort munur væri milli markaða í svikum með saltfisk fyrir öll sýnin, munur væri milli markaða með svik í saltfisk fyrir hvort land fyrir sig og munur milli landa í svikum með saltfisk.

Niðurstöður.

Alls 27 tafsraða erfðamörk á viðmiðunarsýnum frá Íslandi og Barentshafi voru prófuð. Eftir skoðun á gögnunum með MICRO-CHECKER voru gögnin talin góð þar sem engin vandamál komu fram. Eftir þetta var reiknuð F_{ST} erfðafjarlægðir fyrir hvert erfðamark til þess að finna þau erfðamörk sem sýna mestan mun á milli viðmiðunarsýna. Flest erfðamörkin sýnu lítinn eða engan mun á milli viðmiðunarsýna, nema 8 erfðamörk sem sýndu marktækan mun á milli viðmiðunarsýna (Tafla 2.). Alls sýndu 8 erfðamörk jákvæðar F_{ST} erfðafjarlægðir en með nánari skoðun á gögnunum og prófunum á gögnunum til að finna þau erfðamörk sem gefa besta aðskilnað milli viðmiðunarsýna, enduðum við með 3 erfðamörk sem notuð voru áfram til þess að rekja markaðssýni til þorskstofns (Tafla 1. blátt).

Nokkur markaðssýni mögnuðust ekki í PCR og einnig var nokkuð um markaðssýni sem voru með meira en eitt erfðamark sem ekki magnaðist upp. Til þess að meta mögulegt svindl með saltfiskafurðir voru þessi sýni tekin úr gögnunum. Eftir að sýni með meira en eitt erfðamark tapað var tekið úr gögnunum voru 266 markaðssýni í gögnunum. Þannig tókst að arfgerðargreina 82,6% sýna af markaði fyrir tvö eða fleiri erfðamörk.

Reiknaðar F_{ST} erfðafjarlægðir milli viðmiðunarstofna sýndu marktækan mun í erfðafjarlægðum milli viðmiðunarstofna. Erfðafjarlægð milli markaðssýna og viðmiðunarsýna úr Barentshafi var marktæk og sýnin því ólík, en lág og ómarktæk þegar þau eru borin saman við þorsk frá Íslandi (Tafla 2.).

Tafla 1. Öll erfðamörk sem notuð voru á viðmiðunarsýni. Endurtekningar eru fjöldi basa í tafsriðum, Fjöldi samsæta AR er heildar fjöldi samsæta fyrir hvert erfðamark, séð arfblendni (H_o), Væntanleg arfblendni (H_E) og F_{ST} erfðafjarlægðir milli viðmiðunar sýna frá Íslandi og Barentshafi. Græn merking sýnir þau átta erfðamörk sem sýna jákvæð F_{ST} erfðafjarlægðir milli viðmiðunarsýna. Blátt sýnir þau fjögur erfðamörk sem hafa nægjanlega F_{ST} erfðafjarlægðir til þess að hægt sé að nota þau til aðgreiningar markaðssýna til viðmiðunar stofna.

