

# Smitte mellom oppdrettsfisk og villfisk – hva vet vi?



Lill-Heidi Johansen, Ingvill Jensen og  
Helene Mikkelsen, Nofima, Tromsø  
Pål-Arne Bjørn, Havforskningsinstituttet, Tromsø  
Øivind Bergh, Havforskningsinstituttet, Bergen  
Peder A. Jansen, Veterinærinstituttet, Oslo

Utarbeidet med støtte fra Fiskeri- og havbruksnæringens forskningsfond (FHF)

# Innhold

Bakgrunn	side 1
Fiskehelse i Norge	side 3
Aktuelle patogener (sykdomsfremkallende organismer)	side 7
Metoder for å studere patogener	side 11
Smitterisiko	side 13
Fremtidig forskning	side 15



Finansiert av



## Bakgrunn

I forbindelse med oppdrettsvirksomhet er smitterisiko et brennbart tema. Villfisknæringen uttrykker bekymring for potensiell risiko for spredning av sykdommer fra oppdrettslokaliteter, mens oppdrettsnæringen også er opptatt av i hvilken grad villfisk bidrar til smitte av oppdrettsfisk. Det foregår mye "synsing" på området og det er derfor uttrykt et behov både fra villfisk- og oppdrettsnæringens side om å få kartlagt hva som foreligger av dokumentert kunnskap om smitte fra oppdrettsfisk til villfisk og *vice versa* samt definere fremtidige forskningsbehov. Flere store, internasjonale rapporter er utgitt, blant annet "Salmon Aquaculture Dialogue Working Group Report on Sea lice" (Revie *et al.*, 2009), "Salmon Aquaculture Dialogue Working Group Report on Salmon Disease" (Hammell *et al.*, 2009) og "Review of fish disease interactions and pathogen exchange between farmed and wild finfish and shellfish in Europe" (Raynard *et al.*, 2007). Rapportene tar alle for seg deler av denne problematikken og de danner et godt grunnlag for en oversiktsrapport som fokuserer spesielt på de norske forholdene.

En tverrfaglig gruppe forskere har foretatt en gjennomgang av kunnskapsstatus innen området. Arbeidet omfatter aktuelle norske oppdrettsarter samt potensiell smitte til eller fra ville bestander som det drives fangst på av betydning i norske farvann. Rapporten inneholder en evaluering av hvilke forskningsmetoder som er brukt, og kan benyttes for å øke kunnskapen om smitte mellom oppdrettsfisk og villfisk. Den omhandler også sykdommer på villfisk og eventuelle effekter av smitteoverføring på bestander av villfisk. Videre inneholder den en evaluering av mulige konsekvenser av smitteoverføring fra oppdrettsfisk til villfisk og *vice versa* samt en betraktning om kunnskapsbehovet innen dette feltet. Arbeidet presenteres i en engelskspråklig artikkel (review) publisert i fagtidsskriftet *Aquaculture* samt i denne mer kortfattede, norskspråklige oppsummeringa. For mer detaljerte beskrivelser og referanser henvises det til artikkelen i *Aquaculture* (Johansen *et al.*, 2011).





# Fiskehelse i Norge

## Sykdom hos oppdrettsfisk

Oppdrett av laksefisk er dominerende i Norge og slaktetall fra 2010 viser at det ble produsert nærmere 1 million tonn laks og regnbueørret dette året (tabell 1). Dette utgjør mer enn 300 millioner individer. Til sammenligning ble antall villaks estimert til 0,5 til 1 million individer i perioden fra 2001 til 2005 (Hansen *et al.*, 2006).

Tabell 1.  
Produksjon i norsk fiskeoppdrett 2010

Art	Mengde slaktet fisk (tonn)
Laks	944.000
Regnbueørret	55.700
Torsk	19.700
Kveite	1.800
Andre arter (sei, røye, piggvar)	1.500

Slaktetall, Kontali analyse AS

Hvert år publiserer Veterinærinstituttet en rapport som oppsummerer status for fiskehelsen i Norge ([www.vetinst.no/Forskning/Publikasjoner/Fiskehelse rapporten](http://www.vetinst.no/Forskning/Publikasjoner/Fiskehelse rapporten)). Rapporten inneholder hovedsakelig oversikt over oppdrettsfisk, men også en del informasjon om status for villfisk. Rapportene de seneste årene viser at helsesituasjonen hos oppdrettsfisk i hovedsak er god og flere sykdommer, spesielt bakteriesykdommer hos laksefisk, kontrolleres av effektive vaksiner. Det er imidlertid en bekymring i forhold til lakselus, spesielt med tanke på utvikling av resistens mot ulike lusemidler.

