

Programkonferanse Havbruk 19-21 april 2010

Modell for slektskapsanalyse for Infeksiøs lakseanemi (ILA) virus

TM Lyngstad¹, MJ Hjortaas¹, AB Kristoffersen¹, E Karlsen², EJ Johansen², CM Jonassen³, PA Jansen¹

¹ Veterinærinstituttet

² Mattilsynet

³ Akershus Universitetssykehus



Veterinærinstituttet
National Veterinary Institute

Mål

- Koble genetiske og epidemiologiske data fra utbrudd med infeksiøs lakseanemi (ILA) og risikolokaliteter positive for ILA virus
- Bruke slektskap mellom gensekvenser til å teste ulike spredningsveier



Foto: TM Lyngstad

Data

- Studieperiode: Januar 2007 - august 2009
- Prøver fra ILA utbrudd og lokaliteter i nærheten av ILA utbrudd (risikolokaliteter)
- Epidemiologisk informasjon
- ID og koordinater fra Fiskeridirektoratets register



Omfang prøveuttak

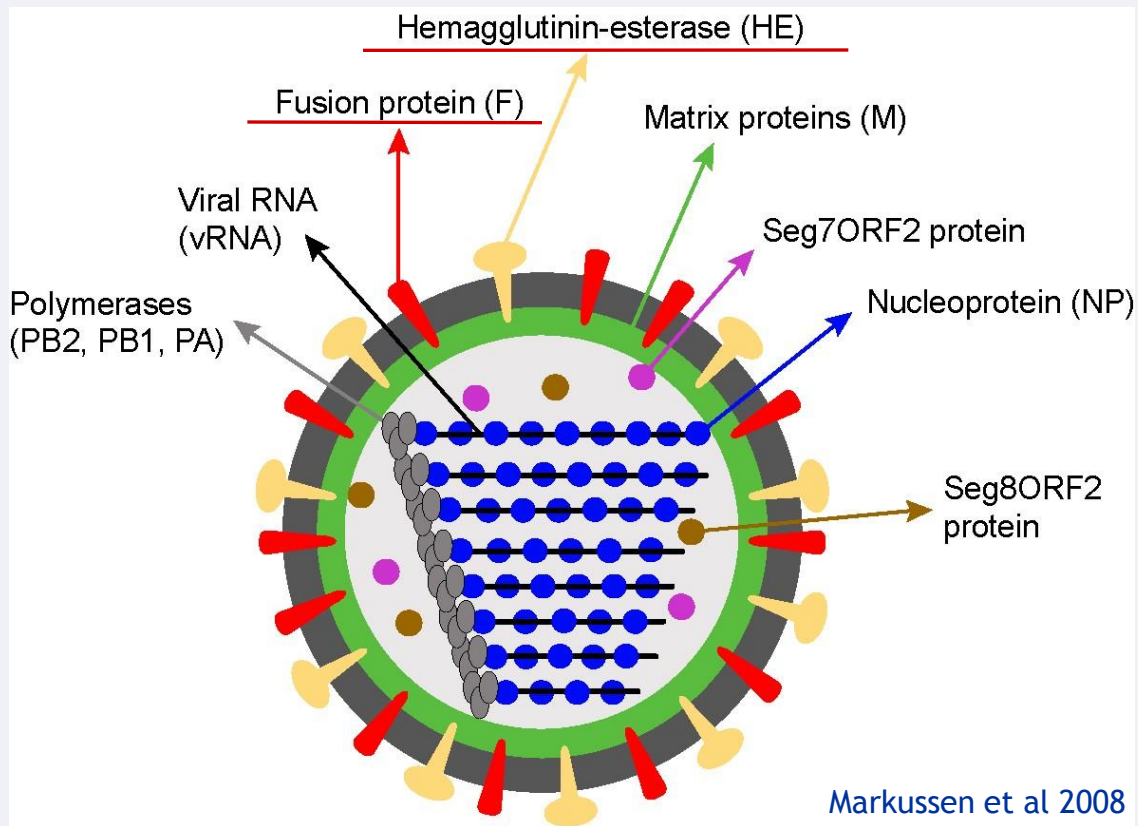
- 30 ILA utbrudds
 - 10 fisk per lokalitet (nyre, noen gjeller)
- 28 Risikolokaliteter
 - 30 fisk per lokalitet (nyre, hjerte, gjeller)