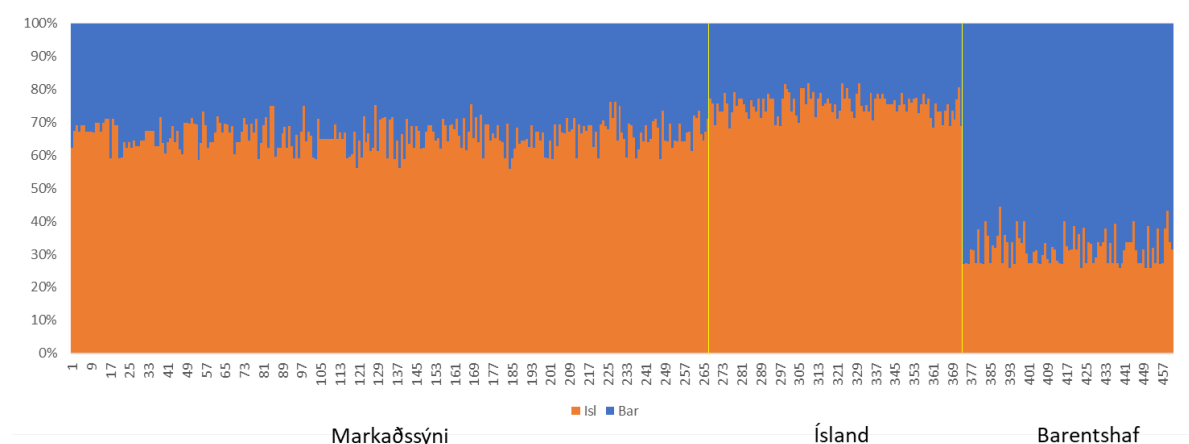
Tafsraða Erfðamark	Endur- tekninga gerð	Fjöldi Samsæta AR	Séð Arfblendni H_o	Væntanleg Arfblendni H_E	Erfðafjarlægðir F_{ST}
Gmo19_FR ^a	4	29	0.85	0.92	-0.0008
Gmo37-FaRb ^a	4	18	0.87	0.85	-0.0008
Tch11_FR ^b	4	23	0.90	0.94	0.0039
Tch14_FR ^b	4	40	0.93	0.95	-0.0002
nGmo8_FR ^a	4	43	0.92	0.92	0.0005
Gmo2_FR ^c	2	19	0.74	0.85	0.0021
Gmo34_FR ^a	4	7	0.22	0.23	0.0221
Tch22_F2R2 ^b	4	7	0.49	0.61	0.0036
Tch5_F2R2 ^b	4	24	0.93	0.93	-0.0004
PGmo100 ^d	3	9	0.75	0.74	-0.0008
PGmo124 ^d	2	26	0.85	0.90	-0.0001
PGmo134 ^d	2	40	0.92	0.90	-0.0002
PGmo38 ^e	2	25	0.85	0.91	0.0000
PGmo49 ^d	2	19	0.76	0.78	-0.0008
PGmo61FRb ^d	2	19	0.73	0.73	-0.0010
PGmo71FRb ^d	2	12	0.73	0.74	0.0053
PGmo74 ^d	7	20	0.87	0.86	0.0000
PGmo87c ^d	2	23	0.90	0.86	0.0002
PGmo94 ^d	2	31	0.81	0.83	0.0019
PGmo104FR ^d	3	7	0.40	0.41	0.0061
PGmo105FbR ^d	3	14	0.88	0.87	-0.0018
PGmo127FR ^d	4	16	0.72	0.72	-0.0017
PGmo64FR ^d	2	8	0.48	0.69	0.0399
PGmo69FR ^d	2	20	0.91	0.88	0.0008
PGmo95FRb ^d	3	25	0.94	0.94	-0.0001
PGmo97FbR ^d	3	8	0.62	0.56	0.0030
Meðaltal			0.77	0.79	0.0043

^a(Miller et al., 2000), ^b(O'Reilly et al., 2000), ^c(Beacham et al., 2002), ^d(Skirnisdóttir et al., 2008), ^e(Jakobsdóttir et al., 2006).

