

Rapport

Miljøkrav for god fiskevelferd og fiskehelse i lukkede merder i sjø (BIOCLOSED)

Forfattere:

Pascal Klebert, Stine Wiborg Dahle, Arve Nilsen, Marit Stormoen, Cecilie Sviland Walde, Thomais Tsouila, Julie Svendsen, Su Biao, Haitham Tartor, Bjarne Kvæstad

Rapport nr:

2026-00187

Oppdragsgiver :

FHF - Fiskeri- og havbruksnæringens forskningsfinansiering



Miljøkrav for god fiskevelferd og fiskehelse i lukkede merder i sjø (BIOCLOSED)

KEYWORDS

FLO
Hydrodynamikk
Mikrobiell vannkvalitet
Fiskeatferd
Fiskevelferd
Fiskehelse
Helseøkonomi

VERSJON

1

DATO

2026-03-31

FORFATTERE

Pascal Klebert, Stine Wiborg Dahle, Arve Nilsen, Marit Stormoen, Cecilie Sviland Walde, Thomais Tsouila, Julie Svendsen, Su Biao, Haitham Tartor, Bjarne Kvæstad

OPPDRAKSGIVER

FHF - Fiskeri- og havbruksnæringens forskningsfinansiering

REFERANSE

FHF 901906

PROSJEKT NR.

302008033

ANTALL SIDER

74

OPPSUMMERING

Hovedmålet med prosjektet var å dokumentere hvordan ulike fisketettheter og fiskestørrelser i flytende lukket oppdrettsteknologi (FLO) påvirker hydrodynamikk, vannkvalitet, fiskehelse og -velferd gjennom en produksjonssyklus av atlantisk laks. Undersøkelsene ble gjort i et kommersielt anlegg med fire merder med lav tetthet (32 kg/m³) og fire med høy tetthet (48 kg/m³). Studien viste at tetthet ikke hadde vesentlig betydning for atferd, bakteriekonsentrasjon, bakteriedynamikk, fiskehelse eller velferd. Laksen samlet seg nær overflaten om natten og fordelte seg dypere på dagtid. Inntaksvann påvirket mikrobiotasammensetningen, der både inntakssted og utløpsvann kan spille en rolle. Dødeligheten var svært lav i alle merder (0.44–1.2 %), til tross for påvisning av SGPV, PRV-1 og *Moritella viscosa* med tilhørende vevskader og kliniske symptomer. Resultatene tyder på at fisken tåler sykdomsutbrudd godt så lenge man unngår håndtering og avlusing i samme periode. Den helseøkonomiske analysen viste at tilvekst og salgspris var de viktigste driverne for positivt økonomisk resultat.

UTARBEIDET AV

Pascal Klebert

SIGNATUR

KONTROLLERT AV

Stine Wiborg Dahle

SIGNATUR

GODKJENT AV

SIGNATUR

Dokument historie

VERSION	DATE	VERSION DESCRIPTION
1	2026-03-31	

1	Sammendrag	5
1.1	Næringsnytte	6
2	Summary	6
2.1	Creating value for the industry	8
3	Innledning	8
3.1	Faglig bakgrunn for at prosjektet ble igangsatt	8
3.2	Prosjektets omfang	9
3.3	Prosjektorganisering	10
4	Problemstilling og formål	10
5	Prosjektgjennomføring	11
5.1	AP1: Hydrodynamikk, miljø og fiskeadferd i lukket merd.....	13
5.1.1	Oppsummering og hovedfunn.....	13
5.1.2	Eksperimentelt oppsett og metoder	13
5.1.3	Resultater og diskusjoner fra målingene	14
5.1.4	Modelleringene av fiskeadferd	20
5.1.5	Konklusjoner	23
5.2	AP2: Mikrobiell vannkvalitet	24
5.2.1	Oppsummering hovedfunn.....	24
5.2.2	Eksperimentelt oppsett og metode.....	24
5.2.3	Resultater og diskusjon.....	25
5.2.4	Konklusjoner	33
5.3	AP3: Fiskehelse og fiskevelferd	34
5.3.1	Oppsummering og hovedfunn.....	34
5.3.2	Prøvetaking og metoder	35
5.3.3	Produksjonsdata (Marit Stormoen, NMBU)	39
5.3.4	Helseøkonomi (Cecilie Walde, Veterinærinstituttet)	43
5.3.5	Velferdskartlegging.....	47
5.3.6	Patogener i vannprøver	61
5.3.7	Diskusjon og konklusjoner	63
6	Oppnådde resultater, diskusjon, konklusjon og hovedfunn	69
7	Fremtidige forskningsbehov	70
8	Referanser	71
9	Leveranser	73

1 Sammendrag

Hovedmålet med prosjektet var å dokumentere hvordan ulike fisketettheter og fiskestørrelser i flytende lukket oppdrettsteknologi (FLO) påvirker hydrodynamikk, vannkvalitet, fiskehelse og -velferd gjennom en produksjonssyklus av Atlantisk laks. Undersøkelsene ble gjennomført i fullskala i et kommersielt lukket merdanlegg, der fire merder ble satt opp for å opprettholde LAV tetthet (32 kg/m³) og fire for å opprettholde HØY tetthet (48 kg/m³) ved slutten av post-smolt fasen.

- Studien viste at forskjellene i tetthet mellom lav- og høytetthetsmerkene ikke hadde noen betydelig innvirkning på fiskens atferd. Fisken i alle merkene viste tilsvarende mønstre, som å samle seg nær overflaten om natten og sprer seg dypere i vannsøylen om dagen. Også svømmemønstrene var like mellom gruppene. Denne atferden er godt simulert i en tredimensjonal, individbasert fiskemodell
- Innenfor den aktuelle typen sirkulær merd og ved de undersøkte tetthetene ble det ikke registrert noen reduksjon i vannstrøm som følge av økt fisketetthet. En av høytetthetsmerkene opplevde imidlertid 40 % lavere strømningshastighet enn de øvrige merkene. Til tross for denne betydelige forskjellen i vannstrøm ble det ikke observert negative effekter på hverken vannkvalitet eller fiskevelferd
- Simuleringer av fiskefordeling for to oppskalerte merder med samme volum (30 000 m³), men forskjellige diameter og dybder, viser at den beste strategien for å oppskalere disse lukkede, sirkulære merkene er å sørge for at diameteren er stor nok til at fisken kan samles om natten nær overflaten. Dette vil forhindre at det oppstår svært høye tettheter i den øvre delen av merden. Det er heller ikke nødvendig med svært dype merder, ettersom fisken sannsynligvis ikke vil benytte de dypere områdene hvor lysforholdene er for svake.
- De ulike inntaksvannene påvirket mikrobiotasammensetningen på forskjellige måter, hvor både inntakssted og utløpsvann kan ha betydning. Merkene som lå ytterst i anlegget hadde høyest alfa-diversitet av mikrobiota og samtidig best fiskeoverlevelse med minst forekomst av vintersår, noe som gjør det interessante å følge videre
- Ulike tettheter påvirket ikke bakteriekonsentrasjon, bakteriedynamikk, fiskehelse eller fiskevelferd, og det var normal tilvekst og lav dødelighet i alle merder og i begge tetthetsgrupper.
- I løpet av prosjektet ble det påvist infeksjoner med Salmonid gill poxvirus (SGPV), piscine orthoreovirus (PRV-1) og *Moritella viscosa*. Alle agens førte til vevsskader og sykdom, men med lav dødelighet.
- Fiskepatogene virus (SGPV) og bakterier (*Moritella viscosa* og *Tenacibaculum* sp.) ble påvist i både inntaksvann og i merd. Forekomst av SPGV så ut til å følge graden av infeksjon i fisken, mens forekomsten av *M. viscosa* og fiskepatogene *Tenacibaculum* sp. var høyest på slutten av perioden, da vanntemperaturene også var lavest. Bakteriekonsentrasjonen var høyere i merd enn i inntaksvann. Det ble påvist sykdom framkalt av *M. viscosa* i samme periode, men ingen kliniske tegn til *Tenacibaculum*-infeksjon.
- Måling av genuttrykk i røde blodceller ble brukt som en ny metode for overvåking av stress og aktivering av immunrespons mot virusinfeksjoner. Brukt sammen med analyse av et utvalg kjente indikatorer for genregulering i gjellevev og en standardisert protokoll for skåring av ytre skader viste disse indikatorene en gradvis reduksjon i velferden i den tida fisken sto i sjøen.
- Det var svært lav dødelighet i alle merder, med maksimalt 1.2% totaldødelighet ned til 0.44% på merdnivå. Dette på tross av påvisning av sykdomsagens med vevsskader og kliniske symptomer, og videre

tyder det på at laksen håndterer utbrudd av sykdommer så lenge man unngår håndtering og avlusinger i samme periode.

- Det var best tilvekst i LAV tetthetsgruppe. Tetthet forklarte ca. 60 % av forskjellen mellom HØY og LAV, men årsaken er trolig noe mer restriktiv fôring i disse merdene, og ikke en dårligere vekstkapasitet i HØY gruppe. Fisken i LAV tetthetsgruppe fikk i snitt 4.4% mer fôr per dag, mens medianen var 17.4%, det var en betydelig variasjon fra dag til dag i mengde fôr per fisk.
- En helseøkonomisk analyse viste at tilvekst og salgspris var de to viktigste driverne for positivt økonomisk resultat. Forskjellen i tetthet, som førte til økt totalt produsert biomasse, ga alene en tydelig økonomisk gevinst for HØY tetthetsgruppe, denne forskjellen ville trolig vært enda tydeligere om fisken i disse gruppene ikke hadde blitt fôret restriktivt. Dødelighet var ikke en vesentlig driver for økonomiske resultater.

1.1 Næringsnytte

Tetthetsverdien alene er ikke tilstrekkelig; den må ses i sammenheng med utformingen av den lukkede merden.

1. Målingene viser at tettheten som brukes i denne typen lukkede merder med flere innløpssystemer er tilfredsstillende.
2. Det sirkulære volumet med flere innløp plassert rundt hele merden gir et jevnt og stabilt strømningsmønster i hele merden som fisken kan utnytte. Hvis det for eksempel bare hadde vært ett innløp med samme strømningshastighet i et tilsvarende volum, ville dette ha skapt et område med høy hastighet (som fisken ville unngått) og et område med lav hastighet som ikke ville vært optimalt for fisk. Mest sannsynlig ville fisken i en slik situasjon samlet seg i ett bestemt område, noe som kunne ført til redusert strømming.
3. Oppholdstida av vannet virker optimal, med lav gjenvekst av bakterier i merdvann og god diversitet
4. Merder innerst/midt i anlegg bør følges tett, da disse kan ha en mer innblanding av utløpsvann og deretter lavere diversitet
5. Det påvist flere vanlige fiskepatogene både i inntaksvannet og inne i merd; SGPV, *Moritella viscosa* og *Tenacibaculum* spp. Det vil være viktig å gjennomføre flere undersøkelser av hvordan fiskepatogener fordeler seg i vannsøyla, hva som tilføres anlegget med fisk eller inntaksvann og hvordan smitte kan overføres mellom merder.
6. Det behøves mer kunnskap om hva kombinasjonen av patogener og miljøforhold betyr for utvikling av gjelleskader, og hvilken betydning dette har for fiskevelferden.

2 Summary

The main objective of the project was to document how different fish densities and fish sizes in closed containment systems (CCS) affect hydrodynamics, water quality, fish health and welfare throughout a production cycle of Atlantic salmon. The investigations were carried out at full scale in a commercial closed cage facility, where four cages were set up to maintain low density (32 kg/m³) and four to maintain high density (48 kg/m³) at the end of the post-smolt phase.

- The study showed that the differences in density between the low- and high-density cages had no significant impact on fish behavior. Fish in all cages showed similar patterns, such as gathering near the

surface at night and spreading deeper into the water column during the day. Swimming patterns were also similar between groups. This behaviour is simulated in a three-dimensional, individual-based fish model.

- Within the type of circular cage used in this project and the densities studied, no reduction in water flow was observed as a result of increased fish density. However, one of the high-density cages experienced a 40% lower flow rate than the other cages. Despite this significant difference in water flow, no negative effects on water quality or fish welfare were observed.
- Simulations of fish distribution for two scaled-up cages with the same volume (30 000 m³) but different diameters and depths show that the best strategy for scaling up these closed circular cages is to ensure that the diameter is large enough to allow fish to gather at night near the surface. This will prevent very high densities from occurring in the upper part of the cage. Very deep cages are also not necessary, as the fish are unlikely to use the deeper areas where light conditions are too low.
- Different inlet waters appear to affect the microbiota composition differently, which may also be related to where in the facility the water is taken in and how the outlet water affects the intake
- Cages with the highest alpha diversity of microbiota composition showed the best fish survival, making this a significant finding to follow further.
- Different densities did not affect bacterial concentration, bacterial dynamics, fish health or fish welfare, and there was normal growth and low mortality in all cages and in both density groups
- During the project, infections with Salmonid gill poxvirus (SGPV), piscine orthoreovirus (PRV-1) and *Moritella viscosa* were detected. All agents led to tissue damage and disease, but with low mortality.
- Fish-pathogenic viruses (SGPV) and bacteria (*Moritella viscosa* and *Tenacibaculum* sp.) were detected both in intake water and inside the sea cages. The occurrence of SGPV appeared to mirror the degree of infection observed in the fish, whereas the prevalence of *M. viscosa* and fish-pathogenic *Tenacibaculum* sp. was highest toward the end of the study period, when water temperatures were also at their lowest. Bacterial concentrations were higher inside the cages than in the intake water. Disease caused by *M. viscosa* was confirmed during the same period, but no clinical signs of *Tenacibaculum* infection were observed.
- Measurement of gene expression in red blood cells was used as a novel method for monitoring stress and activation of antiviral immune responses. When combined with analyses of a selected panel of known gene-regulatory indicators in gill tissue and a standardized protocol for scoring external lesions, these indicators demonstrated a gradual decline in welfare over the period the fish remained in seawater.
- There was very low mortality across all cages, with total mortality ranging from a maximum of 1.2% down to 0.44% at the cage level. This was observed despite the identification of pathogenic agents causing tissue damage and clinical symptoms. Furthermore, the results suggest that salmon can manage disease outbreaks effectively, provided that handling and delousing procedures are avoided during the same period.
- The highest growth rate was observed in the LOW-density group. Stocking density accounted for approximately 60% of the difference between the HIGH and LOW groups; however, this is likely attributable to somewhat more restrictive feeding practices in these cages, rather than a reduced growth potential in the HIGH-density group. On average, fish in the LOW-density group received 4.4% more feed per day, with a median 17.4% more feed. There was considerable day-to-day variation in feed allocation per fish.

- A health economic analysis indicated that growth rate and market price were the two primary determinants of positive economic outcomes. The difference in stocking density, that led to a larger total produced biomass, alone provided a clear economic advantage for the HIGH-density group; this benefit would likely have been even greater if the fish in these groups had not been subject to restrictive feeding. Mortality was not identified as a significant driver of economic performance.

2.1 Creating value for the industry

The density value alone is not sufficient; it must be seen in the context of the design of the closed cage.

1. The measurements show that the density used in this type of closed cage with multiple inlet systems is satisfactory.
2. The circular volume with multiple inlets placed around the entire cage provides a smooth and stable flow pattern throughout the cage that the fish can utilize. For example, if there had only been one inlet with the same flow rate in a similar volume, this would have created an area with high velocity (which the fish would avoid) and an area with low velocity that would not be optimal for fish. Most likely, in such a situation, the fish would gather in one specific area, which could lead to reduced flow.
3. The residence time of the water seems optimal, with low regrowth of bacteria in cage water and good diversity.
4. Cages at the inner/middle of the facility should be monitored closely, as these may have more admixture of outlet water and subsequently lower diversity.
5. All cages experienced very low mortality despite the identification of pathogenic agents causing tissue damage and clinical symptoms. These results suggest that salmon can manage disease outbreaks effectively, provided that handling and delousing procedures are avoided during the same period.
6. The health economic analysis demonstrated a clear economic advantage to increase cage densities up towards 50 kg/m³, as no significant differences in health parameters were detected between the density groups.

3 Innledning

3.1 Faglig bakgrunn for at prosjektet ble igangsatt

Lukket produksjon i sjø pekes på som et sentralt virkemiddel for å styrke bærekraften i havbruksnæringen (Tveterås et al., 2021) og for å redusere arealkonflikter – blant annet gjennom tettere arealutnyttelse uten økt miljøbelastning eller risiko for økt lusepress (Hersoug et al., 2021). Det er allerede utviklet flere anleggskonsepser for både postsmolt- og matfiskproduksjon. Studier viser at slike sjøbaserte anlegg kan gi lovende biologiske og miljømessige resultater, og at laks kan produseres uten å bidra til reproduksjon av lakselus eller andre parasitter i omgivelsene (Nilsen et al., 2017). Videre kan lukkede sjøanlegg:

- Ha et lavere smittepress enn åpne anlegg (patogene mikroorganismer), men her trengs mer forskning for å avdekke muligheter og begrensninger (Nilsen, Nielsen, Biering, et al., 2017)
- Gi god fiskevelferd som følge av bedre kontroll på vannmiljøet (Nilsen, 2019)

- Gi postsmolt som er robust og godt trent for videre vekst i åpne anlegg (Calabrese et al., 2017; Nilsen et al., 2020; Ytrestøyl, T. et al., 2015)
- Muliggjøre oppsamling av partikulært materiale for en sirkulær bioøkonomi (Nøstbakken L. et al., 2023)

Lukkede merder er fundamentalt forskjellige fra tradisjonelle merder med hensyn til produksjonsmiljø, hydrodynamikk og konstruksjon. På tross av gode resultater er utviklingen av lukket merdteknologi fortsatt i en tidlig fase og for å utnytte teknologiens potensiale gjenstår mye arbeid. Det er blant annet betydelig behov for forskning på hvordan teknologien best bør benyttes med hensyn til å sikre god fiskehelse.

3.2 Prosjektets omfang

I BIOCLOSED har vi utført målinger i storskala, kommersiell produksjon av laks i lukkede merder. Vi har dokumentert effekt av ulike fisketettheter på hydrodynamikk, vannkvalitet, fiskehelse og fiskevelferd gjennom produksjonen. Prosjektet fokuserer på en sirkulær type flytende lukket merd, da dette er hoveddesignet som er i bruk eller under utvikling (STIIM Rapport: Ragnar Tveterås et al., 2021).

Kunnskapsbehovene innen produksjonsmiljø og biologi som skulle undersøkes i prosjektet, omfattet:

1. Utforming og drift av lukkede anlegg for å sikre god vannutskifting og vannkvalitet
2. Kartlegging av merdmiljø og fiskevelferd
3. Forebygging og håndtering av sykdom i lukkede anlegg

For lukkede sjøanlegg er det fremdeles en betydelig usikkerhet om hvor høye investerings- og produksjonskostnadene vil bli, men det er grunn til å anta at de blir høyere enn i konvensjonelle åpne anlegg. I en kommersiell sammenheng vil oppdrett av postsmolt laks og matfisk i lukkede systemer i sjøen være avhengig av høy fisketetthet. Maksimal fisketetthet på 80 kg/m³ er foreslått i enkelte studier (Thorarensen & Farrell, 2011), mens andre indikerer < 100 kg/m³ (Sveen et al., 2016) eller en optimal tetthet på 75 kg/m³ (Calabrese et al., 2017). Forsøk hos industri peker derimot mot en lavere, optimal tetthet (Akvafuture pers. kom.). Fisketettheten er også knyttet til det spesifikke vannforbruket (Se punkt 2.2.C). Bortsett fra (Nilsen, Nielsen, Næss, et al., 2017), er alle de andre studiene basert på småskala forskningsdata. Småskalastudier kan ikke alltid ekstrapoleres til en intensiv storskala produksjon, da det er store miljøvariasjoner under intensiv kommersiell produksjon.

I prosjektet BIOCLOSED har vi derfor undersøkt effekten av tetthet på helse og velferd til laks i lukkede, sirkulære merder ved en storskala produksjon. De identifiserte fire forskningsområdene som har bidratt til å samle den nødvendige kunnskapen for denne studien er (samlet på tre AP'er): A) Hydrodynamikk og vannutskifting (AP1), B) Fiskeadferd og dynamisk fiskefordeling i lukket volum (AP1), C) Mikrobiell vannkvalitet (AP2) og D) Fiskevelferd og helseøkonomi (AP3).

Vi bruker betegnelsen høy tetthet i prosjektet fordi undersøkelsene foregår i et kommersielt anlegg. Tettheten vi opererer med er likevel moderat sammenlignet med nivåene rapportert i Calabrese (2017), som ble gjennomført i betydelig mindre skala.

3.3 Prosjektorganisering

Miljøkrav for god fiskevelferd og fiskehelse i lukkede merder i sjø (BIOCLOSED), FHF prosjekt nr 901906, ble gjennomført i perioden 01.05.2024 til 31.03.2026.

Prosjektledelse: Pascal Klebert, SINTEF Ocean AS.

Prosjektgruppe: SINTEF Ocean AS, Veterinærinstituttet, NMBU og Akvafuture AS.

- Prosjektgruppe ved SINTEF Ocean AS:

Pascal Klebert (leder for AP1: *Hydrodynamikk, miljø og fiskeadferd i lukket merd*), Su Biao, Bjarne Kvæstad, Ketil Tveråbakk, Morten Grenstad, Ole Kristian Løvseth, Jakob Ingvar Utne Midtun, Stine Wiborg Dahle (leder for AP2: *Mikrobiell vannkvalitet*), Marianne Aas og Deni Ribičić.

- Prosjektgruppe ved Veterinærinstituttet:

Arve Nilsen (leder for AP3: *Fiskehelse og fiskevelferd*), Thomais Tsouila, Cecilie Sviland Walde, Julie Svendsen, Haitham Tartor, Snorre Gulla, Ottavia Benedicenti, Bjørn Spilsberg, Maria Dahle, Mona Gjessing og Kristoffer Vale Nielsen.

- Prosjektgruppe ved NMBU:

Marit Stormoen og Simen Westegaard Larsen.

- Industripartner:

Akvafuture AS deltok som industripartner, og alle målinger ble gjennomført ved selskapets lokalitet Sæterosen i Brønnøy kommune.

4 Problemstilling og formål

Prosjektet har vært rettet inn mot tre forskningsmål, som er beskrevet nedenfor og videre konkretisert gjennom egne arbeidspakker:

1. Hydrodynamikk og Fiskeadferd og dynamisk fiskefordeling: Når det gjelder den interne hydrodynamikken, så har sjøbaserte sylindriske lukkede merder lignende utfordringer som landbaserte lukkede systemer. Hydrodynamikken er viktig for å unngå resirkulerende og lavhastighetssoner. Dårlige vannblandingsforhold kan påvirke velferden til fisken i en tank på flere måter: endringer i fysiologi, fiskens trening og adferd, aggresjon og sosiale hierarkier og vannkvalitet (Dahle et al., 2023). Hastighetsmålinger (Plew et al., 2015) viser en sterk effekt av fisketetthet både på hastighetsreduksjon og økning av turbulens i kommersielle fiskekar. Den gjennomsnittlige strømhastigheten ble redusert med 15 % ved lav og middels fisketetthet (25-35 kg/m³) og 57 % ved høy fisketetthet (75 kg/m³). Vanddynamikken i lukkede merder er kompleks, både på grunn av fiskeadferd og fordi strømningsbildet i større grad enn i konvensjonelle merder er gjensidig påvirket og koblet sammen. Dette kan videre ha betydning for vekst, fiskevelferd og fiskehelse. Adferd hos fisk og effekt av strøm er velkjent i åpne merder (Klebert et al., 2013; Klebert & Su, 2020; Oppedal et al., 2011), men det er mindre kunnskap rundt lukkede merder i sjø. Langtidsovervåking og analyser må derfor utføres for å kartlegge oppførselen til fisken i et i lukket konsept, og spesielt med fokus på mulige forskjeller i adferd dag og natt, og endringer etter som fisken vokser. Hvordan mulige endringer i hydrodynamikk kan påvirke fiskens adferd og på samme måte påvirke fiskevelferd vil bli måtte undersøkes.

2. Mikrobiell vannkvalitet: Mikrobiell vannkvalitet har stor betydning for fiskens helse og velferd. Mest kjent er de patogene mikroorganismene som kan gi sykdom og dødelighet. Mindre kjent er de hurtigvoksende og opportunistiske bakteriene som er til stede ved normal drift, men som man ønsker å

kontrollere på et lavt nivå for å unngå hurtig oppvekst, som igjen kan påvirke fiskehelsen negativt (Attramadal et al., 2014; Dahle 2022). Bakterier har også en positiv effekt ved å gi fisken en god helse og utvikling, blant annet påvirkes immun- og fordøyelsessystem positivt. For lukkede landbaserte systemer, både gjennomstrømming og resirkuleringssystemer (RAS), har man de siste årene generert kunnskap om hva som karakteriserer den mikrobielle vannkvaliteten i kommersielle anlegg, samt hvordan legge til rette for god vannkvalitet (Dahle 2022, 2023; MonMic-prosjektet, FHF). For de landbaserte produksjonssystemene kan en endret hydrodynamikk, e.g. lang oppholdstid av vannet, høy tetthet og fôringsbelastning, legge til rette for hurtig oppvekst av opportunistiske bakterier (Dahle, Bakke, et al., 2020; Dahle et al., 2023), og gi en høy bakteriebelastning. Slike bakterier kan påvirke gjelle- og fiskehelsen negativt (Dahle, Bakke, et al., 2020). For RAS-anlegg er høy alfa-diversitet av bakterier en god indikator for god vannkvalitet (Attramadal et al., 2014). Dette er dokumentert over flere år i kommersielle anlegg (SINTEF, konfidensielle data; MonMic-prosjektet, FHF). Ved høy diversitet vil det være vanskelig for patogene og opportuniste å vokse opp og skade fisken (Dahle et al., 2023; Dahle, Netzer, et al., 2020; Netzer et al., 2021). For lukkede systemer i sjø, har man lite kunnskap om den mikrobielle vannkvaliteten. Dette er avgjørende for å sikre en god og forutsigbar produksjon i disse systemene i fremtiden, for å forebygge sykdom og sikre god vekst og helse. Kartlegging av den mikrobielle vannkvaliteten er utført i AP2, og sett i sammenheng med hydrodynamikk (AP1) og fiskehelse og -velferd (AP3).

3. Fiskevelferd og helseøkonomi: Tetthet av fisk er en viktig økonomisk faktor ved produksjon av laks i merd, også for lukkede systemer. Siden lukkede systemer fører til begrensinger på vanngjennomstrømmingen, er det viktig å skaffe mer kunnskap om hvordan tetthet av fisk (både i antall og kilo) påvirker fiskevelferden gjennom hele produksjonstiden. Det er vist at dersom det spesifikke vannforbruket synker under 0,15 - 0,2 L/kg/min i semilukkede anlegg i sjø, vil det føre til risiko for opphoping av CO₂ (Nilsen, Nielsen, Næss, et al., 2017). Samtidig er det også vist at tetthet og vannutskifting påvirker flere faktorer knyttet til helse og velferd hos laks i lukkede systemer (Calabrese, 2017; Calabrese et al., 2017). Tettheter opp mot 75 kg/m³ er vist å gi akseptabel velferd, mens et spesifikt vannforbruk under 0.3 L/kg/min blant annet kan gi forstyrrelser i hudhelsen. Økt belastning i lukkede systemer kan også ha mulige negative konsekvenser for både mikrobiell og fysisk kvalitet av vannet i merdene. I BIOCLOSED har vi undersøkt parametere knyttet til velferd og helse, med særlig vekt på forhold som kan relateres til vannkvalitet og merdmiljø. Kartlegging av fiskevelferd må skje på flere nivå, og resultatene skal kobles til den kontinuerlige loggingen som skjer av temperatur, oksygen og vanngjennomstrømming, til daglige biologiske registreringer av fôring og dødelighet, samt til viktige økonomiske utfallsvariabler som tilveksthastighet, overlevelse og fôrfaktor. Den økonomiske konsekvensen av ulike driftsmessige valg beregnes ved å ta inn effekten de ulike driftsmessige valgene har på biologi i en helseøkonomisk modell. En slik analyse synliggjør den økonomiske verdien av å ivareta fiskehelsen i lukkede systemer. Analyse av fiskehelse og -velferd og helseøkonomiske konsekvenser, av drift med ulike fisketettheter, er utviklet videre i AP3

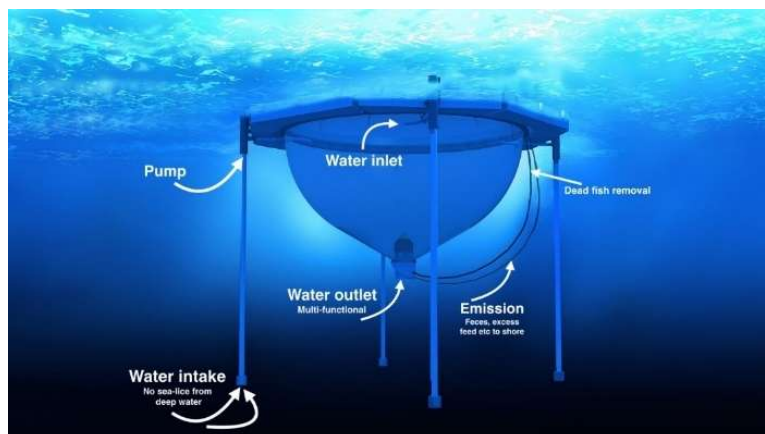
5 Prosjektgjennomføring

Systemet benyttet i prosjektet består av produksjonsenheter der en lukket pose erstatter den tradisjonelle åpne nota (Figur 1). Den lukkede posen bæres av en plastbasert flytering som ligger på innsiden av en solid

betongring. Betongringen omslutter og stabiliserer flyteringen, og rundt betongringen er det montert en ytre not som fungerer som en sekundær barriere og gir dobbel sikring mot rømming.

Hver betongring er bygget opp av ti betongelementer. Konstruksjonen danner en sirkulær innside som rommer posen og flyteringen, mens utsiden av betongringen har en åttekantet geometri. I tillegg til den tette presenningsposen er hver merd omgitt av en vanlig smoltnot som dobbel sikring mot rømming. Lokaliteten Sæterosen ble etablert i 2016 og består av 10 like merdenheter, koblet sammen i en dobbel rekke med 2 x 5 merder. I alle merdene ble det brukt undervannsllys (Philips, 680 W, 102 klm) plassert på omtrent 4–5 meters dyp i vinterhalvåret. For hver dublett av merder er det en servicebod med styringsenheter for strøm, pumper og oksygentilførsel, samt nøddaggregater for å holde i gang pumpene ved strømbrudd. For hver fjerde merd er det et samlekar for dødfisk og for slam, slam sendes videre over et filter før det pumpes inn til en lagringstank på land. På landbasen er det i tillegg personalrom, fôrlager og oksygentank.

I det aktuelle prosjektet ble åtte av disse elementene tatt i bruk, slik at forsøket bestod av to tetthetsgrupper, hver med fire replikate merdenheter (Figur 2).



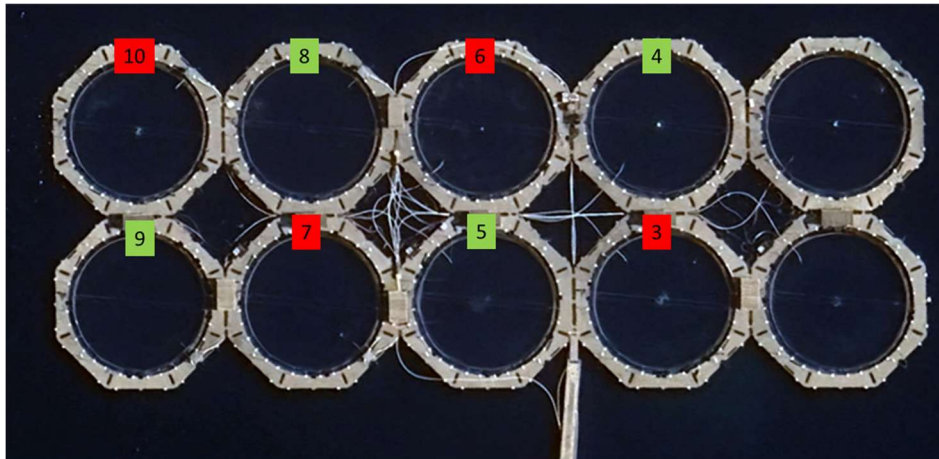
Figur 1: Oversikt av lukket merd som var benyttet i prosjektet (Illustrasjon: AkvaFuture AS/Visual 360).

Designet av den lukkede merden som ble brukt på lokasjonen Sæterosen var:

- 1) Volum 6000 m³ (Diameter= 27.5 m, (ca) 16 m dyp)
- 2) Vanninntak på 20 m (og en merd på 15 m) dyp gjennom et 25 mm filter, sikret inntak av vann under overflatelaget med infektive luselarver.
- 3) Fire vanninntak og fire innløpsrør (Ø480mm rørdiameter som er plassert på 1.5 m underoverflaten) dannes det et sirkulært strømmønster.
- 4) Avløpet sentralt plassert i bunnen av merden, med en partikkelfelle for oppsamling av slam og død fisk.

Målingene startet i september 2024 hvor åtte merder ved Akvafutures anlegg på Sæterosen fikk levert smolt fra Tosbotn settefiskanlegg. Forsøksfisken levert var det totale antallet på settefiskanlegget (dermed ulike sorteringer som skulle ut (se 5.3). I utgangspunktet 4 kar á ca. 230 000 og 8 kar á ca. 40 000-58 000 stk (7 av disse hadde behov for noe mer tid i settefiskanlegget før utsett). Utsett var gjort ved tre brønnbåtturer 14-15-29.09.2024.

Fire merder hadde høy tetthet og fire lave tettheter ifølge prosjektplanen. Tettheter benyttet ved utsett og forsøkets slutt er vist i Tabell 1.



Figur 2 : Oversikt av oppsett av målingene

Tabell 1: Oversikt av fisketetthet i merder ved utsett og ved slutten av produksjonen.

Tetthet	Utsett (Sept.24)	På slutten (Mai.25)
M3	3	39
M4	2	32
M5	3	34
M6	5	45
M7	5	48
M8	3	38
M9	3	37
M10	4	47

5.1 AP1: Hydrodynamikk, miljø og fiskeadferd i lukket merd

5.1.1 Oppsummering og hovedfunn

Denne rapporten beskriver oppsettet for målingene som ble gjennomført i tre merder ved Akvafuture på lokalitet Sæterosen under en postsmoltproduksjon. Den vurderer hvilke effekter økt fisketetthet kan ha på hydraulikken i de lukkede merdene. To merder med høy tetthet (45–48 kg/m³ ved produksjonsslutt) og én merd med lavere tetthet (38 kg/m³ ved produksjonsslutt) ble overvåket ved bruk av ulike sensorer, blant annet hastighetsmålere og ekkolodd.

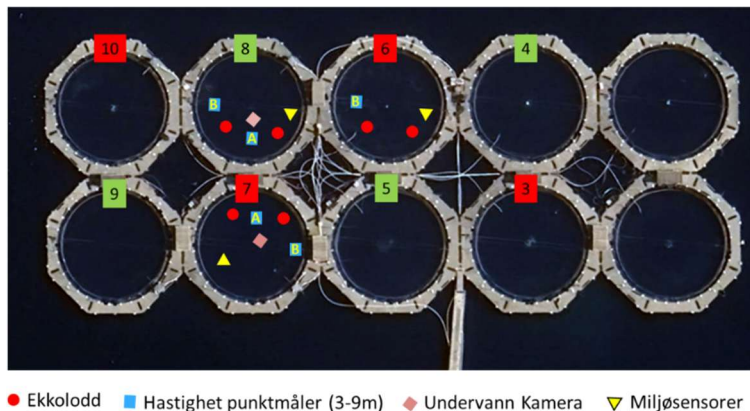
- Det ble generelt ikke observert noen tydelig effekt av forskjellene i fisketetthet på den hydrauliske strømmingen i de lukkede merdene.
- Fisken viste tilsvarende atferd i alle de overvåkede merdene.
- Redusert vannstrøm ble registrert om natten, spesielt mot slutten av produksjonsperioden.

