

Sluttrapport

Spreiing av lakselus, FHF-prosjekt 901108

Frank Nilsen



1 Samandrag

Smitte av dei 2 anlegga gjekk etter planen men med færre copepodittar enn planlagt. Ved første prøveuttak var det klart at påslag med LsAlta-lus var særst lågt på Oterstegdalen (2% påslag) medan Kelvesteinen synte eit godt påslag med 43% suksess omlag 30 dagar etter smitte. Ein mulig grunn til lågt påslag ved Oterstegdalen er predasjon grunna store mengder ribbemaneter ved smittetidspunkt. Prøveuttak i andre anlegg i Herdlafjorden viste låge lusenivå på alle lokalitetar og ein fekk samla inn langt færre lakselus enn planlagt. SNP genotyping indikerte funn av LsAlta på andre lokalitetar men dette vart ikkje stadfesta ved validering med mikrosatellitt-genotyping. Det vart ikkje funne LsAlta i nabomerd til poda merd på Kelvestein noko som kan indikere lav sjølvsmitte sjølv om modellering i det aktuelle tidsrommet peika på at sjølvsmitte skulle vera viktig.

Metoden nytta her kan vera eit viktig verktøy til vallidering av spreingsmodellar og forstå smitte i og mellom anlegg. Ein har og klare indikasjonar på at predasjon av luselarver er viktig når ein skal berekne smittepress. Resultata tyder på at det var låg grad av sjølvsmitte ved anlegget Kelvesteinen i den aktuelle perioden.

Infection of the two farms were conducted in accordance with the plans. First sampling showed low infection by LsAlta at Oterstegdalen (2 %) where as 43 % infection success was estimated at Kelvesteinen 30 days post challenge. The low infection success at Oterstegdalen may be due to large amount of small jellyfish during infection that may have been feeding on lice larvae. Sampling in the Hjeltefjorden area showed low lice levels throughout the experimental period and we were not able to obtain the number of lice given in the project description. The SNP-genotyping indicated presence of LsAlta at other farms but this could not be confirmed by the microsatellite genotyping. At Kelvesteinen one neighbor pen was sampled for lice and genotyped but no LsAlta was found indicating low level of “farm-self infection”.

The applied method has the potential to become an important tool for obtaining new knowledge about salmon louse dispersion between farms and in the environment. There is indications that predation may be of importance for lice larvae abundance and should be considered when calculating infection pressures.

2 Innleiing og bakgrunn for prosjektet

Tilpassing til eit liv på ein vert med låg og variabel tetthet har mellom anna ført til at lakselus har utvikla spesielle planktoniske spreingsstadium som sikrar infeksjon av ny vert. I tillegg får ein stor spreing når lakselus sit på ein vert som vandrar over store avstandar slik villaksen gjer. Lakselus reproduserer seg kontinuerleg og ved 10C vil nye egg bli befrukta kvar 10. dag. Dei eggproduserande hoene lever lenge (minst 455 dagar i laboratorium) (Hamre et al 2009) og sikrar dermed larveproduksjon over lang tid.

Kunnskap om spreing av lakselus er viktig for god lusekontroll. Eit tiltak i denne samanhengen har vore å etablere ulike typar modellar som kan berekne smittespreing. To hovudtypar modellar er under uttesting - der den eine typen inkluderar hydrodynamisk modellering (Asplin et al 2014) for å berekne smittespreing, og ein avstandsbasert modell (Aldrin et al 2013) for spreing av lakselus. Felles er ein populasjonsdynamisk modell som estimerer reproduksjon (egg, larver) og overleving av lakseluslarvar i spreingsfasen.

Validering av modellane er viktig og feltstudiar/feltforsøk kan gi uavhengige og robuste data som kan nyttast til å auke kunnskapen om korleis lakselus vert spreidd. Med få unntak veit ein ikkje i dag sikkert kven som smittar kven og i kor stor grad eit oppdrettsanlegg smittar seg sjølv. Sporing av lakselus frå ulike smittekjelder vil kunne gi nøyaktige data på spreingsmønster, men fram til no har ein ikkje hatt metodar til å gjere dette i felt. Tradisjonell populasjongs-genetikk kan ikkje nyttast då ein har stor variasjon i nøytrale genetiske markørar (dvs markørar som ikkje er under seleksjon) over store geografiske områder, og det har ikkje vore mogeleg å skilje lakselus frå ulike delar av Atlanterhavet genetisk (Besnier et al 2015). Etablering av gode metodar for å halde lakselus i laboratorium opnar opp for at ein kan etablere lusestammer som har ein unik genetisk signatur som kan sporast. Forsøk med dette er gjort i laboratorium der ein har smitta laks med copepodittar frå ulike lusestammer i same kar, for så å samanlikna overleving av stammene basert på genotyping. Ei vidareføring av dette er å nytte genetisk sporbar lakselus i feltforsøk. Det er fleire utfordringar med ei slik tilnærming der forsøk må utførast for å teste kva som fungerer. Eit sentral spørsmål er kor mange sporbare lus ein må nytte for å unngå at utsett lus «drukner» i forhold til anna lus og vert «umogeleg» å finne igjen. Ein måte å gjere dette på, er å smitte ein eller fleire merdar i ordinære oppdrettsanlegg rett etter at ny fisk er sett ut og la desse vekse opp og sidan spore larvane som vert produsert. Dette er ein omfattande prosess, og ein treng store mengder med copepodittar for å få til ei oppsmittning (poding) som kan påvisast og sporast. Bortsett frå eit lite pilotforsøk i 2014 er det så lang ein kjenner til ikkje gjort noko liknande tidlegare.