Generelt kan en si at sykdommer som er forårsaket av virus dominerer hos laksefisk mens bakteriesykdommer dominerer hos marinfisk (tabell 2 og 3). Tabell 2 viser at de mest tallrike utbruddene på laksefisk de siste par årene skyldes virussykdommene infeksjøs pankreas nekrose (IPN), hjerte- og skjelettmuskelbetennelse (HSMB), cardiomyopati syndrom (CMS) og pankreassyke (PD). Felles for virussykdommer er at det enten ikke finnes vaksiner eller at vaksinerne som eksisterer ikke gir en like god beskyttelse som vaksinerne mot bakterier. For PD er det innført egne tiltak i samarbeid mellom myndigheter og oppdrettsnæringa ([www.pdfri.no](http://www.pdfri.no)). Dette for å forsøke å redusere antall utbrudd og hindre at sykdommen sprer seg nord for Hustadvika, som har representert en geografisk grense for nordlig utbredelse av sykdommen. Foruten virussykdommene er det en del gjellerelaterte lidelser på laksefisk, og noe dødelighet pga. andre sykdommer, ofte med ukjent årsak.

Parasitter som forårsaker problemer for oppdrettslaks dreier seg i hovedsak om lakselus (*Lepeoptheirus salmonis*), og denne regnes også som den største utfordringen totalt sett for oppdrettsnæringa. Økningen av lakselus de seinere år skyldes ikke flere lus per fisk, men et stadig høyere antall oppdrettsfisk i sjøen gjør at antall lus øker totalt. Et nasjonalt overvåkingsprogram ble iverksatt i Norge i 1997 for å minske påvirkningen av lakselus på villfiskbestander. Dette innebar blant annet grenser for maksimalt antall lus per oppdrettsfisk, obligatorisk rapportering av lusetall til myndighetene,

### Status for norsk oppdrettsfisk

- Helsesituasjonen er i hovedsak god
- Flere sykdommer (spesielt bakteriesykdommer hos laksefisk) kontrolleres av effektive vaksiner
- Det er en bekymring i forhold til lakselus

### Nasjonalt overvåkingsprogram for lakselus etablert 1997

#### Formål:

Minske påvirkningen av lakselus på villfiskpopulasjoner.

#### Tiltak:

Grenser for maksimalt antall lus per oppdrettsfisk

- obligatorisk rapportering av lusetall til myndighetene
- strategiske regionale avlusingstiltak
- overvåking av lakselusinfeksjoner på vill laksefisk

strategiske regionale avlusingstiltak og overvåking av lakselusinfeksjoner på vill laksefisk.

Den synkroniserte avlusingen som benyttes i flere regioner har hatt effekt i forhold til å få ned lusetallene. Det er likevel en bekymring i forhold til utviklingen av resistens mot ulike lusemidler. Et nasjonalt program for overvåking av resistens er under utarbeidelse av Veterinærinstituttet. Foruten lakselus er det registrert et økende antall påvisninger av parvicapsulose (forårsaket av *Parvicapsula pseudobranchicola*), ofte i samband med andre infeksjoner.

På torsk i oppdrett er vibriose fremdeles et stort problem (tabell 3). Så langt har en ikke hatt effektive vaksiner mot alle varianter av *Vibrio anguillarum*, bakterien som forårsaker sykdommen. Utvikling av forbedrede vaksiner mot vibriose og også atypisk furunkulose hos torsk pågår.

Francisellose skyldes infeksjon med bakterien *Francisella noatunensis*. Sykdommen har forårsaket så store tap på lokaliteter i Rogaland, Hordaland og Sogn og Fjordane at mange anser det som økonomisk uholdbart å drive oppdrett av torsk på disse lokalitetene (Fiskehelsesrapporten, 2010). I Nord-Norge kan det se ut som om tapene ved francisellose, i de svært få utbruddene som er registrert, er vesentlig mindre enn i sør. Det spekuleres i om dette kan skyldes lavere temperaturer og eventuelt lavere smittepress fra villfisk. Imidlertid er temperaturene i nordnorske farvann godt innenfor det bakterien kan leve under, selv om den vokser saktere ved lave temperaturer. Det er mulig de høye temperaturene i sørnorske farvann fører til at immunsystemet til torsken ikke fungerer optimalt, noe som kan føre til økt mottagelighet for sykdom.