5.1.2 Eksperimentelt oppsett og metoder

- Beskrivelse av eksperiment

Tre merder (M6, M7, M8) ble instrumentert med sensorer for å måle strømhastighet (vannstrøm punktmåler (Vector, Nortek, www.nortek.no), den vertikale fiskefordelingen (ekkolodd), oksygen og temperatur. Kun data om strømhastigheter og ekkolodd presenteres i denne rapporten. Vannmengde er likt i alle merder.

Den sirkulerende vannstrømmen i disse lukkede merdene ble etablert gjennom fire innløpsrører som var plassert rundt omkretsen med like stor avstand mellom hvert rør. Figur 3 viser en oversikt over plasseringen av de ulike typene sensorer som ble brukt.



Figur 3: Oversikt av sensorer som installert i tre merder.

Forskjellig antall fisk ble satt i merdene for å oppnå ulike tettheter ved slutten av produksjonen. Tabell 1 beskriver de ulike tetthetene som ble målt ved starten og ved slutten av produksjonen. På grunn av begrensninger i antall sensorer var det kun mulig å overvåke tre merder (to med høy tetthet og en med lav tetthet). Tre hastighetssensorer var plassert i merd 7 og 8 ved starten av produksjonen, mens en annen ble installert senere i merd 6. Alle sensorene var plassert i samme posisjon i forhold til innløpene og strømningsretningen. På lokasjon A var to hastighetssensorer plassert på 3 og 9 meters dyp, mens det på lokasjon B kun var én sensor på 3 meters dyp.

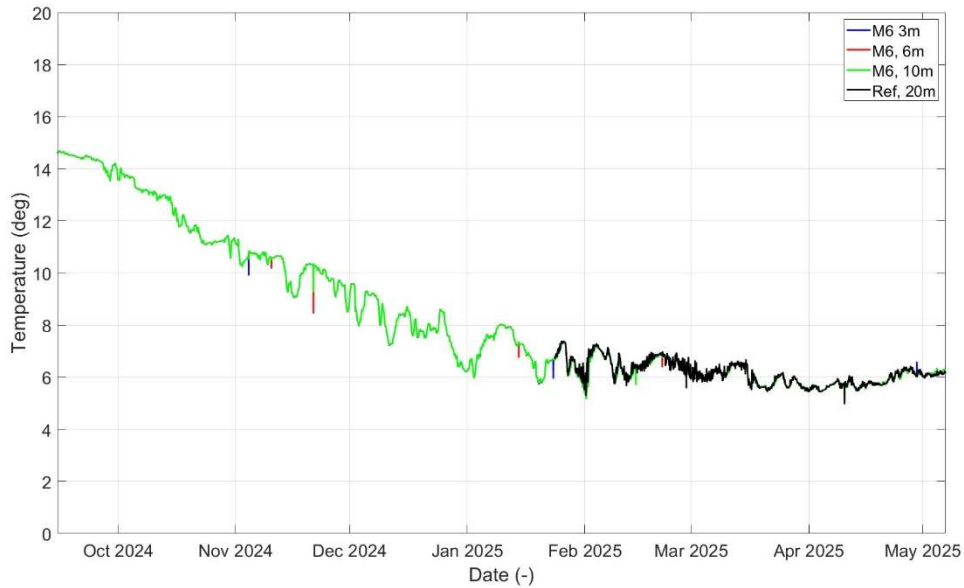
Sensorer målte oksygen og temperatur på tre dybder (3, 6 og 9 meters dybde) i hver merd. To undervannskameraer ble plassert i M7 og M8 på 5 meters dyp og målte mot overflaten. Målet var å få mer informasjon om fiskens atferd, som svømmemønster og svømmespredning (Ciani et al. (2024)). Opptakene fra overvåkingskameraet ble analysert for å identifisere fisken i hvert bilde og deretter rekonstruere svømmebanen i 2D. Ut fra disse bandedataene ble tidsserier av en parameter ekstrahert for å beskrive fiskens svømmeatferd.

5.1.3 Resultater og diskusjoner fra målingene

I denne rapporten analyseres kun data fra ekkolodd og hastighetssensorer, som presenteres, og det trekkes generelle observasjoner og konklusjoner. Fokuset har hovedsakelig vært på den siste delen av produksjonen, der fisken var stor nok til å kunne påvirke merdens hydraulikk.

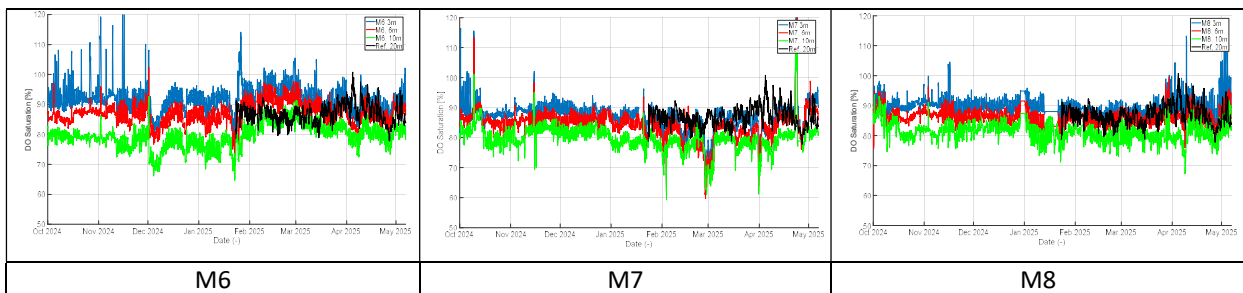
- **Miljøparametere:**

a) Figur 4 viser temperaturvariasjonene i merden for de tre dybdene (3, 6 og 10 m). Fra januar 2025 ble det også montert en oksygensensor utenfor merd 7 på 20 m dyp, der vanninntaket til pumpen er plassert. Disse dataene viser en jevn temperaturfordeling inne i merd 6, som også samsvarer med temperaturen i inntaksvannet på 20 m dyp. Det ble derfor ikke registrert noen temperaturgradient under målingene, og dette har ikke påvirket fiskenes atferd.

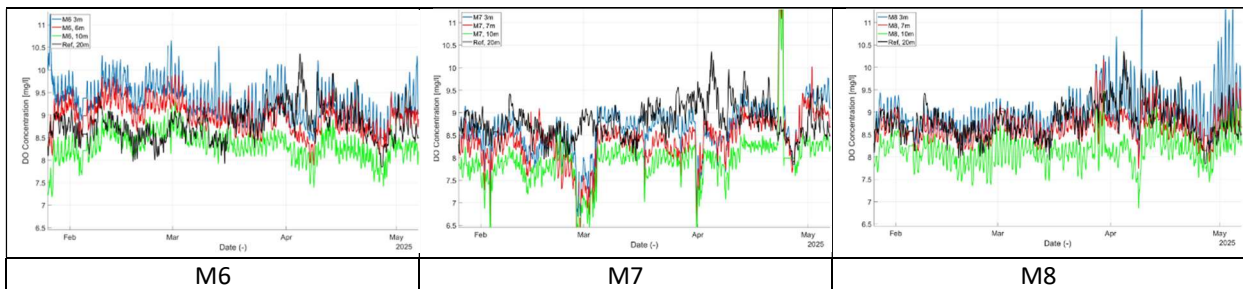


Figur 4: Vanntemperatur i forsøksperioden, data fra merd 6 (høy tetthet), 3, 6 og 10 meters dyp. Den siste delen av perioden er det også inkludert temperatur fra en referansestasjon på 20 m utenfor merden.

b) Figur 5 og Figur 6 viser variasjonene i oksygenmetning og oksygenkonsentrasjon i de tre merdene på tre dybder (3,6, 10m). De topper er knyttet til de automatiske oksygenstyringssystemene som tilfører oksygen inne i merdene på ulike steder. Kontroll oksygen nivået ble målt av en sensor plassert på 5 meters dyp. Dataene viser at det var forskjeller i oksygenmålingene mellom merdene, og noen målinger er tilkoblet til noe avvik av oksygenstyringssystemene. Hoved observasjonen er at de tre merdene følger samme tendens, med høyere DO-verdier i de øvre lagene som synker ned mot 10 meters dyp. For oksygenmetningen ble det målt en gradient på 10–15 %. Dette forklares med fiskefordeling i vannsøyle hvor fisk brukes gradvis oksygen fra overdelen av merd til nederst.

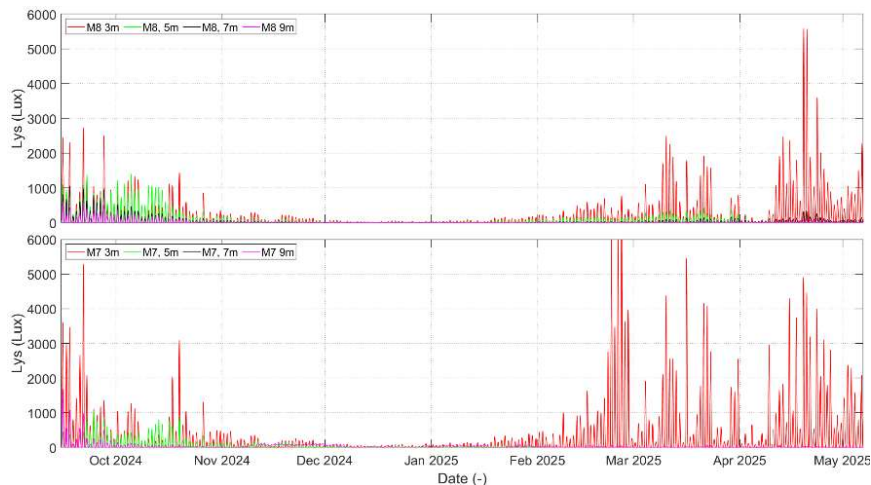


Figur 5: Oksygen metningen variasjoner.



Figur 6: Beregnet oksygen konsentrasjon variasjoner fra februar 2025.

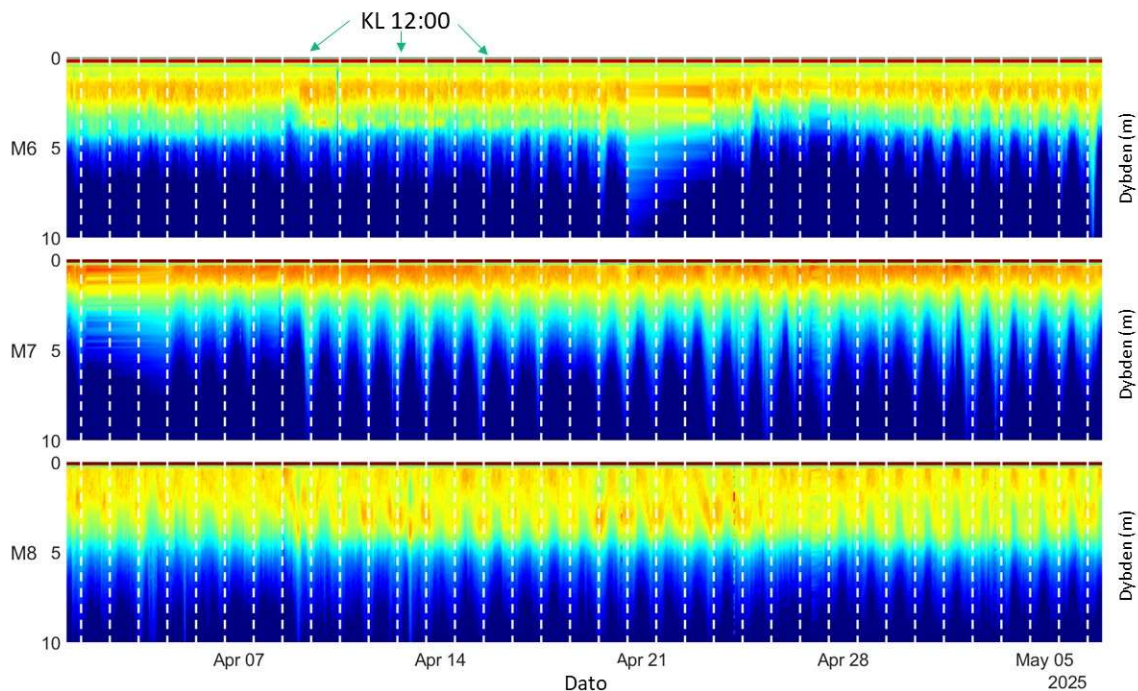
Figur 7 viser lysstyrkene som ble målt i merdene M7 og M8 på to ulike dyp. Målingene viser lave lysnivåer i vinterperioden.



Figur 7: Lysvariasjoner i merder.

- **Fiskens atferd:**

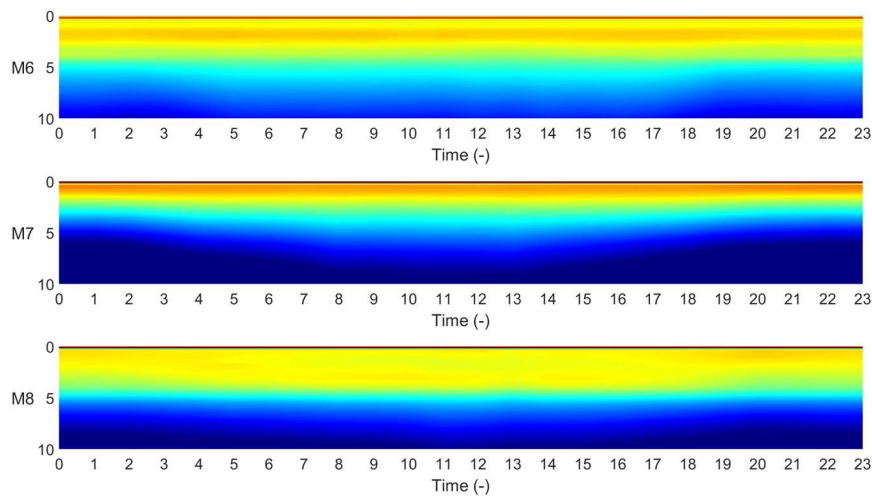
Figur 8 viser et eksempel på fiskeatferd slik den er registrert av ekkoloddsensorene. De oransje/røde fargene representerer områder med høy tetthet av fisk, mens blå farger viser områder med lav tetthet.



Figur 8: Eksempel på ekkoloddsignal i tre merder M6, M7 og M8. Oransje farge viser høy fiskekonsentrasjon, blå farge viser veldig lav fiskekonsentrasjon.

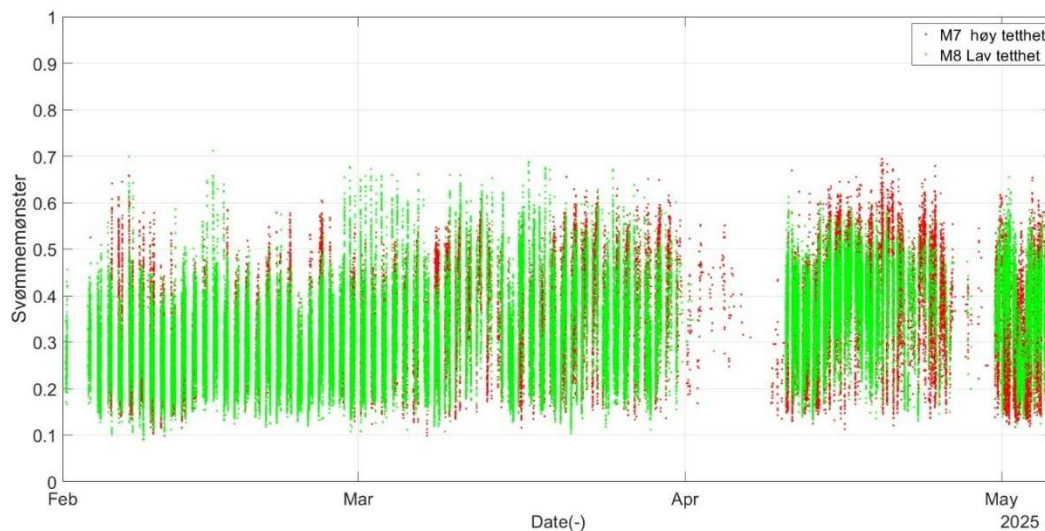
I Figur 8 representerer de vertikale stiplede linjene tidspunktet midt på dagen. Hoved observasjonen er at fisken har en tendens til å spre seg i vannsøylen i løpet av dagen (dagslys), mens den om natten svømmer i den øvre delen av merden nær overflaten. Dette er en normal atferd som også observeres i

åpne sjømerder. Figur 9 viser et gjennomsnitt i løpet av fire uker med ekkolodd signaler, delt på 24 timer, denne viser overnevnt også fiskeatferd på natt og dagstid.



Figur 9: Eksempel på ekkoloddssignal. Gjennomsnitt i fire uker delt på 24 timer.

Basert på analysene av bildene fra undervannskameraene fikk vi et gjennomsnittlig svømmemønster som viser om fisken beveger seg i tilnærmet rette linjer (verdier nær 1) eller i mer tilfeldige retninger (verdier nær 0). Figur 10 viser svømmemønster i de to merdene (M7&M8) for de siste fire måneder av produksjonen. Det viser at fisken i begge merdene hadde lignende atferd, og at forskjellen i tetthet derfor ikke hadde noen tydelig effekt på fiskenes atferd.

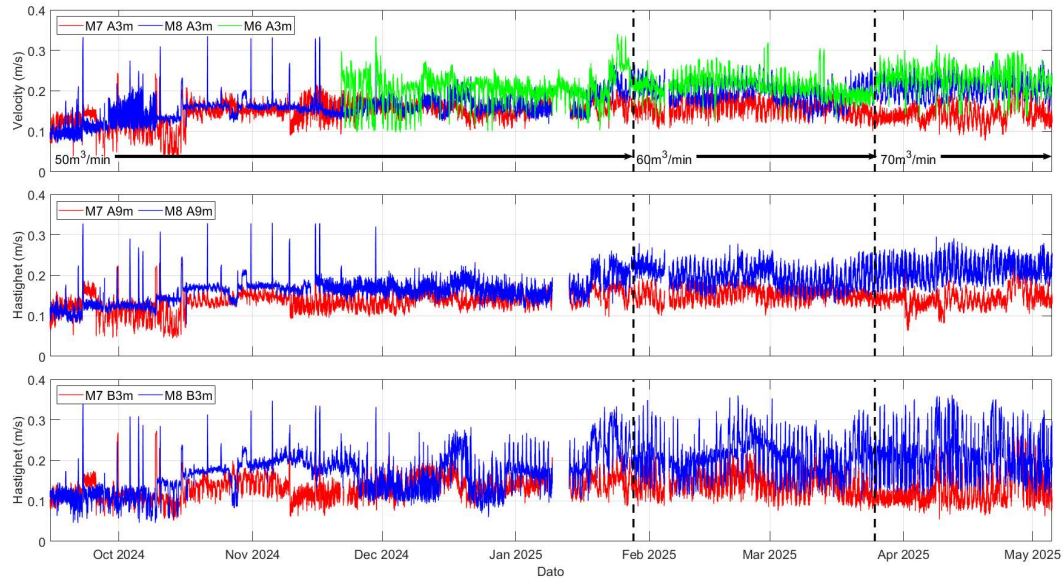


Figur 10: Svømmemønster i M7 og M8, beregnet fra undervannskameraer. Svømmemønster: 1=Rett linje og 0=tilfeldige retninger.

- **Strømningshastigheter:**

Strømhastigheten er vist i Figur 11 og Figur 12. I Figur 11 er signalene fra de ulike sensorene gruppert etter tilsvarende plasseringer i alle tre merdene, mens i Figur 12 er de samme dataene gruppert etter merd. Disse dataene viser et betydelig antall hastighetstopper som er knyttet til operasjoner der

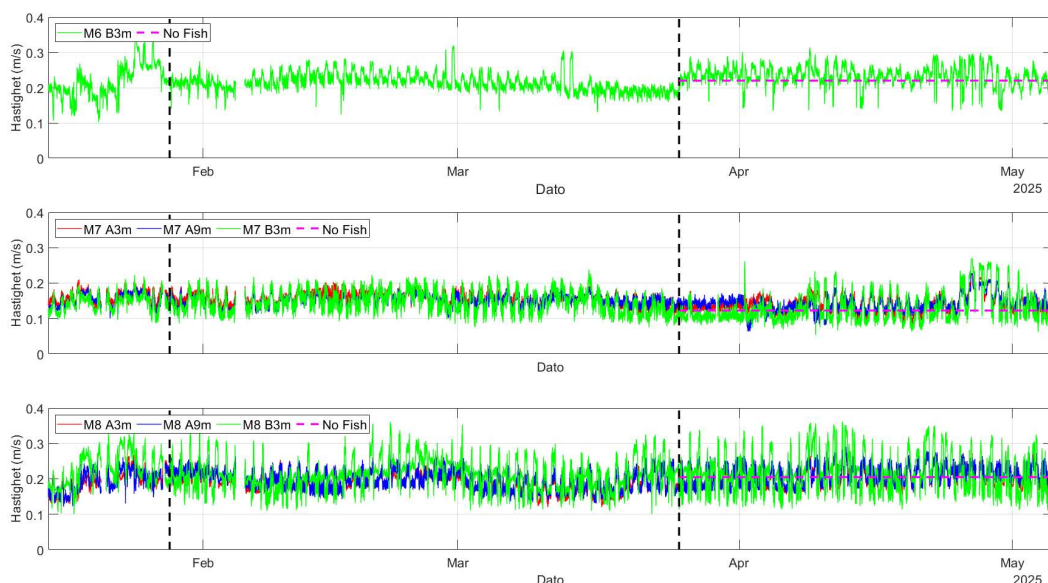
pumpekapasiteten økes i korte perioder for å skape en høy vannhastighet og dermed 'spyle ut' vannet i merden for å fjerne større mengder uønskede partikler. Vannstrømmen fra de fire pumpene er økt under produksjonen for å sikre tilstrekkelige miljøforhold for fisken etter hvert som den vokser. Tre strømningsregimer er brukt: 50 kg/m³, 60 kg/m³, 70 kg/m³. Disse er også vist i figur.



Figur 11: Strømningshastigheter på lignende lokasjoner i merder.

Figur 11 sammenligner hastighetene ved tilsvarende steder i de tre merdene. Det kan sees at på et tidspunkt midt i produksjonen var hastighetsfeltet betydelig lavere i de to andre merder (ca) 40–45 % lavere.

På slutten av produksjonen ble hastighetsmålinger uten fisk utført på de samme lokasjoner i de tre merdene med den sist brukte pumpestrømningen. Disse dataene er vist i Figur 12 med en horisontal, stiplet magenta linje for hver merd. Det kan sees at uten fisk var også hastigheten i merd 7 lavere, omtrent i samme størrelsesorden som den var med fisk.

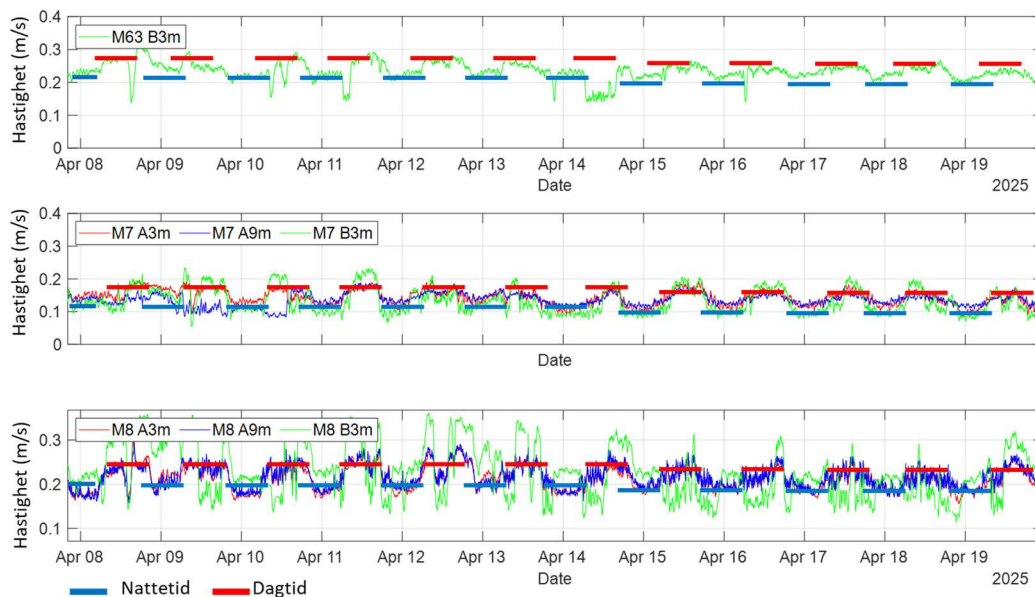


Figur 12: Strømningshastigheter i hver merd.

Årsaken til en slik hastighet reduksjon kan ikke fastslås nøyaktig, siden ulike hendelser kan ha forårsaket den: a) til tross for nøye kontroll av pumpenes strømningshastighet kan man ikke utelukke at noen pumper i merd 7 ikke leverte som forventet; b) en annen mulig årsak er ruheten i overflatematerialet på duken som brukes i det lukkede merder: høyere ruhet i overflaten, for eksempel på grunn av begroing, kan ha forårsaket denne bremsingen.

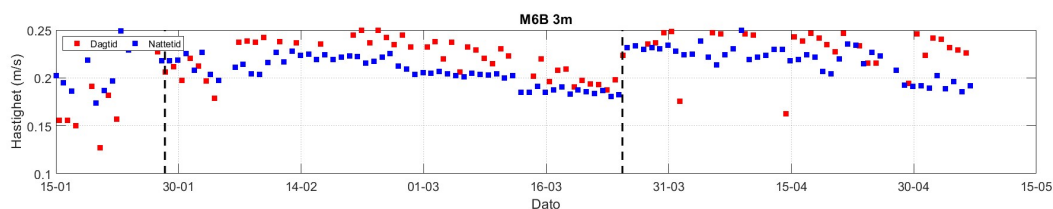
- **Effekt av fiskeatferd på strømningsfeltet**

Det er også undersøkt på hvilken måte målt fiskeatferd kan påvirke strømningshastigheten. For dette formålet ble en egen studie gjennomført ved å identifisere ulike tidsintervaller (dag og natt i Figur 13) i hastighetsdatasignalene og beregne et gjennomsnitt over fire timer.

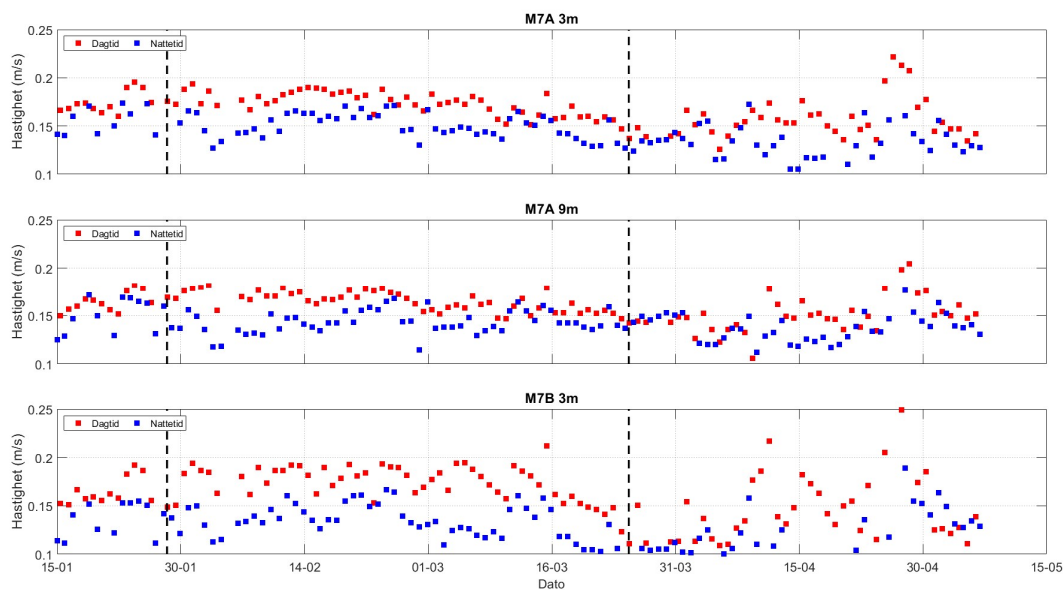


Figur 13: Strømningshastigheter i hver merd med visualisering av tidsintervall (dag og natt).

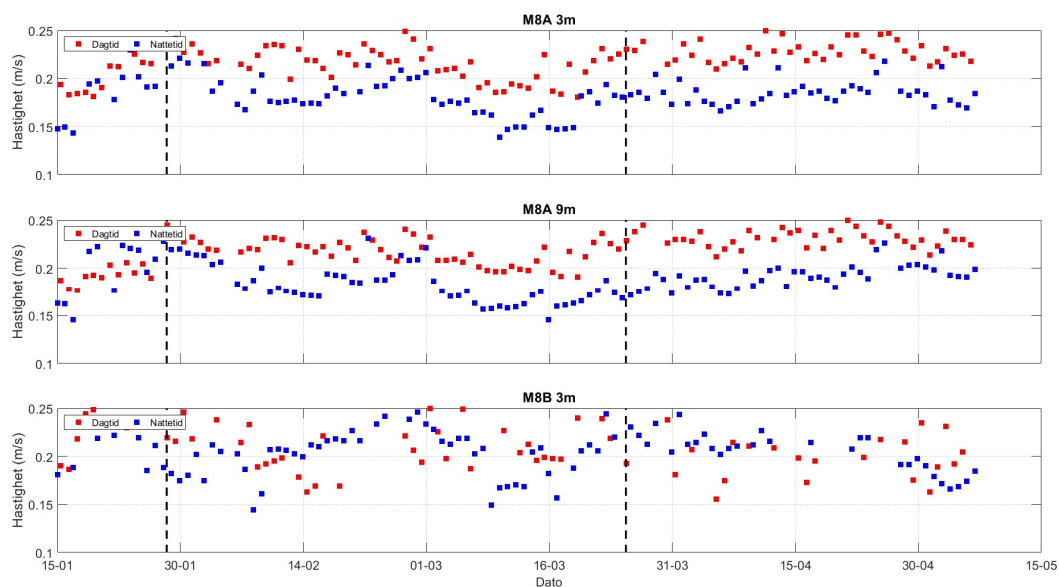
Figurene viser at om natten var strømningshastighetene målt på disse stedene lavere enn om dagen. Som nevnt tidligere svømte fisken hovedsakelig i den øvre delen av merden om natten, hvor pumpenes inntak også er plassert. Dette kan sannsynligvis forklare denne reduksjonen i strømmingen i denne perioden.



Figur 14: Strømningshastighet i merd 6 med gjennomsnittsverdier om natten og midt på dagen.



Figur 15: Strømningshastighet i merd 7 med gjennomsnittsverdier om natten og midt på dagen.



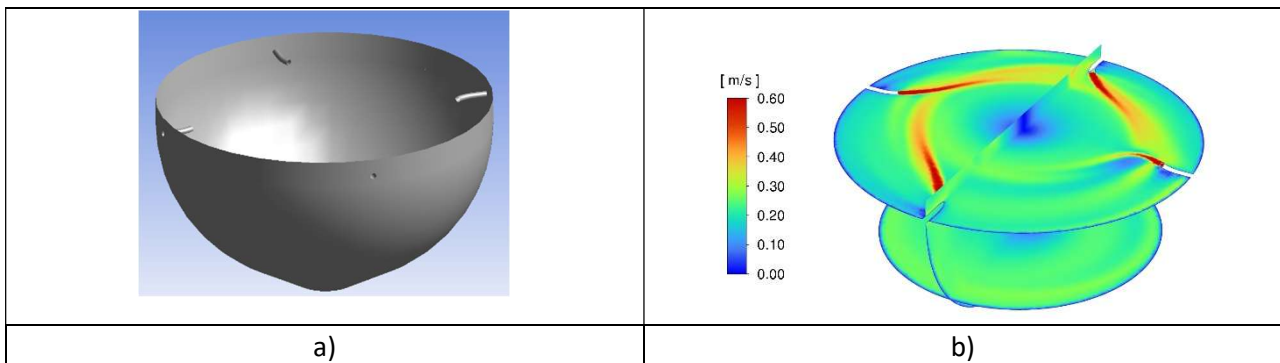
Figur 16: Strømningshastighet i merd 8 med gjennomsnittsverdier om natten og midt på dagen.

5.1.4 Modelleringene av fiskeadferd

a) Simuleringene i merd med lignende konsept hos Akvafuture

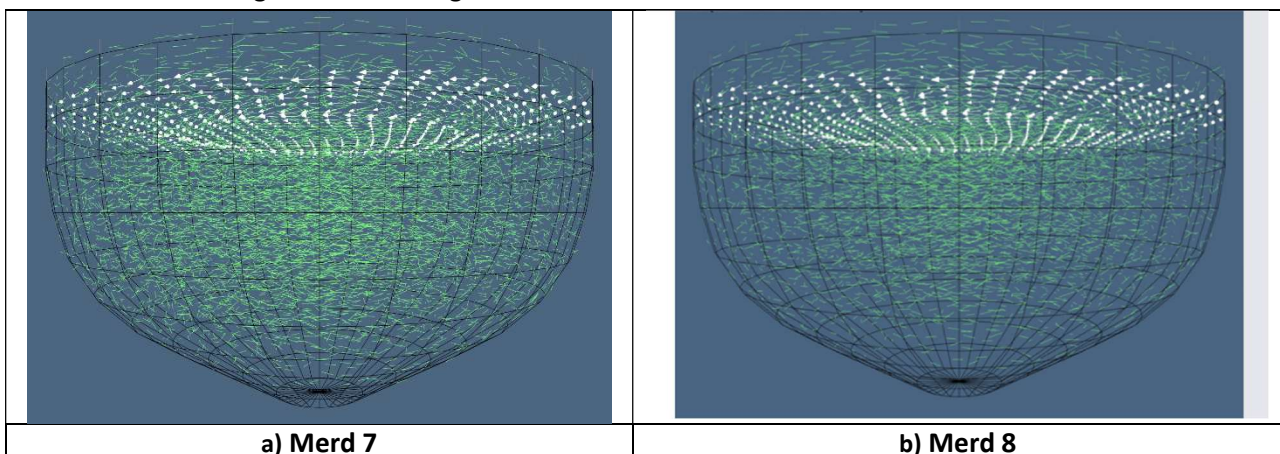
Til simuleringene er det brukt en dynamisk modell (FhSim) utviklet av SINTEF Ocean (Klebert et al., 2023; Su et al., 2023). I denne numeriske modellen er det implementert en fiskemodell som tar hensyn til sentrale miljøparametere som strømhastighet, temperatur og lysforhold. Det er gjennomført flere ulike simuleringer. Først ble to representative tidsperioder – «vinter» (Figur 19) og «sommer» (Figur 20) – modellert. Disse periodene gjenspeiler forholdene i merdene i henholdsvis januar 2025 (vinter) og mai 2025 (sommer). Simuleringene tar hensyn til det faktiske antallet fisk i merdene på disse tidspunktene og reflekterer dermed de reelle tetthetene i hver periode.

En simulering av 3D-strømningsmønsteret utføres først med CFD (Computational Fluid Dynamics), som er et numerisk verktøy som løser Navier-Stokes-ligningene som beskriver bevegelsen til viskøse fluider. Disse simuleringene predikerer sentrale strømningsvariabler slik som hastigheter (Figur 17).