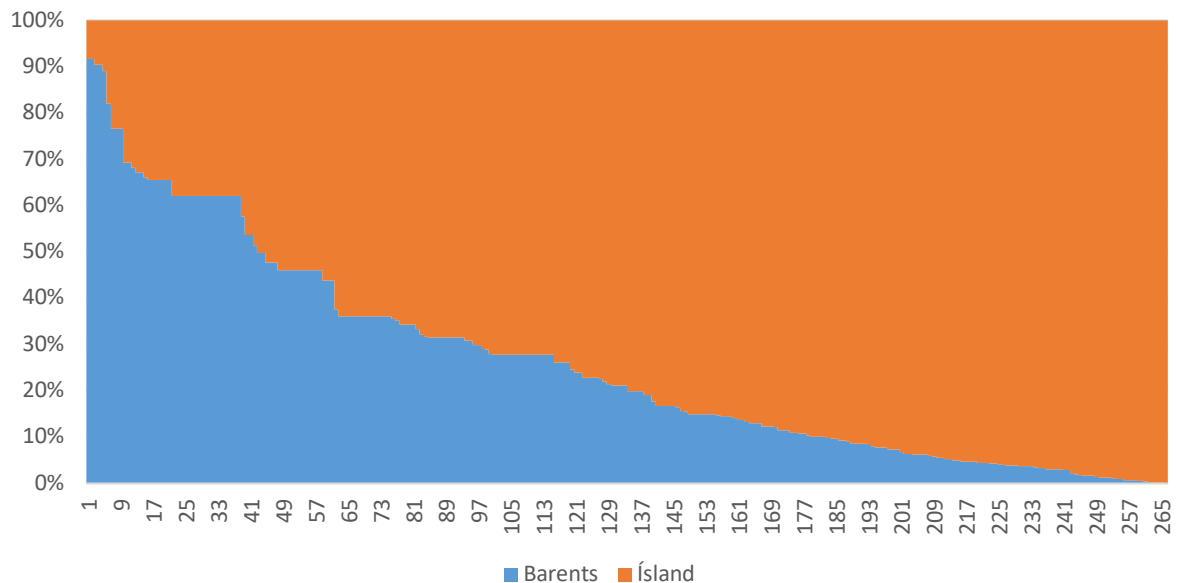
Tafla 2. Erfðafjarlægðir F_{ST} milli viðmiðunar stofna þorsks og milli viðmiðunarstofna og allra markaðsýna. Á ská fyrir neðan F_{ST} erfðafjarlægðir, á ská fyrir ofan marktækni gildi P. Feitletruð gildi eru marktækt frábrugðin milli sýna.

Stofn/sýni	Ísland	Barentshaf	Markaður
Ísland		0	0,36
Barentshaf	0,050		0,03
Markaður	0	0,056	

Forritið STRUCTURE var notað til þess að rekja markaðssýni til viðmiðunarsýna. Niðurstöðurnar sína að markaðssýni eru öll rakin til Íslands (Mynd 3.). Þegar markaðssýni voru rakin til viðmiðunarstofns með forritinu ONCOR kom í ljós að nokkur fjöldi sýna var rakinn til Barentshafs (Mynd 4, Tafla 3). Þannig voru 42 markaðssýni með meira en 50% líkur á því að vera frá Barentshafi. En á sama tíma voru engin markaðssýni með meiri líkur en 95% á að vera frá Barentshafi (Tafla 3).



Mynd 3. Stöplarit sem sýnir líkurnar á að markaðssýni sé frá Barentshafi eða Íslandi fyrir STRUCTURE reikninga. X-ás sýnir einstaklinga, gular lóðréttar línur skilja á milli markaðsýna, Íslands og Barentshafs. Y-ás sýnir líkurnar á að einstaklingur sé frá Íslandi (appelsínugulur) og frá Barentshafi (blár). Gular lóðréttar línur aðskilja sýnin.



Mynd 4. Stöplarit sem sýnir líkurnar á að markaðssýni tilheyri Barentshafi eða Íslandi byggt á rakningu í ONCOR. X-ás sýnir einstaklinga frá markaði. Y-ás sýnir líkurnar á að hver einstaklingur sé frá Barentshafi (blár) og frá Íslandi (appelsínugulur).

Rakning markaðssýna til viðmiðunarsýna með GeneClass2 sýndi að 40 markaðssýni eru rakinn með líkum til Barentshafs. Nánari skoðun á þeim sýnum sem rakin voru til Barentshafs sýnir að 36 af þessum sýnum eru þau sömu og voru rakin til Barentshafs með ONCOR (Tafla 4). Þá voru tvö sýni með jafnar líkur á að vera frá Barentshafi og Íslandi. Þannig voru í heildina 44 sýni rakin til Barentshafs með forritunum ONCOR og GeneClass2.

Tafla 3. Tafla sem sýnir fjölda og prósent einstaklinga frá markaði sem eru frá Barentshafi eða Íslandi eftir rakningu í ONCOR.