Foto: TM Lyngstad

Laboratorie undersøkelse

- Real Time RT PCR
- Skjematisk figur ILA virus



- HE genet og Fusjons protein genet ble sekvensert

Tabulering av data (parvise kombinasjoner mellom lokaliteter)

- Genetisk avstand (Kimura 2)
 - 5' del av HE genet
 - HPR delen av HE genet
 - Fusjonsprotein genet

- Sjøavstand
- Felles driftsoperasjoner
- Felles smoltleverandør
- Antall dager mellom positive prøver



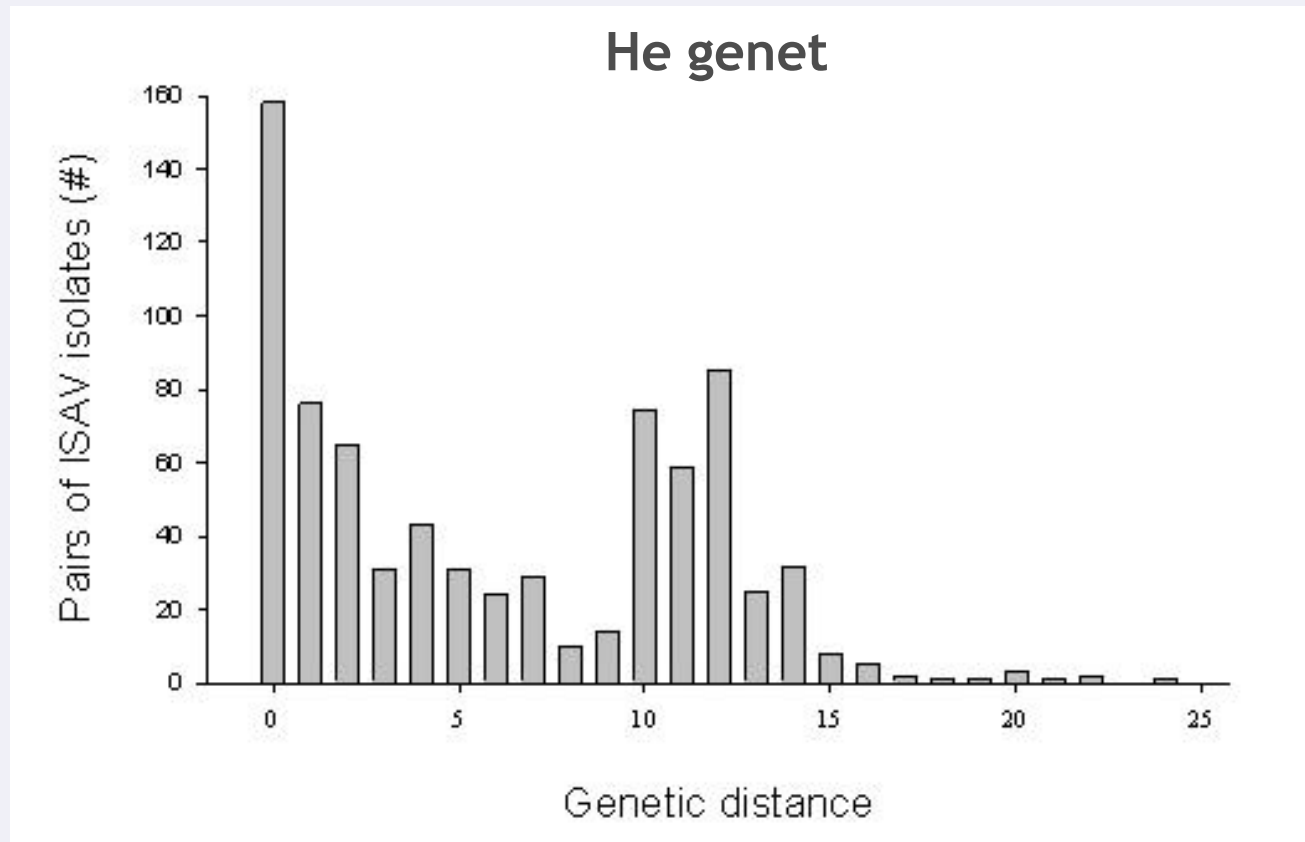
Analyse av smitteveier

- Samme smittekilde → lignende virus sekvenser
- Tester følgende smitteveier
 - Sjø
 - Drift
 - Opphav