Prosjektorganisering:

Prosjektet er gjennomført som et prosjekt knytt til Sea Lice Research Centre med Universitetet i Bergen som kontraktspart. Prosjektet er gjennomført i tett samarbeid med Havforskningsinstituttet, Veterinærinstituttet, Lerøy Seafood Group ASA, Marine Harvest ASA, BoLaks AS. Professor Frank Nilsen, UiB/ direktør ved SLRC har vore leiar for prosjektet. Prosjektet har vore utgangspunkt for ei masteroppgåve til Roar Leksen.

Styringsgruppa for prosjektet har vore: Hans Olav Djupvik (BoLaks), Marit Stormoen (Marine Harvest), Bjarne Reinert (Lerøy Seafood group), Frank Nilsen (UiB/SLRC). Desse har hatt tett dialog om utviklinga undervegs i prosjektet.

Omfang av prosjektet: Prosjektet vart sett i verk 01.01.2015, og dei fyrste lusa vart sett ut i april 2015 .Forsøket vart avslutta oktober i 2016 og tida etter har vore nytta til analysar og resultat og blant anna brukt i Leksen si masteroppgåve.

3 Problemstilling og formål

Målsetjinga med prosjekter er å smitte opp (poda) ein merd (kommersiell storleik) med fisk på to ulike lokalitetar med genetisk sporbar lakselus. Ein vil måle smittesuksess ved prøvetaking og genotyping i merdar med poda lakselus. Dersom oppsmittning er vellykka, vil ein ta prøvar frå andre oppdrettsanlegg i nærområdet for å sjå om ein kan finne avkom til poda lakselus. Til sist vil ein modellere spreining av poda lakselus i området og sjå i kor stor grad det er samsvar med funna frå felt. Etablering av feltmetodikk til sporing av lakselus vil vera eit viktig bidrag til å forstå smittevegar for lakselus og kan bidra til forbetringar i spreingsmodellar. Dette kan til dømes nyttast til meir optimal plassering av anlegg i forhold til kvarandre og vandringsruter for villfisk.

4 Prosjektgjennomføring

Material og metodar

Produksjon av copepodittar frå LsAlta

Produksjon av fleire hundretusen copepodittar krev nøye planlegging. Produksjonen vart gjort i 2 fasar der LsAlta copepodittar fyrst vart produsert til å smitte opp 450 laks for å gi omlag 1500 holus som erfaringsmessig vil gi minst 500.000 copepodittar. Metodikk som er nytta i samband med produksjon av copepodittar i laboratorium er gitt i Hamre et al (2009).

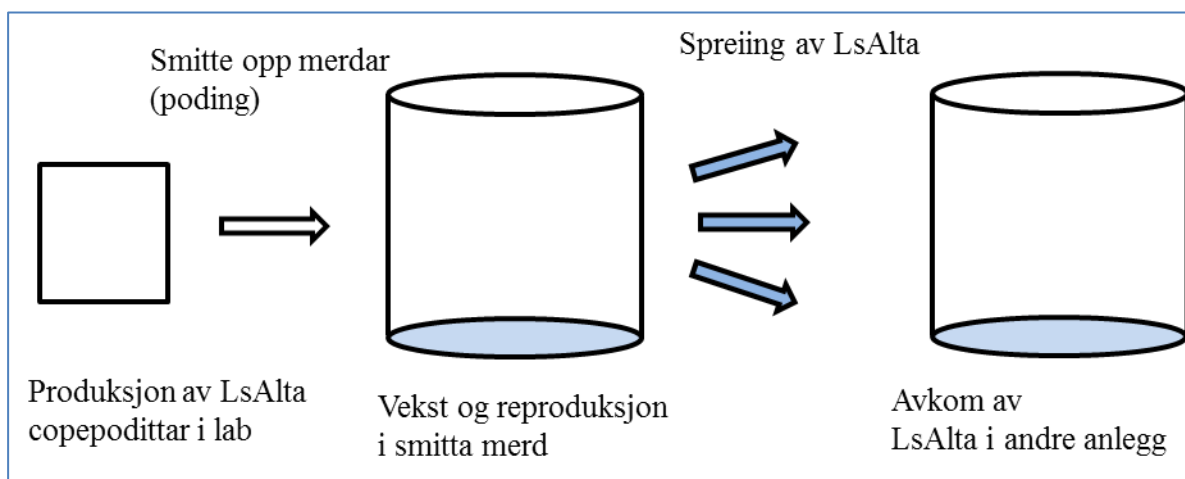
Ein fekk lågare utbytte med copepodittar enn det som var planlagt etter hausting, og ho-lus vart sett tilbake på fisken for å hauste eggstrenger to gonger. Totalt vart det produsert 387000 copepodittar som vart nytta til å smitte (pode) opp dei to merdane. Copepodittane vart fordelt i 2L plastposar (8000-8500/pose) og transportert på is til anlegga. Om lag 1 time før smitte vart alle copepodittane overført til eit 250 L kar for akklimatisering.