Líkur	Barentshaf		Ísland	
	Fjöldi	%	Fjöldi	%
>95%	0	0	53	19,9
>90%	4	1,5	84	31,6
>80%	6	2,3	133	50,0
>70%	9	3,4	171	62,3
>60%	38	14,3	205	77,1
>50%	42	15,8	224	84,2

Í heildina eru 16,5% af arfgerðargreindum sýnum frá Barentshafi, heldur meira er af Barentshafsporski greindur á Spáni (17,6%) en í Portúgal (15,3%) (Tafla 5.). Tölfræðilegt próf þar sem notast var við Chi-Square próf sýnir að ekki er marktækur munur á á svikum með

saltfisk milli markaða fyrir öll gögnin ($P=0,33$) , sama var ef skoðað var fyrir hvort land fyrir sig (Spánn, $P=0,57$, Portúgal $P=0,36$). Þá kom ekki fram marktækur munur í svikum með saltfisk milli landa yfir alla þrjá markaði ($P=0,61$).

Tafla 4. Markaðssýni sem voru rakin til Barentshafs með forritunum ONCOR og GeneClass2 (GC2). Númer neðst í töflu er fjöldi sýna.

Spánn		Bilbaó		Portugal		Lisabon		Aveiro	
Barselóna				Portó					
ONCOR	GC2	ONCOR	GC2	ONCOR	GC2	ONCOR	GC2	ONCOR	GC2
HSBaF0103008	HSBaF0103008	SBiF2603011	SBiF2603011	PPS1005003-1	PPS1005003-1	PLiF1902012	PLiF1902012	PAS1905022-1	PAS1905022-1
HSBaF0103010	HSBaF0103010	SBiF2603012	SBiF2603012	PPS1005003-2	PPS1005003-2	PLiS1702012	PLiS1702012		
HSBaF0103013	HSBaF0103013	SBiF2503002	SBiF2503002	PPoF2102014	PPoF2102014	PLiS1802001	PLiS1802001		
HSBaS0103015	HSBaS0103015	SBiF2703016	SBiF2703016	PPoF2002006	PPoF2002006	PLiS1902008	PLiS1902008		
HSBaS0103017	HSBaS0103017	SBiG2703009	SBiG2703009	PPoG2202005	PPoG2202005		PLiF1902011		
HSBaF0103007	HSBaF0103007	SBiF2503015	SBiF2503015	PPoG2202008	PPoG2202008				
HSBaS0103022	HSBaS0103022	SBiF2503018	SBiF2503018	PPoG2002015	PPoG2002015				
SBaF2203001	SBaF2203001	SBiS2603017	SBiS2603017	PPoG2002016	PPoG2002016				
SBaF2203011		SBiS2703022	SBiS2703022	PPoG2002029	PPoG2002029				
SBaF2303007		SBiS2703026	SBiS2703026	PPoG2002030	PPoG2002030				
SBaF2603010				PPoG2002031	PPoG2002031				
SBaS2303003	SBaS2303003			PPS1005004-1					
SBaS2503002	SBaS2503002								
SBaS2503004	SBaS2503004								
SBaS2503005	SBaS2503005								
SBaS2503008									
16	12	10	10	11	12	4	5	1	1

*Sýnanöfn gefa til kynna á hvaða markaði sýnu voru fengin SBaF24-1, Fiskmarkaður; SBaS24-23, Stórmarkaður; SbiG24-53, Gourmet (Sælkerabúð).

Tafla 5. Tafla sem sýnir fjölda arfgerðargreindar markaðsýna, fjölda markaðsýnasýna frá Barentshafi og hlutfall markaðssýna frá Barentshafi fyrir öll markaðssýni, hvert land, borg og markað.