Slektskapsvariabel (Avhengig variabel)

- Binær variabel (1/0) er konstruert på grunnlag av genetisk avstand He genet, og gyldig HPR delesjon



Risikofaktorer (Forklaringsvariabler)

- Sjøavstand (km)
- Felles driftsoperasjoner (1/0)
- Felles smoltleverandør (1/0)
- Antall dager mellom positive prøver (dager)



Analyse - Logistisk regresjon

- Assosiasjon mellom den avhengige variabelen og forklaringsvariablene ble analysert ved hjelp av en logistisk regresjons modell:

$$\text{logit}(p_i) = \beta_0 + \sum_j \beta_j \cdot X_{ij}$$

p_i ~ sannsynlighet for likhet

β_0 ~ konstantledd

β_j ~ stigningstall

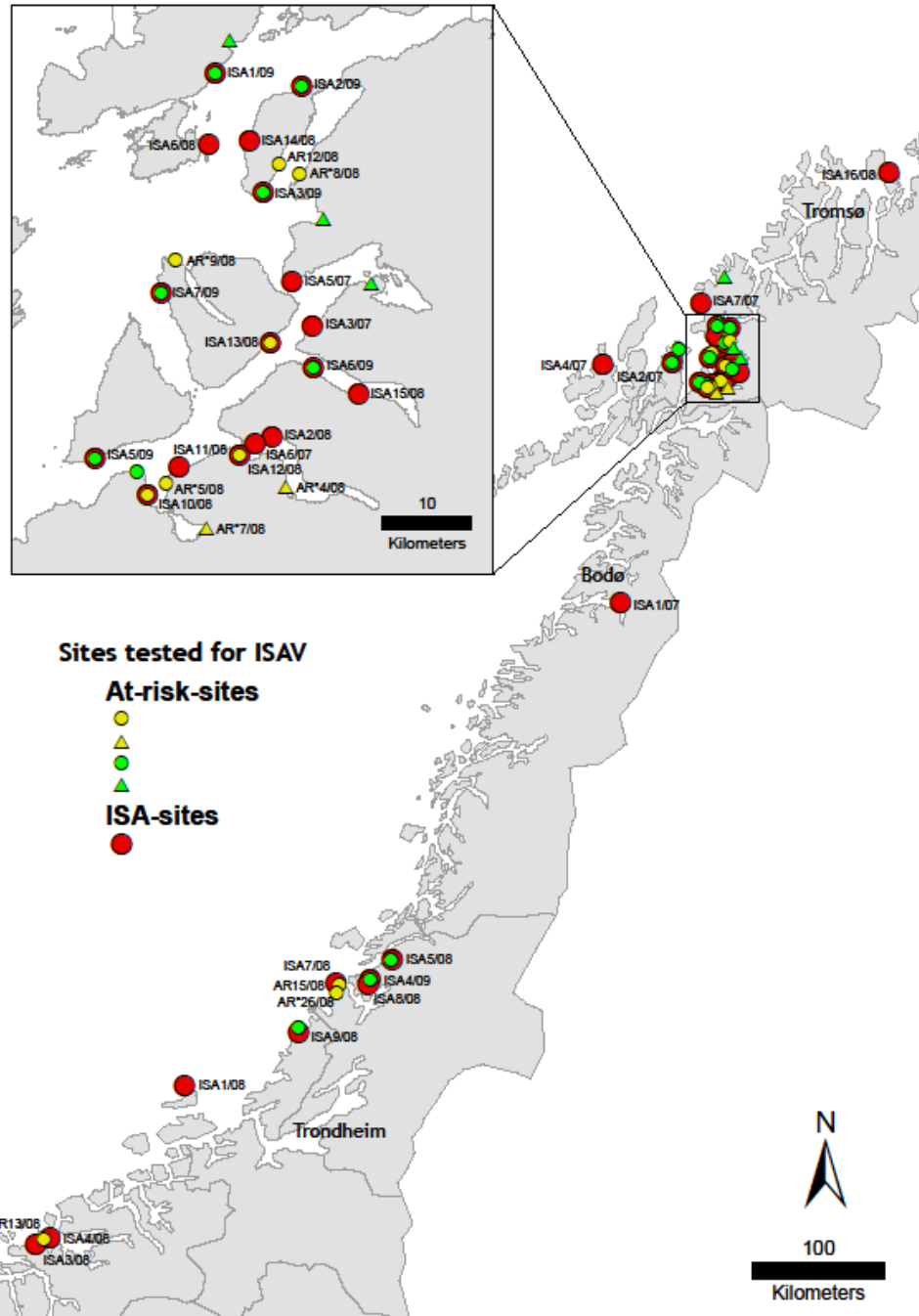
X_{ij} ~ forklaringsvariabel

Håndtering av avhengige data

- Våre data med par av lokaliteter er ikke uavhengige observasjoner
- Modellens forklaringsgrad og signifikante effekter ble evaluert ved hjelp av bootstrapping (Mantel test)



Resultat

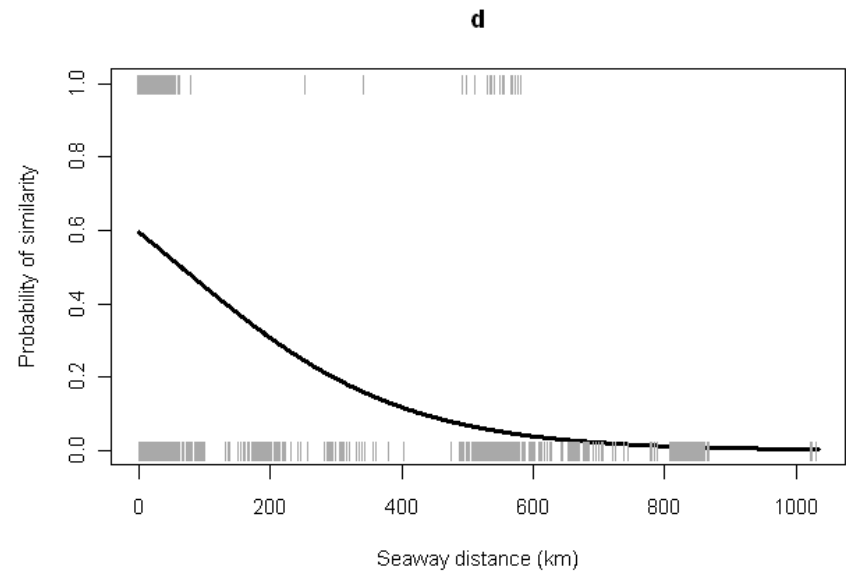
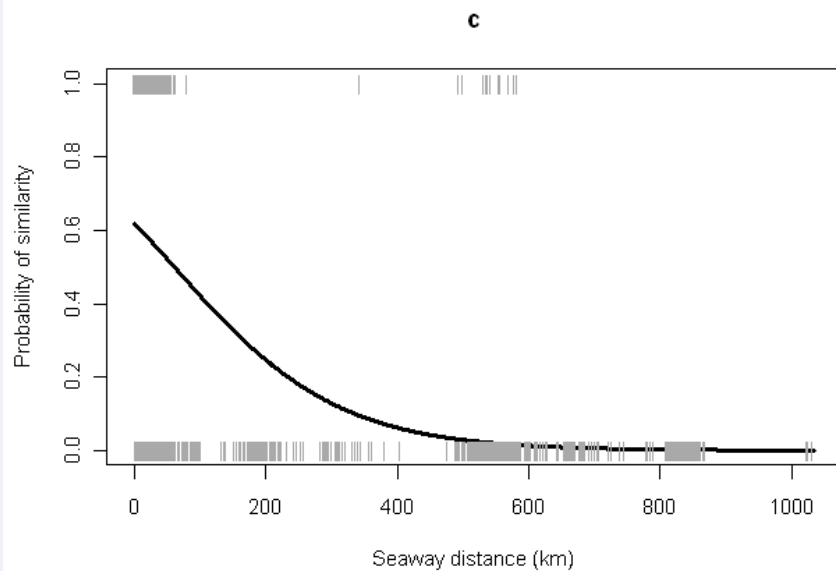
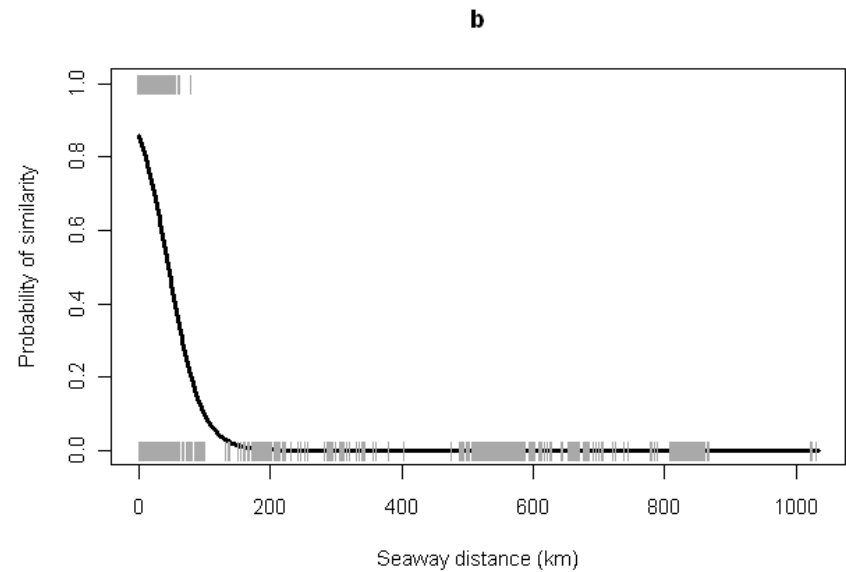
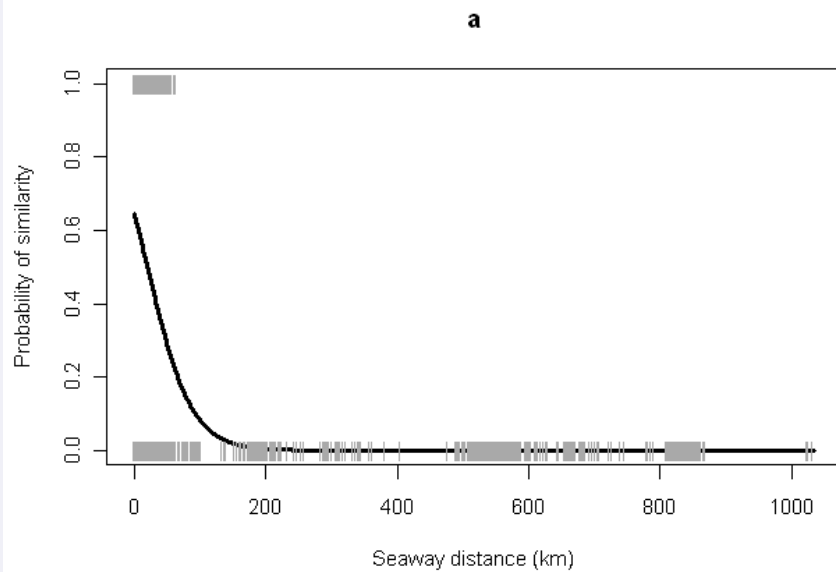