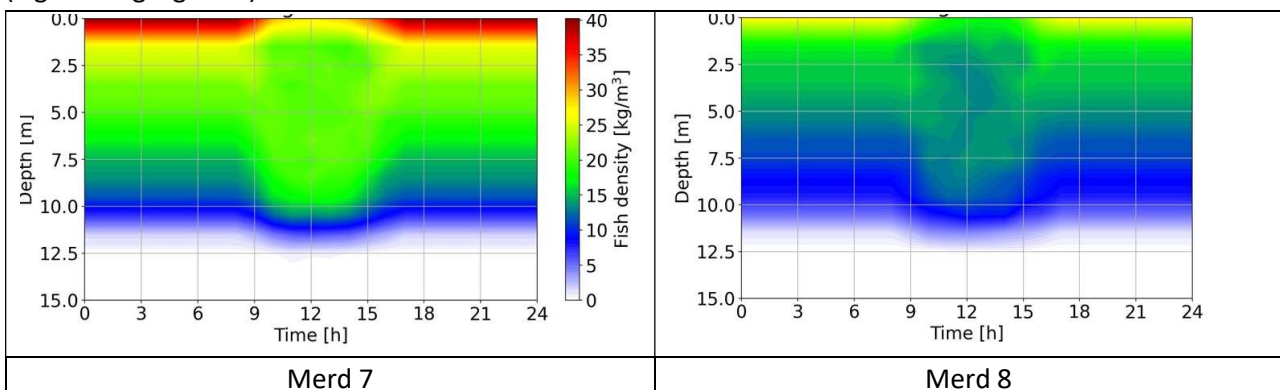
Figur 17: Strøm Simuleringer inni lukket merd med lignende størrelse enn de målingene. a) Volume = 6500 m³, Diameter = 27,5m, Dybden = 16m b) Strøms monster inni volumet

Strømningsmodelleringene brukes deretter som input til fiskemodelleringen (Figur 18). Pilene viser hastighetsvektorfeltet fra CFD-simuleringene. Disse vises her som en indikasjon av strøm feltet. Med disse fiskemodellsimuleringene er det mulig å få direkte fisketetthet.



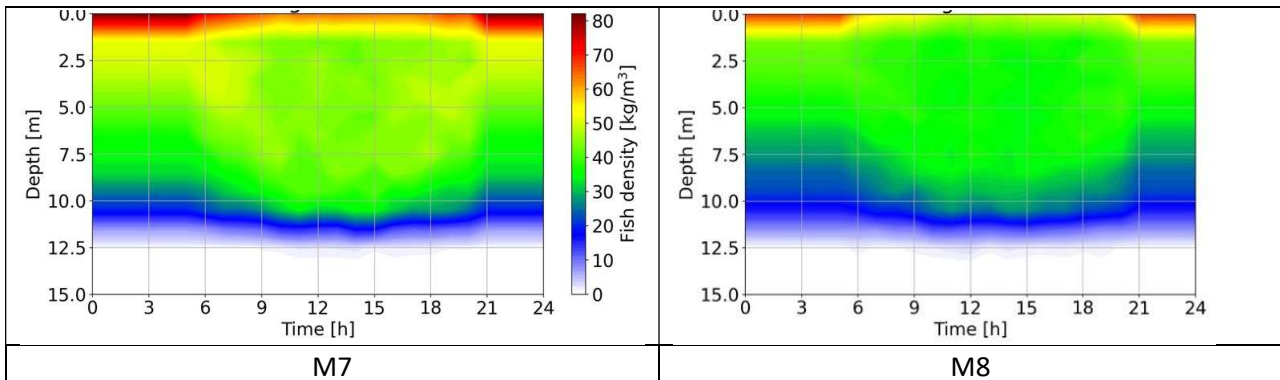
Figur 18: Eksempel av Dynamisk fisk simuleringene i a) Merd7 (186200 fisk) og b) Merd8 (125000 fisk).

I dette prosjektet er det utført tidsavhengige fiskesimuleringer: fiskefordelingen simuleres over en 24-timers periode. Ved forskjellen fra ekkolodd dataene, beregner simuleringen fisketettheten som er representert (Figur 19 og Figur 20).



Figur 19: Simuleringer av fiskeatferd i løpet av "vinter"-tilfellet. Gjennomsnittlig fiskefordeling i løpet av et døgn.

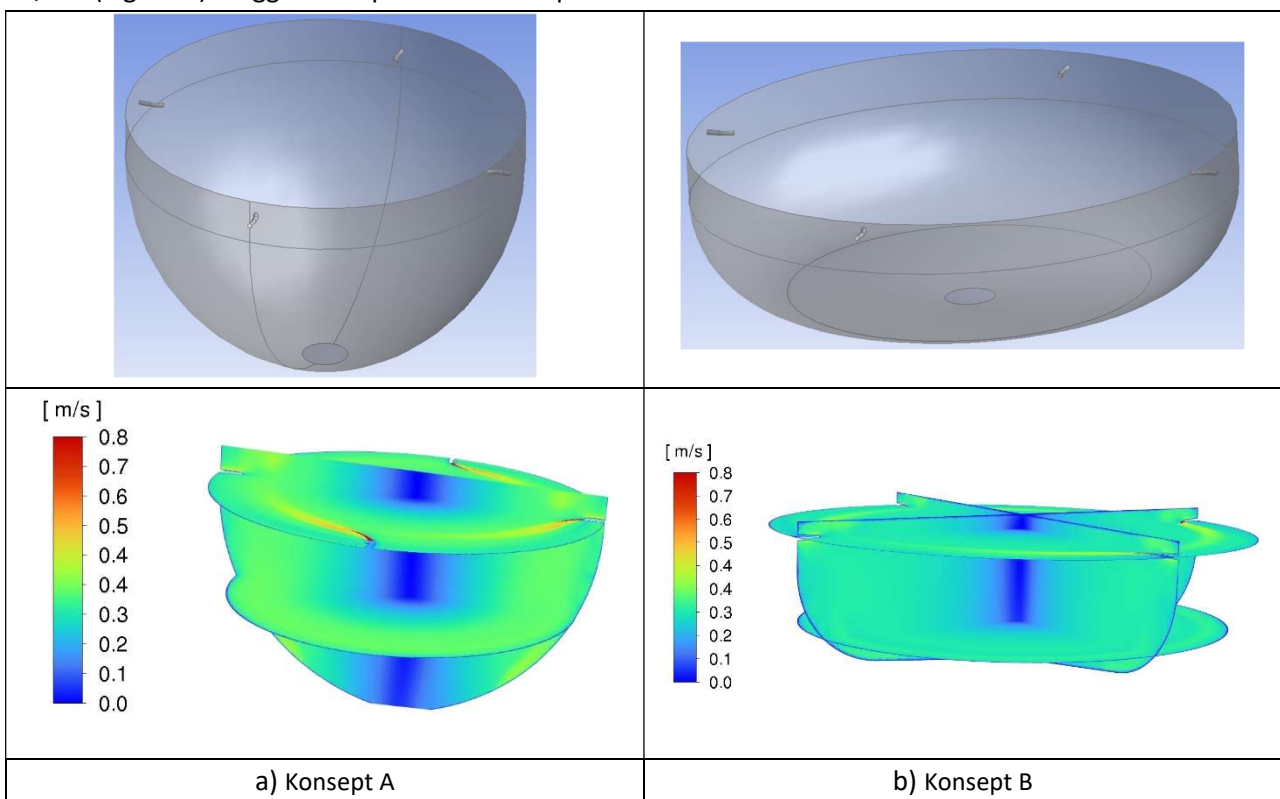
Simuleringene angir fisketetthet i kg/m^3 , knyttet til den vertikale fordelingen. Resultatene viser at tettheten om natten, når fisk samler seg nær overflaten, kan øke til omtrent $80 \text{ kg}/\text{m}^3$ i tilfelle med høy tetthet. I tillegg viser simuleringene samme trend som målingene med hensyn til en økt tidsperiode der fisken er spredt i vannsøylen, noe som er direkte knyttet til dagslysets varighet, som øker fra januar til mai.



Figur 20: Simuleringer av fiskeatferd i løpet av "sommer"-tilfellet. Gjennomsnittlig fiskefordeling i løpet av et døgn.

b) Simuleringene i merder med likt volum ($30\,000\text{m}^3$) og forskjellige oppsetter

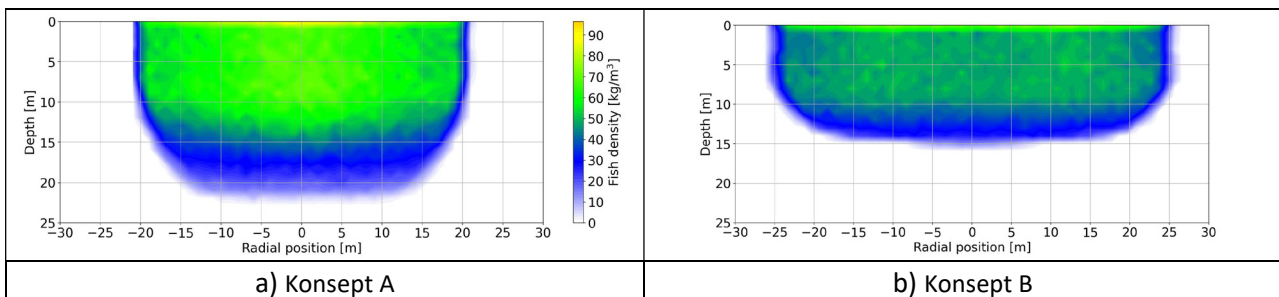
I denne delen har vi utført tilsvarende simuleringer med et oppskalert merdvolum ($30\,000 \text{ m}^3$) for to forskjellige konsepter: Konsept A har diameter 43 m og dybde 30 m; Konsept B har diameter 53 m og dybde 16,5 m (Figur 21). Begge konsepter har 4 innløpene



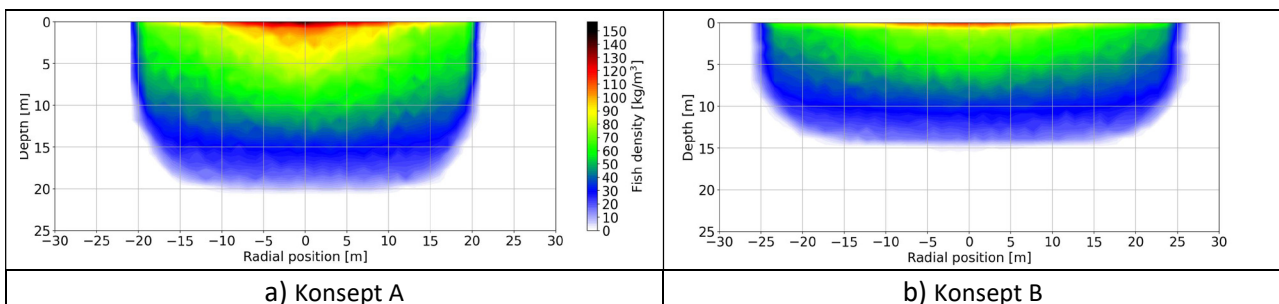
Figur 21: Strøm Simuleringer inni Konsept A & B a) Volume = 30000 m^3 , Diameter = 43m, Dybden = 30m
b) Volume = 30000 m^3 , Diameter = 53m, Dybden = 16,5m

En simulering av 3D-strømningsmønsteret utføres først med CFD i de to konsepter med lignende vannstrøm mengde. 3D hastighet felt er brukt for å simulere fisk atferd. Simuleringer med en fisketetthet på $48 \text{ kg}/\text{m}^3$

for begge konseptene er utført. Atferd av fisk med en vekt på 1,5 kg er modellert. Fiskefordelingen på dagtid er vist i Figur 22, og oppførselen om natten er vist i Figur 23.



Figur 22: Simuleringer av fiskeatferd på dagtid. Gjennomsnittlig fiskefordeling inni Konsept A & B. a) en maksimal tetthet på 96kg/m³ og b) en maksimal tetthet på 75kg/m³ simuleres.



Figur 23: Simuleringer av fiskeatferd på natta. Gjennomsnittlig fiskefordeling i konsept A & B. a) en maksimal tetthet på 156 kg/m³ og b) en maksimal tetthet på 119 kg/m³ simuleres i den øvre delen av merd mot overflaten.

Disse simuleringene viser at fisken i konsept B på dagtid vil fordele seg i merdvolumet, som vil nå en tetthet på 48 kg/m³, mens fisken i konsept A ikke vil bruke den laveste delen av merden (mest sannsynlig på grunn av lavt lysnivå), noe som vil føre til høy fisketetthet i resten av merdvolumet (rundt 60 kg/m³).

Denne oppførselen forverres om natten ettersom fisken naturlig beveger seg mot den øvre delen, noe som vil skape mye høyere tettheter (156 kg/m³ for konsept A og 119 kg/m³ for konsept B), noe som kan påvirke fiskevelferden negativt.

5.1.5 Konklusjoner

- Rapporten presenterer hastighetsmålinger som er utført i tre lukkede merder gjennom en hel produksjon av post-smolt ved ulike tettheter. Dataene viste variasjoner hovedsakelig knyttet til normale driftsforhold ved slike anlegg. De to viktigste resultatene er: a) basert på disse dataene ser det ikke ut til at økende fisketetthet har noen merkbar effekt på strømmingen; det ble observert en reduksjon i én merd med høy fisketetthet, men årsaken til dette er ikke relatert til fisketetthet; b) om natten, når fisken i hovedsak svømmer i den øvre delen av merden, medfører dette en reduksjon i strømningshastigheten.
- Når det gjelder fiskens atferd, viste observasjonene at fisken i alle merdene oppførte seg på samme måte: De samlet seg nær overflaten om natten og fordelte seg dypere i vannsøylen på dagtid. Bildeanalyser fra undervannskameraer bekrefter også at svømmemønstrene var tilsvarende på tvers av merdene, noe som indikerer at de undersøkte tetthetsforskjellene ikke hadde målbar innvirkning på atferden.
- For å støtte opp om de observerte mønstrene ble en tredimensjonal fiskemodell brukt til å simulere situasjonen i anlegget. To representative perioder ble modellert: én vinterperiode (januar 2025) og én

sommerperiode (mai 2025). Simuleringene gjenspeiler godt den observerte atferden. De viser også at svært høy lokal tetthet (opptil 80 kg/m³) kan forekomme om natten, særlig i merdene med høyere total tetthet i prosjektet.

- Simuleringer av fiskefordeling for to oppskalerte merder med tilsvarende volum (30 000 m³), men med ulik diameter og viser at den hensiktsmessige for oppskalering av sirkulære merder er å sikre tilstrekkelig stor diameter slik at fisken kan samle seg når overflaten om natten. Dette reduserer risikoen for svært høye tettheter i den øvre delen av merden. Samtidig indikerer resultatene at det ikke er behov for svært dype merder, ettersom fisken sannsynligvis ikke vil benytte de dypere områdene hvor lysforholdene er for svake.

5.2 AP2: Mikrobiell vannkvalitet

5.2.1 Oppsummering hovedfunn

Denne arbeidspakken (AP2) undersøkte mikrobiota og mikrobiell vannkvalitet i flytende lukkede oppdrettsmerder (FLO) hos Akvafuture, med særlig fokus på hvordan vannkvaliteten varierer mellom merder, over tid og ved to ulike tettheter. Vannprøver ble samlet fra seks merder med lav/høy tetthet over fire prøvetidspunkt og ble analysert for bakteriekonsentrasjon, mikrobiotasammensetning, diversitet samt forekomst av potensielle patogene bakterier. Resultatene viser at bakteriekonsentrasjonen varierer med sesong og temperatur, men ikke mellom tettheter. Analysene viste generelt lav bakteriekonsentrasjon og begrenset gjenvækst i merdene, noe som er gunstig for FLO. Vannmiljøet er preget av bakterier som er tilpasset til kalde, marine og delvis dyphavslignende forhold. Sammensetningen av mikrobiota var generelt lik mellom inntaksvannet og merdvannet. I de ytterste merdene i anlegget var det derimot tydelige forskjeller mellom mikrobiotaen i inntaks- og merdvannet, og var forskjellig fra de andre merdene. Dette kan tyde på at disse merdene var mindre påvirket av utløpsvann samt fikk mer friskt vann inn, noe som igjen kan forklare den signifikante høyere alfa-diversiteten. Høy diversitet sammenfalt også med den høyeste fiskeoverlevelsen. Dette gjør området særlig interessant å undersøke videre. Beta-diversitet viste tydelige forskjeller mellom prøvetidspunktene, som forventet. Studien gir ny innsikt i mikrobiologiske forhold i FLO og peker på behovet for videre overvåkning og forståelse av mikrobiell dynamikk for optimal drift og fiskehelse.

5.2.2 Eksperimentelt oppsett og metode

Prøveuttak hos lokalitet Sæterosen ble utført annenhver måned: oktober (08.10.2024), desember (09.12.2024), februar (11.02.2025) og april (09.04.2025), i samarbeid med Veterinærinstituttet og Akvafuture (Figur 24). Triplikate vannprøver fra inntaksvann og senter i merda ble tatt ut fra totalt 6 merder, tre merder for HØY tetthet, (merd 6, 7, 10) og merder for LAV tetthet (merd 5, 8, 9) (Figur 3; Tabell 1). De to siste prøveuttakene ble det tatt en replikat pr prøve, da replikatene i de to første prøveuttakene var svært like i mikrobiotasammensetning. Totalt gav dette 144 prøver samt ti ekstraprøver.

Vannprøver ble hentet fra senter av merda ved hjelp av robåt og ei sterilisert bøtte. Senter av merda ble valgt, da dette ble betraktet som den mest representative prøven i merda over tid, hvor f.eks. pH er mest stabil (Akvafuture, pers. komm.). Inntaksvann ble samlet inn fra inntak ved hver merd. Et fast volum (240 ml) ble filtrert ved hjelp av sterile Sterivex™ filtre (Millipore, USA) og tilsatt DNA/RNA Shield for å stabilisere prøvene ved transport og lagring (protokoller hos SINTEF). Mellom hvert prøveuttak mellom merdene ble bøtte desinfisert med klor (1:9) og latt virke i 10 minutter. Bøtta ble deretter vasket med tilhørende

merdvann (Figur 24). pH og temperatur ble målt i hver merd og inntaksvann. Prøver ble fryst ned etter prøveuttak hos Akvafuture og deretter sendt til SINTEF for videre analyse. DNA ble isolert og renset etter protokoller hos SINTEF med bruk av ZymoBIOMICS DNA MiniPrep Kit (Dahle et al., 2023).

Analysert utført på alle DNA-prøver:

1. Bakteriekonsentrasjon ble analysert ved hjelp av qPCR (Perfecta MultiPlex qPCR ToughMix ROX (5X) (Quanta), med primersett for bakterielt 16S og TaqMan-probe) på lab hos SINTEF (Bloecher et al., submitted)
2. Mikrobielle samfunn ble analysert ved 16S DNA sekvensering hos BGI, Kina. Bioinformatikk og dataanalyse ble utført etter protokoller hos SINTEF (Dahle et al., 2023)
 - a. Sammensetning av mikrobiota
 - b. Diversitetsanalyser (alfa- og beta-diversitet)
 - c. Mulige patogene bakterier



Figur 24: Prøveuttak april 2025. Velferdsscore utført av Elisabeth Treines og Halle Vonheim, Akvafuture AS, til venstre og filtrering av vannprøver, Kristoffer V. Nielsen, Veterinærinstituttet, til høyre. Foto: SINTEF Ocean.

5.2.3 Resultater og diskusjon

• Konsentrasjon av bakterier

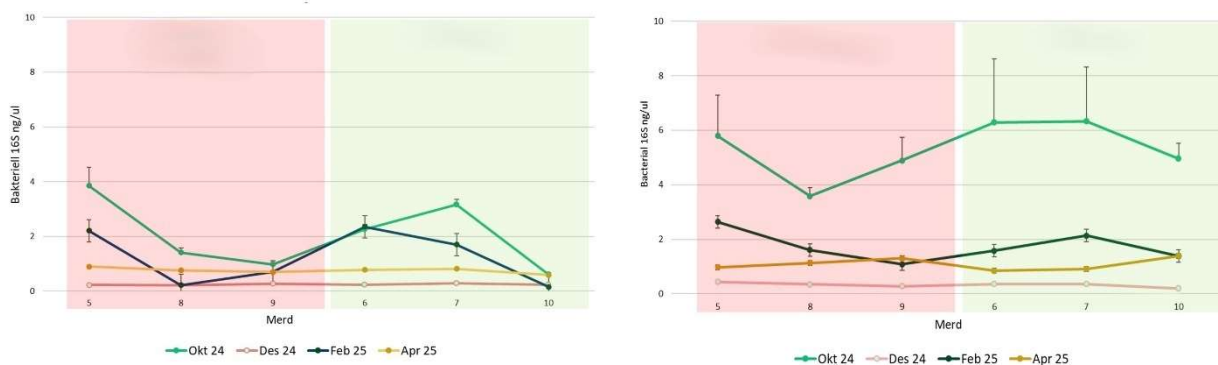
a) Konsentrasjon over tid

Ved hjelp av qPCR ble bakteriekonsentrasjonen i inntaksvann og merdvann estimert (Figur 25). Inntaksvann hadde lavere konsentrasjon enn merdvann i stort sett alle prøver, som forventet. Konsentrasjonen varierte mellom de fire prøvetidspunktene, både for inntaksvann og merdvann, og kan forklares med forskjeller i temperatur, pH og naturlig sesongvariasjon i mikrobiota. Oktober hadde høyere konsentrasjoner (2.1-5.8 ng/μl) enn de påfølgende månedene (Figur 25), og hadde også høyest temperatur (13 °C, i merd). Temperatur for desember var 8.5 °C, februar 5.5 °C, april 5.5 °C, og disse månedene hadde noe lavere konsentrasjon. Resultatene viser en moderat til sterk positiv korrelasjon mellom temperatur og

bakteriekonsentrasjon i merd. Når temperaturen øker, øker konsentrasjonen, men resultatene er ikke statistisk signifikant ($p=0.2$).

Det var noe variasjon mellom merdene, spesielt for oktober og februar. Prøvetidspunkt kan også påvirke resultatene, som kan for eksempel variere med tidevann, strømmer (inntaksvann). Det ble tatt ut noen ekstra prøver av to merder for inntaksvann, tre timer etter første prøveuttak, for å se hvordan prøvetidspunkt påvirker resultatet. Etter tre timer var konsentrasjonen økt noe for gitte merder (i merd 5 for eksempel økte konsentrasjonen fra 0.9 til 1.4 ng/ μ l).

Bakteriekonsentrasjonene er gjennomgående lave, med en maksimumsverdi på 6,2 ng/ μ l. Det finnes imidlertid begrenset sammenligningsgrunnlag for flytende lukkede merder. Data fra SINTEF, basert på samme analysemetode (Smittekontroll, FHF; Størkersen et al., 2024), viser at inntaksvann til en brønnbåt typisk kan ligge rundt 1 ng/ μ l, mens et fiskekar i et RAS-anlegg kan ha konsentrasjoner opp mot 200 ng/ μ l. I RAS er høye bakterienivåer nødvendige for å opprettholde et fungerende system for fisken, mens et lukket anlegg helst bør ha moderate nivåer. Samtidig er slike anlegg avhengige av at bakteriene som dominerer, er nøytrale eller gunstige.



Figur 25: Bakteriekonsentrasjon (ng/ μ l) i inntaksvann (venstre) og merdvann (høyre) for oktober, desember 2024, februar og april 2025, for hver merd. Hver prøve representerer triplikate vannprøver. Rød=Høy tetthet, grønn=lav tetthet.

b) Konsentrasjon bakterier ved ulike tettheter

Det ble ikke funnet signifikante forskjeller i bakteriekonsentrasjon mellom de to ulike tetthetene ved noen av de fire prøveuttakene for merdvann (oktober $p=0.65$; desember 0.67; februar 0.77; april 0.62). Tetthet har dermed ikke en signifikant effekt på bakteriekonsentrasjon i disse forsøkene. Tetthet var derimot ikke svært forskjellig mellom lav og høy tetthet.

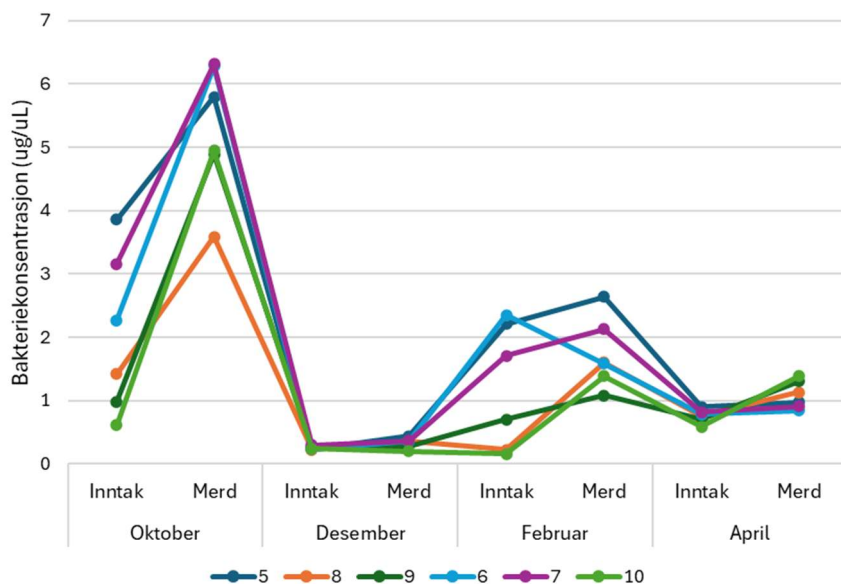
c) Oppvekst av bakterier i merd

Det er naturlig med oppvekst av bakterier i lukkede systemer, hvor vannutskifting/oppholdstid av vann, drift, partikkelkonsentrasjon og belastning på inntaksvann er noen av parameterne som påvirker hvor høy gjenvæksten blir (Dahle, 2022). I resirkuleringsanlegg og gjennomstrømssystemer på land har vi sett at en oppholdstid over 60 minutter gir en høy oppvekst av bakterier (Dahle, 2022). Man ønsker ikke for høy gjenvækst, da dette er samfunn som typisk domineres av hurtigvoksende opportunistiske bakterier, som også kan være sykdomsfremkallende agens samt kan forringe vannkvaliteten. I lukkede merder i sjø er situasjonen

annerledes enn lukkede systemer på land, da lukkede i sjø ikke har desinfeksjon. Desinfeksjon av vann kan påvirke gjenveksten negativt, ved at bakteriene som vokser opp i etterkant i karene får større spillerom og domineres av opportuniste (Dahle, 2022).

Prøveuttakstidspunktene med høyest bakteriekonsentrasjon viser også høyest gjenvekst, naturlig nok. Oktober hadde høyest bakteriekonsentrasjon og viser klart høyest gjenvekst av bakterier i merd, men stor variasjon mellom merder (Figur 26). I snitt hadde inntaket en bakteriekonsentrasjon på 2.05 ng/μl, mens merdene hadde 5.01 ng/μl. Det var ingen signifikant effekt av tetthet på gjenvekst ($p=0.59$; $p=0.41$; $p=0.93$; $p=0.94$).

Økningen i bakteriekonsentrasjon i merda gjenspeiler ikke en svært høy oppvekst. Dette kan indikere at oppholdstida av merdvann og hydrodynamikk er optimal, som ikke gir gode vekstbetingelser for bakterier. Bakteriene rekker ikke å vokse opp i noen stor grad før vannet er skiftet ut. For disse analysene har man derimot ikke resultater å sammenlikne med for FLO.



Figur 26: Gjenvekst av bakterier i merd vs. Inntaksvann, i oktober, desember, februar og april. Lav tetthet= merd 5, 8, 9 og høy tetthet= 6, 7, 10.

- **Mikrobiell diversitet**

- a) **Mikrobiota sammensetning og dynamikk**

Forklaring av bakteriesamfunn og dynamikk: I Figur 24 under presenteres de mest representative bakteriene på tre ulike taxonomiske nivå, hvor det nederste er på slekts-nivå (Orden/Familie/Slekt). Under lysegrønn «other» ligger mange ulike bakterier i lavt nivå, som er samlet under samme søyle.

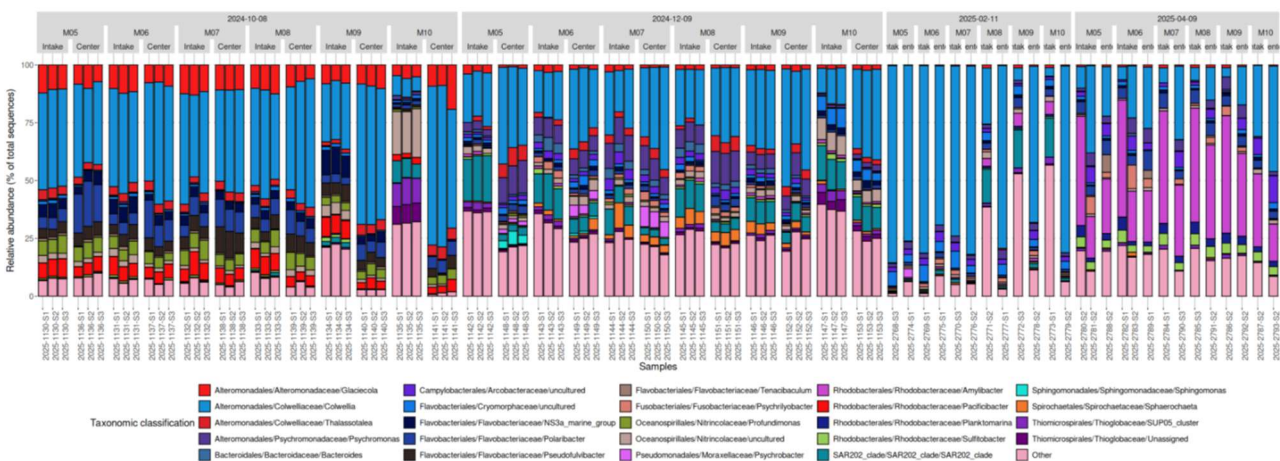
Inntaksvannet til hver merd hentes fra egen inntaksledning, og for de fleste merdene er den bakterielle sammensetningen relativt lik. Det finnes likevel enkelte unntak gjennom perioden: Merd 9 og merd 10 skiller seg tydelig fra de øvrige merdene både i oktober og februar, og i februar viser også merd 8

avvikende sammensetning. Disse forskjellene (Figur 27), som fremgår tydeligere i Figur 32, gjelder i hovedsak de to (tre) ytterste merdene i anlegget.

Det begrensede datagrunnlaget med kun fire prøveuttak gjør det utfordrende å trekke sikre årsakssammenhenger. Merdenes plassering kan imidlertid være en forklarende faktor. Yttermerdene kan enten motta inntaksvann med en annen mikrobiell sammensetning enn resten av anlegget, eller de kan være mindre påvirket av utløpsvann fra anlegget.

Når inntaksvannet sammenliknes med merdvannet, viser de fleste merdene svært lik sammensetning på alle fire prøvetidspunkter. Dette kan tyde på at utløpsvann blandes med inntaksvann som følge av hydrodynamiske forhold, eller at vannets mikrobielle sammensetning i liten grad endres under opphold i merdene. For merd 9 og merd 10, som har tydelig avvikende inntaksvann, utvikler imidlertid merdvannet seg til å ligne merdvannet i de øvrige merdene. Dette kan indikere et felles seleksjonspress i merdene som bidrar til en homogen mikrobiota i merdvannet, til tross for forskjeller i inntaksvannet.

Vannmiljøet er preget av bakterier som typisk trives i kalde, marine og delvis dyphavslignende forhold, samt arter som er knyttet til nedbrytning av organisk materiale og algebiomasse. Vannet domineres av Colwellia, en slekt man ofte finner i dyp sjø. Denne beskrives også som fakultativ anaerob, og trenger ikke oksygen. Andre dominerende slekter er f. eks Polaribacter (finnes i kaldt sjøvann, og kan også bryte ned algeceller og sees på som viktig i biogeokjemiske sykluser), Psuedoclavibacter (typisk for sjøvann). Inntaksvann inneholder lavere nivå av Colwellia og er mer dominert av Glaciecola (dominerer bakteriesamfunn under kalde vårbloomstringer og spiller en nøkkelrolle i nedbrytning av organisk materiale).



Figur 27: Mikrobiota sammensetning for de fire prøvetidspunktene, for inntaksvann og merdvann. Tre replikater er benyttet for de to første tidspunktene, mens de to siste har en replikat pr prøve. De ulike fargekodene angir taksonomisk klassifisering på orden/familie/slekt.

b) Alfa-diversitet

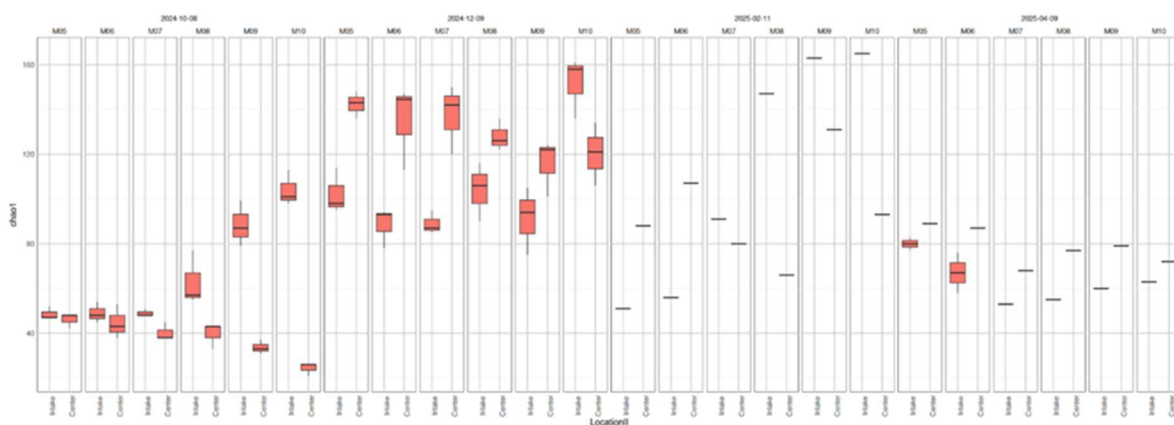
Forklaring av alfa-diversitet: Diversitet er et mål på hvor mange ulike bakterier som er til stede (mangfold), og benyttes som evaluering av mikrobiell vannkvalitet. Generelt ønsker man høy diversitet slik at ikke enkeltarter av bakterier dominerer samfunnet, som kan indikere dårlig sammensetning og fare for oppvekst

av opportunister og patogener. Vi måler alfa-diversitet med *chao1* og Shannon. Enkelt forklart kan man si at *chao1* viser antall arter til stede, mens Shannon også tar hensyn til fordeling av arter, og er dermed to ulike mål på alfa-diversitet.

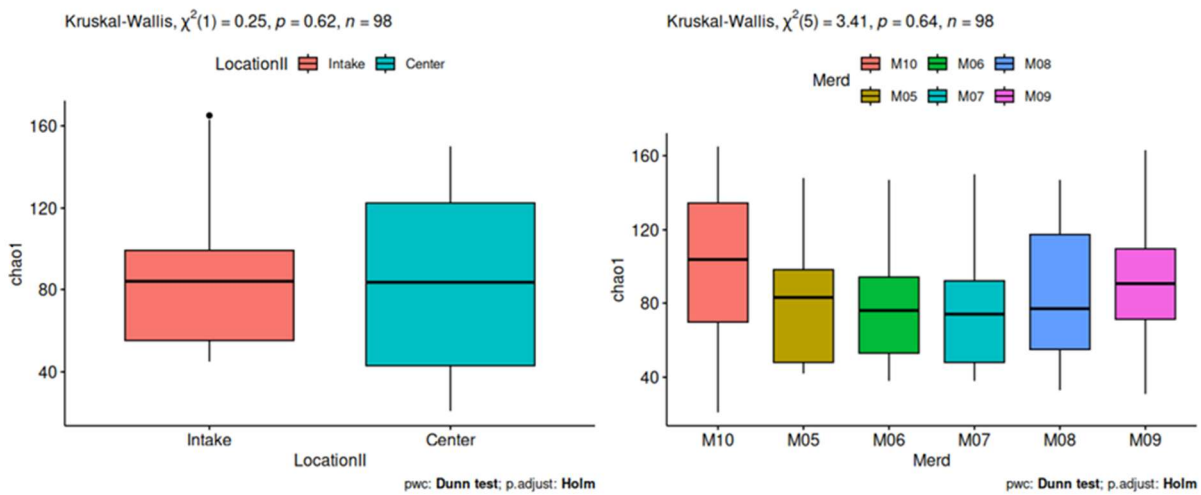
Ved den første prøvetakingen i oktober økte diversiteten i inntaksvannet med økende merdnummer for begge indeksene av diversitet (*chao1* og Shannon), det vil si at det ytterste merdene (merd 9, 10) har høyest diversitet (Figur 28; Figur 29; Figur 30) og dermed betraktes som en bedre mikrobiell vannkvalitet. Ved prøvetakingen i desember var *chao1*-diversiteten av merdvann konsekvent høyere enn inntaket, bortsett fra merd 10, hvor inntaket hadde høyere diversitet. For Shannon-indeksen kunne ingen store forskjeller observeres mellom vanntyper i merdene, bortsett fra merd 10, hvor inntaksvannet viste høyere diversitet sammenlignet med senteroverflaten og utmerket seg med høyere alfa-diversitet på inntak enn resterende merder (Figur 31).