Land	Borg	Markaður	Fjöldi sýna arfgerðargreind	Fjöldi sýna rakin til Barentshafs	Hlutfall sýna úr Barentshafi
Allt		Fiskmarkaður	99	18	18,2
		Sælkeraverslun	43	7	16,3
		Stórmarkaður	124	19	15,3
		Samtals	266	44	16,5
Spánn	Allt	Fiskmarkaður	69	14	20,3
		Sælkeraverslun	12	1	8,3
		Stórmarkaður	67	11	16,4
		Samtals	148	26	17,6
	Barselona	Fiskmarkaður	47	8	17,0
		Sælkeraverslun	0	0	0
		Stórmarkaður	29	8	27,6
		Samtals	76	16	21,1
	Bilbao	Fiskmarkaður	22	6	27,3
		Sælkeraverslun	12	1	8,3
		Stórmarkaður	38	3	7,9
		Samtals	72	10	13,9
	Porto	Fiskmarkaður	19	2	10,5
		Sælkeraverslun	28	7	25,0
		Stórmarkaður	17	3	17,6
		Samtals	64	12	18,8
	Lisboa	Fiskmarkaður	8	2	25,0
		Sælkeraverslun	2	0	0
		Stórmarkaður	24	3	12,5
		Samtals	34	5	14,7
	Aveio	Fiskmarkaður	4	0	0
		Sælkeraverslun	0	0	0
		Stórmarkaður	16	1	6,3
		Samtals	20	1	5,0
Portúgal	Allt	Fiskmarkaður	31	4	12,9
		Sælkeraverslun	30	7	23,3
		Stórmarkaður	57	7	12,3
		Samtals	118	18	15,3
	Porto	Fiskmarkaður	19	2	10,5
		Sælkeraverslun	28	7	25,0
		Stórmarkaður	17	3	17,6
		Samtals	64	12	18,8
	Lisboa	Fiskmarkaður	8	2	25,0
		Sælkeraverslun	2	0	0
		Stórmarkaður	24	3	12,5
		Samtals	34	5	14,7
	Aveio	Fiskmarkaður	4	0	0
		Sælkeraverslun	0	0	0
		Stórmarkaður	16	1	6,3
		Samtals	20	1	5,0

Umræður

Við lögðum upp með að þróa erfðafræðilega aðferð sem hægt er að nota til að votta þorskafurðir frá Íslandi og til að nema svik með íslenskan saltfisk. Þrjú af 27 tafsraðaerfðamörkum voru nægjanlega breytileg milli hrygningastofna þorsk við Ísland og Barentshaf til greiningarinnar. Við teljum að með þeim þremur tafsraðaerfðamörkum sem við notuðum í þessari rannsókn sé ljóst að um svik með saltfisk eigi sér stað. Því er þó ekki hægt að neita að betra hefði verið að hafa fleiri erfðamörk fyrir rannsóknina til þess að fá sterkari niðurstöður.

Tafsraðaerfðagreining er ekki ný aðferð og hefur hún marga kosti yfir aðrar aðferðir. Arfgerðargreiningar með nýrri gerðum af erfðamörkum, svokölluðum einbasabreytileika erfðamörkum (e. Single Nucleotide Polymorphism, SNP) hefur fleytt fram á undarförnum árum. Munurinn á milli tafsraða og einbasa erfðamarka er fjöldi erfðasamsæta á erfðamarki. Aðeins eru tvær samsætur fyrir hvert einbasa erfðamark á meðan tafsaraðaerfðamörk geta haft mikinn fjölda samsæta. Þetta þýðir að mun fleiri einbasa erfðamörk þarf til aðgreiningar stofna miðað við tafsraðaerfðamörk. Það er aðeins nýlega sem einbasa erfðamörk hafa verið þróuð fyrir þorsk en slík þróunarvinna er tímafrek og dýr. Vegna þessa var ákveðið að gera þessa rannsókn með tafsraðaerfðamörkum en mörg slík eru til fyrir þorsk.

Eftir að hafa skannað 27 tafsraðaerfðamörk til þess að finna mun á milli viðmiðunarsýna sem voru sýni af hrygningar þorski frá Íslandi og Barentshafi fundum við þrjú erfðamörk sem sýndu marktækan mun á milli Íslands og Barentshafs. Þessi þrjú erfðamörk voru notuð til þess að arfgerðargreina sýni af markaði sem voru síðan borin saman við viðmiðunarsýni með útreikningum á F_{ST} erfðafjarlægðum milli sýna. Marktækur munur var í F_{ST} erfðafjarlægðum milli viðmiðunarsýna, einnig var marktækur munur á milli viðmiðunarsýnis frá Barentshafi og markaðssýna. Hins vegar var enginn munur á milli markaðssýna og viðmiðunarsýna frá Íslandi. Þetta bendir til að markaðssýnin eru að öllum líkum flest af íslenskum uppruna. Frekari athuganir á markaðssýnunum og rakning þeirra til viðmiðunarsýna með STRUCTURE sýnir að öll markaðssýnin eru uppruninn frá Íslandi.