Tabell 2.  
Antall sykdomsutbrudd på laksefisk i oppdrett i perioden 2008-2010

Sykdom/årsak	2008	2009	2010
IPN (Infeksiøs pankreasnekrose; Infeksiøs pankreasnekrose virus (IPNV))	158	223	198
HSMB (Hjerte og skjellett-muskelbetennelse; assosiert med Piscine reovirus (PRV))	144	139	131
CMS (Cardiomyopati syndrom; assosiert med Piscine myocarditis virus (PMCV))	75	76	53
PD (Pankreassyke; Salmonid alphavirus (SAV))	108	75	88
ILA (Infeksiøs lakseanemi; Infeksiøs lakseanemi virus (ILAV))	17	10	7
BCWD (Bacterial coldwater disease; <i>Flavobacterium psychrophilum</i> )	16	13	<5
Yersinose ( <i>Yersinia ruckeri</i> )	16	15	12
Vintersår ( <i>Moritella viscosa</i> )	51	36	55

Kilde: Fiskehelsesrapporten, 2009 og 2010, 2011

Tabell 3.

Antall sykdomsutbrudd på marin fisk i oppdrett i perioden 2008-2009

Sykdom/årsak	2008	2009
Atypisk furunkulose (atypisk <i>Aeromonas salmonicida</i> )	16	16
Francisellose ( <i>Francisella noatunensis</i> )	14	8
Vibriose ( <i>Vibrio anguillarum</i> )	20	16
Infeksjoner med <i>Photobacterium</i> sp.	4	5
VNN (viral nervenekrose; viral nervenekrose virus)	3	1

Kilde: Fiskehelse rapporten, 2009 og 2010, tall for 2010 forelå ikke da rapporten ble utarbeidet.

### Sykdom hos villfisk

Lite er kjent når det gjelder sykdommer på villfisk. Generelt vil det være vanskelig å påvise utbrudd av sykdom i ville populasjoner, da syk fisk forsvinner svært fort på grunn av blant annet predasjon. Det rapporteres imidlertid om nesten årlige utbrudd av furunkulose i en del elver i Namsenfjorden. De årlige fangsttallene viser likevel ingen reduksjon i mengde laks i disse vassdragene (<http://www.fishnamsen.no/>). I tillegg viser historiske data at vibrioseutbrudd kan forekomme i vill sei. Det gjennomføres årlig en helsekontroll på villfanget stamfisk av laks for forekomst av furunkulose, IPNV, bakteriell nyresyke (BKD) og parasitter. Fisk fra 31 elver over hele landet ble undersøkt i 2009 og det ble funnet to IPN virus positive villfiskprøver (Fiskehelse rapporten, 2010). I 2010 ble ca. 3500 laks fra 105 elver og ca. 2600 laks og regnbueørret fra til sammen 80 oppdrettslokaliteter undersøkt i det nasjonale overvåkingsprogrammet (OK-programmet) for *Gyrodactylus salaris*. Elvene i OK-programmet undersøkes én gang hvert år og da på én til tre lokaliteter, avhengig av vassdragsstørrelse. I oppdrettsanlegg tas prøver hvert annet år, og denne prøvetakingen følger OK-programmet for IHN/VHS i ferskvann. Det ble ikke gjort funn i nye vassdrag i 2009, mens det i 2010 ble påvist *G. salaris* i to nye vassdrag. Lakselustellinger på vill laksesmolt og sjørret våren 2009 viste noe nedgang i antall infiserte individer og betydelig nedgang i infeksjonsintensitet. Resultatet kan ha sammenheng med at på dette tidspunktet var det lite lus i oppdrettsanleggene, men andre forhold kan også ha betydning. På slutten av året ble det registrert en økning i antall lus i anleggene i forhold til foregående år (Fiskehelse rapporten, 2010).





# Aktuelle patogener

Denne gjennomgangen av patogener baserer seg på publiserte studier gjennomført internasjonalt så vel som i Norge.

## Virussykdommer

Vaksiner gir ofte ikke fullgod beskyttelse mot virussykdommer, og virusbærere (friske smittebærere) er utbredt. Viral hemorragisk septikemi virus (VHSV), IPNV og NV har et bredt vertsspekter og er svært utbredt geografisk. *Virusene* IPNV, NV og ILAV er alle påvist i villfisk, mens *sykdommen* viral hemorragisk septikemi (VHS), forårsaket av VHSV, er påvist i ville bestander.