Maks verdi for *chao1* var 160 og Shannon 4.5. Til sammenlikning kan gjennomstrømssystemer ha en *chao1* på rundt 100-200 (Dahle et al., 2020; upublisert). Dette er relativt sammenliknbart med desember-uttaket. Det er likevel viktig å merke seg at gjennomstrømsanlegg kan ha desinfisering av inntaksvannet og bruker ferskvann, og systemene er derfor ikke direkte sammenliknbare. Hva som utgjør en typisk alfa-diversitet i FLO er fortsatt ukjent.

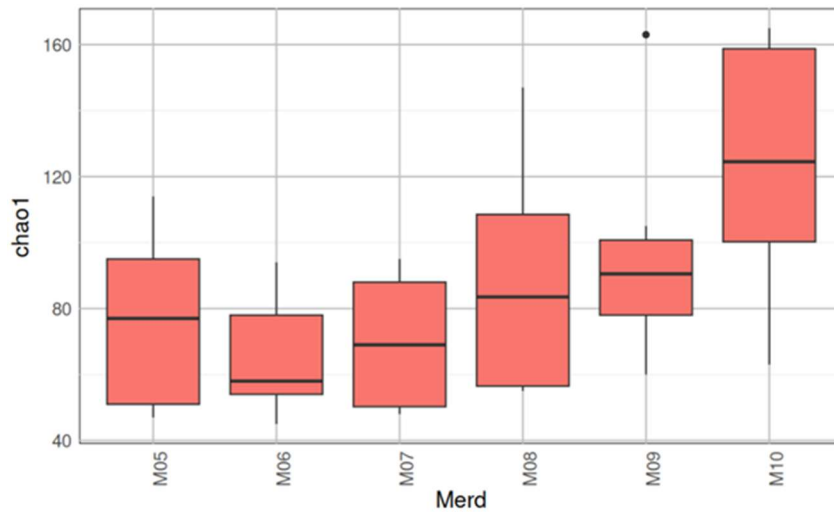
Det ble ikke observert noen signifikant forskjell i alfa-diversitet mellom inntaksvannet og merdvannet i snitt (Figur 29). Når vi ser nærmere på de ulike merdene, har merd 9 og 10 en høyere diversitet enn de andre merdene (merdvann og inntak) (Figur 29). I tillegg så har inntaksvannet (Figur 30) for merd 10, 9 og 8 en tydelig høyere alfadiversitet enn de øvrige merdene, hvor merd 10 var signifikant høyere enn merd 5, 6 og (p=0.007; p=0.001; p=0.004). En høy alfa-diversitet er ønskelig og karakteriserer en god mikrobiell vannkvalitet. Det er særlig interessant at fisken i merd 9 og 10 også hadde den høyeste overlevelsen gjennom forsøksperioden (AP3) og er en kobling som bør følges videre. Tidligere forskning har vist at det er en kobling mellom høy mikrobiell diversitet og bedre fiskehelse, men de fleste publikasjoner gjelder tarmmikrobiota (Tay et al., 2025). Høy alfa-diversitet i de ytterste merdene kan indikere mindre påvirkning av utløpsvann, som nevnt tidligere.



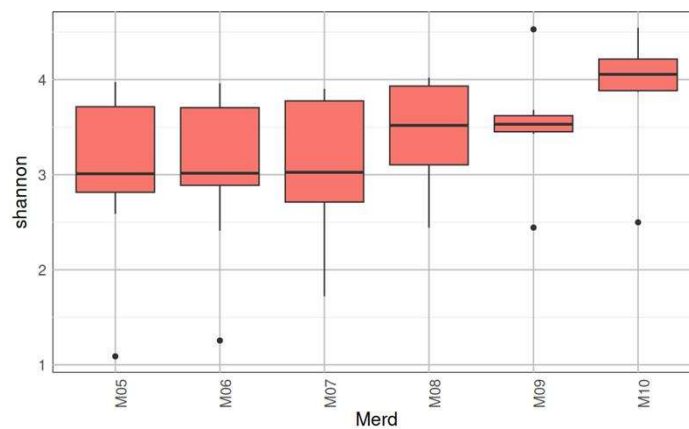
Figur 28: Alfa-diversitet for inntaksvann og merdvann, som viser mangfold av bakteriesamfunn for alle prøver over tid, representert ved *chao1* index.



Figur 29: Alfa-diversitet av merdsvann og inntaksvann som viser mangfold av bakteriesamfunn i gjennomsnitt for alle fire prøveuttak, representert ved chao1 index.



Figur 30: Alfa-diversitet av inntaksvann i snitt over perioden for hver merd, representert ved chao index.

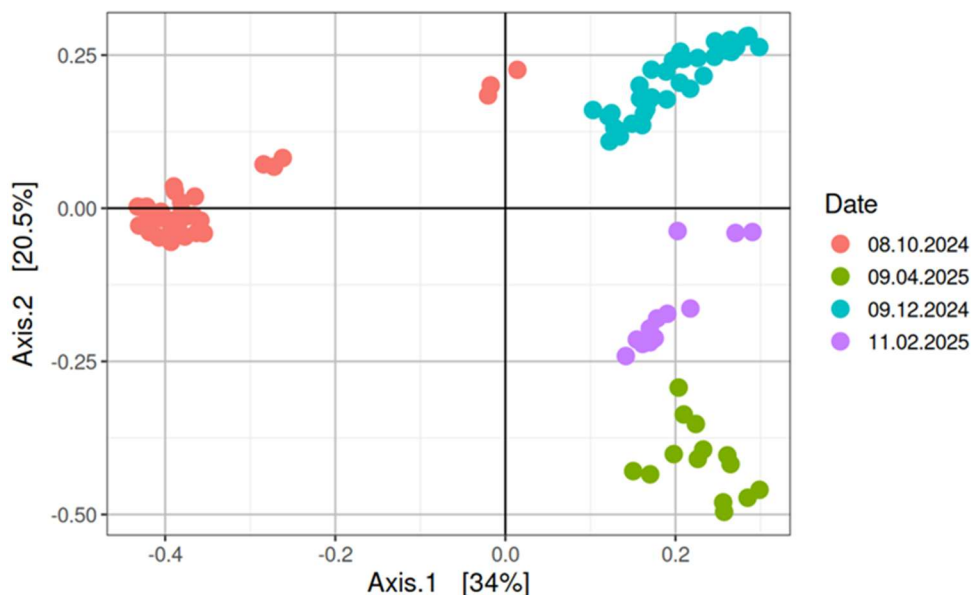


Figur 31: Alfa-diversitet av inntaksvann i snitt over perioden for hver merd, representert ved Shannon index.

c) Beta-diversitet

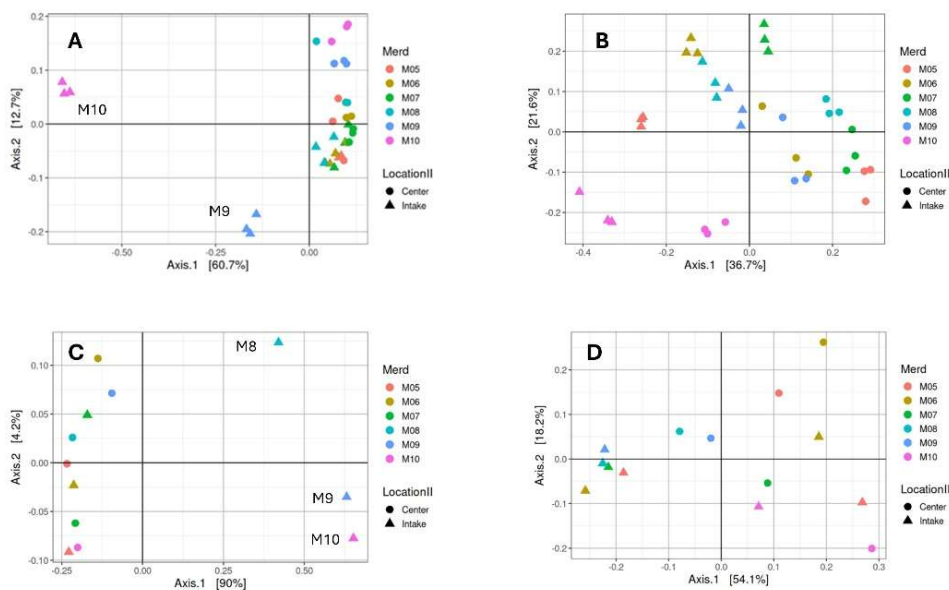
Forklaring av beta-diversitet: beta-diversitet viser forskjeller i bakteriesammensetning mellom ulike prøver og prøvetidspunkt. Hvert punkt i figurene under, representerer mikrobiotaprofilen til en vannprøve. Er punktene/prøvene nært hverandre, betyr det at sammensetningen av bakterier er like. Er de langt fra hverandre er de ulike.

Figur 32 viser at mikrobiotasammensetningen varierer tydelig mellom de fire prøvetidspunktene. Det er forventet at den mikrobielle sammensetning påvirkes av naturlige sesongmessige endringer i inntaksvannet. I tillegg vil påvirkninger i merda fra fisk, organisk materiale, drift og hydrodynamiske forhold føre til et seleksjonspress som påvirker sammensetningen. De tre røde prøvene som skiller seg ut i oktober, er inntaksvann fra merd 10 samt fra merd 9. Dette indikerer at inntaksvannet til merd 9 og 10 har en annen mikrobiotasammensetning enn de øvrige merdene, noe som samsvarer med observasjonene gjort tidligere for alfa-diversitet (Figur 28-Figur 31). Samme gjelder for februar, hvor også merd 8 skiller seg noe ut.



Figur 32: Multivariat analyse av mikrobiell sammensetning av alle prøver, og farget etter prøvetaksdato. De tre prøvene fra oktober (røde) som ligger nærmere desember er inntaksvann for merd 10.

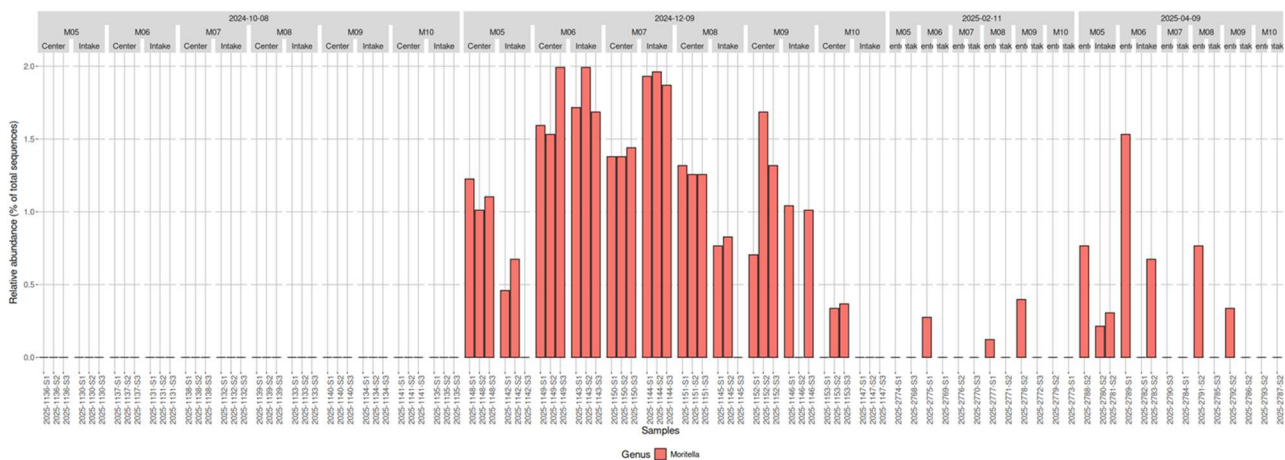
Figur 33 viser beta-diversiteten for de fire uttakene i mer detalj. Her ser man hvordan inntaksvann fra merd 8, 9 og 10 skiller seg ut fra resterende vannprøver i oktober (A) og februar (C). Man kan også lese av disse grafene at mikrobefunnet er mer samlet og likt i oktober enn de resterende månedene, om man ser bort fra inntaksvann til merd 9 og 10.



Figur 33. Multivariat analyse av mikrobiell sammensetning av alle prøver fra oktober (A), desember (B), februar (C) og april (D).

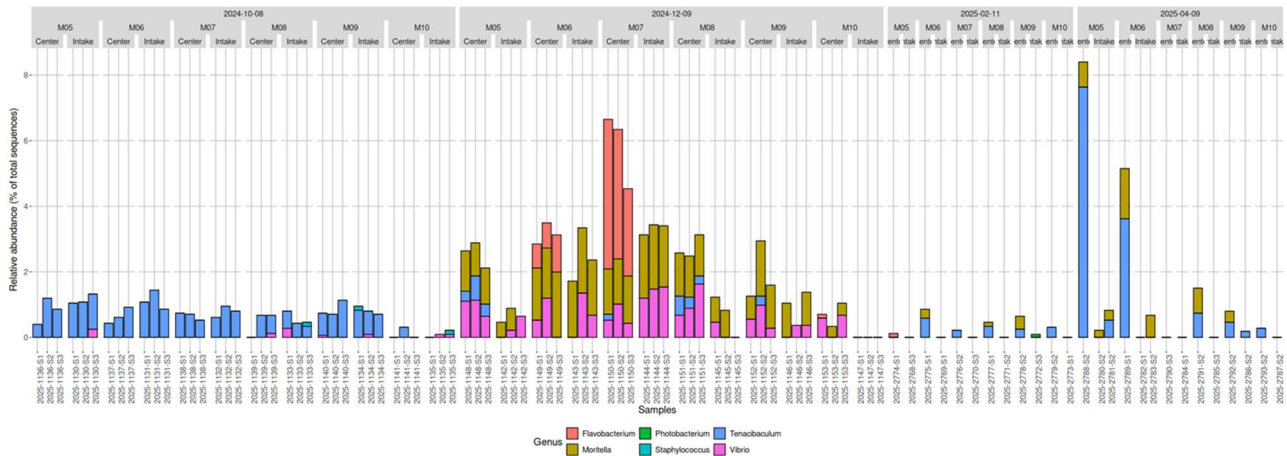
• **Mulige patogene bakterier**

Siden anlegget hadde en mistanke om *Moritella viscosa* infeksjoner (fra november) ble det søkt etter Moritella (Figur 34) samt andre kjente patogene bakterier for FLO (Figur 35) i vannprøvene, på genus/slekt-nivå (ikke artsnivå). Ingen Moritella slekter funnet på prøveuttak for oktober, noe som stemmer godt med det anlegget har observert. Vi fant Moritella i desember og dette var høyest for merd 6 og 7, men også noe i de andre merdene. Høyeste relative nivå var ca 2%. Inntaksvann for merd 10 hadde ingen Moritella på slektsnivå. Merdvann hadde i snitt høyere innslag av Moritella, sammenliknet med inntaksvann, men det var ikke signifikant høyere ($p=0.06$). Dette kan indikere noe oppvekst i merda, men at Moritella kommer inn via inntaksvannet. Det ble i AP3 påvist at det var ulike varianter av *Moritella viscosa* til stede i både merd og inntaksvann.



Figur 34. Relativt nivå av Moritella på slektsnivå. Ingen nivåer funnet i oktober, mens desember, februar og april har nivå opp mot 2%.

Andre relevante patogene bakterier for lukka anlegg er *Tenacibaculum* sp., *Aliivibrio wodanis*, *Vibrio* og *Aliivibrio* sp., *Flavobacterium*. Det ble gjort funn av *Flavobacterium*, *Vibrio* og *Tenacibaculum* (Figur 35). Høyest nivå ble funnet for desember-uttaket. Det er viktig å presisere at dette ikke nødvendigvis er patogene arter, men kan gi en indikasjon på risikoen. Disse prøvene ble sendt til Veterinærinstituttet for videre analyser (se AP 3).



Figur 35. Relativt nivå av mulige patogene bakterier som er aktuelle for FLO i vannprøvene, fra både merdsvann og inntaksvann.

5.2.4 Konklusjoner

Samlet sett viser resultatene at FLO systemet ved Sæterosen opprettholder en relativt stabil mikrobiell vannkvalitet, med moderate bakterienivåer og et artsrikt samfunn dominert av typiske kaldtvanns- og marine bakterieslekter. Det er likevel behov for flere studier som kan gi sammenlignbare data, samt for å inkludere et større antall vannprøver over en lengre tidsperiode. Det vil også være fordelaktig å ta prøver fra flere steder i merda. Et interessant funn er at ulike inntaksvann ser ut til å påvirke mikrobiotasammensetningen på forskjellig måte, noe som også kan henge sammen med hvor i anlegget vannet tas inn og hvordan utløpsvannet påvirker miljøet. Merder med den høyeste alfa-diversiteten viste også best fiskeoverlevelse, noe som gjør dette til et særlig spennende resultat å følge videre. Metode benyttet i denne arbeidspakken kan ikke påvise patogene bakteriearter, se AP3 for resultater og er dermed ikke inkludert i vurderingen. Resultatene gir et viktig kunnskapsgrunnlag for videre arbeid samt utvikling av gode driftsstrategier i FLO.

1. Overordnet vurdering

- Den mikrobielle vannkvaliteten i de lukkede merdene indikerer å være generelt god, uten store tegn til uønsket bakteriell oppblomstring. Dette indikerer at oppholdstida av vann i merdene og hydrodynamikk er optimal
- Biomassetthet (LAV vs. HØY) påvirket ikke bakterienivå eller mikrobiell diversitet
- Den mikrobielle vannkvaliteten styres av inntaksvannet og miljø rundt anlegget, og er preget av bakterier som typisk trives i kalde, marine og delvis dyphavslignende forhold
- Sesong og temperatur er den tydeligste driveren for variasjon i bakteriekonsentrasjon på inntak, mens i merd kan også merdmiljøet påvirke

- Mikrobiell sammensetning i inntaksvann og merdvann var i hovedsak lik, men de ytterste merdene (M9 og 10) skiller seg imidlertid ut i enkelte perioder, med signifikant høyere – og ønsket diversitet, samt en mer unik mikrobiotasammensetning på inntaksvannet
 - Disse merdene ligger lengst nord på lokaliteten og kan derfor få tilførsel av mer friskt vann og mindre påvirkning fra utløpsvann
 - De samme merdene (M9, 10) har også lavest dødelighet, selv om den totale dødeligheten i produksjonen var lav (0.44 - 1.2%)
- Moritella på genus nivå ble påvist fra desember samsvarende med dødelighet i anlegget. Senere identifisert til *M. viscosa* i AP3

2. Driftsimplikasjoner

- Ingen negative effekter av tetthet opptil 48 kg/m³
- Oppholdstid i vannet virker optimal, med lav gjenvekst av bakterier i merdvann
- Merder innerst i anlegget bør følges tett, da disse kan ha en mer innblanding av utløpsvann og deretter lavere diversitet
- Merder med den høyeste alfa-diversiteten viste best fiskeoverlevelse, noe som gjør dette til et særlig spennende spor å følge videre
- Vurdere etablering av baseline-verdier for mikrobiell diversitet og dynamikk i FLO

5.3 AP3: Fiskehelse og fiskevelferd

5.3.1 Oppsummering og hovedfunn

For å undersøke hvilken innflytelse ulike tettheter av fisk kan ha på merdmiljø, fiskevelferd og produksjonsøkonomi ble det satt ut laks (*Salmo salar*) i åtte lukkede merder (volum 6000m³) hos firmaet Akvafuture AS i Brønnøy, Nordland. I september 2024 ble det satt ut 1 309 521 fisk med snittvekt 105 g, fordelt på fire merder med LAV tetthet og fire merder med HØY tetthet. Forsøket varte i 253 dager, vanntemperatur varierte fra 5.3 til 14.7, med gjennomsnitt på ca 8.3. Avsluttende uttak av prøver ble gjort 9. og 10. april 2025, tilsvarende 193 til 208 merd-dager etter utsett. Det var normal tilvekst og lav dødelighet i alle merder og i begge tetthetsgruppene. Beregnet fra utsettsdata og biologiske data fra avsluttende uttak i sjø (S2, 9. - 10.04.2025) var gjennomsnitt (SD) for LAV tetthetsgruppe: antall fisk satt ut i merd 135 899 (8747), startvekt 105 g (8.7), sluttvekt 1294 g (112.4), dødelighet 0.79 % (0.28), spesifikk vekstrate (SGR) 1.13 (0.05) og biologisk førfaktor 0.91 (0.05). For HØY gruppe var resultatet: antall fisk satt ut i merd 191 189 (3950), startvekt 107 g (6.3), sluttvekt 1134 g (107.6), dødelighet 0.48 % (0.09), spesifikk vekstrate (SGR) 1.07 (0.03) og biologisk førfaktor 0.88 (0.01). Fravær av lus gjennom hele produksjonstiden i sjø har en positiv effekt på velferden til oppdrettsfisken, ved at fisken unngår stressende eller skadelige avlusningsprosedyrer.

Fisk i merder med LAV tetthet vokste raskere enn fisk i HØY gruppe, slik at forskjellen i tetthet ved avslutningen av forsøket ble noe mindre enn planlagt. Årsaken til lavere tilvekst i HØY gruppe kan ha vært utfordringer med å sikre samme førtildeling som i LAV gruppe, med lavere utføringsprosent og dermed lavere tilvekst som resultat. Den planlagte tilvekstmodellen holdt heller ikke tritt med reell vekst, slik at vekt i alle merder måtte oppjusteres etter snittveinger på slutten av produksjonsperioden.

Det ble, til tross for et godt produksjonsresultat, også observert en gradvis reduksjon i flere velferdsindikatorer gjennom 8 måneder i sjøvann. Dette skyldtes hovedsakelig merdspesifikke forhold, uten noen sikre forskjeller mellom de to tetthetsgruppene. Oppregulering av gener som *p38*, *muc5* og *il4/13a*-cytokinet i løpet av tida i sjø kan indikere et skifte fra virusdrevet patologi ved S1 til en mer miljørelatert inflammatorisk respons ved S2. Langvarig og kumulativt stress kan spille en sentral rolle for fiskevelferd og sykdomsresistens, og mulige stressorer i lukkede merder – utover moderate tetthetsforskjeller – bør undersøkes videre.

I løpet av produksjonstiden i sjø ble det påvist patogene virus og bakterier, både i fisken og i vannprøver. Dødelighet og forekomst av infeksjoner var lavest i de to ytterste merdene i anlegget, noe som kan indikere en mulig betydning av å unngå resirkulering av vann mellom avløp og innløp.

Det ble tatt tre hoveduttak av prøver, i settefiskanlegget, i sjø en måned etter utsett (S1) og 7 måneder etter utsett (S2). I tillegg ble det gjort månedlige inspeksjoner av helse og velferd, samt tatt ut prøver for nødvendig diagnostikk og for kontroll av gjellekvaliteten. Vannprøver fra innløp og merd ble tatt i oktober, desember, februar og april. Settefisken hadde moderat og uspesifikk gjelleirritasjon, men en generelt god eksteriør kvalitet og dødeligheten etter utsett var lav. Fra settefisk til S1 var det en økning i ytre skader, i form av skjelltap og hudblødninger, med håndtering ved sjøsetting som en sannsynlig medvirkende årsak. Gjellehelsen ved S1 var dominert av høy forekomst av Salmonid gill poxvirus (SGPV). Ved S2 fant vi flere indikasjoner på redusert velferd, sammenlignet med S1: flere hudskader, mer gjellepatologi, økt uttrykk av antiviral immunrespons og av reseptorer for glukokortikoider i røde blodceller, samt oppregulering av flere gener i gjellevevet knyttet til celledesignaler og inflammasjon.

Det var en svak økning i dødelighet i enkeltmerder i den siste delen av perioden, der viktigste årsak var sykdomsutbrudd med vintersårbakterien *Moritella viscosa*. Ved S2 var også SGPV fortsatt til stede, men med lavere prevalens og mindre virusmengde enn ved S1. Den vedvarende SGPV-infeksjonen kan ha bidratt til gradvis utvikling av mer kronisk gjellepatologi, men andre og miljørelaterte årsaksfaktorer kan også ha vært av betydning.

En infeksjon med Piscine orthoreovirus 1 (PRV-1) ble etablert i midten av februar, med høy prevalens og høye virusnivåer. Infeksjon i røde blodceller og hjertevev resulterte i typisk, men moderat patologisk respons og lave dødelighetstall. PRV-1 er årsak til sykdommen hjerte og skjelettmuskelbetennelse (HSMB) og er et svært vanlig patogen i norske sjøanlegg med laks. PRV-1 ble funnet i blod fra alle analyserte fisk ved S2, histologi viste hjertepatologi typisk for HSMB, og in situ hybridisering påviste PRV-1 i lesjoner i hjertemuskulatur og epikard.

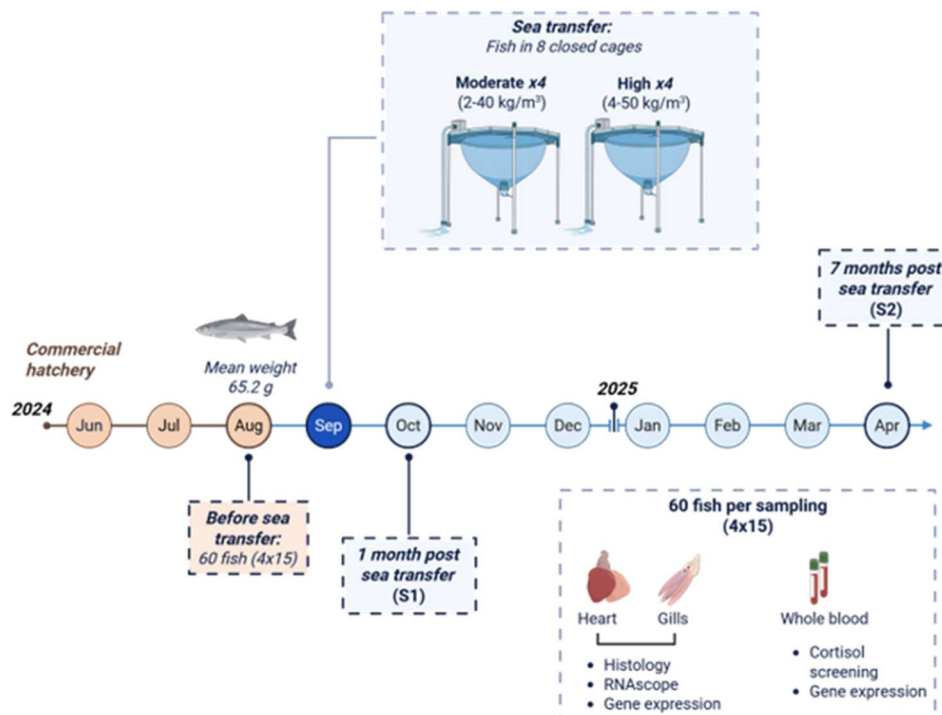
5.3.2 Prøvetaking og metoder

- **Fisk og utsett**

På lokalitet Sæterosen i Brønnøy kommune ble det i perioden 14.09 til 29.09.2024 satt ut 1 309 521 fisk med snittvekt 105 g (**Tabell 2**). All fisken ble levert fra MOWI Tosbotn, transportert med brønnbåt og fordelt i fire merder med LAV tetthet og fire merder med HØY tetthet (**Tabell 2**). Vi tok ut fisk til velferdsvurdering i settefisk (S0), 4 uker etter utsett (Start, S1) og 7 måneder etter utsett (Slutt, S2) (**Figur 36**).

• **Vurdering av fiskevelferd**

Ved de tre hoveduttakene for velferdsvurdering ble vekt registrert i gram (± 1 g), lengde i gaffellengde ($\pm 0,5$ cm) og levervekt i gram ($\pm 0,001$ g). Førsteintrykk og ytre skader eller deformiteter ble skåret ved bruk av Laksvel (0-3) (Noble et al., 2018), i sjøanlegget ble det registrert lakselus og skottelus. Visuell gjellekvalitet ble vurdert etter en skala på 0 – 5, modifisert etter Taylor et al (2009). Det ble tatt ut i alt 60 fisk (4 * 15) til Laksvelskåring (Noble et al., 2018) og laboratorieundersøkelser fra settefiskanlegget (kar 1, 3, 4, 7), og fra fire merder i sjø (LAV 5, 9, HØY 6, 7) ved S1 og S2. I tillegg ble det tatt opp og bedøvd fisk til Laksvelskåring på et større utvalg fisk ved S1 (100 fisk fra alle 8 merder) og S2 (96 – 100 fisk fra hver av de fire oppfølgingsmerkene 5, 9, 6, og 7).



Figur 36. Laks fra et kommersielt settefiskanlegg ble satt ut i 8 lukkede merder, 4 med LAV tetthet og 4 med HØY tetthet, der to merder i hver tetthetsgruppe ble fulgt opp med vurdering av flere velferdsindikatorer. Fiskevelferd ble kontrollert i settefiskanlegget, 4 uker etter utsett (S1) og 7 mnd etter utsett (S2). Ved hvert uttak ble fiskevelferden vurdert med uttak av 60 fisk som ble avlivet for uttak av prøver fra blod, hjerte og gjeller for måling av plasma kortisol, histopatologi og genekspressjon (Figur fra: Tsouila et al., artikkel under publisering). I tillegg ble det gjort velferdsvurdering og prøveuttak hver måned fra utsett i 2024 til avslutning i april 2025.

Akvafutures fiskehelseansvarlige gjorde faste helse- og velferdskontroller hver måned i produksjonsperioden fra S1 til S2, til sammen 6 anleggsbesøk og 48 merdinspeksjoner. Samlet velferd, dødelighet, appetitt, merdmiljø, synlige partikler, gjellehelse, infeksjoner, sår og forekomst av svimere ble skåret på en skala fra 1 til 5, der 1 = God, 2 = akseptabel, 3 = mildt påvirket velferd, 4 = påvirket velferd og 5 = betydelig påvirket velferd. For hver merdregistrering ble det også registrert vanngjennomstrømming (m^3/min), oksygen og temperatur avlest i kontrollskap. Fra produksjonsdatabasen Mercatus ble det innhentet produksjonsdata for hver merdregistrering: antall fisk, snittvekt, biomasse, kg utføret på besøksdag, antall døde på besøksdag og prosent døde de siste 7 dagene før anleggsbesøket. Fra produksjonsdata og merdregistreringer ble det beregnet tetthet (kg/m^3), spesifikt vannforbruk ($SVF = L/kg/min$) og utføringsprosent ($((kg\ f\ddot{o}r/biomasse) * 100)$).

Fisk som ble undersøkt levende ble bedøvet med Benzoac[®] (15-20 ml/100L sjøvann, holdetid 1 minutt), undersøkt og overført til et oppvåkingskar før retur til kar eller merd. Ved avliving ble det brukt tredobbel dose Benzoac[®] med holdetid minimum 10 minutter, inntil all bevegelse og respirasjon var opphørt. Tillatelse til bruk av forsøksfisk var ikke nødvendig siden forsøket ble utført under normale, kommersielle betingelser, uten noen ekstra belastning i form av merking, håndtering eller eksperimentelle driftsrutiner.

Tabell 2: Fordeling av fisk i 8 forsøksmerder (Volum = 6000 m³) på Sæterosen. Data fra Akvafuture, der Vekt Utsett angir snittvekt ved Veterinærinstituttets velferdsskåring, bokstaver angir signifikant forskjell i vekt (p<0,05) mellom merder. Grønne merder: Lav tetthet, røde merder: høy tetthet.

	4	5	8	9	3	6	7	10
Start dato	29.09.24	15.09.24	14.09.24	15.09.24	29.09.24	14.09.24	14.09.24	15.09.24
Start antall	149 971	135 402	125 852	133 233	197 920	189 785	187 399	189 959
Startvekt (g)	115	94	105	94	114	108	110	95
Startvekt gruppe	102				107			
Vekt Utsett	161 ^a	167 ^{ab}	248 ^d	176 ^b	156 ^a	189 ^c	196 ^c	197 ^c
Tetthet ved utsett kg/m ³	2,9	2,1	2,2	2,1	3,8	3,4	3,4	3,0
Tetthet gruppe kg/m ³	2,3 (0,37)				3,4 (0,31)			

• Laboratorieundersøkelser

Til histologi og in situ hybridisering (leting etter agens i vevsprøvene) ble det tatt ut organprøver på 4% buffret formalin. Histologiske snitt ble preparert med standard metode og HE-farget. Til qPCR for patogener og undersøkelse av genekspressjon ble gjeller, hjerte og nyrevev lagt i rør fylt med 500 µL RNA-later. RNA ble ekstrahert fra gjeller, hodenyre og blodprøver for å lage cDNA-biblioteker. Blodprøver ble tatt fra halevenen på bedøvet fisk ved bruk av BD vacutainer litium heparin-rør, 20 µL overført til lysisløsning og resten av blodet sentrifugert, plasma ble pipettert over på eppendorfrør og frosset på -20 C inntil det kunne lagres i fryser på -80.

Genekspressionsanalyse ble utført på gjeller fra 12 fisk fra Settefisk, 16 fra S1 og 20 fra S2, og på blodprøver (røde blodceller) fra 12 fisk fra hvert uttak. Prøvene fra settefisk ble brukt som referansepunkt. Før transkripsjonsanalysen ble det gjennomført histologisk undersøkelse og screening for patogener i gjellevevet fra alle undersøkte fisk. Transkripsjonsprofilen til et variert sett med gener involvert i regulering av immunrespons og inflammasjon (tnfa3, il4/13a, muc5), signaltransduksjon (p38), metabolisme/oksidativt stress (cyp1a, hif1a), celleproliferasjon (pcna) og apoptose (casp8) ble undersøkt i gjeller. Fra røde blodceller benyttet vi, for første gang i et feltforsøk, tre nye biomarkører som er utviklet i NFR-prosjekt 302551, Red Flag. Disse markørene er gener involvert i immunrespons (isg15) og reseptorer for glukokortikoider (fkbp5, ddit4) (Tsouila et al., 2024; Tsouila et al., 2025). Kortisol i serum ble analysert med et kommersielt ELISAbasert kompetitivt enzymimmunoassay-kit, 20 fisk fra settefisk, 40 fra hver av uttakene S1 og S2. Plasma fra 12 fisk fra S1 og 12 fisk fra S2 ble undersøkt for PRV-1 med qPCR. Gjellevev fra 20 fisk fra Settefisk,

40 fra S1 og 40 fra S2 ble undersøkt med multiplex qPCR for gjellepatogenene Salmonid gill poxvirus (SGPV), *Ca. Branchiomonas cysticola* (BC), *Desmozoon lepeophtheirii* (Haustsjuka) og *Paramoeba perurans* (AGD) (Gjessing et al., 2021).

Gjellekvalitet ble vurdert med (1) visuell kontroll, (2) histopatologi, inkludert in situ hybridisering og (3) qPCR av gjellelev for kontroll av patogener. Gjellehelse ble undersøkt ved tre hoveduttak i settefisk, ved S1 og S2, og med rutinemessige prøver tatt ut av Akvafuture AS. I perioden oktober til april ble det tatt ut vannprøver ved fire datoer, med triplikate prøver fra tre merder i hver tetthetsgruppe (LAV: 5, 8, 9, HØY: 6, 7, 10). Vannet ble filtrert med metode beskrevet i sluttrapporten for WP2, Mikrobiell diversitet. Det ble tatt prøver fra senter av merd og fra ett innløp, parallelt med uttak av vannprøver ble det også registrert pH (YSI håndholdt pH-måler).

Vannprøver fra innløp og overflaten i merd ble filtrert i samarbeid med vannanalysene i AP2, og undersøkt med qPCR ved Veterinærinstituttet for *Moritella viscosa*, *Tenacibaculum* sp. og Salmonid gill poxvirus (SGPV). SGPV ble påvist med en realtime-PCR (qPCR) metode som beskrevet i Gjessing et. al. (2015). *Moritella* ble påvist med en realtime-PCR (qPCR) metode utviklet og brukt i FHF-prosjekt 901838, BAKT (Benedicenti m.fl., upublisert), med ett assay for genus *Moritella viscosa*, og to separate assay for klonalt kompleks 1 og 3 (CC1, CC3). For *Tenacibaculum* benyttet vi fire qPCR påvisningsmetoder for ulike nivåer av fylogenetisk spesifisitet for *Tenacibaculum* spp. (Tabell 3), disse er utviklet i prosjektet BACTULCER (FHF 901838). Disse fire metodene vil bli publisert og beskrevet i detalj av BACTULCER prosjektet (Spilsberg m.fl., upublisert).