Frekari athuganir með rakningu markaðssýna til viðmiðunar stofna með forritunum ONCOR og GeneClass2 gefa aðra mynd en STRUCTURE greiningin. Bæði þessi forrit fundu nokkurn fjölda markaðssýna sem voru rakin til Barentshafs. Þannig voru 42 markaðssýni rakin til Barentshafs með ONCORE með >50% líkum, en 40 sýni rakin til Barentshafs með forritinu

GeneClass2. Þrjátíu og sex af þessum markaðssýnum voru rakin til Barentshafs með báðum forritum. Það eru því sterkar líkur fyrir því að þessi sýni hafi sannarlega komið frá Barentshafi. Hver vegna STRUCTURE rakti engan fisk til Barentshafs er ekki algerlega ljóst. Þess ber hins vegar gæta að STRUCTURE er forrit sem notast við ýmsar forsendur við útreikninga eins og að sýni séu í Hardy-Weinberg jafnvægi og að ekki séu tengsl milli samsæta milli erfðamarka. Forritið notast við samsætu tíðni viðmiðunarstofna fyrir hvert erfðamark til þess að einkenna stofna. Einstaka sýni er auðkennt stofni með líkum eða auðkennt mörgum stofnum ef arfgerð sýnir að sýnið hafi blandaða arfgerð (e. admixed) eins og gerist hér. Hin tvö forritin sem fundu sýni frá Barentshafi byggja líka á samanburði á samsætu tíðni erfðamarka til þess að rekja sýni til uppruna hóps. Hins vegar er ekki er gert ráð fyrir að viðmiðunarahópar séu í Hardy-Weinberg jafnvægi.

Niðurstöður þessarar rannsóknar gefa til kynna að nokkur svik virðast vera með íslenskan saltfisk á mörkuðum á Spáni og Portúgal. Þannig virðist sem nokkuð sé um að þorskur frá Barentshafi sé ranglega merktur sem íslenskur. Þegar litið er á niðurstöðurnar frá ONCOR eru svik með saltfisk í um 15,8% tilfella. Svik eru heldur minni ef litið er á niðurstöður GeneClass2 greiningar, eða 15%. Ef aðeins er litið á þau 44 markaðssýni sem voru rakin til Barentshafs með báðum aðferðum er svik með saltfisk 16,5%. Þegar svik eru skoðað fyrir hvort land fyrir sig eru 17,6% sýna frá Spáni og 15,3% sýna frá Portúgal rakin til Barentshafs. Þannig eru svipaður fjöldi sýna rakin til Barentshafs frá bæði Spáni og Portúgal. Tölfræðilegt próf sýndi að ekki var tölfræðilegur munur á svikum með saltfisk á Spáni og Portúgal. Einnig kom ekki fram marktækur munur á svikum milli markaða fyrir öll markaðssýnin, né þegar skoðað var fyrir hvert land fyrir sig. Þetta gefur til kynna að svik með saltfisk eru ekki bundin við land né markað. Þannig verður að spyrja hvernig er Barentshafsporski komið inn sem íslenskum á saltfiskmörkuðum á Spáni og Portúgal? Þessari spurningu er ekki auðvelt að svara, sérlega þar sem Barentshafsporskur fannst í ýmsum pakkningum sem merktar voru sem íslenskur saltaður þorskur. Getur verið að íslenskir saltfiskframleiðendur noti þorsk frá Barentshafi að einhverju leiti í sinni framleiðslu á saltfiski?