Smitte av merd i oppdrettsanleggEit lite pilotprosjekt på smitte av laks i kommersiell oppdrettsmerd vart gjennomført i 2014 slik at ein hadde noko erfaring å byggje på. Smitting vart gjort ved at ein nytta heildekkande presenning (tarpaulin) rund merdane. For å sikre jamn fordeling av copepodittar i merdane vart porsjonar med 5 L tatt ut av akklimatiseringskaret og fordelt i heile merden. Dette vart gjort ved hjelp av ein liten gummibåt. Merdane var dekkja med tarpaulin i 20 timar (frå kl 12:00 til 08:00) og oksygen vart tilsett for å sikre ei metting på 80-100%. Fisken vart ikkje fora i denne perioden.

Gjennomføring av prosjektet

På Oterstegdalen (BoLaks) vart ein merd med 199.900 laks smitta med 270.000 copepodittar (1,35 copepodittar/fisk) 22.04. 2015. Smittinga gjekk etter planen og det vart observert auka hoppeaktivitet på fisken etter at copepodittane vart sett ut. Det vart observert store mengder med små maneter (ribbemaneter) i sjøen på smittetidspunkt. Det vart nytta luseskjørt på denne lokaliteten i 3 veker etter smitte.

På Kelvesteinen (Lerøy ASA) vart ein merd 195.000 fisk smitta med 117.000 copepodittar (0,6 copepodittar/fisk) 04.05.2015. Smitteprosessen gjekk som planlagt og det vart observert auka hoppefrekvens i merden. Ved fiskeutsett vart det nytta reinsefisk (rognkjeks) i poda merd etter smitte vart denne fiska ut så godt som mogeleg.



Figur 1. Oversikt over dei ulike stega i spreiforsøket med lakselus. Det vart tatt prøvar for genetiske analysar av foreldre og søsken til lus som vart nytta til å smitte opp merdane. I tillegg vart det tatt prøvar for genetiske analysar av lus i podingsmerdane om lag 30 dagar etter smitte for å måle smittesuksessen. Det vart og samla inn lus frå ein nabomerd (same lokalitet) og frå nabolokalitetar for genetiske undersøkingar.

Genotyping og påvising av poda LsAlta

LsAlta er ei lab-stamme som er fult sensitiv mot alle legemiddel som er i bruk. I eit tidlegare studium vart det identifisert SNPar («singel nucleotid polymorphisms») som skiller LsAlta frå dei 7 andre lab-stammene ved SLRC og ein etablerte to SNP-assays som identifiserer LsAlta frå dei andre stammene. I tillegg vart det gjort vallidering av SNP-genotypinga ved at ein nytta eit sett på 16 mikrosatellittar (Glover et al 2011) på det same materialet. For å sikre høg sjanse for å påvise LsAlta i poda merd vart det tatt prøvar omlag 30 dagar etter smitte. Poda lus skal då vera pre-adult II (hoer) og pre-adult II/adult for hannane. Ein kan då sortere lus som ein finn på fisken og ta utgangspunkt i lus som er av «rett alder» ved genotyping. Denne tilnærminga sikrar at ein får eit godt tal på kor mange reproduserande LsAlta lus ein har i poda merd.

Prøvetaking for å påvise eventuelle avkom etter LsAlta vart gjort med utgangspunkt i når poda lus produserte larvar og ein måned framover. Avkom frå LsAlta vil vera mulig å påvise i prøvar tatt 103 DPI eller seinare (Tabell 1, Tabell 2).

Tabell 1. Oversikt over datoar for prøvetaking i anlegg i Hjeltefjorden. Kelvesteinen merd 2 vart poda med LsAlta. DPI= dagar etter smitte.

Prøve	Lokalitet	Merd nr.	Dato for prøve	DPI	Døgngrader
1	Kelvesteinen	2	03.06.2015	29	256
6	Kelvesteinen	2	07.07.2015	62	601
7	Kelvesteinen	2	27.07.2015	82	834
8	Kelvesteinen	1	07.07.2015	62	601
9	Kelvesteinen	1	17.08.2015	103	1114
10	Kelvesteinen	1	24.08.2015	110	1211
11	Gårdskråneset	Alle	24.08.2015	110	1211
14	Syrtangen	Alle	24.08.2015	110	1211
15	Rognøy	Alle	24.08.2015	110	1211
16	Rognøy	Alle	31.08.2015	117	1290
17	Ljøsøyen	Alle	24.08.2015	110	1211
18	Sauøy	Alle	17.08.2015	103	1114
19	Sauøy	Alle	24.08.2015	110	1211
20	Storoksen	Alle	24.08.2015	110	1211
21	Storoksen	Alle	17.08.2015	103	1114

Tabell 2. Oversikt over datoar for prøvetaking frå Oterstegdalen. Merd 2 vart poda med LsAlta. DPI = dagar etter smitte.