Analysene påviste følgende:

- Genus *Tenacibaculum* (panT assay),
- Klinisk relevante *Tenacibaculum* arter i norsk kontekst: TfTdTp assay, påviser *T. finnmarkense*, *T. dicentrarchi* og *T. piscium*,
- Arten *T. finnmarkense*, TfUF assay, påviser begge underartene *T. finnmarkense* genomovar *finnmarkense* og *ulcerans*
- "Low Diversity Cluster" (LDC), en undergruppe av *T. finnmarkense* genomovar *finnmarkense* med høy genetisk likhet (PMID: 35001372).

Tabell 3: Matrise som viser hvilke varianter av *M.viscosa* og *Tenacibaculum* spp. som ble påvist med til sammen 7 ulike qPCR-protokoller.

Bacterial taxon	Assay number	1	2	3	4	5	6	7
<i>Moritella viscosa</i> (whole species)		yes	no	no	no	no	no	no
<i>M. viscosa</i> variant: clonal complex 1 ^(a)		yes	yes	no	no	no	no	no
<i>M. viscosa</i> variant: clonal complex 3 ^(a)		yes	no	yes	no	no	no	no
<i>Tenacibaculum</i> spp. (nearly whole genus)		no	no	no	yes	no	no	no
<i>T. piscium</i> (whole species)		no	no	no	yes	yes	no	no
<i>T. dicentrarchi</i> (whole species)		no	no	no	yes	yes	no	no
<i>T. finnmarkense</i> (whole species)		no	no	no	yes	yes	yes	no
<i>T. finnmarkense</i> gv. <i>finnmarkense</i> variant: low-diversity cluster ^(b)		no	no	no	yes	yes	yes	yes

References:

(a) Sørgaard et al. 2023: doi.org/10.1111/jfd.13766

(b) Spilsberg et al. 2022: doi.org/10.1111/jfd.13577

5.3.3 Produksjonsdata (Marit Stormoen, NMBU)

Produksjonsdata fra Akvafuture viste svært lav dødelighet både i grupper med LAV og HØY tetthet. Tilveksthastigheten (Specific Growth Rate, SGR) var moderat, men begge gruppene hadde en lav førfaktor på under 1. Vurdert ut fra dødelighet, tilvekst og førfaktor har begge grupper gått gjennom en produksjon med god fiskehelse. Vi fant ingen betydelige forskjeller i ytre velferdsskår mellom gruppene, verken ved S1 eller S2, en mer fullstendig liste over ytre velferdsparametere er vedlagt. Verken lakselus eller skottelus ble påvist i sjøanlegget.

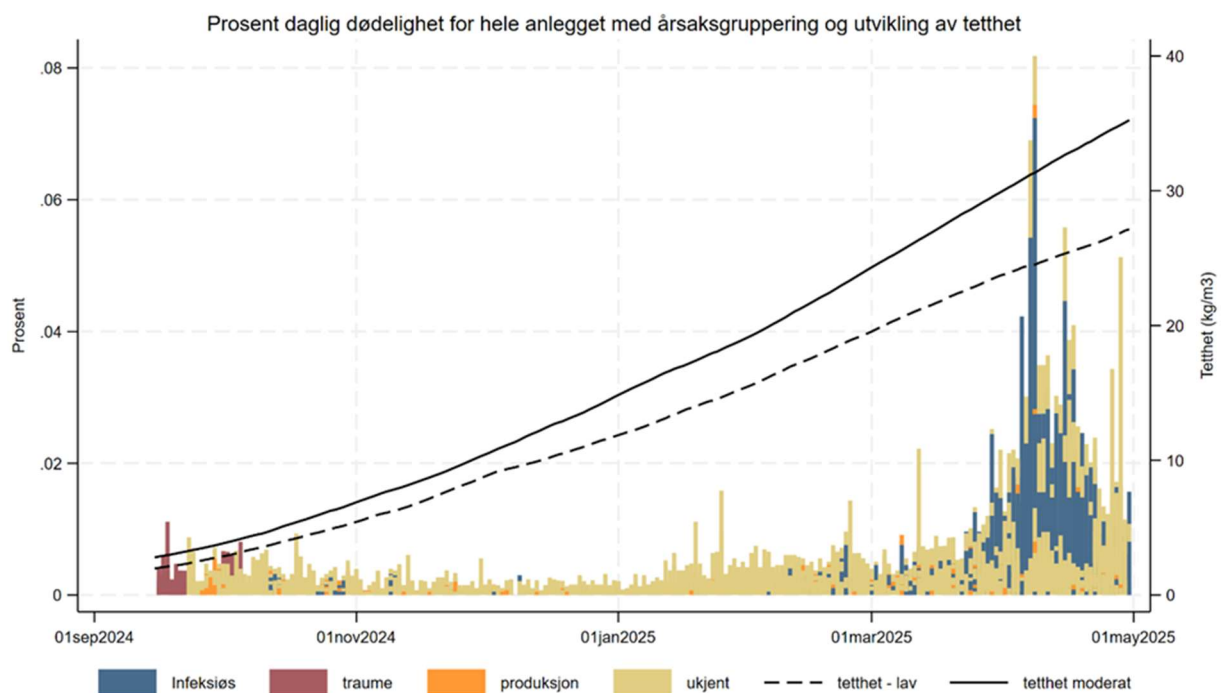
Samlede produksjonstall for gruppene LAV og HØY er gitt i Tabell 4, her vist både på merd-nivå og som gjennomsnitt for hver gruppe. Som vist i tabellen varierte dødeligheten fra maksimalt 1.2% totaldødelighet ned til 0.44% på merdnivå. Dette på tross av at gruppene gikk gjennom et utbrudd med salmon gill poxvirus (SGPV), det ble påvist HSMB (PRV-1) og det var et utbrudd med vintersår på lokaliteten. Sår grunnet *Moritella viscosa* var den største kjente enkeltårsaken til dødelighet og det meste av denne dødeligheten kom sent i perioden. Dette sees som «infeksiøs dødelighet» vist i Figur 37, her var det merd 4 og 5 som ble hardest rammet av utbruddet. Dødelighetet med ukjent årsak var jevn gjennom hele produksjonsperioden uavhengig av gruppe.

Tabell 4: Nøkkeltall for produksjonen i merder med LAV og HØY tetthet, samt gjennomsnittstall for LAV og HØY merder, standardavvik (SD) for gjennomsnittstallene er vist i grått.

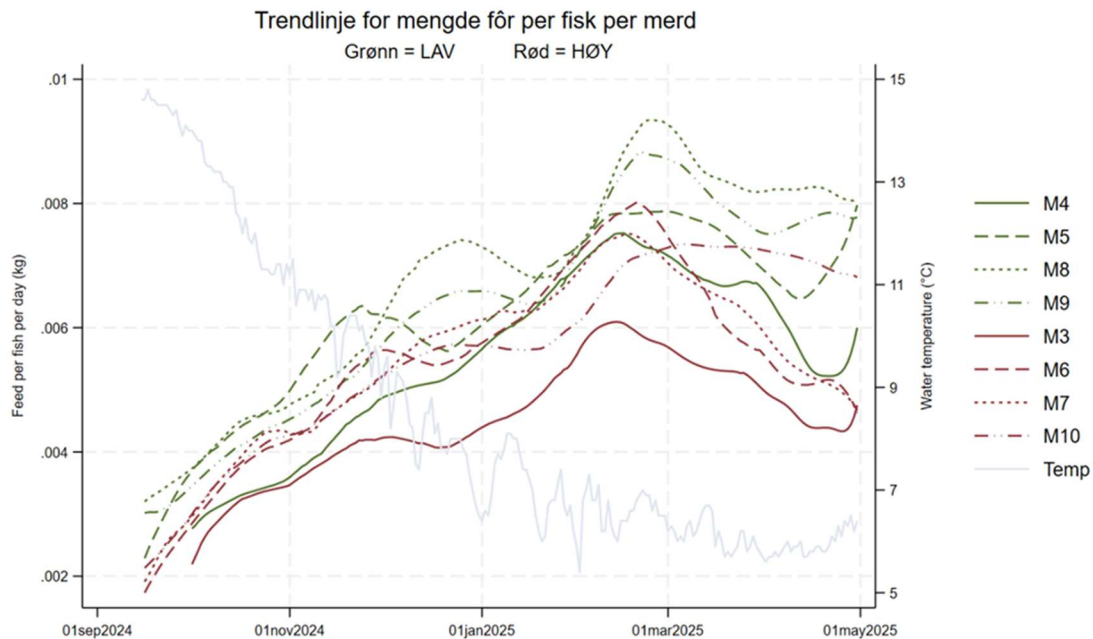
Merd	Gruppe	Antall satt ut	Maks tetthet (kg/m ³)	Prosent dødelighet					Dager i merd	Snittvekt, start (g)	Snittvekt, slutt (g)	SGR	Førfaktor		Temp. °C	
				Totalt	Infeksiøs	Produksjon	Traume	Ukjent					bFCR	eFCR	Snitt	Min-maks
4	LAV	149971	33.16	1.21	0.73	0.03	0.03	0.27	236	114.9	1345.1	1.04	0.94	0.87	7.9	5.3 - 14.1
5	LAV	135449	34.15	1.11	0.77	0.03	0.01	0.14	244	96.3	1531.8	1.14	0.97	0.92	8.4	5.4 - 14.7
8	LAV	125852	39.06	0.72	0.20	0.06	0.04	0.14	247	112.3	1875.6	1.15	0.86	0.81	8.4	5.4 - 14.7
9	LAV	133233	38.47	0.55	0.17	0.03	0.02	0.09	248	96.4	1742.6	1.18	0.87	0.83	8.3	5.3 - 14.7
3	HØY	197920	39.20	0.61	0.27	0.04	0.02	0.10	229	114.1	1196.3	1.03	0.89	0.81	8.0	5.3 - 14.1
6	HØY	189785	46.99	0.74	0.18	0.04	0.04	0.17	253	109.3	1497.6	1.04	0.89	0.83	8.4	5.4 - 14.7
7	HØY	187473	48.73	0.69	0.17	0.03	0.03	0.16	248	109.0	1571.3	1.08	0.86	0.80	8.4	5.4 - 14.7
10	HØY	190014	48.90	0.44	0.09	0.03	0.03	0.11	251	96.9	1551.1	1.11	0.87	0.82	8.3	5.6 - 14.7
Snitt	LAV	135899	36.26	0.89	0.47	0.04	0.03	0.16	244	105.0	1294.1	1.13	0.91	0.86	8.3	5.3 - 14.7
SD	LAV	8747	2.58	0.28	0.29	0.02	0.01	0.07	5	8.7	112.4	0.05	0.05	0.04		
Snitt	HØY	191189	46.10	0.62	0.17	0.04	0.03	0.14	245	107.3	1134.2	1.07	0.88	0.81	8.3	5.3 - 14.7
SD	HØY	3950	3.88	0.12	0.07	0.00	0.01	0.03	10	6.3	107.6	0.03	0.01	0.01		

Gruppene hadde totalt sett en moderat vekstøkning, men vi ser at SGR var høyere i LAV enn i HØY tetthet. Ved å regne ut mengde fôr per fisk per dag ser vi at fisken i merdene med lav tetthet fikk mer mat per dag enn de i merdene med høy tetthet (se Figur 38). Denne forskjellen var signifikant ($p=0.002$, lineær panelregresjon), ca. 60% av variasjonen i utforing ble forklart av tetthetsgruppe. Fisken i LAV fikk i gjennomsnitt 4.4 % mer fôr per dag, men medianen var 17.4% mer fôr. Det var altså en stor variasjon i gram fôr per fisk, fra 15 g mindre fôr per fisk opp til ca. 20 g mer fôr per fisk i LAV gruppe, men med en trend mot gradvis mer fôr per fisk i LAV gruppe fra januar 2025 og ut produksjonsperioden (se Figur 39).

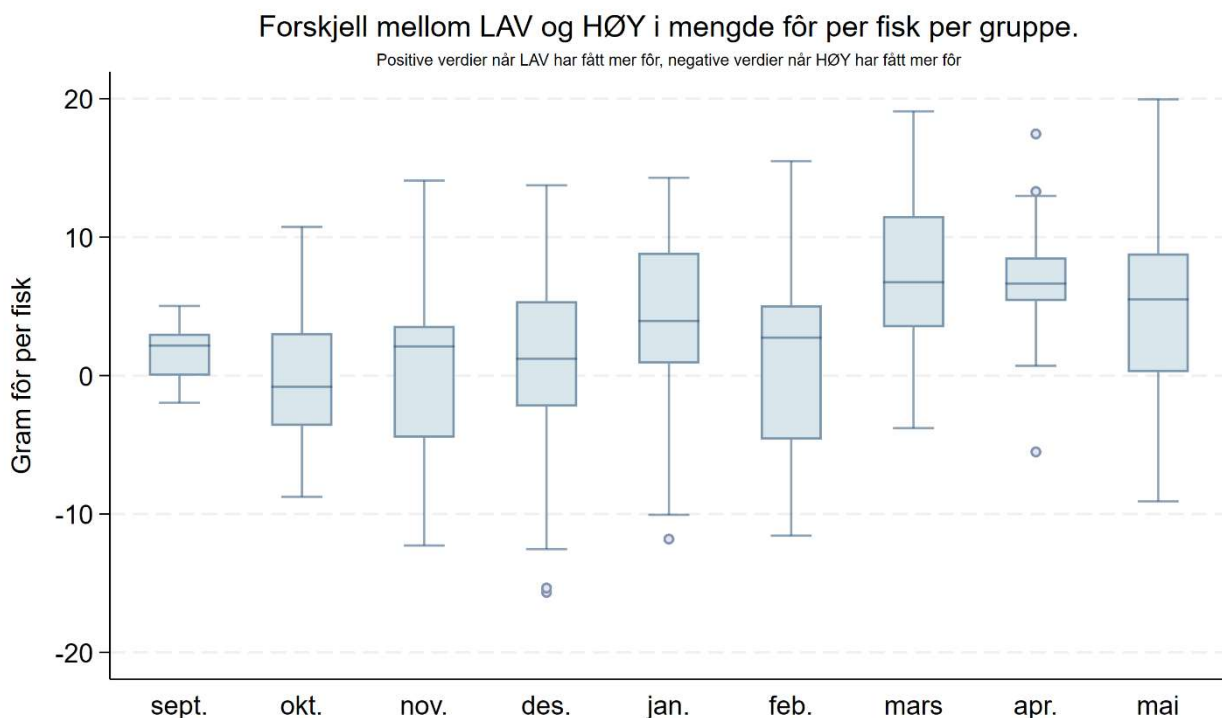
Etter samtaler med de ansatte på lokaliteten viste det seg at det var praktisk utfordrende å fôre fisken i merdene med høy tetthet da det var vanskelig å fastslå når fisken faktisk var mett. Samt at det er usikkert om personen som fôret hadde et bevisst forhold til at det var flere fisk i merdene med høy tetthet og at disse derfor burde få mer fôr per dag. Det er derfor trolig at man avsluttet fôringen litt for tidlig i disse merdene. Dette resultatet ansees derfor som en teknisk utfordring og ikke som et reelt resultat av tettheten. Med andre ord antar vi at de ansatte vil kunne fôre fisken i merder med høy tetthet mer optimalt med mer erfaring, og at man da vil få en forbedret SGR. Gruppene hadde en gjennomsnittlig fôrfaktor på ca. 0.9, dette er lavere enn gjennomsnittlig fôrfaktor i åpne merder i sjø, som ligger på ca. 1.15. Tilvekstmodellen klarer ikke beregne tilveksten i anlegget korrekt og vi ser et hopp i vekt etter at det gjennomføres veieprøver i alle merder på slutten (Figur 42).



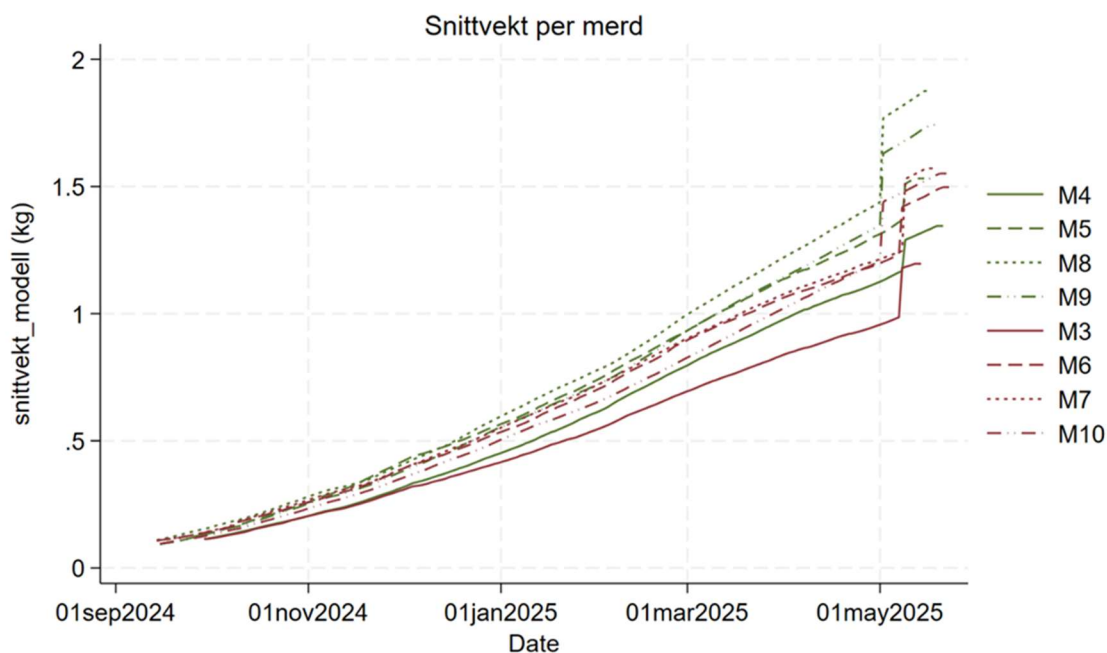
Figur 37: Stablet stolpediagram over prosent daglig dødelighet per årsaksgruppe for hele lokaliteten. På sekundær y-akse vises tetthet i kg/m^3 og stiplet linje viser utviklingen for en LAV merd og den heltrukne linjen for en HØY tetthetsmerd.



Figur 38: Trendlinjen (lowess, bandwidth 0.2) for daglig mengde fôr per fisk per dag viser at fisken i LAV-tetthetsmerkene (de grønne linjene) får mer fôr per dag enn fisken i merkene med HØY tetthet (de røde linjene). Den blågrå linjen viser temperaturutviklingen (y-akse 2) på anlegget.



Figur 39: Boksplot over forskjellen i utforing per fisk per måned. Streken i boksen viser medianen for den måneden. Ved y-akse på 0 er det ingen forskjell mellom utforing i LAV og HØY gruppe, mens positive verdier så har LAV fått mer fôr og ved negative verdier har HØY fått mer fôr.

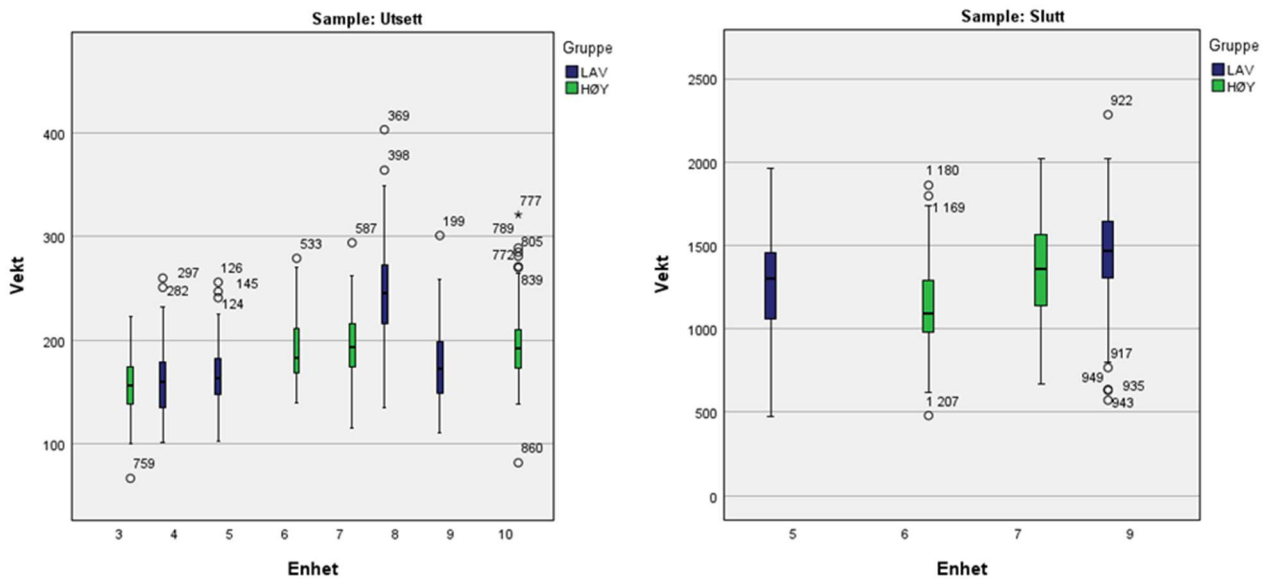


Figur 40: Modellberegnet snittvekt per merd og faktisk vekt etter veierøver i begynnelsen av mai 2025.

Vekt, lengde, KF og levervekt ved de tre hoveduttakene er gitt i Tabell 5 og Figur 41. Ved S1 var det ingen forskjell på størrelse av fisk i lav og moderat gruppe, men betydelige merdforskjeller, der særlig fisken i merd 8 skilte seg ut som større enn i de andre merdene. Ved utsett var det heller ingen forskjell i vekt eller leverstørrelse (hepatosomatisk indeks, HSI) mellom de to gruppene LAV og HØY, mens fisk i LAV hadde noe høyere K-faktor ($p < 0.001$ enveis ANOVA). Ved slutt var merdforskjellene innen gruppene mindre, fisk i LAV hadde 8.7 % større vekt og 4.3 % større K-faktor ($p < 0.001$), mens det var fortsatt ingen forskjell i HSI mellom gruppene.

Tabell 5: Uttak av fisk, antall fisk, vekt (g), lengde (cm), kondisjonsfaktor (KF) og hepatosomatisk indeks (HSI) ved uttak i settefiskanlegg, S1 (4 uker etter utsett) og S2 (avslutning, 7 mnd etter utsett). Antall fisk (n), gjennomsnitt og standardavvik (SD). Signifikante forskjeller mellom LAV og HØY er markert med $*=p < 0.05$, $=p < 0.01$.**

		Vekt			Lengde			KF			HSI		
		n	Snitt	SD	n	Snitt	SD	n	Snitt	SD	n	Snitt	SD
Settefisk	Alle	60	65	17	60	17.1	1.5	60	1.28**	0.09	30	1.06	0.25
Utsett, S1	Lav	400	188	50	400	24.9	2	400	1.18**	0.08	30	1.13	0.14
	Høy	400	185	36	400	25.1	1.6	400	1.16	0.07	30	1.11	0.15
Slutt, S2	Lav	200	1356**	308	200	45.3*	2.9	200	1.44**	0.13	30	1.34	0.32
	Høy	196	1248**	305	196	44.6*	2.9	196	1.38**	0.11	30	1.44	0.27



Figur 41: Fordeling av vekt i merder i LAV og HØY tetthetsgruppe ved velferdsskåring ved S1 Utsett og S2 Slutt.

5.3.4 Helseøkonomi (Cecilie Walde, Veterinærinstituttet)

• Innledning

Formålet med den økonomiske analysen var å sammenligne produksjonsresultatet mellom LAV og HØY tetthetsgruppe basert på observerte biologiske forskjeller og økonomiske nøkkeltall. Analysen vurderer hvordan variasjoner i tetthet påvirker inntekter, variable kostnader og dekningsbidrag per merd og for gruppene samlet.

• Metodikk

Det totale dekningsbidraget og dekningsbidraget for gjennomsnittsmerd ble beregnet for å sammenligne høy- og lavtetthetsgruppen. Dekningsbidraget er det som er igjen for å dekke de faste kostnadene (ligning 1).

Definisjoner

- 1) Dekningsbidrag = Inntekt – variable kostnader
- 2) Inntekt = Biomasse produsert (rundvekt) * salgspris
- 3) Variable kostnader = Smoltkostnad + fôr + dødfiskhåndtering + annet
- 4) Fôrkostnad = Utfôret mengde (kg) * fôrpris
- 5) Smoltkostnad = Antall utsatt * smoltpris
- 6) Dødfiskhåndtering = Biomasse døde (rundvekt) * håndteringskostnad
- 7) Andre variable kostnader = Biomasse produsert (rundvekt) * var.kost pr kg prod

Dekningsbidrag (DB) benyttes fordi det isolerer inntekter og variable kostnader som direkte påvirkes av biologien (smolt, fôr, dødfiskhåndtering, andre variable kostnader). DB egner seg dermed til å sammenligne tettheter innen samme produksjonsoppsett, uten å blande inn faste kostnader som antas lite påvirket i én

periode. Samtidig må DB tolkes varsomt, da det ikke inkluderer alternative kostnader, risiko eller kapasitetsutnyttelse. Dette er forhold som kan være av betydning ved valg av tetthet.

- **Biologiske og økonomiske input fakta**

DB er beregnet på bakgrunn av produksjonsdata som beskriver antall, dødelighet, fôrforbruk og fôrfaktor for de to tetthetsgruppene. Gjennomsnittstall for de biologiske produksjonsdataene per merd er opplyst i Tabell 6, og de økonomiske parameterne i Tabell 7. Det var gjennomgående lav dødelighet i både LAV og HØY gruppe i store perioder av produksjonen, med unntak av noe forøkt dødelighet i to av lavtetthetsmerkene (M4 og M5) da fisken var rundt 1kg. Dødeligheten skyldtes i hovedsak sår. Det var ingen forskjell i dødelighet mellom de to gruppene.

Fôrforbruket per fisk viser at i LAV gruppe ble det tilbudt mer fôr per fisk per dag. Modellen viser at det var en signifikant forskjell mellom LAV og HØY gruppe med tanke på utføring, der fisketetthet (kg/m^3) forklarte ca. 60% av variasjonen mellom gruppene, men ikke kunne forklare variasjonen innenfor gruppene. En brå økning i tilvekst etter veieprøvene som ble gjort mot slutten av produksjonen viser at tilvekstmodellen som ble brukt ikke klarte å holde tritt med den reelle vektøkningen.

Tabell 6 Biologiske parametere

Parameter	Gj.snitt Høy-tetthet (per merd)	Gj.snitt Lav-tetthet (per merd)
Antall satt ut	191 298	136 126
Antall døde	1 181	1 234
Vekt døde (kg)	0.83	0.99
Vekt slutt (kg)	1.45	1.62
Biomasse solgt (kg)	275 731	217 248
Fôrforbruk (kg)	245 545	202 991
bFCR	0.89	0.93

Tabell 7. Økonomiske parametere.

Parameter	Verdi
Salgspris	75 kr/kg (rundvekt)
Fôrpris	20 kr/kg tørrfôr
Smoltpris	18 kr/stk
Dødfiskhåndtering	2.3 kr/kg produsert (rundvekt)
Andre variable kostnader	7.7 kr/kg produsert (rundvekt)

- **Resultater**

Det totale dekningsbidraget for HØY gruppe var 43.7 millioner, for LAV gruppe 34.7 millioner. DB per merd for LAV gruppe var mellom 7.3 og 9.5 millioner (gjennomsnittlig 8.6 millioner), for HØY mellom 11.1 og 12 millioner (gjennomsnittlig 10.9 millioner). Fôrkostnad per merd for LAV gruppe var noe lavere (3.8 - 4.2 millioner) enn for HØY gruppe (5.0-5.3 millioner). Inntekten for lavtetthetsgruppen var mellom 13.9 og 16.4 millioner, og for HØY mellom 16.4 og 20.5 millioner. Differansen i DB mellom de to gruppene var i gjennomsnittet 2.2 millioner per merd, totalt 9 millioner.

Sensitivitetsanalyse

Det ble utført en ensidig sensitivitetsanalyse av hvordan ulike parametere påvirker forskjellen i dekningsbidraget mellom HØY og LAV tetthetsgruppe. En ensidig sensitivitetsanalyse innebærer at man endrer én parameter, og holder de andre konstant. Positiv verdi betyr at dekningsbidraget til HØY gruppe er større enn for LAV.

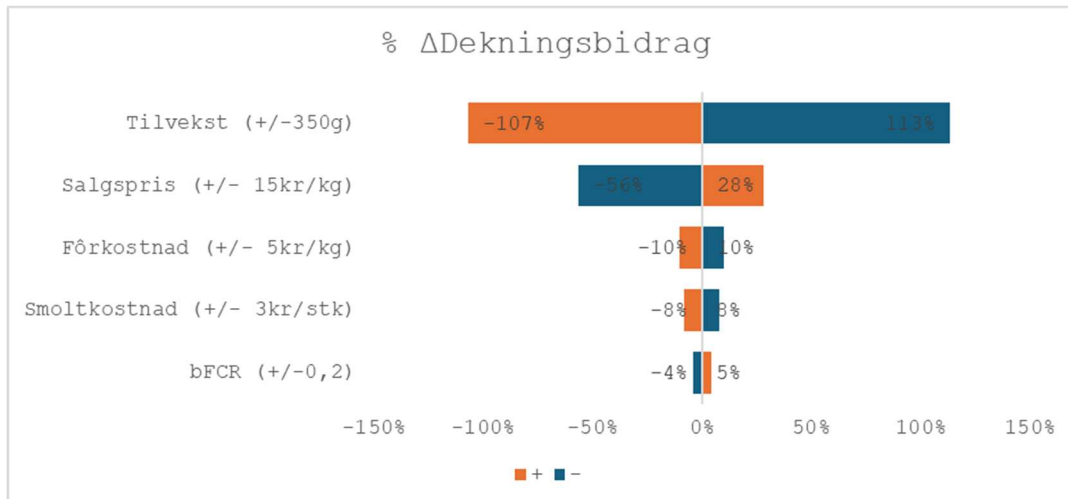
De biologiske parameterne som ble testet var tilvekst, biologisk fôrfaktor (bFCR) og dødelighet. De økonomiske parameterne som ble testet var salgspris, fôrpris og smoltpris. For de biologiske parameterne ble tilvekst, bFCR og dødelighet i lavtetthetsgruppen endret, mens de samme biologiske parameterne i høytetthetsgruppen ble holdt konstant. For de økonomiske parameterne ble disse endret for både HØY og LAV gruppe, for å se utfallet av dette på forskjellen i dekningsbidraget mellom de to.

Tabell 8 viser de ulike parameterens opprinnelige verdi, hvor mye de ble endret og hvilken betydning dette har for differansen i dekningsbidraget per merd. Tabellen viser at det er kun endringer i parameteren tilvekst som fører til et skift i dekningsbidraget, dvs. at LAV gruppe har høyest DB. Dette skjer hvis LAV gruppe har en tilvekst som er 330 g høyere enn opprinnelig vekt, dvs. gjennomsnittlig sluttvekt er høyere enn 1.9 kg. De andre parameterne fører ikke til et skift innenfor de satte grensene (mellom 17-25%).

Tornadoplottet (Figur 42) viser den prosentvise endringen i dekningsbidraget, der DB er mest sensitiv for endringer i tilvekst og salgspris). For tilvekst betyr dette at en økning i tilvekst på 22% (tilsvarende 330 g) fører til en reduksjon i dekningsbidraget på 107%, noe som betyr et skift i DB slik at LAV gruppe får et høyere DB enn HØY. Tilsvarende vil en reduksjon i tilvekst på 22% føre til en økning i forskjellen i dekningsbidraget på 113%, noe som gjør HØY gruppe langt mer lønnsom. Estimater er lite sensitiv for både økning i antall døde og økning i snittvekt på døde, fordi dødelighet i begge merdene i utgangspunktet er lav (ikke vist i tabell eller figur). Analyser viser at dødeligheten skal være svært høy (rundt 30%) før det slår negativt inn på driftsresultatet, gitt alt annet likt.

Tabell 8 Sensitivitetsanalyse av utvalgte biologiske og økonomiske parametere.

ΔDB (høy-lav) per merd (ΔDB opprinnelig 2 236 587)					
	Verdi	Absolutt endring (+/-)	Prosentvis endring (+/-)	-endring	+endring
Tilvekst	1620g	350g	22 %	4 327 070	-141 395
Salgspris	75kr/kg	15kr	21 %	884 233	2 598 570
Fôrpris	20 kr/kg tørrfôr	5kr	25 %	2 233 670	1 820 579
Smoltpris	18 kr/stk	3kr	17 %	2 192 640	1 861 609
bFCR	0:93	0.2	22 %	1 942 893	2 118 689



Figur 42: Tornadoplott som viser den prosentvise endringen i forskjellen i dekningsbidrag mellom høy og lavtetthetsgruppen er for utvalgte biologiske og økonomiske parametere. Jo bredere stolper, jo høyere sensitivitet.

Konklusjon

Resultatene indikerer at HØY gruppe hadde et høyere dekningsbidrag enn LAV, noe som gjør denne gruppen mer lønnsom, gitt alt annet likt. Den utslagsgivende faktoren var større produsert biomasse og dermed høyere inntekter. LAV gruppe hadde noe lavere førkostnad per merd, men dette ble oppveid av inntektseffekten fra volum i HØY tetthet. Dødelighet var lav i begge grupper og hadde dermed begrenset effekt på dekningsbidraget. Analysen var mest følsom for tilvekst, noe som underbygger at biologisk vekst er en sentral driver for økonomisk utfall, og salgspris den viktigste økonomiske driveren.

Gitt tilgjengelige data er en slik partiell analyse basert på dekningsbidrag en adekvat metode for å vurdere de direkte økonomiske konsekvensene av ulik tetthet, fordi det isolerer variable kostnader og inntekter som påvirkes direkte av biologien. I denne analysen sammenligner vi HØY og LAV tetthet som alternative produksjonsstrategier. Forskjellen i dekningsbidrag representerer dermed den direkte alternativkostnaden knyttet til variable kostnader og inntekter. Dekningsbidraget må ellers tolkes varsomt fordi ikke alle relevante alternativkostnader er inkludert, spesielt de som gjelder risiko og kapasitetsutnyttelse.

En annen viktig begrensning i analysen er at den kun omfatter resultatene frem til uttakstidspunktet. Hva som skjer videre i produksjonen frem til slakt er ukjent. Dette gir flere metodiske og biologiske usikkerheter som kan påvirke tolkningen av de økonomiske forskjellene mellom HØY og LAV tetthet. Selv om LAV gruppe i denne produksjonsperioden ikke hadde signifikant lavere dødelighet enn HØY, er det mulig at LAV kan ha hatt bedre fysiologiske forutsetninger for videre vekst og robusthet, noe som gjenspeiles ved bedre tilvekst. Dersom slike forhold fører til bedre tilvekst eller lavere dødelighet (en mer robust fisk) i neste fase, vil dette kunne endre den økonomiske balansen mellom gruppene til fordel for LAV tetthet.

På den andre siden er det mulig at HØY gruppe ikke har utnyttet sitt fulle vekstpotensial, særlig dersom fôringsregimet har vært konservativt i perioder. Modellene viser høyere fôrtilbud per fisk i lav tetthet, og dersom HØY gruppe var underfôret i deler av produksjonen, kan de biologiske forskjellene mellom gruppene være påvirket mer av håndteringsvalg enn av tetthet. Dette kan innebære at høytetthet i prinsippet kunne gitt enda bedre resultater dersom fôrstrategien var optimalisert. Dette understreker at resultatene i

analysen gjelder kun for denne fasen av produksjonen, og ikke for hele produksjonssyklusen. For å vurdere tetthet som strategisk valg bør analyser som dette suppleres med data som beskriver videre utvikling av de to gruppene frem til slakt. Inntil slike data foreligger, bør resultatene tolkes som en delvis og faseavgrenset økonomisk vurdering, der videre produksjonsutfall kan endre den totale økonomiske rangeringen av tetthetsstrategiene.