For IPNV er det vist at det sannsynligvis kan skje overføring fra oppdrettsfisk til villfisk, men påvirkningen dette har på ville populasjoner er ikke kjent. Villfisk som bærer viruset representerer sannsynligvis heller ikke noen smitekilde for oppdrettsfisk. For VHSV og ILAV er det derimot vist at det sannsynligvis skjer en overføring fra villfisk til oppdrettsfisk.

En større undersøkelse gjort i skotske farvann viste høyere utbredelse (men fortsatt bare i 0,15 % av total mengde fisk undersøkt) i villfisk nær oppdrettsanlegg med sykdommen IPN enn i villfisk lengre fra disse anleggene. Epidemiologiske analyser (studier av tilstedeværelse og utbredelse av en sykdomsfremkallende organisme) har vist at det viktigste reservoaret for IPNV er oppdrettsfisk. Høyest risiko for utbrudd er i anlegg hvor det har vært utbrudd de siste to år, eller ved utsett av fisk fra flere ulike partier på samme lokalitet.

IPNV og VHSV er begge vist å ha vært i miljøet før oppdrett startet opp. Slektskapsstudier viser bl.a. at VHSV har vært til stede i marine fiskearter lenge før oppdrett ble etablert. Videre er varianter av ILAV som er mindre infeksjonsfremkallende, påvist i villfisk og analyser sannsynliggjør at overføring av viruset fra villfisk til oppdrettsfisk har funnet sted minst tre ganger.

VHS er påvist på regnbueørret i anlegg i Storfjorden, og studier av viruset som forårsaket utbruddene tilsier at det har et marint opphav. Det er første gang denne typen VHSV har gitt dødelighet i laksefisk. Det er ikke funnet villfisk i fjorden med samme type virus som gav sykdom i oppdrettsfisk. Andre undersøkelser har tidligere vist at det finnes relativt lite VHSV i villfisk i norske farvann, men en større undersøkelse pågår nå i regi av Havforskningsinstituttet og Veterinærinstituttet. I 2010 ble oppdrettsanlegg med regnbueørret i Norge undersøkt for VHS- og IHN-(infeksiøs hematopoetisk nekrose) virus i regi av Nasjonalt risikobasert overvåkningsprogram uten at det ble gjort funn dette året (Fiskehelserapporten, 2011).

PD forårsakes av SAV. Dette viruset er nylig påvist i lakselus, noe som reiser spørsmålet om lus kan være bærer og dermed potensiell spredder av viruset. I Norge har Hustadvika fungert som geografisk skille for påvisning av sykdommen, men det har vært noen sporadiske utbrudd også nord for dette skillet. Det diskuteres om sykdommen spres via flytting av fisk fra et område til et annet. En har begrenset informasjon om SAV i villfisk og det er tidligere kun påvist antistoffer i et fåtall sei i nærheten av anlegg med utbrudd.

## Bakteriesykdommer

Bakteriesykdommer i laksefisk er hovedsakelig kontrollert av vaksiner. Flere av bakteriesykdommene forekommer nå bare i sjeldne tilfeller, og i så måte kan en si at vaksineringen også har vært med å redusere risikoen for spredning til villfisk betydelig.

I Norge er det et overvåkingsprogram for *Renibacterium salmoninarum* som forårsaker BKD, for å hindre overføring fra stamfisk til avkom. Etter at overvåkingsprogrammet ble startet har det vært en stor nedgang i antall sykdomsubrudd og påvisninger av bakterien.

Et felles kjennetegn for bakteriepatogenene atypisk *Aeromonas salmonicida*, *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, *Renibacterium salmoninarum*, *Francisella noatunensis*, *Vibrio anguillarum* og *Flavobacterium psychrophilum* er at de alle har et bredt vertsspekter og/jeller er geografisk utbredt. De forårsaker bærertilstand både i villfisk og oppdrettsfisk og de er påvist i villfisk før oppdrett startet opp. Sporadiske sykdomsutbrudd i villfisk er bare påvist for noen få av disse patogenene.