Prøve	Lokalitet	Merd nr.	Dato for prøve	DPI	Døgngrader
2	Oterstegdalen	2	26.05.2015	34	303
3	Oterstegdalen	2	20.07.2015	89	747
4	Oterstegdalen	2	27.07.2015	96	1001
5	Oterstegdalen	3	05.06.2015	44	400

5 Resultat for prosjektet

Det var planlagt å samle inn minst 30, helst 50 lakselus frå dei poda merdane. I prøvar frå andre anlegg var planen minimum 100 lakselus. Totalt 1911 laks vart undersøkt for lakselus og det vart funne 318 lakselus som med unntak av 1 lus alle var pre-adult eller adult. Prevalens på den undersøkte fisken var 16,6% , med ein abundans på 0,16 lus/fisk noko som må seiast å vera

lågt. Sjølv om tidlege livsstadium lett kan oversjåast viser resultatata lågt påslag med lakselus i perioden feltforsøket vart gjennomført.

Validering av LsAlta genotyping

Foreldre (47 individ) og søsken (47 individ) frå populasjonen av LsAlta som vart nytta til smitting vart brukt som positiv kontroll i genotyping. I tillegg vart 96 lakselus samla inn i 15.05.2014 nytta som negativ kontroll. Sidan ein nytta 2 LsAlta-spesifikke markørar (som er 100% treffsikker mot våre lab-stammer) er det mulig at desse markørane finnest blant ville lakselus. Genotyping av foreldre og søsken gav 100% treff (dvs alle vart genotypa som LsAlta). Genotyping av 96 lakselus frå felt gav 4 individ med LsAlta genotype. Dette indikerar ein «falsk positiv» rate på 4,2 %. Det vart i tillegg gjort validering med mikrosatellittar (sjå nedanfor).

Prøvetaking og genotyping i poda merdar

Ved Oterstegdalen vart det tatt ut fisk 34 dagar etter smitte (DPI) (Tabell 2, Tabell 3). Det var svært lite lus på fisken og 285 fisk vart tatt opp. 22 lakselus vart påvist noko som gjev ein abundans på 0,08 lus/fisk. Poda lus er på dette tidspunktet pre-adult og 13 av 22 lus var pre-adult. Genotyping viste at 8 av 13 lus er LsAlta (sjå Tabell 3). Påslaget var særst dårleg med 2% suksess ifrå copepoditt til pre-adult lus.

Tabell 3. Viser smitte og første prøve for dei to ulike lokalitetane. N fisk, er talet på fisk i merden ved utsett, N cop, er talet på copepodittar som vart nytta i smitte, N lus er talet på pre-adult lus ved første uttak. Siste kolonne gir eit estimat av kor mange LsAlta det er i merden ved første prøveuttak. Det vart tatt ut 285 fisk ved Oterstegdalen og 69 ved Kelvesteinen.

	Smitte dato	N fisk	N cop	Prøve I	N lus	N LsAlta	Σ LsAlta
Oterstegdalen	22.04.15	199900	270000	26.05.2015	13	8	5611
Kelvesteinen	04.05.15	195000	117000	03.06.2015	44	18	50870

Første uttak på Kelvesteinen var 03.06.2015 (29 DPI). Her var det langt fleire lus og total 44 pre-adult lus vart funne på 69 fisk noko som gir ein abundans på 0,64. Genotypinga viste at 18 var LsAlta som gir 43% suksess ifrå copepoditt til pre-adult (Tabell 3).

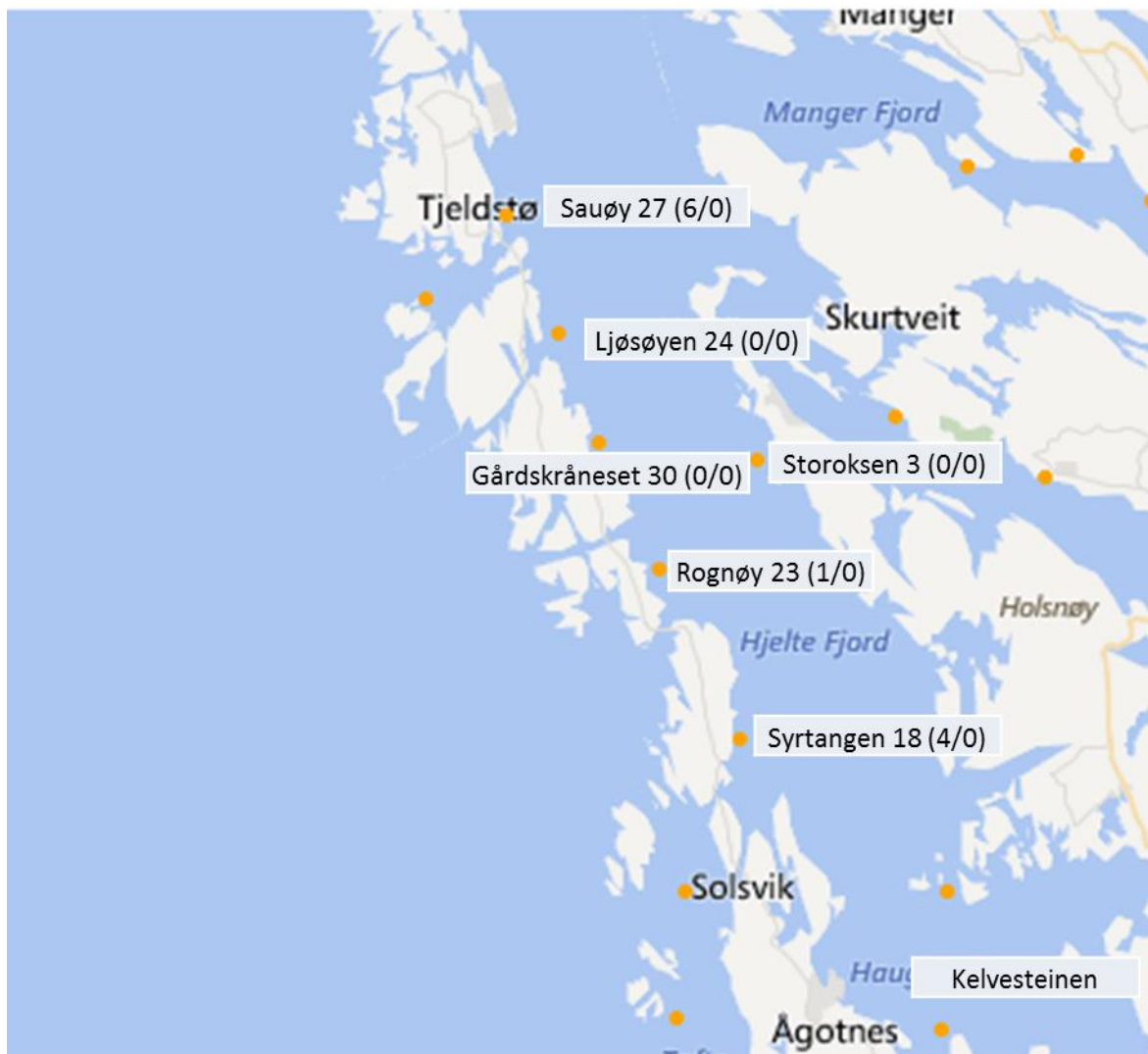
Basert på desse funna vart det bestemt av ein berre går vidare med undersøkingar på Kelvesteinen.