5.3.5 Velferdskartlegging

- **Månedlige skåringer av velferd i merd**

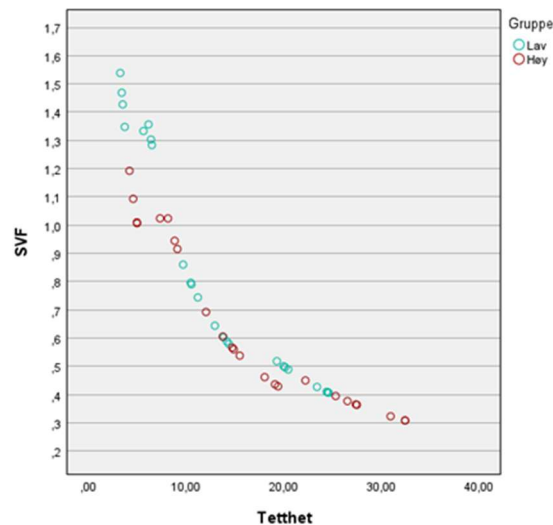
Temperatur, oksygen og vanngjennomstrømming (m^3/min) var identisk i de to gruppene, mens spesifikt vannforbruk (SVF = $\text{L}/\text{kg}/\text{min}$) var lavest i HØY gruppe (ensidig t-test, $p=0.026$) (Tabell 9). Ved samme tetthet var SVF likt i de to gruppene (Figur 43).

Samlet skår på de 48 besøkene var fordelt mellom God (41/48) og Akseptabel (7/48), uten noen forskjell mellom LAV og HØY gruppe. Samlet skår for alle parametere ved hvert av de 6 besøkene er vist i Figur 44, der maksimal benyttet skåring (3) er brukt som radarens periferi. Det som endret seg mest over tid i negativ retning var gjelleskår, partikler/merdmiljø og forekomst av svimere, deretter sår og infeksjoner. Registrerte infeksjoner var Salmonid gill poxvirus (SGPV), piscine orthoreovirus 1 (PRV-1, sykdommen hjerte og skjelettmuskelbetennelse, HSMB) og vintersårbakterien *Mortitella viscosa*.

Gjelleskår var stort sett registrert som Akseptabel (Skår 2), med bakgrunn i helsetjenestens samlede inntrykk fra visuell gjelleskår, histologisk skår og forekomst av salmonid gill poxvirus (SGPV). Merdmiljø og Forekomst av partikler ble kategorisert som Godt eller Akseptabelt i oktober og november, og jevnt over som Litt påvirket fra og med januar 2025. Forekomst av sår fisk ble kategorisert som lav gjennom hele perioden, mens andelen svimere var høyest ved besøkene i februar og april. Ingen av velferdsdataene viste noen gruppeforskjeller (Mann Whitney U-test).

Tabell 9. Merdmiljø registrert ved velferdsbesøk, n= 24 merdbesøk i hver gruppe. Gjennomsnittsverdier og standardavvik. Oksygen, tetthet av fisk, vanngjennomstrømming per minutt og spesifikt vannforbruk.

Gruppe	Oksygen DO %	Tetthet Kg/m^3	Flow m^3/min	SVF $\text{L}/\text{kg}/\text{min}$
LAV	85 (1.8)	13.0 (7.5)	49.8 (10.2)	0.85 (0.41)
HØY	85 (1.6)	16.8 (9.4)	49.8 (10.3)	0.64 (0.30)



Figur 43: Sammenligning av spesifikt vannforbruk (SVF = L/kg/min) i LAV og HØY tetthetsgruppe, med tetthet (kg fisk/m³) som y-akse.

- **Velferdsskåring av fisk ved hoveduttakene**

Førsteintrykk

Settefiskene gjorde et godt førsteintrykk, der 85 % av fisken havnet i kategori 0 eller 1, ingen i kategori 3 (Figur 46). Etter utsett (S1) var 91.4 % i kategori 0 eller 1, men ved avslutning (S2) hadde dette gått ned til 74 %. Andelen fisk i kategori 3 var lav ved alle uttak i sjø. Ved S1 hadde fisk som ble undersøkt fra LAV gruppe et litt bedre førsteintrykk enn HØY (Mann Whitney U-test, $p=0.002$), men ved avslutning var begge gruppene like ($p=0.933$).

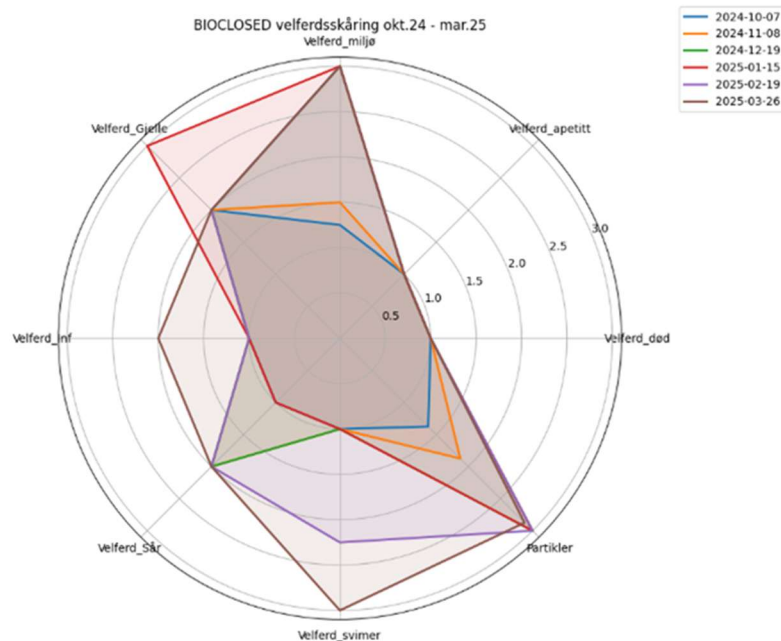
Andre ytre velferdsindikatorer

Settefiskene hadde få ytre skader, der moderat økt skår (dårligere velferd) i stor grad var knyttet til finneskader, gjelleskår eller korte gjellelokk. I settefiskanlegg er moderate finneskader et vanlig funn, men i dette prosjektet ble det funnet svært få fisk med alvorlige skader. Det var også få settefisk med hudblødninger og sår på kropp ble ikke påvist. Fire uker etter utsett (S1), var den største endringen økt forekomst av hudblødninger, skjelltap, og øyeblikking. Ved S2 var den tydeligste endringen økt gjelleskår, men det var også en økning i skår (Mann Whitney U-test) for kjevedeformiteter ($p=0.008$), hudblødninger ($p<0.001$), sår på kropp ($p<0.001$), sår på snute ($p=0.002$), øyeskader ($p<0.001$), finneskader ($p<0.001$) og korte gjellelokk ($p=0.023$) (Figur 46-Figur 48). Skåringsverdier som bedret seg fra S1 til S2 var skjelltap ($p<0.001$) og øyeblikking ($p<0.001$). Gjelleforandringer omtales nærmere under «Gjellehelse». Det ble ikke funnet noen stadier av lakselus (*L. salmonis*) eller skottelus (*C. elongatus*).

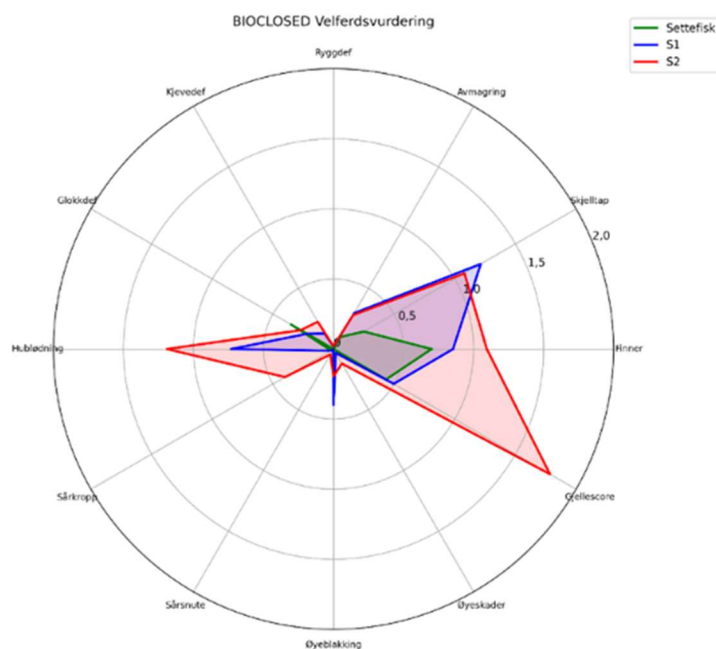
Kortisol og stressmarkører i blod

Kortisolnivået hos settefisk ($n=20$) var 36 ng/ml (SD=23.3). Ved S1 ($n=36$) var snittverdien (SD) 95.9 ng/ml (18.8), ved S2 ($n=40$) 87.0 ng/ml (29.3) (Figur 49). Verdiene ved både S1 og S2 var signifikant høyere enn ved uttak i Settefisk (enveis ANOVA). I tillegg til måling av kortisol ble det målt uttrykk av genene FKBP prolyl isomerase 5 (*fkbp5*) og DNA damage inducible transcript 4 (*ddit4*) i røde blodceller. Dette er to nyutviklede stressmarkører, et resultat fra prosjektet RED FLAG, som også er publisert av Tsouila et al. (2025).

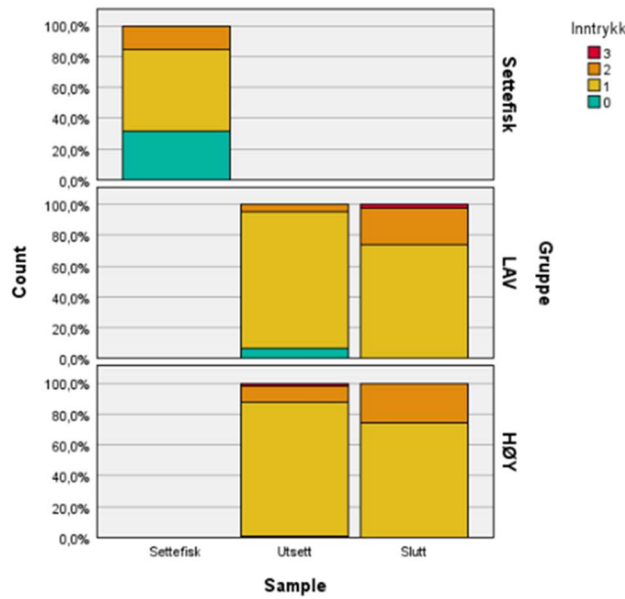
Transkripsjonsprofilene til *fkbp5* og *ddit4* var moderat forøket ved S1, sammenlignet med Settefisk, men viste en signifikant stigning i perioden fra S1 til S2.



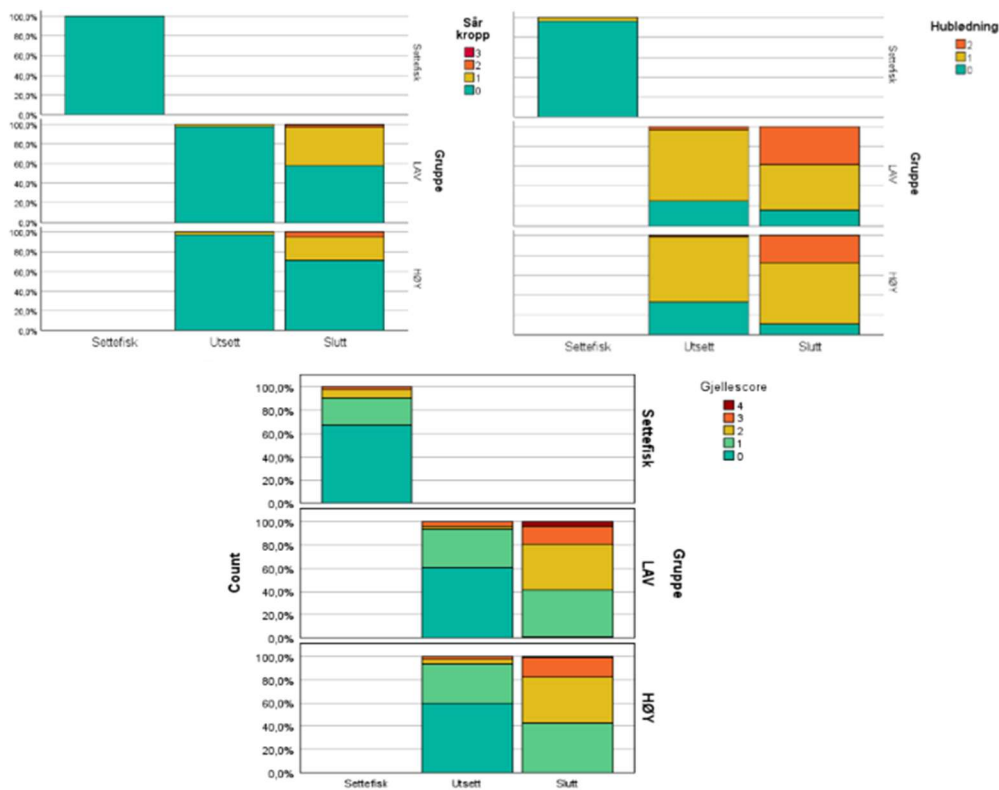
Figur 44: Velferdsskåring av merdmiljø fra oktober 2024 til mars 2025. Skår 1= God, 2= Akseptabel, 3= Litt påvirket. Det var ingen forskjeller i ytre skår mellom LAV og HØY tetthetsgruppe, og alle 8 merder vises i samme figur.



Figur 45: Fordeling av ytre velferdsskår på settefisk (n=60, 07.08.2024), S1 (n=280, 08-18.10.2024), S2 (n=200, 09-10.04.2025). Det var ingen forskjeller i ytre skår mellom LAV og HØY tetthetsgruppe, og alle 8 merder vises i samme figur.



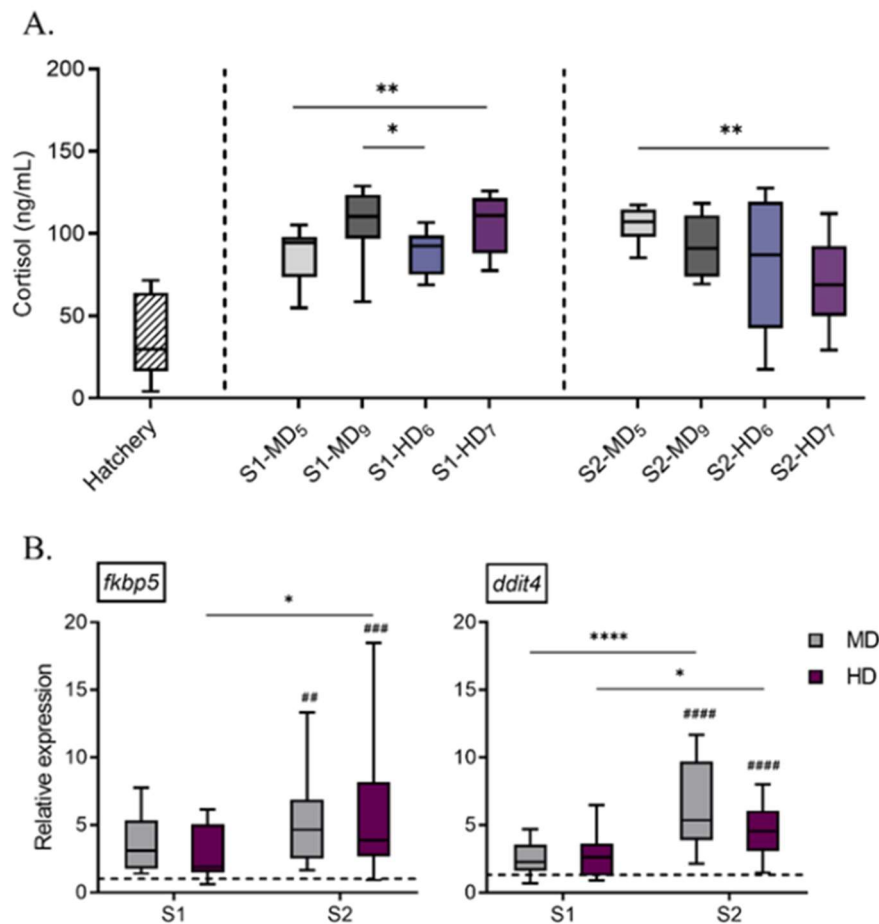
Figur 46: Fordeling av førsteinstrykk (Laksvel 0-3) ved uttak av i settefiskanlegg (n=60), ved S1 utsett (n=280) og ved S2 prosjektslutt (n=200). I sjø er resultatene delt på LAV og HØY tetthetsgruppe.



Figur 47: Prosentvis andel av fisk med (øverst til v.) sår på kropp, (øverst til h.) hudblødninger og (nederst) visuell gjelleskår i Settefisk, ved S1 Utsett og S2 Slutt. I sjøfasen er data delt i LAV og HØY tetthetsgruppe. (Laksvel 0-3).



Figur 48: Hudblødninger på fisk ved S2, prosjektavslutning, april 2025 (Foto: Veterinærinstituttet).



Figur 49: Effekter av to tetthetsnivåer på stressresponser i blod hos atlantisk laks. (A) Kortisolnivåer i blodplasma ved S1 og S2, målt med et ELISAbasert kompetitivt enzymimmunoassay-kit. (B) Genekspressjon av *fkbp5* og *ddit4* ble målt ved S1 (n = 3 per enhet; n = 6 per tetthetsgruppe) og ved S2 (n = 3 per enhet; n = 6 per tetthetsgruppe) med RTqPCR. Settefiskprøver (n = 12) ble brukt som referanse (kontrollgruppe). Den stiplede linjen markerer baseline (1fold relativ ekspressjon) tilsvarende kontrollene fra settefiskanlegget. Data ble analysert med Tukeys multipel sammenligningstest. Signifikante forskjeller sammenlignet med settefiskkontroller er angitt med #, og forskjeller mellom enheter og grupper med *. #: p < 0,05; ##: p < 0,01; ###: p < 0,0005; ####: p < 0,0001. basert kompetitivt enzymimmunoassay-kit.qPCR. Settefiskprøver (n = 12) ble brukt som referanse (kontrollgruppe). Den stiplede linjen markerer baseline (1fold relativ ekspressjon) tilsvarende kontrollene fra settefiskanlegget.

- **Gjellehelse**

Hoveduttak

Gjellekvalitet ved hoveduttakene ble vurdert med (1) visuell gjelleskår, (2) qPCR for kartlegging av gjellepatogener, (3) in-situ hybridisering (ISH) av gjellelev for påvisning av gjellepatogener i histologiske snitt og (4) histologisk undersøkelse. Visuell gjelleskår ved hoveduttakene i Settefisk og ved S1 (både LAV og HØY) var lik, dominert av fisk i kategori 0 og 1, mens ved S2 var det en overvekt av fisk i kategori 1 til 3 (Figur 50). Det var ingen forskjeller mellom LAV og HØY gruppe, verken ved S1 eller S2 (Mann Whitney U-test, $p > 0.7$).

Histologiske undersøkelser støttet de visuelle funnene (Figur 50 og Figur 51), der prøver fra Settefisk viste lave nivåer av epitelial apoptose (celledød) i gjellene, med mild betennelse i filamenter og lameller observert hos enkelte individer (Figur 50). Disse funnene samsvarer med den generelt lave gjelleskåren fra visuell gjellevurdering. Ved S1 hadde fisk fra HØY gruppe mer uttalt apoptose, i noen tilfeller sammen med gjellebetennelse. Fisk fra LAV gruppe hadde mer normale gjeller. Ved S2 hadde fisk fra begge gruppene lave nivåer av epitelial apoptose i gjellene, men flere hadde tegn til mer kroniske skader, mest uttalt som betennelse i lameller.

Gjellelev fra Settefisk og fra 2 merder i hver tetthetsgruppe ble undersøkt for Salmonid gill poxvirus (SGPV), *Ca. Branchiomonas cysticola* (BC), *Paramoeba perurans* (AGD) og *Desmozoon lepeophtherii* (DL) med en multiplex qPCR protokoll (Gjessing et al., 2021). Ingen agens ble påvist i settefiskanlegget, og AGD og DL ble ikke påvist i noen av prøvene fra sjøfasen. Ved S1 ble BC påvist hos 1 fisk av 20 i LAV gruppe og 2 av 20 i HØY gruppe, alle Ct-verdier > 32 . SGPV ble påvist med høy prevalens ved S1 (Figur 55). Fisk fra HØY merd 6 hadde mest virus (median Ct-verdi = 22), virusmitten i HØY merd 7 var mer ujevnt fordelt, mens i begge merdene i LAV gruppe var smitten lav hos all fisk. Ved S2 var det fortsatt høy prevalens med lav virusmengde i LAV merd 9 og HØY merd 7, men få til ingen smittede fisk i LAV merd 5 og HØY merd 6. Ved in situ hybridisering (ISH) påviste vi SGPV i gjellevevet, i samsvar med funn av SGPV med qPCR. Ved S1 hadde fisk i gruppen med høy tetthet tydelige SGPV-spesifikke hybridiseringssignaler fordelt langs gjelleepitelet, mens det ikke ble observert hybridisering i gjellesnitt fra gruppen med lav tetthet på samme tidspunkt. Ved S2 var dette bildet reversert, hvor gjellesnitt fra fisk i HØY ikke viste påvisbare SGPV-spesifikke signaler, mens fisk fra LAV viste noe hybridisering. Både ved S1 og S2 var virussignalet begrenset til avstøtte, apoptotiske gjelleepitelceller lokalisert ytterst på de sekundære lamellene, noe som er karakteristisk for SGPV-infeksjon hos atlantisk laks (Gjessing et al., 2015).

Gjellehelse ved månedlige uttak

Det ble tatt ut gjelleprøver fra normal fisk ved sju uttak, for uttak i HØY i november 2024 og for det siste uttaket mangler vektdata. Vekt, lengde og KF endret seg over tid, men det var ingen forskjell i fiskestørrelse mellom de parallelle uttakene fra de to tetthetsgruppene (t-test) (Tabell 10).

Visuell skår (0 til 5) og histopatologisk skår (0 til 4) ble gjort av de samme fisk som ble undersøkt for patogener. Fordeling av skår er vist i Figur 50-Figur 52). Størst prevalens hadde visuell skår 1 og histologisk skår 2 og 3. Det ble ikke påvist visuell skår 4 og 5 eller histologisk skår 4 (alvorlig skade).

Histologisk skår viste en god korrelasjon med visuell skår (Spearman's rho = 0.448, $p < 0.001$), men selv ved lav visuell skår kan det være et betydelig innslag av moderate forandringer i de histologiske snittene (Figur

53). Det var en tendens til mer alvorlig histologisk gjelleskår i HØY gruppe, men vi fant ingen signifikant korrelasjon mellom gruppe og gjelleskår, verken visuell eller histologisk. For sammenligning med andre funn brukes den histopatologiske, som særlig ved lav skår anses som mest presis. Histologiske forandringer økte tydelig over tid, med stort sett samme utvikling i LAV og HØY. Samlet histologisk skår var identisk med vurderingen av kompleks gjellebetennelse (Spearman's rho = 1.0). Gjelleskår var også nært korrelert til hyperplasi og hypertrofi av epitel, inflammasjon i lameller og filamenter og med ulike typer nekrose i vev (men ikke apoptose) (Tabell 11). Fisk med høy grad av apoptose hadde også mest SGPV i gjelleprøvene, der fisk med apoptoseskår 3 hadde signifikant lavere CT-verdier enn fisk i kategori 1 og 2 ($p < 0.001$, enveis ANOVA), men det var ingen påviselig forskjell mellom LAV og HØY.

Gjellelev fra de månedlige uttakene ble analysert for patogener ved Patogen AS (Figur 55). BC ble påvist ved tre uttak mot slutten av perioden, med median CT-verdi mellom 30.5 og 32.3. SGPV ble påvist i fem uttak med lavest median CT-verdi på 23.8 på første uttak 07.10.2024, og med jevnt stigende CT-verdi til 34,6 ved siste uttak. ILAV hadde 15. januar 100 % prevalens og median CT-verdi 29.2, ved neste uttak 30 % prevalens og median CT-verdi 33.7. Andre patogener ble ikke påvist. For verken BD, SGPV og ILAV var det noen forskjell i prevalens i tetthetsgruppe LAV og HØY (Pearson Chi-Square) og ingen forskjell i median CT-verdi mellom de to tetthetsgruppene (Enveis ANOVA).

Tabell 10. Uttak av fisk til månedlig kontroll av gjellehelse.

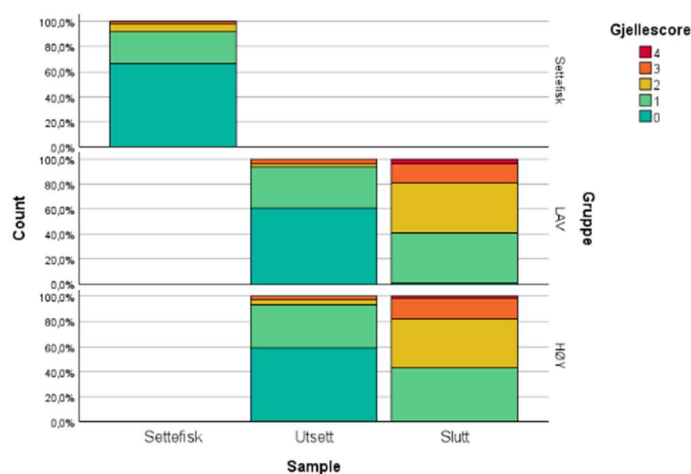
Gruppe	LAV	07.10.2024	08.11.2024	27.11.2024	19.12.2024	15.01.2025	26.02.2025
LAV	Antall	5	5	5	20	5	5
	Vekt	223 (44)	362 (66)	362 (72)	593 (95)	641 (99)	1194 (242)
	Lengde	25.4 (1.8)	30.4 (1.7)	30.0 (2.1)	35.4 (1.8)	36.8 (1.9)	44.2 (1.2)
	KF	1.34 (0.11)	1.28 (0.04)	1.32 (0.11)	1.32 (0.05)	1.28 (0.04)	1.36 (0.15)
HØY	Antall	5	5		20	5	5
	Vekt	178 (21)	315 (88)	-	572 (101)	917 (212)	944 (236)
	Lengde	24.6 (0.9)	29.7 (2.1)	-	35.1 (1.8)	40.1 (2.6)	40.8 (2.9)
	KF	1.22 (0.04)	1.18 (0.13)	-	1.33 (0.10)	1.40 (0.07)	1.38 (0.08)

Tabell 11. Korrelasjon mikroskopisk gjelleskår og spesifikke histopatologiske diagnoser. ** = $p < 0.01$. tomt felt: $p > 0.05$.

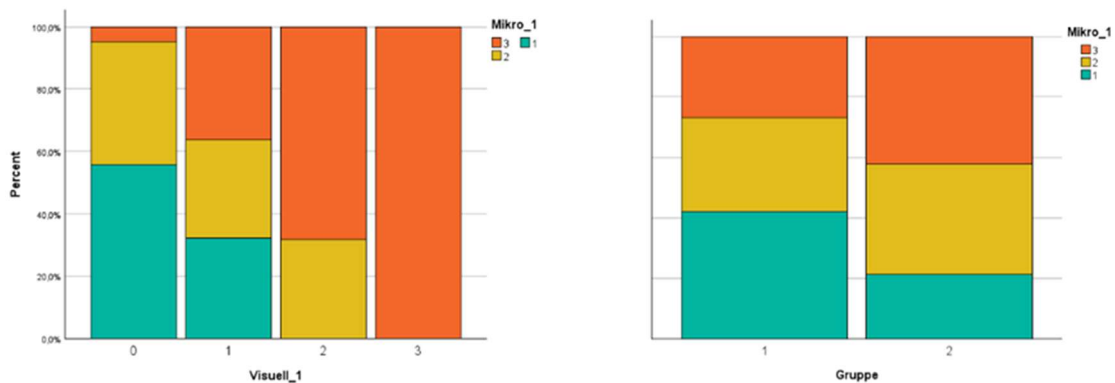
	Spearman's rho	p-verdi
Kompleks gjellebetennelse (KGB)	1.000	**
Hyperplasi av epitel	0.748	**
Hypertrofi av epitel	0.476	**
Betennelse i lamell	0.707	**
Betennelse i filament	0.560	**
Apoptose	0.028	
Annen nekrose	0.600	**
Telangiektasi	0.207	
Blødning i filament	0.250	
Annen sirkulasjonsskade	0.249	

Tabell 12: Gjellepatogener (også inkludert ILAV-HPRO), antall testet, prevalens positive prøver. Alle prøver, begge tetthetsgrupper samlet.

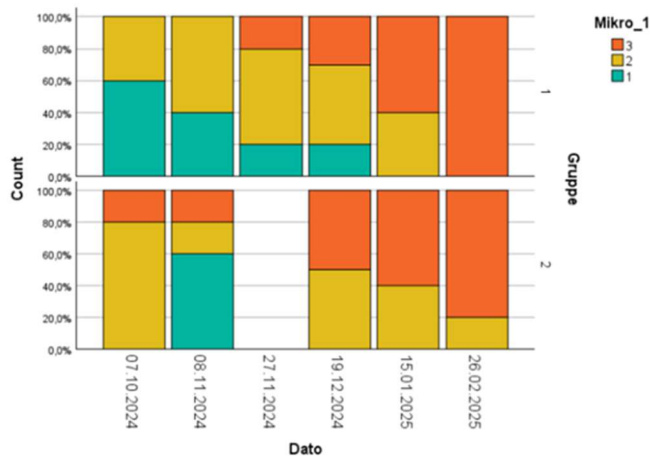
Agens	n	Prevalens
Ca. Branchiomonas cysticola	80	7.5
Salmonid gill poxvirus	80	35
Neoparamoeba perurans	10	0
Desmozoon lepeophtheirii	30	0
Tenacibaculum sp.	10	0
Ichthyobodo salmonis	20	0
ILAV –HPRO	70	18.6



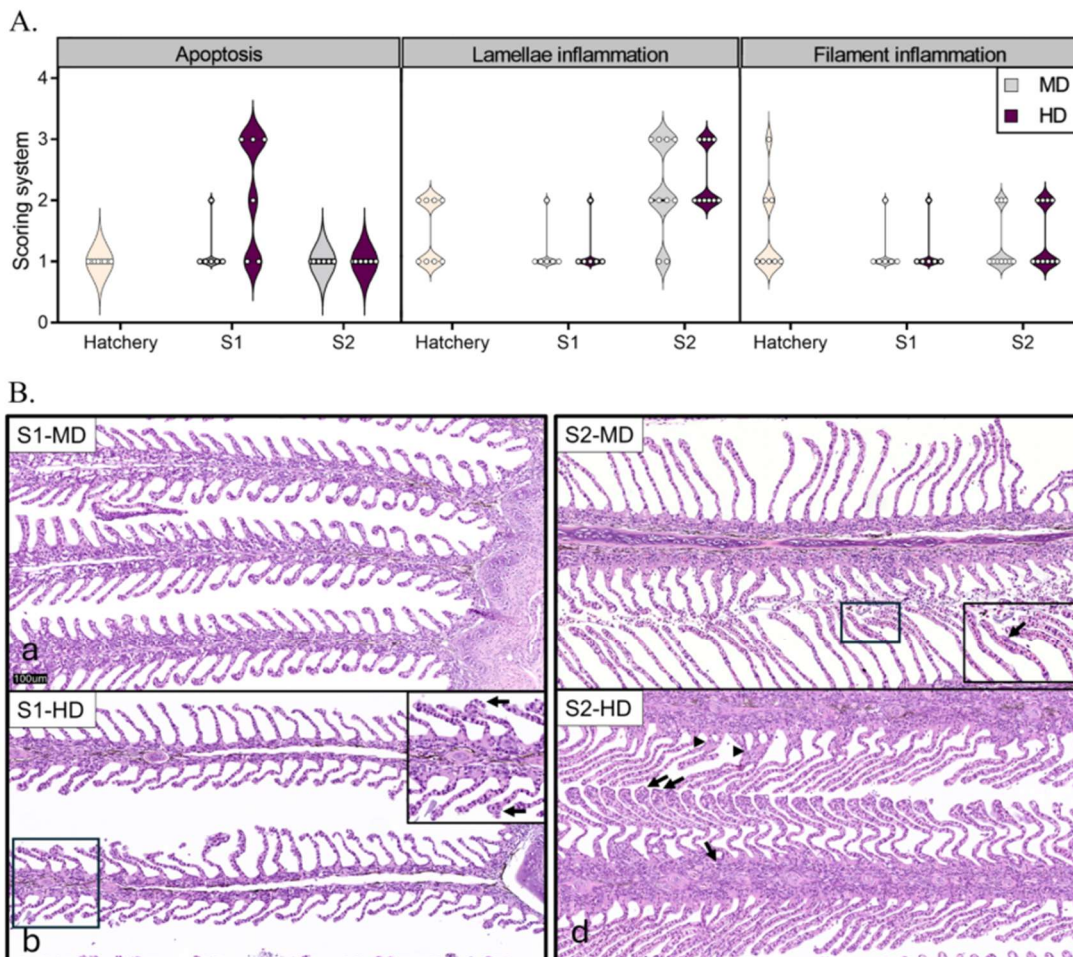
Figur 50: Fordeling av visuell gjelleskår ved velferdkartlegging. Resultat fra tre hoveduttak: Settefisk, 1 mnd etter utsett (S1) og 7 mnd etter utsett (S2).



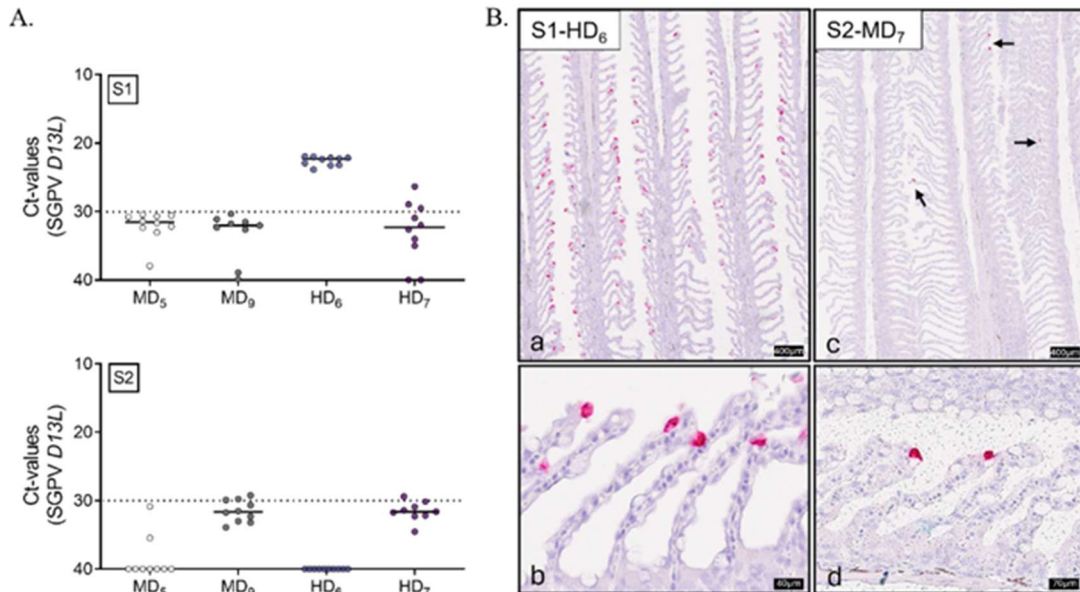
Figur 51: Venstre: Sammenligning av visuell gjelleskår (x-akse) med histologisk skår (y-akse). Høyre: Histologisk gjelleskår i LAV (1) og HØY (2) tetthetsgruppe. Resultat fra tre hoveduttak: Settefisk. 1 mnd etter utsett (S1) og 7 mnd etter utsett (S2).