Bakteriesykdommer forårsaker større problemer i oppdrett av marinfisk. For atypisk *A. salmonicida* er det påvist en mulig epidemiologisk tilknytning mellom isolater fra villfisk og oppdrettsfisk. *A. salmonicida* subsp. *salmonicida* som forårsaker sykdommen furunkulose ble mest sannsynlig import til Norge med fisk fra utlandet i 1964 og igjen i 1985. Bakterien spredte seg raskt og i 1992 var 74 ferskvannssystemer og 550 oppdrettslokaliteter infisert. Antagelig var det en spredning fra oppdrettsfisk til villfisk, da det ikke var noen sykdomspåvisninger i Norge årene før, bortsett fra ett enkelt utbrudd mange år tidligere. En antar at bakterien er spredt med rømt fisk og vandrende villfisk. Sykdommen kontrolleres i dag av effektive vaksiner og få utbrudd påvises både i oppdretts- og villfisk, men bakterien finnes fortsatt i noen få ville bestander der utbrudd er assosiert med perioder med høy vanntemperatur, lav vannstand og høy tetthet.

*V. anguillarum* forårsaker klassisk vibriose og en mulig spredning mellom arter (laks og torsk) i Norge er påvist ved studie av genetiske profiler (plasmider). Ingen andre bevis for overføring eksisterer. Bakterien er kun påvist én gang i villfisk (villfanget torsk). *F. noatunensis* som forårsaker francisellose på torsk i oppdrett er påvist i villfisk fra flere lokaliteter sør for Sogn og Fjordane. Den er også påvist i historiske prøver fra vill torsk i Sverige, noe som viser at bakterien var til stede i villfisk før oppdrett startet.

## Parasitter

Parasitter er en omfattende gruppe organismer med mange livsformer. Hovedgrupper av parasitter som infiserer villfisk og oppdrettsfisk i Norge er parasitter med direkte overføring mellom fisk (såkalt direkte livssyklus), f. eks. *Gyrodactylus*, *Trichodina*, *Ichthyobodo necator* og parasittiske arthropoder (leddyr). En annen hovedgruppe er parasitter med mellomvert (en eller flere), men i oppdrettssammenheng forsvinner mange av disse når fisken føres med prosessert fôr. Unntak er bendelmark som smitter ved inntak av en mellomvert. Gjellemark (*Laernocera branchialis*) har også

mellomvert, men kan også smitte uten inntak av mellomverten. Generelt for de fleste parasitter er at det ikke eksisterer sikre bevis for overføring mellom villfisk og oppdrettsfisk, men villfisk rundt merdene er mulig kilde til infeksjon i oppdrettsfisk. Det vil da være risiko for raskere oppformering av parasitter etter hvert som oppdrettsnæringen vokser.

Spesielt hos torskefisk finnes et bredt utvalg av parasitter. De fleste utgjør ikke noe stort problem i dag, men kan bli et problem hvis torskeoppdrett vokser kraftig. Det vil da også kunne bli økt risiko for smitte mellom arter (f. eks. laks – torsk). Mye kartleggings- og identifiseringsarbeid gjenstår på parasitter, men det er vist at flere ulike parasitter kan være skadelig for fisken om bare antallet blir stort nok. *Ichthyobodo* sp. (flagellater), som f. eks. *Costia*, er kjent å kunne forårsake store tap i oppdrett. Det finnes flere parasittarter som har flere ulike verter, som laksefisk, torsk og kveite. Parasittene er funnet i både villfisk og oppdrettsfisk. Blant annet er flere arter av *Trichodina* sp. (ciliater) funnet på torsk- og kveite, mens *Spironucleus* sp. (flagellater) er påvist hos både laksefisk og torskefisk. Parasitten er vanlig i vill torsk, men synes ikke å skade fisken. Hos oppdrettsfisk er den mer sjelden.

Ett eksempel på Myxozoa hos fisk er *Parvicapsula pseudobranchicola* hos laks, mens flere arter er funnet i torsk og hyse. Ni arter av Myxospora er funnet i torskefisk og mellomverter er polycheter eller oligocheter, men forskning mangler på denne parasitten. Flatmark (*Plathyhelminthes*) er hovedsakelig parasitter med mellomverter. Et eksempel er svartprikksyke (*Cryptocyle lingua*) med snegler som første mellomvert, fisk som andre mellomvert og sjøfugl som hovedvert. Parasitten er utbredt i kystfisk. Haptormark (*Monogenea*) har direkte livssyklus. Mest kjente art er *Gyrodactylus salaris* som er påvist i norske elver siden 1975. Det er identifisert sju ulike varianter i torsk. Fire krepsdyrarter (*Caligus*) er til nå funnet i villtorsk. Artene har så langt forårsaket få problemer i oppdrett.