Tabell 4. Gir ein oversikt over lakselus samla inn frå Kelvesteinen og frå andre anlegg i Hjeltefjordområdet. DPI = dagar etter smitte, Ab= abundans (lus/fisk der negativ fisk er inkludert). * = poda merd

Lokalitet	Merd nr.	Dato	N fisk	Pre-ad I	Pre-ad II	Adult	Sum lus	DPI	Ab
Kelvesteinen	2*	03.06.2015	69	14	19	10	43	29	0,62
Kelvesteinen	2*	07.07.2015	100	2	11	11	24	62	0,24
Kelvesteinen	2*	27.07.2015	100	2	4	41	47	82	0,47
Kelvesteinen	1	07.07.2015	103	7	15	17	39	62	0,38
Kelvesteinen	1	17.08.2015	64	1	0	13	14	103	0,22
Kelvesteinen	1	24.08.2015	20	1	2	4	7	110	0,35
Gårdskråneset	Alle	24.08.2015	60	5	19	6	30	110	0,50
Syrtangen	Alle	24.08.2015	40	2	10	6	18	110	0,45
Rognøy	Alle	24.08.2015	160	2	2	1	5	110	0,03
Rognøy	Alle	31.08.2015	160	1	3	14	18	117	0,11
Ljøsøyen	Alle	24.08.2015	50	5	9	9	23	110	0,46
Sauøy	Alle	17.08.2015	80	5	4	4	13	103	0,16
Sauøy	Alle	24.08.2015	80	0	4	10	14	110	0,18
Storoksen	Alle	24.08.2015	100	1	0	0	1	110	0,01
Storoksen	Alle	17.08.2015	100	1	0	1	2	103	0,02
Totalt			1286	49	102	147	298		

Prøvetaking på andre lokalitetar i Hjeltefjorden

Det vart tatt prøvar av lakselus frå fleire ulike lokalitetar i Hjeltefjorden (sjå Figur 1, Tabell 1, Tabell 4) for å påvise avkom frå LsAlta som vart poda ved Kelvesteinen. Det var særleg lite lus i området og det vart funne 125 lakselus fordelt på 830 fisk på desse lokalitetane (Tabell 4). Alle lakselus vart SNP-genotypa og 11 (8%) vart identifisert til LsAlta, justert for falske positive gir det 10,5 LsAlta. Figur 1 viser kor mange lakselus ein fekk samla inn på dei ulike lokalitetane i Hjeltefjorden og kor mange som vart genotypa til LsAlta (tal i parentes).



Figur 1. Kart over Hjeltefjorden der Kelvestein (nedst til høyre) er lokalisert. Lokalitetar der ein henta prøvar frå er vist med namn og talet på lus som vart henta inn er gitt. Talet i parentes er talet på lus SNP/mikrosatellitt genotypa til LsAlta.

Undersøking av andre merdar på Kelvesteinen

Det vart tatt prøvar frå ein merd som ikkje var poda med LsAlta ved Kelvesteinen for å sjå på sjølvsmitte på tre ulike tidspunkt (07.07., 17.08. og 24.08.). Det vart samla inn 60 lakselus frå 187 laks (abundans = 0,32 lus/fisk). Ingen av desse vart genotypa til LsAlta (Tabell 4).