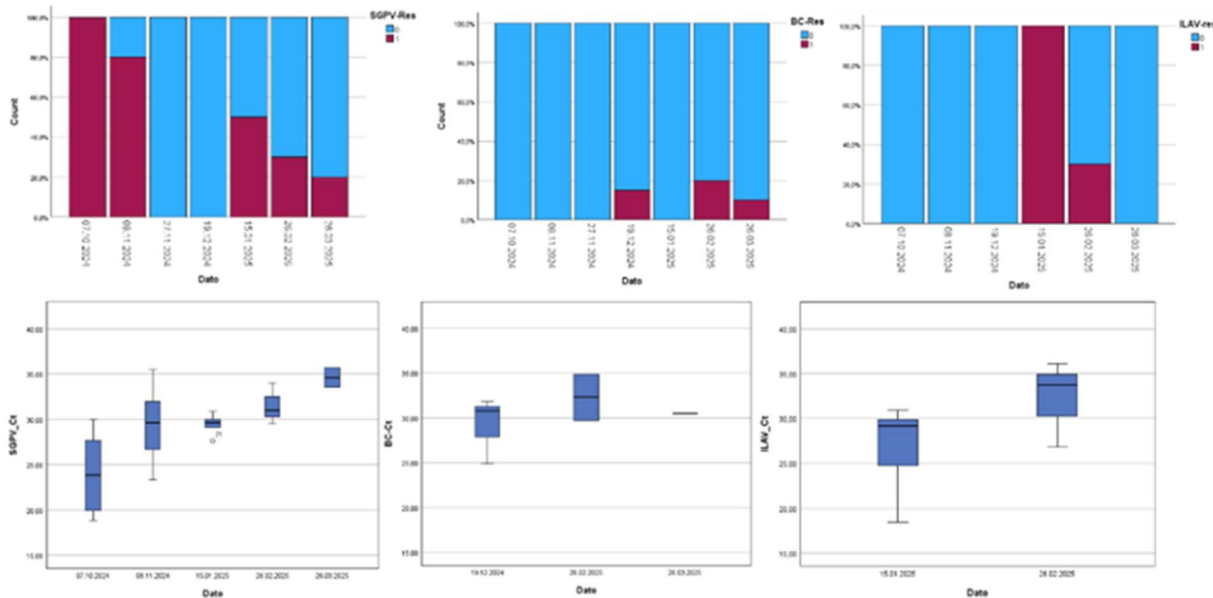
Figur 52: Fordeling av mikroskopisk gjelleskår i gruppe 1 LAV og 2 HØY ved månedlige uttak i perioden oktober 2024 til mars 2025.



Figur 53: (Fra: Tsooula et al., 2026, til publisering). Histopatologi i gjellene til laks oppdrettet i CCS ved to ulike tettheter over tid (Lav tetthet MD; Høy tetthet HD). (A) Histopatologisk vurdering av gjeller basert på skåring av epitelial apoptose, betennelse i lameller og i filamenter i prøver fra Settefisk (n = 8). S1 (n = 3 per tetthetsgruppe) og S2 (n = 5 per tetthetsgruppe). (B) Histologiske snitt av gjeller (HE-farging). Boksene i b og c er forstørret i innfelte figurer. Apoptose i lamellært epitel og «clubbing» er indikert med piler. Lamellære adheranser er indikert med pilhoder. a–b: gjeller fra S1 under henholdsvis lav og høy tetthet; c–d: gjeller fra S2 under henholdsvis lav og høy tetthet. (Foto: Julie Svendsen)



Figur 54: (Fra: Tsouila et al., 2026, til publisering) Påvisning av salmon gill pox virus (SGPV) i gjeller hos laks fra lukkede merder under to ulike tetthetsnivåer (lav tetthet MD; høy tetthet HD). (A) Påvisning av SGPV D13L mRNA i gjeller én måned etter sjøutsett (S1, n = 10 per merd) og åtte måneder etter sjøutsett (S2, n = 10 per merd). Ingen SGPV-belastning ble påvist i i prøvene fra Settefisk, og disse er derfor utelatt fra figuren. (B) In situ-hybridisering (mRNA) av gjellesnitt ved S1 og S2. (Foto: Haitham Tartor).



Figur 55: Resultat fra qPCR av gjellelev fra rutinemessige prøveuttak ved lokalitet Sæterosen i perioden 07.10.2024 – 26.03.2025, alle prøver og begge tetthetsgrupper samlet. 19A (øverst) Prevalens av Salmonid gill poxvirus (SGPV), *Ca. Branchiomonas cysticola* (BC) og ILAV HPR0 19B (nederst) Ct-verdier for Salmonid gill poxvirus (SGPV), *Ca. Branchiomonas cysticola* (BC) og ILAV HPR0.

- **Piscine orthoreovirus 1 (PRV-1)**

Piscine orthoreovirus 1 (PRV-1) ble undersøkt i blodprøver ved S1 og S2. og i regelmessige uttak av hjerteprøver, på de samme datoene som uttak av gjeller. PRV-1 var ikke til stede i prøver fra S1, men hos alle 12 undersøkte fisk ved S2 (Tabell 11). Første påvisning i de månedlige prøvene var en fisk i LAV gruppe 19.desember (Tabell 12). Fra og med 19. februar ble PRV-1 påvist med 75 til 100 prevalens i månedlige prøver, og Ct-verdiene var stabilt lave i februar til april.

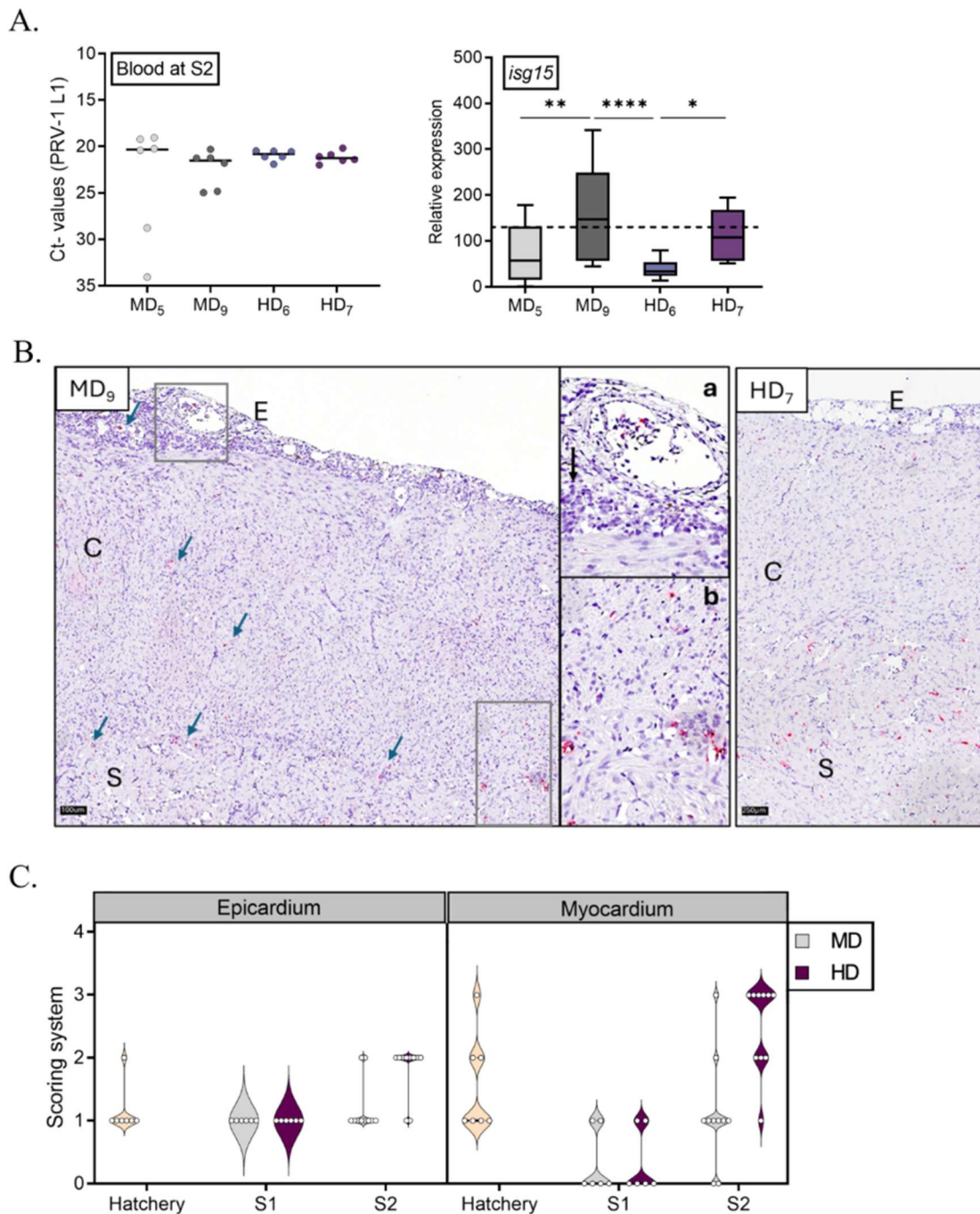
Ved *in situ* hybridisering (ISH) fant vi rikelig med virus i hjertemuskel hos fisk fra S2 der det var påvist PRV-1 i blodprøver (Figur 56), mens det ikke ble påvist i hjerter fra fisk ved utsett. Dødelighet knyttet til Hjerter og skjelettmuskelbetennelse (HSMB), som skyldes PRV-1 ble påvist mot slutten med lave tall, men den reelle dødeligheten på grunn av HSMB kan være undervurdert (Akvafuture. data ikke vist).

Tabell 13. Prevalens og median CT-verdi for PRV-1 i blod fra fire merder ved slutt.

Gruppe	Merder	N	Positive	Median CT
LAV	5	3	3	17.14
	9	3	3	20.4
HØY	6	3	3	19.2
	7	3	3	19.4

Tabell 14. Prevalens og median CT-verdi for PRV-1 i hjertevev ved 6 helsekontroller i perioden 08.11.2024 - 02.04.2025

Dato	LAV				HØY			
	Merder	Fisk	PRV-1	Ct	Merder	Fisk	PRV-1	Ct
08.nov	3	9	0		3	6	0	
19.des	2	3	33	32.9	2	7	0	
15.jan	4	6	0		3	9	22	33.1
19.feb	2	4	75	22.0	3	10	100	21.3
21.mar	2	4	75	20.1	3	8	100	25.2
02.apr	1	2	100	24.1	3	4	100	21.9



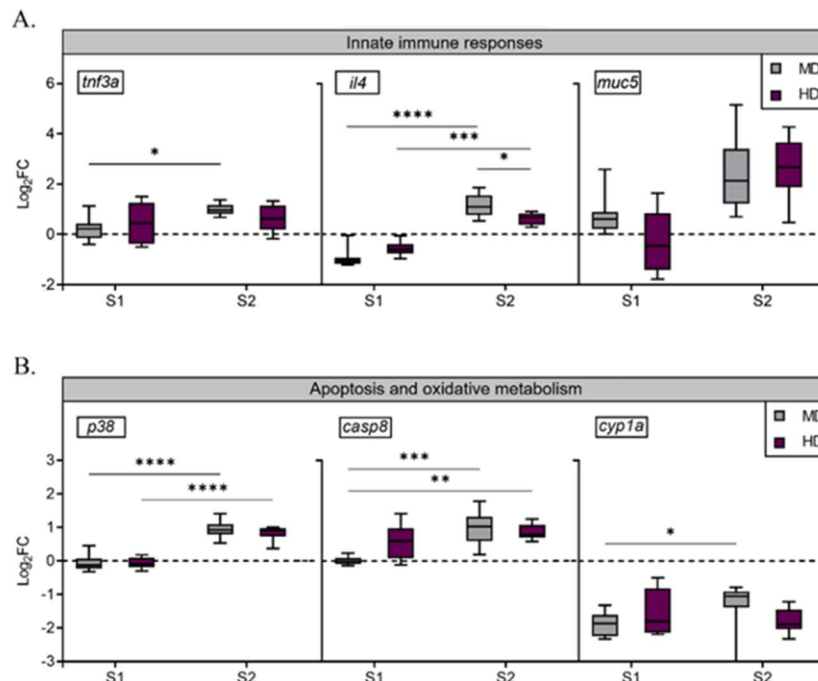
Figur 56: (A) Påvisning av PRV-1 i blodprøver (venstre) og ekspresjon av immunitetsgen i røde blodceller *isg15* (høyre) ved sluttuttak. S2. Signifikans ble beregnet mellom de to tetthetsgruppene (LAV og HØY) relativt til prøvene fra Settefisk, der *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$; ****: $p < 0.0001$. (B) Histologipreparat fra laks i LAV merd 9 og HØY merd 7 fra uttaket ved S2, der in situ hybridisering (rød farge) er brukt for å påvise PRV-1. Bildet viser del av ventrikkel med epicardium (E), compactum (C) og spongiosum (S). a. epicarditt (pil) og påvist PRV-1 i røde blodceller. b. nærbilde som viser farging av myokardceller i compactum og overgangen mellom compactum og spongiosum (Foto: Haitham Tartor, VI). (C) Histopatologisk skåring av patologi i myocard og epicard fra Settefisk, S1 og S2 ved to ulike tetthetsgrupper.

- **Undersøkelser av genuttrykk i gjellevev og røde blodceller**

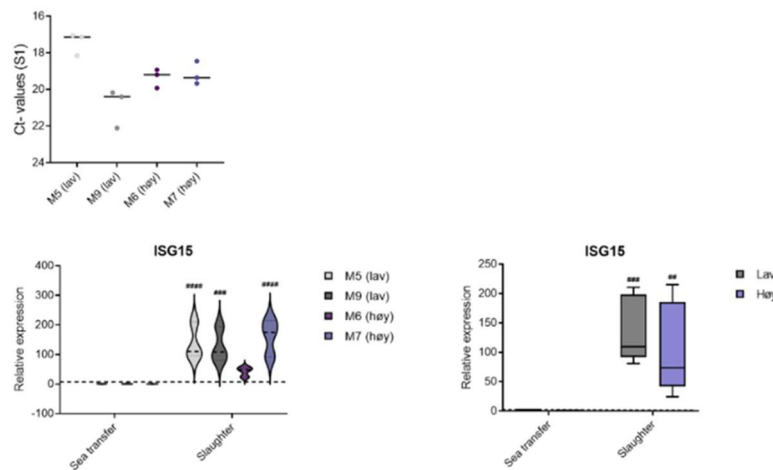
I gjellevevet var immun- og inflammasjonsresponsen kraftigst ved S2, målt ved ekspresjon av *tnfa3*, *il4/13a*, *muc5*, *p38* og *casp8* (Figur 57). Det var noen merdforskjeller, men ingen vesentlige forskjeller i genekspresjon mellom de to tetthetsgruppene. Ekspresjonen av det pro-inflammatoriske cytokingenet *tnfa3* var tydelig oppregulert hos fisk fra en høy-tetthetsenhet (M6) ved S1. Ved S2 var *tnfa3*-ekspresjonen omtrent det dobbelte av verdiene i Settefisk, både for LAV og HØY tetthetsgruppe. På samme måte var ekspresjonen av *il4*-genet betydelig oppregulert ved S2 sammenlignet med både Settefisk og S1. Ekspresjonen av *il4* ved S2 var også høyere i gjeller fra LAV enn i HØY tetthetsgruppe. Nivåene av *muc5* var betydelig høyere i gjeller ved S2 sammenlignet med S1. Ekspresjonsnivåene av *p38*-genet viste en 2-fold økning i gjellene hos både moderat og høy tetthetsgruppe ved S2. Det ble ikke observert signifikante endringer i ekspresjonen av *hif1a*- og *pcna*-genene i gjellevevet gjennom forsøksperioden (data ikke vist), mens nivåene av mRNA for *cyp1a*, i motsetning til øvrige gener, var betydelig nedregulert i gjeller ved både S1 og S2. For immunitetsgenet *isg15* i røde blodceller fant vi over 70-gangers økning i blodprøver fra S1 til S2, uavhengig av merd og tetthetsgruppe (Figur 58).

Tabell 15. Oversikt gener brukt for transkripsjonsanalyse i gjellevev og blod.

Funksjon	Gen	Id nr.
Gjeller og helblod		
Referansegen	ef1ab	Q9DDK2
Gjeller		
Immunrespons	<i>tnfa3</i>	NM_001123617.1
	<i>il4/13a</i>	AB574339
	<i>muc5</i>	XM_045690381.1
Signaloverføring	<i>p38</i>	NM_001123715.1
Celleproliferasjon	<i>pcna</i>	BT056931
Oksydativ metabolisme	<i>hif1a</i>	BT059247.1
	<i>cyp1a</i>	AF361643.
Apoptose / celledød	<i>casp8</i>	BT059055.1
Helblod		
Glukokortikoid-reseptorer	<i>fkbp5</i>	BT048177.1
	<i>ddit4</i>	XM_014183834
Antiviral immunrespons	<i>isg15</i>	BT048733



Figur 57: Effekter av to tettheter på immun- og inflammatoriske responser i gjellene hos atlantisk laks. Settefiskprøver (n = 12) ble brukt som referanse. Den stiplede linjen angir basisnivået (1-fold relativ ekspresjon) som tilsvarer resultatet fra settefisk. Resultater fra av RT-qPCR fra S1. 4 uker etter sjøutsett og fra S2. 7 måneder etter sjøutsett. Data ble analysert med Tukeys multipel sammenligningstest. Signifikante forskjeller sammenlignet med klekkerikontroller er angitt med #. og forskjeller mellom enheter og grupper med: *: p < 0.05; **: p < 0.01; ***: p < 0.0005; ****: p < 0.0001. (A) Ekspresjonen av *tnfa3*, *il4/13a* og *muc5* ved S1 (n = 4 per enhet; n = 8 per tetthetsgruppe) og S2 (n = 5 per enhet; n = 10 per tetthetsgruppe). (B) Ekspresjonen av *p38* og *casp8* og *cyp1a* ved S1 (n = 4 per enhet; n = 8 per tetthetsgruppe) og S2 (n = 5 per enhet; n = 10 per tetthetsgruppe).

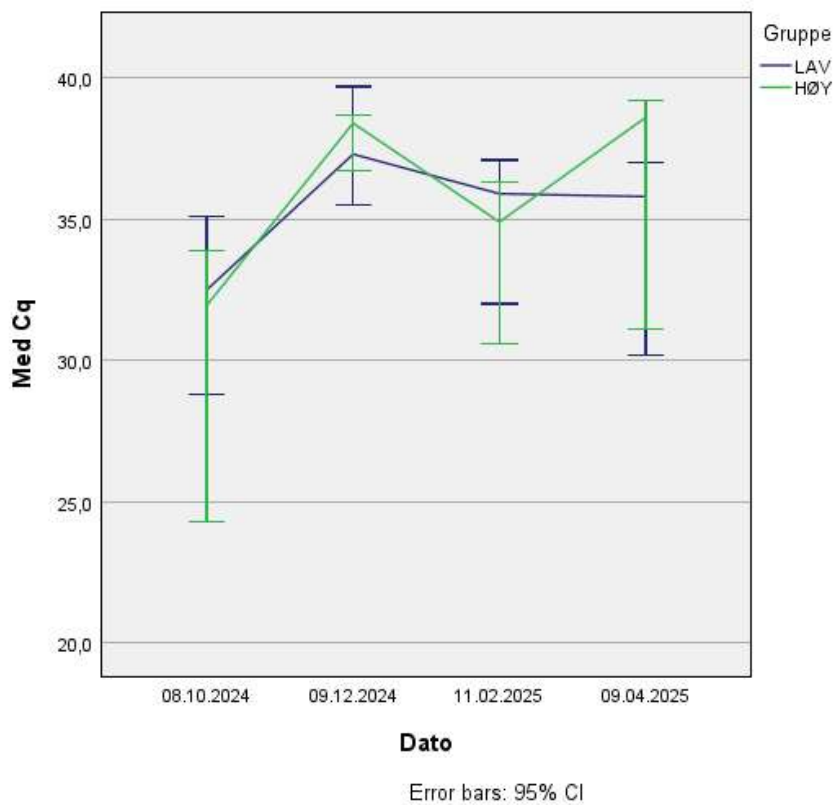


Figur 58: Påvisning av PRV mRNA og immunresponser på transkripsjonsnivå i blod fra atlantisk laks. Ekspresjonen av *isg15* ble målt ved S1, 1 mnd etter sjøutsett (n = 3 per enhet; n = 6 per tetthetsgruppe) og ved S2, 7 mnd etter utsett (n = 3 per enhet; n = 6 per tetthetsgruppe) med RTqPCR. Prøver fra Settefisk (n = 12) ble brukt som referanse. Den stiplede linjen angir basisnivået (1-fold relativ ekspresjon) som tilsvarer nivået i Settefisk. Data ble analysert med Tukeys multipel sammenligningstest. Signifikante forskjeller sammenlignet med referanseverdiene er angitt med #: p < 0.05; ##: p < 0.01; ###: p < 0.0005; ####: p < 0.0001.

5.3.6 Patogener i vannprøver

- **Salmonid gill poxvirus (SGPV)**

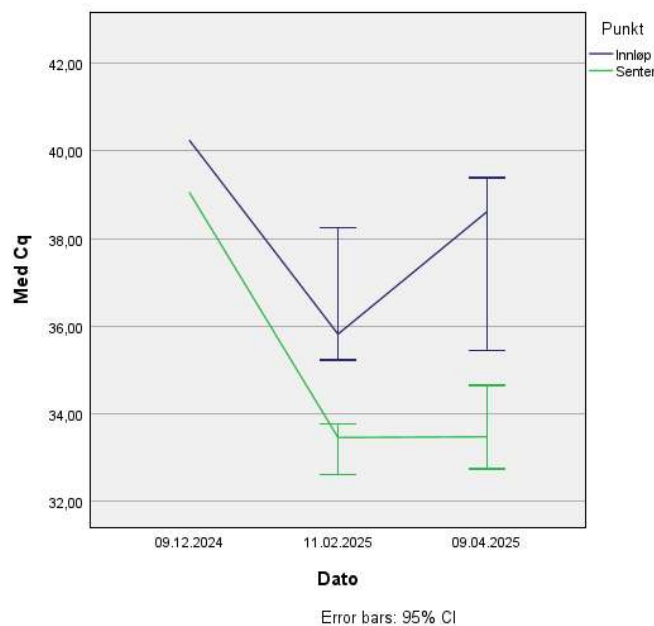
SGPV ble påvist gjennom hele produksjonstida i sjø (oktober 24 – april 25), se kapittel om gjellehelse. I både innløp og senter av merd, og for begge tetthetsgrupper var det mest virus i prøvene fra 8. oktober 2024 (t-test). Variasjoner i Ct-verdier mellom LAV og HØY tetthet innen samme prøvepunkt og for prøver tatt i innløp eller inne i merd for hver enkelt dato var stort sett ikke-signifikante (Figur 59).



Figur 59: Ct-verdier for Salmonid gill poxvirus (SGPV) i vannprøver fra oktober 2024 til april 2025. Grafen viser median Ct +/- 95 % konfidensintervall. Det var ingen signifikant forskjell mellom innløp og merd og disse prøvepunktene er derfor slått sammen i figuren. Blå linje: prøver fra LAV gruppe. grønn linje: prøver fra HØY gruppe.

• *Moritella viscosa*

Veterinærinstituttets undersøkelse av vannfiltre påviste *M. viscosa* ved en av tre replikater i innløp og i senter av merd i Lav gruppe 9. desember (Figur 60). Ct-verdiene var også høye. Ved uttak 11. februar og 9. april 2025 påviste vi *M. viscosa* i større konsentrasjoner og i to til tre av tre replikater (Figur 60). Ved uttaket 9. april 2025 var verdiene signifikant høyere i senter av merd sammenlignet med innløp ($p < 0.001$), men det var ingen forskjell mellom 11. februar og 9. april og ingen forskjell mellom de to tetthetsgruppene. I alle prøvene, med unntak av de svakt positive 9. desember, ble det påvist en jevn blanding av to klonale komplekser. *M. viscosa* CC1 og CC3. Dette er også de klonale kompleksene som har utgjort størsteparten av isolatene fra laks med vintersår i Norge siden 2014 (Sørgaard et al., 2023).

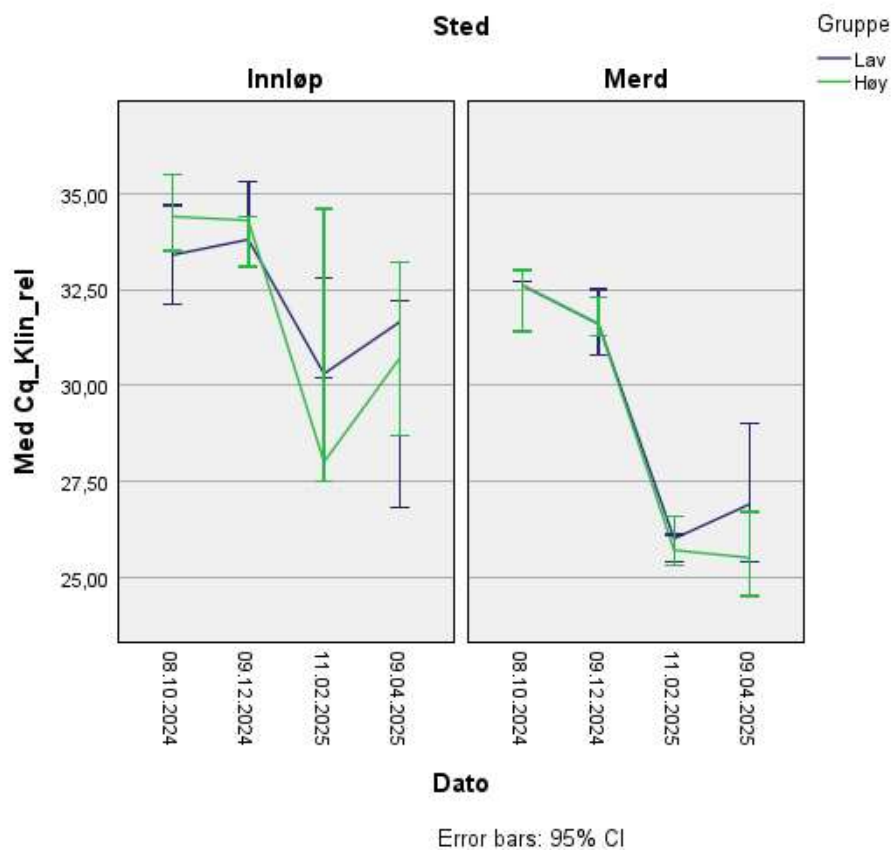


Figur 60: Median Ct-verdi for *Moritella viscosa* i vannprøver fra tre lukkede merder i LAV og HØY tetthetsgruppe, oktober 2024 til april 2025. Det ble ikke påvist *M. viscosa* i uttaket 8.oktober 2024, og bare i en replikat fra hvert prøvested i uttaket 9. desember 2024. Grafen viser median Ct +/- 95 % konfidensintervall. Det var ingen signifikant forskjell mellom Lav og Høy tetthetsgruppe, og tetthetsgruppene er derfor slått sammen i figuren. Blå linje: prøver fra innløp (25 m dyp), grønn linje: prøver fra overflate i senter av merd.

Bakgrunnsinformasjon fra anleggets helsekontroller underbygget også påvisningen av *Moritella viscosa* i vannprøvene. Fisk med obduksjonsfunn typiske for systemisk infeksjon med *Moritella viscosa* (væske i buk. tom tarm, gulblek lever med store, til dels sammenflytende blødninger under kapselen) ble funnet ved helsebesøk 15.januar 2025, men uten at bakterien ble påvist i prøver (nyrevev. qPCR). Ved uttak av fisk 31.januar 2025 ble det påvist vintersår ved histologi: septikemi, hudsår med invasjon av korte stavbakterier i dermis, hypodermis og muskulatur). Ved dyrking av *M. viscosa* fra enkeltfisk med rikelig og tilnærmet ren vekst av *M. viscosa* fra sår eller nyre). Obduksjonsfunn var blødninger og erosjoner av vev rundt øye, sår på hodet og blødninger i lever og fettvev. Dødelighet med klinikk forenlig med *M. viscosa* ble også påvist ved besøk i perioden fra februar til april og 21. mars ble *M. viscosa* (klassisk variant) påvist i nyrevev fra 1 av 12 undersøkte fisk.

- **Tenacibaculum spp.**

Vannprøvene ble undersøkt for følgende (Figur 61): samlet *Tenacibaculum*, klinisk relevante *Tenacibaculum* arter, spesifikt arten *T. finnmarkense* med underartene genomovar *finnmarkense* og *ulcerans*, og det som blir kalt "Low Diversity Cluster" (LDC), en undergruppe av *T. finnmarkense* genomovar *finnmarkense* med høy genetisk likhet. For alle assayene ble det funnet bakterier i størsteparten av uttakene, med høyere bakteriekonsentrasjon inne i merd enn i innløpsvannet, men ingen betydelig forskjell mellom LAV og HØY gruppe. Gruppen klinisk relevante *Tenacibaculum* spp., fant vi i vannprøver fra både innløp og merd gjennom hele perioden i sjø, fra oktober til april (Figur 61), med en tydelig høyere bakteriemengde i februar og april, sammenlignet med oktober og desember. Ved alle fire uttak var det også høyere verdier inne i merd enn i inntaksvannet, en forskjell som var mest uttalt ved de to siste uttakene der bakteriemengden også var høyest. "Low diversity cluster" og arten *T. finnmarkense* hadde omtrent samme fordelingen, mens assay for samlet *Tenacibaculum* sp. viste det motsatte, med høyest bakterieforekomst ved uttaket i oktober.



Figur 61: Gjennomsnittlig Cq for klinisk relevante *Tenacibaculum* spp. (*T. finnmarkense*, *T. disentrachi* og *T. piscium*. median +/95% konfidensintervall) ved måling i tre merder med lav tetthet (blå) og tre merder med høy tetthet (rød) i perioden oktober 2024 til april 2025. Blå linje: prøver fra LAV gruppe. grønn linje: prøver fra HØY gruppe.

5.3.7 Diskusjon og konklusjoner

- **Produksjonsdata og helseøkonomi**

Produksjonsdata fra Akvafuture viste svært lav dødelighet i både LAV og HØY tetthetsgrupper. Tilveksten (SGR) var moderat, og begge grupper hadde lav førfaktor (<1), som tyder på god fiskehelse. Det ble ikke påvist lakselus eller skottelus. Total dødelighet varierte fra 0.44% til 1.2%. til tross for utbrudd av salmon gill

poxvirus (SGPV), HSMB (PRV-1) og vintersår. Sår fra *Moritella viscosa* var hovedårsaken til dødelighet, særlig sent i perioden. SGR var høyere i LAV enn i HØY tetthet, og fisken i merder med lav tetthet fikk mer fôr per dag. Forskjellen skyldes trolig praktiske utfordringer med fôring i merder med høy tetthet og ikke tettheten i seg selv. Ansatte opplevde det som vanskelig å vite når fisken var mett, og det ble kanskje gitt for lite fôr til høy tetthet. Dette anses som en teknisk utfordring som kan forbedres med erfaring. Fôrfaktoren var i snitt 0.9 lavere enn i åpne merder (ca. 1.15). Tilvekstmodellen klarte ikke å beregne tilveksten korrekt, med et hopp i vekt etter veieprøver på slutten.

- **Fiskevelferd**

Oppsummering

Fisken i begge tetthetsgruppene hadde normal tilvekst og lav dødelighet. Fravær av lus gjennom hele produksjonstiden i sjø bekrefter resultatene fra tidligere studier av lus i lukkede merdsystemer (Nilsen et al., 2017; Barrett et al., 2020), noe som både har en positiv effekt på villfisk og det ytre miljøet og for velferden til oppdrettsfisken som unngår stressende eller skadelige avlusningsprosedyrer.

Gjellebetennelse med salmonid gill poxvirus (SGPV) ble påvist fire uker etter utsett i sjø, og infeksjonen var til stede gjennom hele produksjonstiden. Fisken fikk et utbrudd av Piscine orthoreovirus 1 (PRV-1) i februar 2025, infeksjonen førte til synlige skader i hjertemuskulaturen, men lite dødelighet. Et utbrudd av vintersår ga en økning i dødelighet i noen merder de siste to til tre månedene, der bakterien *Moritella viscosa* ble påvist fra fisk med sår og fisk med septikemiske forandringer.

Samlet sett ble det observert en gradvis reduksjon i fiskevelferd gjennom 7 måneder i sjøvann. Dette skyldtes hovedsakelig merds spesifikk forhold, uten noen sikre forskjeller mellom de to tetthetsgruppene. Fra S1 til S2 fant vi en oppregulering av gener som *p38*, *muc5* og *il4/13*-cytokinet. Dette kan indikere et skifte fra virusdrevet patologi ved S1 til en mer miljørelatert inflammatorisk respons ved S2. Langvarig og kumulativt stress kan spille en sentral rolle for fiskevelferd og sykdomsresistens, og mulige stressorer i lukkede merder – utover de moderate tetthetsforskjellene vi undersøkte i dette prosjektet – bør undersøkes videre.

Overgang fra settefisk til S1

Settefisken var av en generell god kvalitet, det ble påvist få ytre lyter og ingen gjellepatogener. Det ble likevel påvist en moderat gjellebelastning i settefiskanlegget, med inflammasjon i lameller og filamenter. Årsaken til dette er usikker og slike forandringer må ikke ha en infeksjons årsak, men kan også ha sammenheng med miljøforhold og vannkvalitet (Bjørngen et al. 2025).

Økningen i hudblødninger og skjelltap fra settefisk til S1 kan skyldes skader på fisken i forbindelse med transport og utsett i merd. Forkortede gjellelokk påvist ved S1 er mest sannsynlig skader fisken hadde med seg fra settefiskfasen, mens en noe økt andel av mager fisk i de første ukene etter utsett kan både skyldes at noen fisk ikke har kommet i gang etter utsett og at litt svakere fisk er lettere å fange med håv ute i merden. Det er større risiko for å få ytre skader på fisken ved avkast og håving fra merd enn det er når man står med en liten håv ved karkanten i et settefiskanlegg. Høye verdier av plasmakortisol hos fisk ved S1 tyder på enten et høyt bakgrunnsnivå av stress eller stressbelastning ved selve prøveuttaket.

Der gjelleprøvene fra settefisk viste moderate, uspesifikke betennelsesforandringer var gjellehelsen ved S1 dominert av høy forekomst av salmonid gill poxvirus (SGPV). Histopatologiske forandringer, særlig apoptose av epitelceller ytterst på lameller, er typiske for SGPV (Gjessing et al., 2017). Det virker også logisk at disse skadene var fulgt av en moderat økning av genet *casp8* (apoptose/celledød) ved S1 sammenlignet med settefisk. Ved S1 så vi også en nedregulering av genet *cyp1a*, et gen som er involvert i metabolismen av fremmedstoffer (Andrieux et al., 2004). Det er tidligere vist at oksygenmangel kan stimulere til nedregulering av dette genet i levervevet hos atlantisk trommefisk (*Micropogonias undulatus*) (Rahman & Thomas, 2012). I vårt forsøk kan nedreguleringen av *cyp1a* i gjellene ved S1 muligens være knyttet til SGPV-infeksjon i tidlig sjøfase. Den vedvarende suppresjonen av genet gjennom hele sjøfasen kan være en reaksjon på stress og høye kortisolnivåer, som tegn på en cellulær mestingsrespons med mål om å opprettholde intern homeostase. Denne hypotesen krever imidlertid videre undersøkelser. Med unntak av få fisk som testet positivt for *Ca. Branchimonas cysticola*, ble andre gjellepatogener som *Desmozoon lepeophtheirii* (haustsjuka) eller *Neoparamoeba perurans* (AGD) ikke diagnostisert i noen av prøveuttakene.