I oppdrettslaks er slekten Arthropoda og arten lakselus (*L. salmonis*) mest kjent. Parasitten er funnet i villfisk, også som årsak til epidemier, før oppdrett startet opp. Parasitten spres lett med vannmassene. Et høyere antall lus per vill fisk er funnet i områder med mye oppdrettsaktivitet og dødeligheten i vill post-smolt og sjøørret har vært beregnet å variere mellom 0 og 95 % i ulike år og i ulike fjordsystemer med stor oppdrettsaktivitet. En antar at det har vært en økning av mengden lakselus pga. økt biomasse i oppdrett (og dermed flere potensielle verter), men andre forhold enn oppdrettsvirksomhet, f. eks. miljøforhold, må også sies å ha en betydning for årlige variasjoner i lusepåslag på vill laksefisk.



# Metoder for å studere patogener

I Norge er det rapporteringsplikt til veterinærmyndighetene på flere sykdommer hos oppdrettsfisk. Metoder som benyttes i diagnostikk kan være:

- Dyrking av materiale fra syk fisk i ulike vekstmedier og i cellekultur. Flere patogener er avhengig av levende celler for å formere seg. Cellekulturer består av celler fra fisk som kan vokse og dele seg uendelig mange ganger.
- Antistoffbaserte metoder, der antistoffer som gjenkjenner spesifikke patogener benyttes.
- PCR (polymerase chain reaction)-baserte metoder, der deler av arvestoffet til spesifikke patogener avdekkes. PCR metodikk (såkalt Real time PCR) kan også brukes til å mengdebestemme et bestemt patogen.

Oftest benyttes en kombinasjon av flere metoder for å stille en diagnose.

Mens mange nye molekylærbiologiske metoder er utviklet de senere år til bruk i blant annet diagnostikk på oppdrettsfisk, brukes det betydelig mindre ressurser på metoder for overvåking av patogener i ville fiskebestander. Få studier er også gjennomført på sykdommer i villfisk på populasjonsnivå og på gjensidig påvirkning mellom villfisk og oppdrettsfisk mht utveksling av patogener (med et mulig unntak for lakselus). Når en skal påvise patogener i villfisk er det behov for metoder med høy sensitivitet pga. antatt lave mengder patogener til stede. Korrekt håndtering av prøvematerialet er også av betydning for resultatet. Metoder benyttet i de nasjonale overvåkingsprogrammene for ulike patogener er kvalitetssikret av Mattilsynet. Andre villfiskundersøkelser har generelt vært preget av små ressurser, prøvetaking på tilfeldig valgte steder eller på for få eller feil lokaliteter, og bruk av feil eller dårlig prøvetakingsmetodikk. Alt dette kan føre til en underestimering av utbredelse og tilstedeværelse av patogener. Eksempelvis vil prøvetaking av laksefisk i ferskvanns- og brakkvannssoner føre til underestimering av antall lakselus, da lusa relativt raskt forlater fisken under slike forhold. Fangstmetoder som fører til skjelltap eller at fisken dør, vil også kunne føre til at lusa forlater fisken. Nyere metodikk som for eksempel bruk av ruser der fisken holdes levende, har vist seg å være mer skånsom og gir et bedre luseestimat. I tillegg til videreutvikling av teknisk utstyr og metodikk for prøvetaking på villfisk, er bruk av avanserte statistiske metoder nødvendig ved design av større villfiskundersøkelser.

De sensitive molekylærgenetiske (ofte PCR-baserte) metodene dominerer i diagnostikk og ved annen påvisning av patogener. Disse metodene tilbys nå av kommersielle laboratorier. Dette tillater spesifikk deteksjon, påvisning av lave mengder patogener og påvisning av patogener som vanskelig formerer seg utenfor verten. Imidlertid kreves det mye tilpassing for å oppnå høy sensitivitet og en god reproducerbarhet. Metodene skiller heller ikke mellom arvestoff (nukleinsyrer) fra