Validering av SNP-genotyping vart gjort med 16 mikrosatellittar på det same materialet. Valideringa viste at genotypinga i dei poda merdane hadde fullt samsvar mellom dei to metodane (tabell 5), Valideringa av lus samla inn frå andre lokalitetar gav ingen samsvar mellom dei to metodane (Tabell 6) og indikerer at dei positive prøvane basert på SNP-genotyping er falske positive.

Tabell 5. Validering av SNP-genotyping med mikrosatellitt genotyping (MS) i dei to poda merdane.

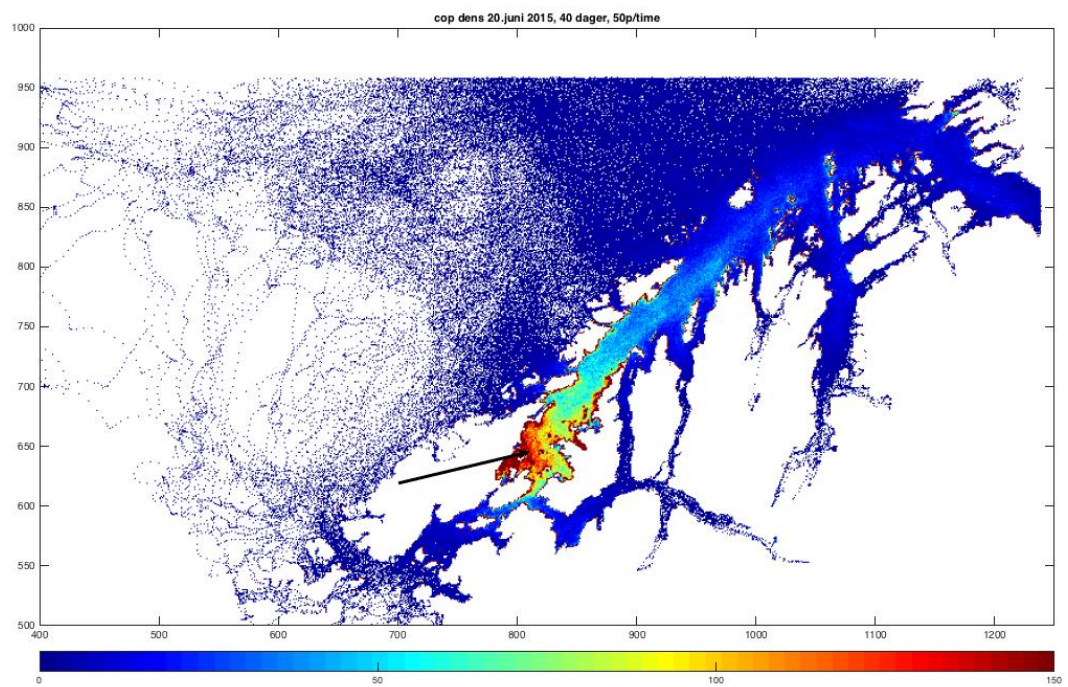
Lokalitet	Merd nr.	N Fisk	DPI	Lus totalt	% LsAlta SNP	% LsAlta MS
Oterstegdalen	2	285	34	11	72,7	72,7
Kelvesteinen	2	69	29	41	36,3	34,7

Figur 6. Validering av SNP-genotyping med mikrosatellitt genotyping (MS) i andre lokalitetar i Hjeltefjorden.

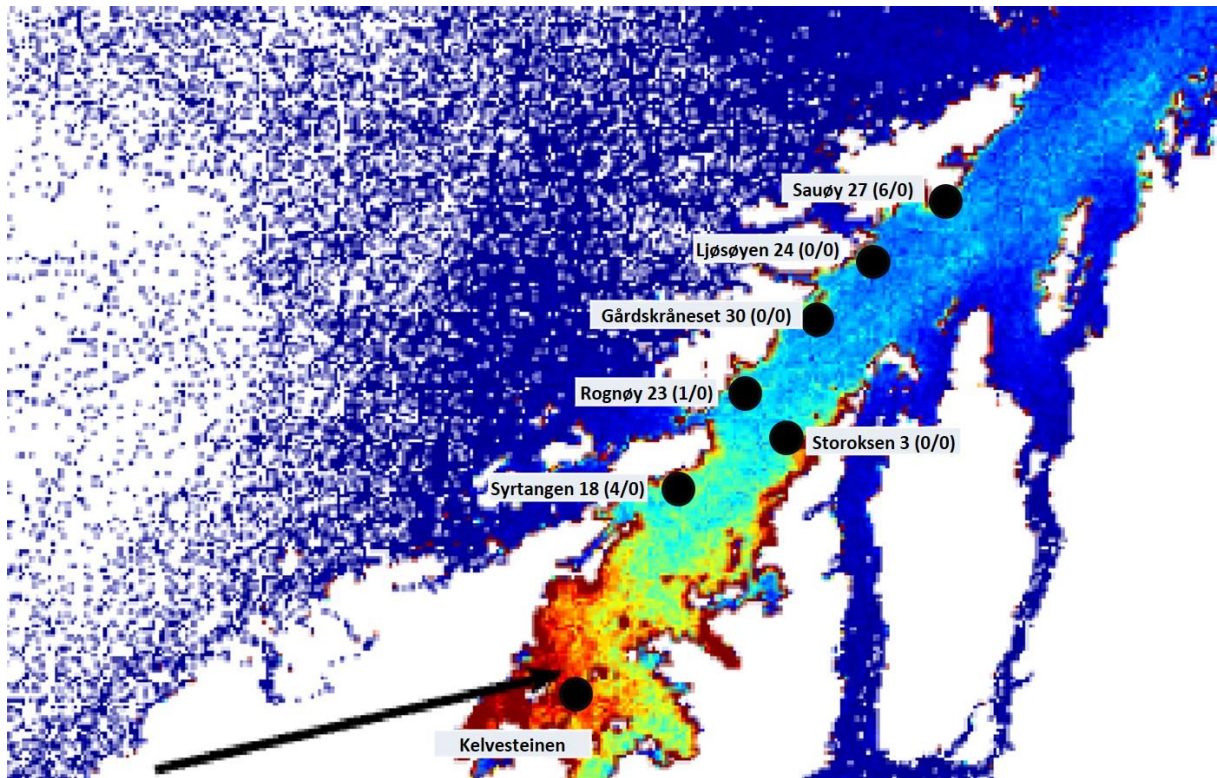
Lokalitet	Dato	N Fisk	Lus totalt	LsAlta SNP	LsAlta MS
Gårdskråneset	240815	60	30	2	0
Syrtangen	240815	40	18	4	0
Rognøy	240815	160	5	0	0
Rognøy	310815	160	18	1	0
Ljøsøy Ø	240815	50	24	0	0
Sauøy	170815	80	13	3	0
Sauøy	240815	80	14	3	0
Storoksen	240815	100	1	0	0
Storoksen	170815	100	2	0	0