Ekki fundust nein svik með saltfisk þar sem önnur tegund var notuð í stað þorsks eins og fannst í rannsókn með saltfisk á markaði (Di Pinto et al., 2013). Aðeins átta sýni í þessari rannsókn gáfu engin gögn fyrir þær tafsraðir sem notaðar voru. Þessi sýni voru raðgreind en ekki tókst að raðgreina þau og voru þau talin ónýtt af einhverjum orsökum. Vert er að taka fram að oft

þurfti að einangra DNA úr sýnum aftur þar sem ekki nægilegu magni eða gæðum var náð. Á það við um þessi átta sýni sem voru einangruð tvisvar með ólíkum aðferðum. Mögulega er hér um að ræða einhver efni í saltinu sem hindra mögnun erfðaefnis í PCR hvarfi.

Við söfnun sýna var farið vítt um fimm borgir á Spáni og Portúgal og saltfiskur keyptur á þremur mismunandi mörkuðum, fiskmörkuðum, stórmörkuðum og sælkerabúðum. Þegar saltfiskur var keyptur á mörkuðum varð að standa á umbúðunum að fiskurinn væri frá Íslandi eða að sölumaður sagði að fiskurinn væri frá Íslandi. Íslenskur saltfiskur var almennt þó nokkuð dýrari en saltfiskur frá öðrum löndum. Þessi verðmunur gæti leitt til svika með saltfisk þar sem ódýrari afurðir eru seldar sem íslenskar. Þessu hafa íslenskir saltfiskframleiðendur haft áhyggjur af og var þetta verkefni stofnað til þess að skoða hvort slík svik með saltfisk væru algeng. Verkefnið sýnir að áhyggjur saltfiskframleiðenda um svik eiga við rök að styðjast, alla vega í þeim borgum sem farið var í til söfnunar á íslenskum saltfisk í þessari rannsókn.

Það er vel þekkt að þó nokkuð er um svik með fisk á veitingastöðum og mörkuðum þar sem dýrari fisktegund er skipt út fyrir ódýrari fisktegund (Cusa et al., 2025; Di Pinto et al., 2013; Feldmann et al., 2021). Þegar kemur að þorski eru ekki margar rannsóknir til um svindl og eingöngu fundum við eina rannsókn þar sem skoðað var svindl með þorsk þar sem fiskurinn var ranglega merktur hvað varðar uppruna hafsvæðis (Cusa et al., 2025). Í þeirri rannsókn var metið hversu algengt var að þorskur væri ranglega merktur hafsvæði og skoðaður þorskur frá Norðursjó og Barentshafi. Í ljós kom að í heild voru þorskafurðir ranglega merktar í 29% tilfella, þorskur frá Barentshafi var ranglega merktur í 14% tilfella og þorskur frá Norðursjó var ranglega merktur í 67% tilfella (Cusa et al., 2025).

Þrátt fyrir að aðferðir okkar hafa haft nokkra annmarka er ljóst að töluvert af söltuðum þorski er ranglega merktur sem íslenskur á mörkuðum á Spáni og Portúgal. Betra hefði verið að hafa fleiri breytileg erfðamörk til þess að nota í greiningu á markaðssýnum. Það hefði gefið sterkari niðurstöður og jafnvel hefðu þá allar greiningar okkar á uppruna sýna gefið sömu niðurstöður. Nýlega hefur einbasabreytileika arfgerðarsett verið þróað fyrir þorsk í Norður Atlandshafi (<https://nofima.com/projects/development-of-snp-array-for-cod/>). Þrátt fyrir að þetta arfgerðarsett hafi ekki verið þróað sérstaklega fyrir íslenskan þorsk eru allar líkur á að í því megi finna erfðamörk sem geta greint íslenskan þorsk frá þorski úr Barentshafi og Norðursjó. Mjög áhugavert væri að arfgerðargreina þau sýni sem voru notuð í þessari rannsókn með

Þessu nýja einbasabreytileika arfgerðarsetti. Með því mætti mögulega fá sterkari niðurstöður, allavega væri það gott til samanburðar við þessa rannsókn.