Univariat analyse

Risikofaktorer (Forklarings- variabler)	Nivå	Ulike n=571	Like n=209	p -verdi	AIC
Sjøavstand (km)	Gjennomsnitt	403	26	<0.001	448
	(5%, 95%)	(20, 844)	(5, 52)		
	σ	291	15		
Dager mellom positive prøver	Gjennomsnitt	229	260	0.05	907
	(5%, 95%)	(9, 542)	(7, 678)		
	σ	191	199		
Deler driftsoperasjoner	0	228	45	<0.001	802*
	1	282	148		
Deler settefiskleverandø r	0	463	146	<0.001	805*
	1	47	47		



Sensitivitet for slektskapskriteriet



Konklusjon

- Modellen viser at kort sjøavstand har størst forklaringskraft med hensyn til å forutsi slektskap mellom virus
- Forenelig med at ILA virus sprer seg mellom naboanlegg
- Forklarer ikke alle utbrudd



Takk til

Fiskeri og havbruksnæringens forskningsfond

Forskningsrådet ved Havbruksprogrammet

Mattilsynet for prøvetaking og innsamling av epidemiologisk informasjon

Kaia Haugbro og Elin Trettenes, Veterinærinstituttet Seksjon for virologi og serologi

Samarbeidspartnere: Siri Mjåland (FHI), Niels Jørgen Olesen og S Madsen (Danmark), Peter Østergård og Debes Christiansen (Færøyene), Magne Aldrin (Norsk Regnesentral)