Modellering av smittespreiing i Hjeltefjordområdet

Basert på genotyping og eit estimert tal med LsAlta i poda merd på Kelvesteinen vart det sett opp eit scenario der 20.000 LsAlta hoer reproduserer frå 20.06.15 til 1.8.2015. Med dette som utgangspunkt vart spreiiing modellert med ein hydrodynamisk modell (Asplin et al 2014) og ein populasjonsmodell (Aldrin et al 2013). Figur 2 viser spreiiing basert på hydrodynamisk modellering. Hovuddelen av copepoditt-transport er i nordleg retning med auka konsentrasjon langs land på begge sider av fjorden. Modelleringa viser størst konsentrasjon med copepodittar nært anlegget på Kelvesteinen noko som indikerer stor grad av sjølvsmitte (Figur 2, Figur 3).

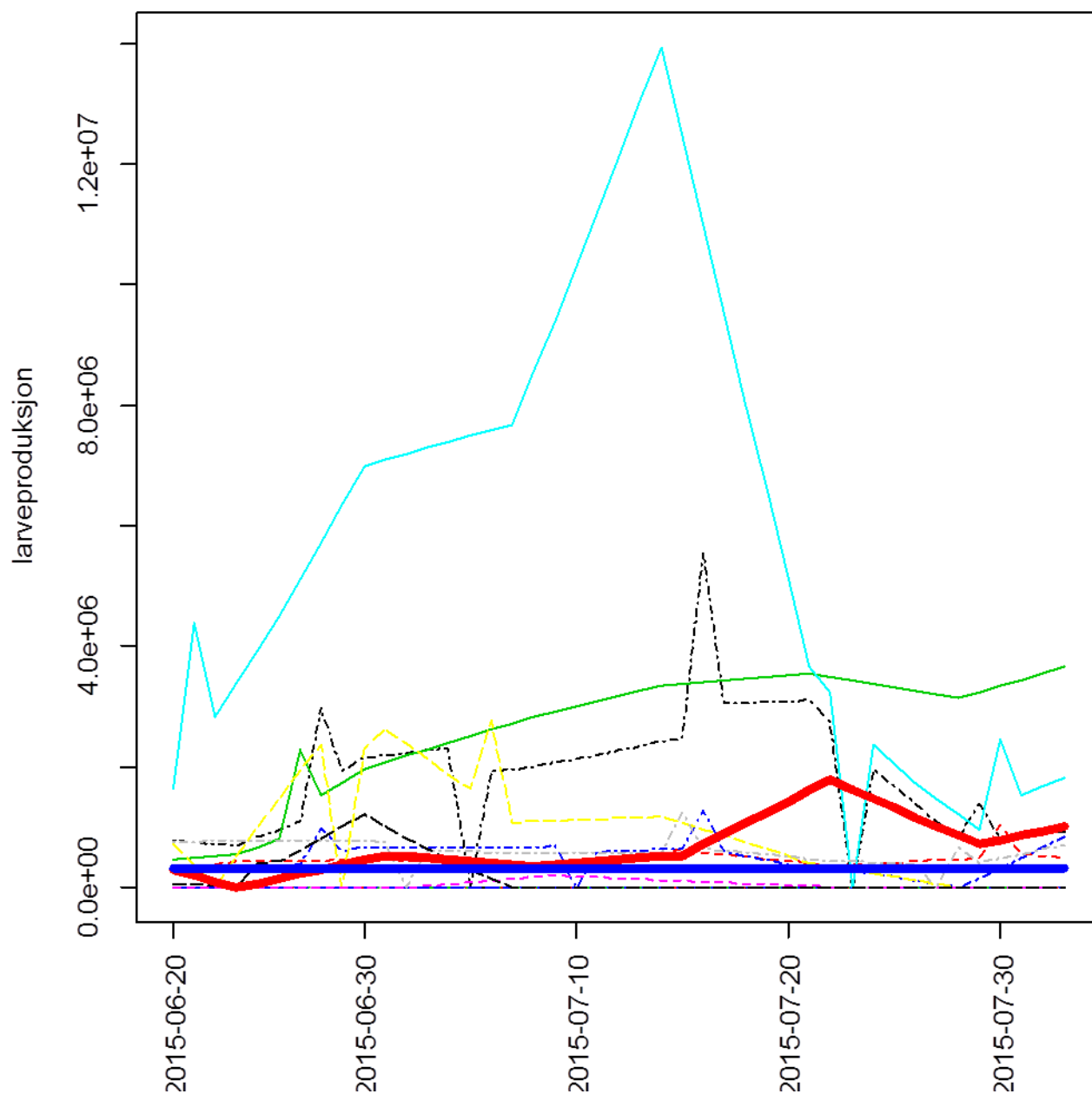


Figur 2. Viser spreing av copepodittar frå LsAlta frå Kelvesteinen (pil) basert på hydrodynamisk modellering med 160m-gridd.



Figur 3. Utsnitt og forstørring av hydrodynamisk modelldata der lokalitetar med prøvetaking er lagt inn. Tala viser kor mange lus som vart SNP/mikrosatellitt genotypa til LsAlta i parentes.

Den andre modellen (Aldrin et al 2013) viser at proporsjonen med LsAlta frå Kelvesteinen er svært låg (sjå Figur 4) og ein skal ikkje forvente å finne dei igjen. Denne modellen predikerar stor grad av sjølvsmitte i anlegg.



Figur 4. Viser produksjon av luselarver innan for eit område på 20 km sjøavstand frå Kelvesteinen. Tjukk blå linje viser larveproduksjon frå 20.000 LsAlta på Kelvesteinen medan rød tjukk linje er modellert produksjon frå Kelvesteinen (poda og anna lus). Øvrige linjer viser produksjon av larver frå andre lokalitetar.

Konklusjonar

Prosjektet har gitt vellykka smitte av merdar på kommersiell storleik med genetisk sporbar lakselus. Metodikken kan vidareutviklast og nyttast til framtidige studiar av spreiding av lakselus.

Ved genotyping av lakselus frå andre anlegg i Hjeltefjorden var det ikkje samsvar mellom SNP og mikrosatellitt markørane. Med berre to SNP-markørar er det å venta ein del falske positive. Validering av SNP-markørane viste ingen falske negative men om lag 10% falske positive. I framtidige studiar må ein utvikle fleire SNP markørar som vil sikre rask og sikker påvisning.

