

Tracing viral disease dissemination in aquaculture: an interdisciplinary approach between molecular virology and dispersal modelling

Ingress/innledning

Fremveksten av det som kan betegnes som en lokal epidemi av Infeksiøs lakseanemi (ILA) i Troms har gitt nyttig kunnskap om spredning av ILA-virus. Et omfattende prøvetakingsprogram i tilknytning til denne epidemien, med genetisk karakterisering av ILA-virus funn, viser at smitte sprer seg mellom nærliggende lokaliteter.

Bakgrunn og mål

ILA er en smittsom og alvorlig sykdom for oppdrettslaks som forårsakes av ILA-virus. Praktisk talt alle lakseproduserende land har erfart større epidemier med ILA, med betydelige tap og reduksjon i produksjon som følge.

I Norge bekjempes ILA etter et relativt strengt regelverk som tar sikte på å fjerne smittekilder ved å fjerne ILA syke fisk og båndlegge smittede lokaliteter. Dette er fundert på tidligere erfaring for at lokaliteter som ligger nært til lokaliteter med ILA syke fisk, eller nært til slakterier, hadde større risiko for å bli smittet. Med andre ord, at ILA-virus smitter fra smittekilder med syke fisk eller annet kontaminert materiale til mottakelig fisk i nærområdene. De viktigste smitteveiene til ILA-virus blir imidlertid diskutert. Det har vært hevdet at ILA-viruset hovedsakelig smitter vertikalt fra foreldrefisk til avkom. Dersom dette er dominerende smittevei må ILA smitte først og fremst bekjempes i stamfiskpopulasjonene, mens eksisterende regelverk er lite hensiktsmessig.

Målet med dette prosjektet har vært å bruke slektskap mellom gensekvenser fra ILA-virus for å sannsynliggjøre ulike smitteveier for ILA-viruset. Slektskapsanalysene bygger på virus isolert fra norske bestander av oppdrettslaks innsamlet i perioden januar 2007 til august 2009. I denne perioden ble det stadfestet 30 utbrudd av ILA i Norge, og det ble i tillegg tatt prøver fra nærliggende lokaliteter til lokaliteter med ILA, til sammen 28 risikolokaliteter.

Resultater

Statistisk analyse av hvilke faktorer som forklarer nært slektskap mellom ulike ILA-virus viste at kort sjøavstand mellom lokaliteter der virus ble isolert har størst forklaringskraft. Det

var for eksempel en høy grad av likhet mellom arvestoffsekvenser fra ILA-virus isolert innen den lokale epidemien i Troms, noe som tyder på at smitten har spredd seg mellom disse lokalitetene. Vi fant også at ILA-virus var hyppig forekommende i fisk på risikolokalitetene, hvor en stor andel viste seg å være en variant av viruset som tydeligvis ikke fører til sykdom.

En mulig forklaring på hvordan ILA utbrudd oppstår er at varianter av ILA-viruset som i utgangspunktet ikke er forbundet med sykdom kan endre seg og bli sykdomsfremkallende. Avhengig av beliggenheten til den rammede lokaliteten og oppdrettsaktiviteten i nærområdet, kan en da få et enkeltstående utbrudd, eller en lokal epidemi der smitte sprer seg mellom naboanlegg. En slik dynamikk forklarer godt det utbruddsmønsteret av ILA vi har sett i Norge i de senere årene. Vi tror at det relativt lave antallet av ILA utbrudd som har vært registrert per år siden 1993 skyldes at myndighetene har iverksatt hensiktsmessige tiltak ved sykdomsutbrudd, det vil si tiltak som reduserer risiko for videre smittespredning i nærområdene. Det er imidlertid mange ILA utbrudd som ikke kan forklares gjennom smitte fra nærområdet, og videre forskningsaktivitet bør fokuseres mot varianten av ILA-virus som ikke er sykdomsfremkallende for å få økt kunnskap om hva infeksjon av denne varianten betyr med tanke på risiko for å få utbrudd av ILA.

Nytteverdi og anvendelse

Økt kunnskap og forståelse av ILA-virus dynamikk og smitteveier er viktige bidrag for at næring og forvaltning skal kunne iverksette effektive tiltak for å bekjempe spredning av ILA-virus. Dette prosjektet har vist at når fisk på en lokalitet får ILA, så øker risikoen for at nærliggende lokaliteter også blir smittet. Det er derfor viktig å opprettholde en bekjempelsesstrategi som tar sikte på å begrense lokal smittespredning.

Publikasjoner

Lyngstad TM, Hjortaas MJ, Kristoffersen AB, Markussen T, Karlsen ET, Jonassen CM, Jansen PA. Use of molecular epidemiology to trace transmission pathways for infectious salmon anaemia virus (ISAV) in Norwegian salmon farming. Accepted for publication in *Epidemics* 11 nov 2010.

Jansen PA, Lyngstad TM, Hjortaas MJ, Kristoffersen AB, Karlsen E, Johansen EJ. Bruk av slektskapsanalyser til sporing av spredningsveier for infeksjøs lakseanemi (ILA)virus. *Norsk fiskeoppdrett* 8 (2009).