Infeksjoner

I perioden fra S1 (oktober 2024) til S2 (april 2025) var det en vedvarende gjelleinfeksjon med SGPV, men med fallende prevalens og virusbelastning. Andre gjellepatogener av betydning ble ikke påvist. Både prøver fra hoveduttak og rutinekontrollene viste en gradvis økning i gjelleskade i prosjektperioden, uten at vi kunne finne noen vesentlige forskjeller mellom LAV og HØY tetthetsgruppe. Disse forandringene ble påvist ved både visuell og histologisk undersøkelse. Forandringene var karakterisert ved hypertrofi og hyperplasi av epitelvev, inflammasjon i lameller og nekroser i gjellevevet. Mindre skader av sirkulatorisk karakter ble også påvist. *Ca. Branchimonas cysticola* ble påvist ved både hoveduttak og rutineuttak, men med lav prevalens og lav mengde agens og antas å ikke ha hatt noen avgjørende betydning for gjellepatologien. ILAV-HPR0 ble påvist som en kortvarig epidemi med 100 % prevalens i januar 2025, men anses heller ikke å ha noen betydning for gjellehelsen. Det virker sannsynlig at de observerte gjelleforandringene skyldes enten den langvarige infeksjonen med SGPV, negative faktorer i vannkvalitet og merdmiljø eller en kombinasjon av disse to faktorene.

PRV-1 ble først oppdaget på enkeltfisk i desember 2024 og januar 2025, men en mer omfattende infeksjon var etablert i midten av februar, med høy prevalens og høye virusnivåer. Dette vedvarte til forsøket ble avsluttet i april 2025 (S2). Antall fisk som ble rapportert døde på grunn av HSMB var lavt, men de kliniske forandringene var svært små og en del fisk kan nok ha blitt klassifisert som «Ukjent». PRV-1 angriper først laksens røde blodceller, og en typisk reaksjon på slik infeksjon er økt ekspresjon av gener som uttrykker viral immunitet (Dahle et al., 2015; Haatveit et al., 2017), slik vi så for *isg15* i dette forsøket. Ved S2 var genet *isg15* i røde blodceller oppregulert over 70 ganger, sammenlignet med settefisk. Dette er en reaksjon som gjerne skjer før viruset angriper hjertevevet (Dhamotharan et al., 2020). Når infeksjonen med PRV-1 var så godt etablert allerede i februar, uten at det ble påvist tydeligere patologi eller høyere dødelighet, kan det være en indikasjon på at fisken var smittet med en mindre virulent virusstamme (Wessel et al., 2020; Vatne et al., 2021).

Vintersårbakterien *Moritella viscosa* ble isolert i forbindelse med sårutvikling og dødelighet i flere merder. *Moritella viscosa* ble påvist fra både fisk med vintersår og fisk med mer septikemiske forandringer (Treines pers. med). Selv om den totale dødeligheten var lav i alle enheter, ble *Moritella viscosa* påvist i nesten alle

vannprøver fra merd og innløpsvann i februar og april, og over et større tidsrom i vannprøvene undersøkt i AP2. Det er rimelig å anta at alle merdene hadde et visst smittetrykk i denne perioden. der også temperaturene var lavest. Genotyping av bakterier fra vannfiltre viste at det ved de aller fleste påvisningene, både i innløp og merd. var en blanding av de to klonale kompleksene som er vanligst å finne hos norsk oppdrettslaks. CC1 og CC3 (Sørugaard et al., 2023).

Patogener i vannprøver

Ved undersøkelse av forekomst av SGPV, *Moritella viscosa* og *Tenacibaculum* spp. fra fire uttak av vannprøver fra innløp og fra overflaten inne i merd fant vi klare forskjeller mellom de tre patogenene. Noen agens er jevnt til stede (*Tenacibaculum* spp), andre dukker opp under spesielle miljøforhold (*Moritella viscosa*, kaldt vann) og noen agens kan ha mer tendens til akkumulering i overflatevannet inne i de lukkede merdene (*Moritella viscosa*).

Felles for alle tre agens var at vi ikke fant noen forskjell mellom merder i LAV og HØY tetthetsgruppe. SGPV var jevnt til stede både i innløp og i merd og det var ingen forskjell i målt virusmengde mellom tetthetsgruppene eller mellom prøvested (innløp og merd). Virusbelastningen var størst ved uttaket i oktober, noe som også stemmer godt overens med at infeksjonen med SGPV var kraftigst i den første tida etter utsett. *Moritella viscosa* (der det var en lik blanding av de to klonale kompleksene CC1 og CC3) ble påvist i små mengder i desember, men ikke i noe betydelig omfang før vannprøvene i februar og april, noe som også sammenfaller med den kliniske historikken i anlegget. Ved uttaket i april ble det funnet mer *M. viscosa* inne i merd enn i innløp, noe som kan tyde på en større oppsamling av smitten i overflatevannet for *M. viscosa* enn for gjelleviruset SGPV.

For *Tenacibaculum* spp. var det en del forskjeller mellom de fire assayene som ble brukt. Klinisk relevante arter (*T. finnmarkense*, *T. disentrachi* og *T. piscium*) økte i konsentrasjon ved de siste uttakene i februar og april, med indikasjon for en viss oppsamling inne i merdene. Det ble likevel ikke påvist noen klinikk eller dødelighet med mistanke om *Tenacibaculum* spp. i anlegget, og disse påvisningene i vannet kan trolig representere en jevn tilførsel av miljøbakterier.

Vannkvalitet

Vannutskifting og fisketetthet var innenfor aksepterte grenseverdier. Tetthet (kg/m^3) og spesifikt vannforbruk (SVF = L/kg/min) er to avgjørende miljøfaktorer i lukkede gjennomstrømningsanlegg med begrenset pumpekapasitet. Vi har likevel begrenset med kunnskap om hvordan disse to faktorene innvirker på helse og velferd ved drift av lukkede anlegg i sjø, både hver for seg og i samspill (Nilsen, Thesis 2019). Med økende tetthet vil det spesifikke vannforbruket (SVF = L/kg/min) bli gradvis redusert i løpet av produksjonen. Ved aktiv oksygenering av vannet er det mulig å holde verdiene av CO_2 under en grenseverdi på 10 mg/L ved et SVF rundt 0.2 L/kg/min eller lavere (Nilsen et al., 2017b), men for å opprettholde en god hudhelse er det anbefalt å holde SVF over en nedre grense på 0.3 L/kg/min (Calabrese et al., 2023), blant annet for å unngå stressreaksjoner og inflammasjon i huden (Sveen et al., 2016). Mange lukkede anleggstyper har oppgitt i sine prosjektbeskrivelser at de ønsker en maksimal tetthet på 50 kg/m^3 (Fiskeridirektoratet.no), og dette er også den tetthetsgrensen Akvafuture AS har lagt til grunn for sine produksjonsplaner. Laboratoriebaserede forsøk med fisk i kar har vist at post-smolt (ca. 115 g) kan ha god helse og velferd opp til 75 kg/m^3 (ved SVF = 0.6 L/kg/min) (Calabrese et al., 2017).

I åpne merder vil det være andre toleransegrenser for tetthet. Turnbull et al. (2005) viste i en studie fra åpne merder med laks på 1 kg at det ble dårligere velferd når tettheten gikk fra 25 til 35 kg/m³, vurdert ut fra økt forekomst av finneskader og økte verdier av plasma kortisol og glukose. At de fant en tydelig sammenheng mellom grad av forstyrrelse av fisken (merdenes plassering), og at kombinasjonen av mer forstyrrelser og økt tetthet (interaksjon) ga mer negativ velferd kan være relevant også for lukkede merder. I vårt forsøk gikk SVF i LAV gruppe fra 1.4 til 0.34 L/kg/min, i HØY gruppe fra 1.2 til 0.31 L/kg/min, mens maksimal tetthet i tida fram til S2 var 27 kg/m³ i LAV gruppe og 34 kg/m³ i HØY gruppe, og alle merder holdt seg under 50 kg/m³ i den siste tida fram til fisken ble flyttet. Dette er verdier som burde gi rimelig god vannutskifting og vannkvalitet, se også delrapport om vannkvalitet (Dahle et al., 2026).

Ett interessant funn var at de to ytterst plasserte merdene, 9 og 10. hadde den beste mikrobielle diversiteten, samtidig som det også var merdene med minst vintersår og lavest dødelighet. Dette kan både indikere en sammenheng mellom mikrobiell balanse og fiskehelse og en mulig helsemessig gevinst ved å unngå resirkulering av vann mellom avløp og innløp.

Stressrespons og genuttrykk

Stressresponsen kan deles inn i tre faser (Noble et al., 2018), primær (hormonell), sekundær (metabolsk) og tertiær (vekst, helse og overlevelse). I dette prosjektet målte vi primær stressrespons ved innhold av kortisol i blodplasma og sekundære stressresponser ble vurdert på transkripsjonsnivå i blod (røde blodceller). Identifisering av sekundære stressresponser gjennom genekspressjonsanalyse gir innsikt i effektene av langvarig eller gjentatt stress. Det gjør det mulig å avdekke aspekter ved fiskens indre helse og mestringsmekanismer som kan bli oversett dersom man utelukkende baserer seg på tidsbegrensede kortisolmålinger.

Plasma kortisol var lavt i settefisk, men forhøyet ved både S1 og S2, med snittverdier på merdnivå mellom 70 og 110 ng/mL. Også her var det som for de andre velferdsparameterne, forskjeller mellom merder, men ikke mellom de to tetthetsgruppene. Selv om fisken var under stress på begge prøvetidspunktene, er det relevant at det fra S1 til S2 skjedde en betydelig økning av uttrykket av genene *fkbp5* og *ddit4*, to gener som koder for glukokortikoidreseptorer i røde blodceller. Fisk som utsettes for kumulativ stresseksposering i form av gjentatte eller langvarige stressorer uten tilstrekkelig restitusjon kan få redusert evne til å håndtere belastningen. Selv om vannkvaliteten var innenfor akseptable verdier var det tydelig at fisken var utsatt for et slikt kumulativt stress, med utvikling av gjelleskader og hudskader i perioden fra S1 til S2.

Fra S1 til S2 fant vi flere indikasjoner på redusert velferd. For det første fant vi negativ utvikling av ytre velferdsparametere som hudblødninger, sår, finneskader og øyeskader, igjen uten forskjeller mellom de to tetthetsgruppene. Infeksjonen med *Moritella viscosa* var en sannsynlig medvirkende årsak til økt forekomst av hudskader og sår ved S2, andre bakterier kan også ha vært involvert. Skåring av hudskader som risttap, hudblødninger og finnesplitting er det også fornuftig å tolke med en viss forsiktighet, fordi det alltid er en risiko for å påføre fisk slike skader ved selve håndteringen.

For det andre var det en signifikant oppregulering av flere gener knyttet til immunforsvar og celledesignaler. Heller ikke for genekspressjonsdata var det noen forskjeller mellom tetthetsgruppene, noe som kan tyde på at tetthet alene ikke er den primære faktoren til de velferdsutfordringene vi fant i løpet av tiden i sjø.

Generelt var både immun- og inflammasjonsresponser i gjellene sterkest ved S2, i tråd med resultatene fra velferdsskåringen og kartleggingen av histologiske forandringer i gjellevevet.

Oppregulering av mucin-gener (muc2-og muc5-familiene) har blitt assosiert med oppdrettsrelevante stressorer og infeksjon av amøbisk gjellesykdom hos laks (Sveenqu et al., 2017; Marcos-Lopez et al., 2018). Vi har likevel ikke noen fullgod forståelse av deres spesifikke rolle i vertsforvar gjennom regulering av mucinutskillelse i slimlaget. Genet *p38* er medlem av MAP-kinasefamilien, som er involvert i et bredt spekter av cellulære prosesser, inkludert signaloverføring og regulering av genekspresjonen hos både fisk og pattedyr. Oppregulering av dette genet har tidligere blitt koblet til økt stress og smittepress (Marcos-Lopez et al., 2018; Hoem et al., 2023). Det som hos pattedyr er genene for interleukin 4 og 13 (*il4* og *il13*) er hos beinfisk representert ved ett gen, *il4/13*, som også er sentralt i fiskens immunsystem ved blant annet regulering av leukocytter og styring av cellekommunikasjon (Sequeira et al., 2017). Oppregulering av *il4/13a* ved S2 indikerer en økt aktivering av fiskens immunforsvar. I BIOCLOSED ble *p38*-induksjon kun observert ved S2, til tross for høy prevalens av SGPV så tidlig som 4 uker etter sjøutsett. Denne "forsinkede" responsen kan være knyttet til kumulativt stress og økt infeksjonspress, som med PRV-1 og *Moritella viscosa*. Aktivering av apoptoserelaterte signalveier kan også være en respons på vedvarende stress og infeksjon, slik at den signifikante oppreguleringen (omtrent 2-fold relativt til settefisk-kontroller) av *casp8*-genet ved S2 kan også tyde på en kumulativ stressbelastning.

6 Oppnådde resultater, diskusjon, konklusjon og hovedfunn

1. Forskjellene i tetthet mellom lav- og høytetthetsmerkene hadde ikke hadde noen betydelig innvirkning på fiskens atferd, mikrobiell vannkvalitet, fiskehelse og -velferd og det var normal tilvekst og svært lav dødelighet i alle merder og i begge tetthetsgrupper.
2. Fisken i alle merkene viste tilsvarende mønstre, som å samle seg nær overflaten om natten og spre seg dypere i vannsøylen om dagen. Også svømmemønstrene var like mellom gruppene.
3. Simuleringene av to oppskalerte merder med samme volum, men ulik diameter og dybde, viser at en større diameter er viktig for at fisken kan samle seg nær overflaten om natten og unngå høye tettheter. Samtidig er det ikke behov for svært dype merder, ettersom fisken sannsynligvis ikke vil benytte de dypere områdene hvor lysforholdene er for svake
4. Ulike inntaksvann ser ut til å påvirke mikrobiotasammensetningen på forskjellig måte, noe som kan henge sammen med hvor i anlegget vannet tas inn og hvordan utløpsvannet påvirker inntaksvannet. De ytterste merkene i anlegget hadde høyere alfa-diversitet av mikrobiota, mindre vintersår og høyere overlevelse.
5. I løpet av prosjektet ble det påvist infeksjoner med Salmonid gill poxvirus (SGPV), piscine orthoreovirus (PRV-1) og *Moritella viscosa*. Alle agens førte til vevsskader og sykdom, men med lav dødelighet.
6. Fiskepatogene virus (SGPV) og bakterier (*Moritella viscosa* og *Tenacibaculum* sp.) ble påvist i både inntaksvann og i merd. Forekomst av SPGV så ut til å følge graden av infeksjon i fisken, mens forekomsten av *M. viscosa* og fiskepatogene *Tenacibaculum* sp. var høyest på slutten av perioden, da vanntemperaturene også var lavest. Bakteriekonsentrasjonen var høyere i merd enn i inntaksvann. Det ble påvist sykdom framkalt av *M. viscosa* i samme periode, men ingen kliniske tegn til *Tenacibaculum*-infeksjon.
7. Forsøket indikerer at biosikkerhet i lukkede merdanlegg kan bli påvirket av (1) smittestoff som introduseres med fisken og inntransporten, (2) patogene som tilføres fra miljøet, (3) effekten av vannmiljø, som temperatur, (4) muligheten for overføring av bakteriesamfunn eller smitte fra avløp til innløp, innen og mellom merder og (5) robustheten til mikrobiotasamfunnet.
8. Måling av genuttrykk i røde blodceller ble brukt som en ny metode for overvåking av stress og aktivering av immunrespons mot virusinfeksjoner. Brukt sammen med analyse av et utvalg kjente indikatorer for genregulering i gjellevev og en standardisert protokoll for skåring av ytre skader viste disse indikatorene en gradvis reduksjon i velferden i den tida fisken sto i sjøen.
9. Det var svært lav dødelighet i alle merder, med maksimalt 1.2% totaldødelighet ned til 0.44% på merdnivå. Dette på tross av påvisning av sykdomsdagens med vevsskader og kliniske symptomer, og videre tyder det på at laksen håndterer utbrudd av sykdommer så lenge man unngår håndtering og avlusinger i samme periode.
10. Det var best tilvekst i LAV tetthetsgruppe. Tetthet forklarte ca. 60 % av forskjellen mellom HØY og LAV, men årsaken er trolig noe mer restriktiv fôring i disse merkene, og ikke en dårligere vekstkapasitet i HØY gruppe. Fisken i LAV tetthetsgruppe fikk i snitt 4.4% mer fôr per dag, men medianen var 17.4%, det var en betydelig variasjon fra dag til dag i mengde fôr per fisk.
11. En helseøkonomisk analyse viste at tilvekst og salgspris var de to viktigste driverne for positivt økonomisk resultat. Forskjellen i tetthet, som førte til økt totalt produsert biomasse, ga alene en tydelig økonomisk gevinst for HØY tetthetsgruppe. Denne forskjellen ville trolig vært enda tydeligere om fisken i disse gruppene ikke hadde blitt fôret restriktivt. Dødelighet var ikke en vesentlig driver for økonomiske resultater.

7 Fremtidige forskningsbehov

Videre forskning på flytende lukkede oppdrettsanlegg (FLO) bør spesielt rettes mot følgende område:

- Undersøke hvordan **ulike FLO-design** med varierende hydrodynamiske strømmønstre – særlig systemer som ikke baserer seg på sirkulær strøm med flere innløp – kan påvirke fiskeatferd.
- Det er et tydelig behov for flere og mer omfattende studier for å forstå hvordan **mikrobiologiske samfunn** utvikler seg, påvirker fiskehelse og samspiller med vannkvalitet over tid i FLO. Slike studier bør legge grunnlaget for robuste referanseverdier som er spesifikke for FLO. Med etablerte referanseverdier kan man lettere identifisere uønskede avvik, overvåke biologisk stabilitet og optimalisere driftsrutiner for å sikre god fiskevelferd. Dette må også sees i sammenheng og **kobles til hydraulikken** i lukket merd.
- I dette forsøket har vi sett at **biosikkerhet i lukkede merdanlegg** blir påvirket av en rekke faktorer og en bedre forståelse av denne dynamikken vil kreve større, grundigere og mer langvarige studier fra flere generasjoner, lokaliteter og teknologier.
- Langvarig og kumulativt stress kan spille en sentral rolle for fiskevelferd og sykdomsresistens, og **mulige stressorer i lukkede merder** – utover de moderate tetthetsforskjellene vi undersøkte i dette prosjektet bør undersøkes videre.

8 Referanser

- Andrieux. L., Langouet. S., Fautrel. A., Ezan. F., Krauser. J.A., Savouret. J.F., Guengerich. F.P., Baffet. G. and Guillouzo. A. 2004. Aryl hydrocarbon receptor activation and cytochrome P450 1A induction by the mitogen-activated protein kinase inhibitor U0126 in hepatocytes. *Molecular pharmacology*. 65(4). pp.934-943.
- Attramadal, K., Troung, T. M. H., Bakke, I., Skjermo, J., Olsen, Y., & Vadstein, O. (2014). RAS and microbial maturation as tools for K-selection of microbial communities improve survival in cod larvae. *Aquaculture*, 432, 483–490.
- Barrett. L. T., Oppedal. F., Robinson. N., & Dempster. T. (2020). Prevention not cure: a review of methods to avoid sea lice infestations in salmon aquaculture. *Reviews in Aquaculture*. 12(4). 2527-2543.
- Bjørger. H., Koppang. E. O., & Nowak. B. F. (2025). Gill health in fish farmed in recirculating aquaculture systems (RAS): A review. *Journal of Fish Diseases*. 48(3). e14057.
- Calabrese. S., Imsland. A. K., Nilsen. T. O., Kolarevic. J., Ebbesson. L. O., Hosfeld. C. D. & Handeland. S. O. (2023). Water flow requirements of post-smolt Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) reared in intensive seawater flow-through systems: A physiological perspective. *Fishes*. 8(6). 285.
- Calabrese. S. (2017). Environmental and Biological Requirements of Post-smolt Atlantic Salmon (*Salmo salar* L.) in Closed-containment Aquaculture Systems [PhD thesis]. University of Bergen.
- Calabrese. S., Nilsen. T. O., Kolarevic. J., Ebbesson. L. O. E., Pedrosa. C., Fivelstad. S., Hosfeld. C., Stefansson. S. O., Terjesen. B. F., Takle. H., Martins. C. I. M., Sveier. H., Mathisen. F., Imsland. A. K., & Handeland. S. O. (2017). Stocking density limits for post-smolt Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) with emphasis on production performance and welfare. *Aquaculture*. 468. 363–370.
- Ciani E. Kvæstad B. Stormoen M. et al. (2024). Early warning through video monitoring: Dissolved hydrogen sulphide (H₂S) affects Atlantic salmon swimming behavior in recirculating aquaculture systems. *Aquaculture*. Volume 581. 2024.
- Dahle. S.W., Bakke. I., Nordøy. K., Dalum. P.S., Attramadal. K.J.K. (2020). Production of lumpsucker (*Cyclopetrus lumpus*) in RAS with distinct water treatments. Effect on fish survival. growth. gill health and microbial communities in rearing water and biofilm. *Aquaculture* 522. 735097.
- Dahle. S.W. (2022). Microbial community dynamics in water and biofilm of recirculating aquaculture systems (RAS) (PhD thesis). NTNU. 2022:383.
- Dahle. S.W., Ingebrigtsen. S., Buhaug. J.F., Netzer. R., Attramadal. K.J.K., Busche. T., Aas. M., Ribicic. D., Bakke. I. (2023). Long-term microbial community structures and dynamics in a commercial RAS during seven production batches of Atlantic salmon fry (*Salmo salar*). *Aquaculture*. 565. 739155
- Dahle. M. K., Wessel. Ø., Timmerhaus. G., Nyman. I. B., Jørgensen. S. M., Rimstad. E., & Krasnov. A. (2015). Transcriptome analyses of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) erythrocytes infected with piscine orthoreovirus (PRV). *Fish & shellfish immunology*. 45(2). 780-790.
- Dhamotharan. K., Bjørger. H., Malik. M. S., Nyman. I. B., Markussen. T., Dahle. M. K. & Rimstad. E. (2020). Dissemination of piscine orthoreovirus-1 (PRV-1) in Atlantic salmon (*Salmo salar*) during the early and regenerating phases of infection. *Pathogens*, 9(2). 143.
- Gjessing. M. C., Yutin. N., Tengs. T., Senkevich. T., Koonin. E., Rønning. H. P. ... & Dale. O. B. (2015). Salmon gill poxvirus. the deepest representative of the Chordopoxvirinae. *Journal of virology*. 89(18). 9348-9367.
- Gjessing. M. C., Thoen. E., Tengs. T., Skotheim. S. A., & Dale. O. B. (2017). Salmon gill poxvirus. a recently characterized infectious agent of multifactorial gill disease in freshwater-and seawater-reared Atlantic salmon. *Journal of fish diseases*. 40(10). 1253-1265.
- Gjessing. M. C., Spilsberg. B., Steinum. T. M., Amundsen. M., Austbø. L., Hansen. H. & Olsen. A. B. (2021). Multi-agent in situ hybridization confirms *Ca. Branchiomonas cysticola* as a major contributor in complex gill disease in Atlantic salmon. *Fish and Shellfish Immunology Reports*. 2. 100026.
- Haatveit. H. M., Wessel. Ø., Markussen. T., Lund. M., Thiede. B., Nyman. I. B., & Rimstad. E. (2017). Viral protein kinetics of piscine orthoreovirus infection in atlantic salmon blood cells. *Viruses*. 9(3). 49.

- Hoem, K.S. and Tveten, A.K. (2023). Sea transfer and net pen cleaning induce changes in stress-related gene expression in commercial Atlantic salmon (*Salmo salar*) gill tissue. *Aquaculture International*. 31(4). pp.2245-2262.
- Klebert, P., Lader, P., Gansel, L. & Oppedal, F. (2013). Hydrodynamic interactions on net panel and aquaculture fish cages: A review. *Ocean Engineering*. 58. 260–274.
- Klebert, P., & Su, B. (2020). Turbulence and flow field alterations inside a fish sea cage and its wake. *Applied Ocean Research*, 98. 102113.
- Klebert, P., Su, B., Nissen, O. & Kvæstad, B. (2023). Response of Atlantic salmon in flexible sea cages to waves and currents: Measurements at farm-level and modeling. *Applied Ocean Research*. 138. 103599.
- Marcos-López, M., Calduch-Giner, J.A., Mirimin, L., MacCarthy, E., Rodger, H.D., O'Connor, I., Sitjà-Bobadilla, A., Pérez-Sánchez, J. and Piazzon, M.C. (2018). Gene expression analysis of Atlantic salmon gills reveals mucin 5 and interleukin 4/13 as key molecules during amoebic gill disease. *Scientific reports*. 8(1). p.13689.
- Nilsen, A. (2019). Production of Atlantic salmon (*Salmo salar*) in closed confinement systems (CCS): Salmon lice, growth rates, mortality and fish welfare.
- Nilsen, A., Nielsen, K. V., & Bergheim, A. (2020). A closer look at closed cages: Growth and mortality rates during production of post-smolt Atlantic salmon in marine closed confinement systems. *Aquacultural Engineering*. 91. 102124.
- Nilsen, A., Nielsen, K. V., Biering, E. & Bergheim, A. (2017). Effective protection against sea lice during the production of Atlantic salmon in floating enclosures. *Aquaculture*. 466. 41–50.
- Nilsen, A., Nielsen, K. V., Næss, A. & Bergheim, A. (2017). The impact of production intensity on water quality in oxygen enriched, floating enclosures for post-smolt salmon culture. *Aquacultural Engineering*. 78. 221–227.
- Noble, C., Gismervik, K., Iversen, M. H., Kolarevic, J., Nilsson, J., Stien, L. H. (2018). Welfare Indicators for farmed Atlantic salmon: tools for assessing fish welfare.
- Nøstbakken L., Aune E., Bjelland H.V., Dahl I.V., Hareide H., Holtsmark K., Høgstad H., Landmark K., Mestad O., Taranger G.L. & Vistnes K.A. (2023). Helhetlig forvaltning av akvakultur for bærekraftig verdiskaping (ISSN 0333-2306; NOU: Norges Offentlige Utredninger 2023: 23).
- Oppedal, F., Dempster, T. & Stien, L. H. (2011). Environmental drivers of Atlantic salmon behaviour in sea-cages: A review. *Aquaculture*. 311(1). 1–18.
- Plew, D. R., Klebert, P., Rosten, T. W., Aspaas, S., & Birkevold, J. (2015). Changes to flow and turbulence caused by different concentrations of fish in a circular tank. *Journal of Hydraulic Research*, 53(3), 364–383.
- Rahman, M.S. and Thomas, P. (2012). Effects of hypoxia exposure on hepatic cytochrome P450 1A (CYP1A) expression in Atlantic croaker: molecular mechanisms of CYP1A down-regulation. *PloS one*. 7(7). p.e40825.
- Sequeira, A., Maisey, K. & Imarai, M. (2017). Interleukin 4/13 receptors: an overview of genes, expression and functional role in teleost fish. *Cytokine & growth factor reviews*. 38. 66-72.
- Su, B., Bjørnson, F. O., Tsarau, A., Endresen, P. C., Ohrem, S. J., Føre, M., Fagertun, J. T., Klebert, P., Kelasidi, E., & Bjelland, H. V. (2023). Towards a holistic digital twin solution for real-time monitoring of aquaculture net cage systems. *Marine Structures*. 91. 103469.
- Sveen, L. R., Timmerhaus, G., Torgersen, J. S., Ytteborg, E., Jørgensen, S. M., Handeland, S., Stefansson, S. O., Nilsen, T. O., Calabrese, S., Ebbesson, L., Terjesen, B. F., & Takle, H. (2016). Impact of fish density and specific water flow on skin properties in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) post-smolts. *Aquaculture*. 464. 629–637.
- Sveen, L.R., Grammes, F.T., Ytteborg, E., Takle, H. and Jørgensen, S.M. (2017). Genome-wide analysis of Atlantic salmon (*Salmo salar*) mucin genes and their role as biomarkers. *PloS one*. 12(12). p.e0189103.

- Sørugaard. M., Sveinsson. K., Patel. S., Nilsen. H. K., Olsen. A. B., Vaagnes. Ø. & Gulla. S. (2023). MLVA genotyping of *Moritella viscosa* reveals serial emergence of novel, host-specific clonal complexes in Norwegian salmon farming. *Journal of Fish Diseases*. 46(5). 535-543.
- Størkersen. K., Ribicic. D., Slette. H.T., Misund. A., Lona. E., Tveit. G., Dahle. S.W., Salomonsen. C., Netzer. R., Aas. M. (2024). Smittekontroll. faglig sluttrapport. FHF 01203.
- Tartor. H., Dahle. M. K., Gulla. S., Weli. S. C. & Gjessing. M. C. (2022). Emergence of Salmon gill poxvirus. *Viruses*. 14(12). 2701.
- Tay. D.D., Kumar. V.S., Shapawi. R. (2025). The Relationship Between the Gut Microbiome and the Aqua Cultured Fish. *General Prospects Toward Fish Health: A Systematic Review. Appl Biochem Biotechnol* 197. 6314–6357.
- Taylor. R. S., Muller. W. J., Cook. M. T., Kube. P. D. & Elliott. N. G. (2009). Gill observations in Atlantic salmon (*Salmo salar*. L.) during repeated amoebic gill disease (AGD) field exposure and survival challenge. *Aquaculture*. 290(1-2). 1-8.
- Thorarensen. H. & Farrell. A. P. (2011). The biological requirements for post-smolt Atlantic salmon in closed-containment systems. *Aquaculture*, 312(1). 1–14.
- Tsoulia. T., Sundaram. A. Y., Braaen. S., Jørgensen. J. B., Rimstad. E., Wessel. Ø., & Dahle. M. K. (2024). Transcriptomics of early responses to purified Piscine orthoreovirus-1 in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) red blood cells compared to non-susceptible cell lines. *Frontiers in Immunology*. 15. 1359552.
- Tsoulia. T., Sundaram. A.Y., Amundsen. M.M., Aardal. M.J., Mira. M.S., Ploss. F.B., Faller. R., Jensen. I., Gjessing. M.C., Brauner. C. and Dahle. M.K.. 2025. Effects of glucocorticoid receptor activation on gene expression and antiviral responses in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) red blood cells. *Veterinary Research*, 56(1), pp.1-17.
- Turnbull. J., Bell. A., Adams. C., Bron. J. & Huntingford. F. (2005). Stocking density and welfare of cage farmed Atlantic salmon: application of a multivariate analysis. *Aquaculture*. 243(1-4). 121-132.
- Tveterås. Bruland. Bryde. Handeland. Misund. Nilsen. & Solberg. (2021). Stiim Rapport Flytende Lukket Oppdrett i sjø: Bærekraftig vekst med lukkede anlegg.
- Vatne. N. A. et al. (2021) 'Genetic grouping and geographic distribution of Piscine orthoreovirus-1 (PRV-1) in farmed Atlantic salmon in Norway'. *Veterinary research*. 52(1), p. 131. doi: 10.1186/s13567-021-01000-1
- Wessel. Ø. et al. (2020) 'Piscine orthoreovirus-1 isolates differ in their ability to induce heart and skeletal muscle inflammation in atlantic salmon (*Salmo salar*)'. *Pathogens*, 9(12). pp. 1–22. doi: 10.3390/pathogens9121050.
- Ytrestøyl. T., Takle. H., Kolarevic. J., Calabrese. S., Timmerhaus. G., Nilsen. T. O., Handeland. S. O., Stefansson. S. O., Ebbesson. L. O. E., & Terjesen. B. (2015. September 30). Atlantic salmon post-smolts in RAS: effects of salinity, exercise and timing of seawater transfer on performance, physiology and welfare. 3rd NordicRAS Workshop on Recirculating Aquaculture Systems. Molde, Norway.

9 Leveranser

- **L0.1** Referat fra oppstartsmøte i referansegruppen (RGM1) med gjennomgang av prosjektplanen
- **L0.2** 1–6 mnd statusrapport FHF
- **L0.3** Referat fra møte med referansegruppen (RGM2)
- **L0.4** 6–12 mnd statusrapport FHF
- **L0.5** Populærvitenskapelig artikkel I
- Dahle. S.W., Klebert. P., Nilsen. A., Nielsen. K.V., Stormoen. M. Miljøkrav og fiskehelse i lukkede merder. Kyst.no 26.05.2025. Miljøkrav og fiskehelse i lukkede merder. Kyst.no: <https://www.kyst.no/bioclosed>
- **L3.1-3.3** Rapporter: Fiskehelse og fiskevelferd
- **L0.6** 31.03.2025 - Referat fra møte med referansegruppen (RGM3)

- **L0.7** 30.09.2025 - Referat fra møte med referansegruppen (RGM4)
- **L0.8** 30.09.2025 - 12–18 mnd statusrapport FHF
- **L0.9** 30.01.2026 - Referat fra avsluttende møte i referansegruppen inkl. gjennomgang av utkast til sluttrapport (RGM4)
- **L2.1** 27.02.2026 - Rapport: Karakterisering av mikrobiell vannkvalitet ved forskjellige tettheter
- **L4.1** 27.02.2026 - Populærvitenskapelig artikkel II
- Dahle. S.W., Klebert. P., Nilsen. A., Stormoen. M. Slik påvirkes fisken i lukkede merder. Kyst.no 04.12.2025. Slik påvirkes fisken i lukkede merder. kyst.no: <https://www.kyst.no/bioclosed>
- **L4.2** Workshop med industripartner
13. oktober 2025 Møte i Brønnøysund mellom Veterinærinstituttet. SINTEF og Akvafuture
17. mars og 25. mars 2026. digitalt på Teams med Akvafuture
- **L1.1** Rapport om effekt av fisk tettheten og adferd om merd Hydrodynamikk og vannsoppholdtid
- **L3.2** Modell for produksjons- og helsedata (er inkludert til Faglig sluttrapport Seksjon 5.3.3 & 5.3.4)
- **L3.3** Sluttrapper: Fiskehelse og fiskevelferd (er inkludert til Faglig sluttrapport Seksjon 5.3: AP3)
- **L0.10** Faglig sluttrapport til FHF i tråd med FHF's retningslinjer (31.03.2026)
- **L4.3** Presentasjon av prosjektets resultater offentliggjøres (31.03.2026)
- **L1.2** Rapport: retningslinjer for oppskaleringa av lukket merdkonsept basert på måledata og modellering (31.03.2026) (er inkludert til Faglig sluttrapport. Seksjon 5.1.4).
- **L4.4** Workshop med næringen (31.03.2026)
- **L4.5** Manus til vitenskapelige artikkel om produksjonsmiljø og fiskeadferd i lukket merd.
 1. **Tsoulia. T., Tartor. H., Svendsen. J., Treines. E., Gjessing. M., Dahle. M., Dahle. S.W., Nilsen. A.** (*In prep*). Monitoring Atlantic salmon (*Salmo salar*) welfare indicators in marine closed cages at different stocking densities. Sendes til Aquaculture I løpet av våren 2026.
 2. **Dahle. S.W., Nilsen. A. et al.** (*In prep*). Water quality dynamics and their impacts on Atlantic salmon (*Salmo salar*) health and welfare in closed cages (Sendes til Aquaculture i løpet av våren 2026).
 3. **Klebert. P., Su B., Kvæstad B.** (*In prep*)Flow Hydrodynamics and fish behavior in closed floating containment with different fish densities: measurements and simulation (Sendes i løpet av våren 2026).
- **L0.11** 31.03.2026 - Administrativ sluttrapport til FHF i tråd med FHF's retningslinjer

Presentasjoner

- **AQUACULTURE EUROPE 2025.** 22.-25. September 2025. Valencia. Dahle. S.W.. Nilsen. A.. Stormoen. M.. Klebert. P. Effect of different stocking densities on closed cage hydrodynamics. water quality. fish health and welfare. Abstract.
- **TEKMAR.** 02.12.2025. Trondheim. Dahle. S.W. Dokumentasjon fra lukket merd: Tips og triks fra feltemålinger.
- **22nd International Conference on Diseases of Fish and Shellfish (EAFP).** 1-4. Sept 2025. Heraklion. Hellas. Tsoulia T, Nilsen A., Klebert P., Dahle. SW., Treines E., Nielsen KV., Stormoen M., Gulla S., and Walde C. Deep impact: Welfare of Atlantic salmon in marine. closed confinement systems at different stocking densities.
- **NCEA Matfisk Forum** med tema lukkede og semi-lukkede konsepter. 21. oktober 2025 (Teams):
 1. Klebert. P. Hydrodynamikk. miljø og fiskeadferd
 2. Dahle. S.W. Vann fra 20m - hva gir og får vi?
 3. Nilsen. A. Fiskehelse og -velferd i lukkede systemer