Ved Oterstegdalen var det lav smitte suksess med berre om lag 2% mot 40% på Kelvesteinen. Det vart observert store mengder ribbemaneter i sjøen under smitte ved Oterstegdalen og predasjon kan vera ein årsak til redusert suksess av copepodittane. Om dette stemmer betyr det at høge konsentrasjonar av zooplankton kan påverke mengden av luselarvar. Ein annan faktor som kan ha påverka overleving av copepodittar ved Oterstegdalen er bruk av skjørt dei første vekene etter smitte. Skjørt kan føre til redusert O₂ nivå som kanskje kan redusere overleving av luselarver.

Det vart ikkje funne LsAlta i den andre undersøkte merden på Kelvesteinen og der hadde ein relativt mange lakselus. Begge modellane indikerte at sjølvsmitte var viktig i det aktuelle tidsrommet. Sjølv om berre ein merd vart undersøkt indikerer resultatata at sjølvsmitte av eige anlegg er lavt.

Særs lågt lusenivå i Hjeltefjorden i 2015 gjorde det vanskeleg å få tak i nok lakselus på dei ulike anlegga. Dette er truleg in hovudgrunn til at ein ikkje fann LsAlta på andre lokalitetar. Det er og mogleg at reproduksjon av LsAlta ved Kelvesteinen var lågare enn berekna noko som vil gi liten frekvens av LsAlta i området.

6. Levaransar

Masteroppgåve:

Roar Leksen (2016). Tracable lice strain of *Lepeophtheirus salmonis* (Krøyer 1837) as a tool for studying lice dispersal. Master of Science thesis. Department of Biology, University of Bergen.

Samandrag av resultat vil bli presentert i SLRC årsrapport for 2016.

Resultata vil også bli presentert i relevante foredrag.

Referansar

Aldrin, M., Storvik, B.; Kristoffersen, AB; Jansen, PA. (2013). Space-Time Modelling of the Spread of Salmon Lice between and within Norwegian Marine Salmon Farms. PLOS ONE, 8 (6) e64039

Asplin, L.; Johnsen, IA; Sandvik, AD; Albretsen, J; Sundfjord, V; Aure, J; Boxaspen, KK. (2014). Dispersion of salmon lice in the Hardangerfjord. Marine Biology Research, 10 (3): 216-225

Hamre, L., Glover, K. & Nilsen, F. (2009) Establishment and characterisation of salmon louse (*Lepeophtheirus salmonis*) laboratory strains. Parasitology International 58: 451-460