Þakkir

Guðbjörg Ólafsdóttir, Cécile Dargentolle, Jónas Baldurson, Hildur Inga Sveinsdóttir og Pedro Alfonso Pinto Coelho fá bestu þakkir fyrir söfnun sýna af markaði á Spáni og Portúgal. Ágústa Sigfúsdóttir fyrir einangrun DNA og Steinun Magnúsdóttir fyrir arfgerðargreiningu allra sýna á Matís. Torild Johansen frá Norsku Hafrannsóknastofnuninni fyrir að útvega sýni af hrygningar þorski úr Barentshafi. Chris Pampoulie frá Hafrannsóknastofnunun fyrir að afhenda sýni af hrygningar þorski frá Íslandsmiðum. Sæmundur Sveinsson og Anna K. Daníelsdóttir fyrir hjálp á ýmsum stigum verkefnisins. Sigurjón Arason fyrir hugmyndir að verkefninu. Félag Íslenskra Saltfiskframleiðenda fyrir að taka þátt í verkefninu. Matvælasjóður styrkti verkefnið.

Heimildir

- Beacham, T., Bratney, J., Miller, K. M., Le, K. D., & Withler, R. E. (2002). Multiple stock structure of Atlantic cod (*Gadus morhua*) off Newfoundland and Labrador determined from genetic variation. *ICES Journal of Marine Science*, 59(4), 650–665. <https://doi.org/10.1006/jmsc.2002.1253>
- Cusa, M., Shum, P., Ogden, R., Baillie, C., & Mariani, S. (2025). Below and beyond the species: DNA tools for geographic traceability analysis of cod products in European markets. *Fisheries Research*, 284, 107302. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2025.107302>
- Di Pinto, A., Di Pinto, P., Terio, V., Bozzo, G., Bonerba, E., Ceci, E., & Tantillo, G. (2013). DNA barcoding for detecting market substitution in salted cod fillets and battered cod chunks. *Food Chemistry*, 141(3), 1757–1762. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2013.05.093>
- Feldmann, F., Ardura, A., Blanco-Fernandez, C., & Garcia-Vazquez, E. (2021). DNA Analysis Detects Different Mislabeling Trend by Country in European Cod Fillets. *Foods*, 10, 1515. <https://doi.org/10.3390/foods10071515>
- Jakobsdóttir, K. B., Jörundsdóttir, P. D., Skirnisdóttir, S., Hjörleifsdóttir, S., Hreggviðsson, G. Ó., Daníelsdóttir, A. K., & Pampoulie, C. (2006). Nine new polymorphic microsatellite loci for the amplification of archived otolith DNA of Atlantic cod, *Gadus morhua* L. *Molecular Ecology Notes*, 6(2), 337–339. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01223.x>
- Kalinowski, S., Manlove, K., & Taper, M. (2008). *ONCOR: Software for genetic stock identification*.
- Miller, K. M., Le, K. D., & Beacham, T. D. (2000). Development of tri- and tetranucleotide repeat microsatellite loci in Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Molecular Ecology*, 9(2), 238–239. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.00804-2.x>
- O'Reilly, P. T., Canino, M. F., Bailey, K. M., & Bentzen, P. (2000). Isolation of twenty low stutter di- and tetranucleotide microsatellites for population analyses of walleye pollock and other gadoids. *Journal of Fish Biology*, 56(5), 1074–1086. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2000.tb02124.x>
- Pembleton, L. W., Cogan, N. O. I., & Forster, J. W. (2013). StAMPP: An R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 946–952. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12129>
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.-M., Paetkau, D., Baudouin, L., & Estoup, A. (2004). GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *The Journal of Heredity*, 95, 536–539. <https://doi.org/10.1093/jhered/esh074>
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155, 945–959.
- Skirnisdóttir, S., Pampoulie, C., Hauksdóttir, S., Schulte, I., Olafsson, K., Hreggviðsson, G. O., & Hjörleifsdóttir, S. (2008). Characterization of 18 new microsatellite loci in Atlantic cod (*Gadus morhua* L.). *Molecular Ecology Resources*, 8(6), 1503–1505. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02327.x>
- Truett, G. E., Hegger, P., Mynatt, R. L., Truett, A. A., Walker, J. A., & Warman, M. L. (2000). Preparation of PCR-Quality Mouse Genomic DNA with Hot Sodium Hydroxide and Tris (HotSHOT). *BioTechniques*, 29, 52–54. <https://doi.org/10.2144/00291bm09>

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>