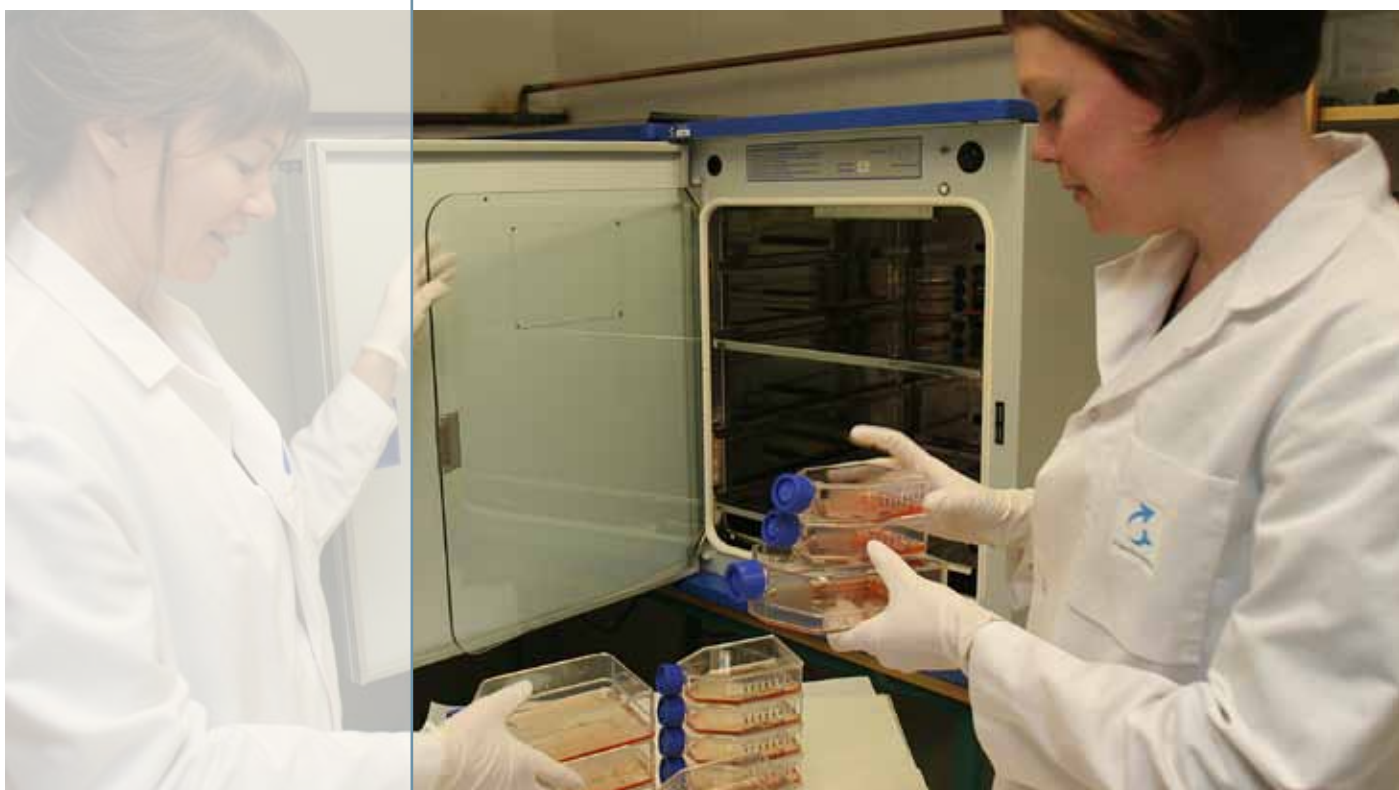
- levende eller ikke-levende (f.eks. vaksinekomponent) patogener
- infeksjøs eller ikke-infeksjøs patogener
- dyrkbare eller ikke-dyrkbare patogener

Ved dyrking i cellekulturer påvises levende/infeksjøs patogener. Dyrking i cellekultur er vanlig ved blant annet påvisning av virus, da virus trenger levende celler for å kunne mangfoldiggjøre seg. Mengde infeksjøs virus i prøven samt cellenes mottagelighet for det spesifikke viruset er avgjørende

for resultatet. Påvisning av patogener i villfisk ved bruk av PCR-baserte metoder alene vil ha en usikker betydning i forhold til risiko for utvikling av sykdom og risiko i forhold til utskillelse og overføring av patogenet. Antistoffer rettet mot patogener er mulig å måle i fisken måneder etter en infeksjon og dette kan være et nyttig verktøy i villfiskundersøkelser. Imidlertid vil betydningen av et slikt funn uten samtidig påvisning av patogenet likevel være usikkert i forhold til risiko for utvikling av sykdom og risiko for utskillelse og overføring av patogenet.

Molekylærgenetiske metoder utviklet i de senere år har vært viktig blant annet for å få en større forståelse av mangfoldet og utbredelsen av patogener og er brukt til å avdekke genetisk slektskap mellom patogener, til typebestemmelse, klassifisering m.m. Genetisk slektskap mellom patogener er for eksempel brukt til å studere ILA-virusets inntreden og opprettholdelse i Europa, utbredelsen av ulike varianter av VHS virus og til å avdekke store likhetstrekk mellom lakselus (*L. salmonis*) i hele Nord-Atlanteren.

Ved studier av smitte mellom arter er studier der patogenet injiseres i fisken mye brukt. Dette tilsvarer imidlertid ikke naturlig smitteoverføring. Ved injeksjonsstudier som ikke gir dødelighet kan man utelukke risiko for smitteoverføring, men betydningen av dødelighet som oppstår etter en injeksjon er mer usikker. Såkalte ko-habitant smitte modeller etterligner bedre naturlig smitte der smitten overføres via vannet: Noen fisk injiseres med et patogen og plasseres sammen med en større gruppe usmittet fisk. Patogenet vil deretter oppformeres i den injiserte fisken og spres til usmittet fisk via vannet. Denne type modeller er nylig blitt videreutviklet slik at smitte mellom arter kan studeres i et system der artene går adskilt og patogenene spres med vann som overføres fra smittekaret til andre kar med frisk fisk.

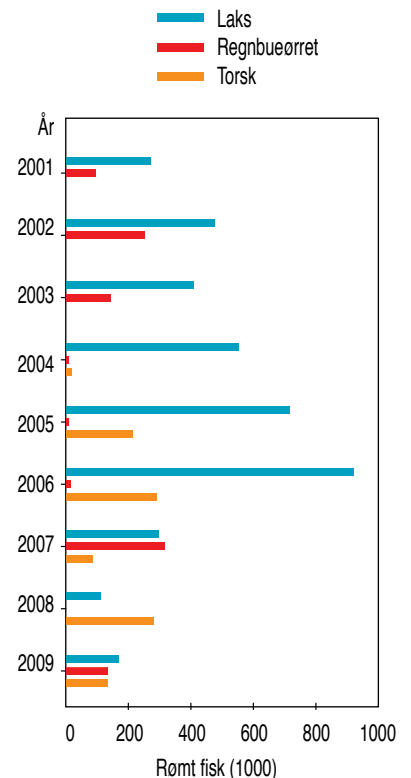


# Smittorisiko

Fiskeoppdrett i åpne merder gir mulighet for oppformering og spredning av patogener til villfisk og annen oppdrettsfisk via vannet og via rømt fisk. I 2008 var det til enhver tid mellom 500 – 600 lokaliteter med laks i Norge. Totalt antall fisk i sjøen varierte mellom 250 og 350 millioner og biomassen varierte mellom 400 000 og 600 000 tonn (tall fra Fiskeridirektoratets statistikkdatabase). I oppdrett vil det være unaturlige høye mengder av en homogen gruppe verter. Dette gir økt sannsynlighet for smitteoverføring fra fisk til fisk. Det fremmer også økt virulens (evne til å fremkalle sykdom) hos et patogen og dermed økt dødelighet hos verten. En rask oppformering av et patogen påvirker vertens smittestatus og fører til en høyere grad av overføring i tette vertspopulasjoner. Dette kan forklare større epidemier i oppdrettsfisk som ILA i Chile og PD i Norge. Patogenoverføring via passiv spredning i vannmassene er sannsynliggjort blant annet for ILA og PD ved at sykdomsutbrudd sammenfaller i tid og sted. Vannstrømmer er av betydning og en vil kunne få en bedre beregning av spredning ved bruk av modellering av vannstrømmene enn ved å bare se på distanse. Frittlevende bakterier blir imidlertid raskt beitet ned i marine miljøer.

Rundt merdene skjer det en oppsamling av villfisk. Undersøkelser har vist at så mye som 10 tonn fisk kan oppholde seg ved hvert anlegg og sei utgjør en stor andel av denne fisken. Det er blant annet vist at sei vandrer i store stimer mellom anlegg. Bevegelse av villfisk mellom anlegg kan teoretisk medføre spredning av patogener. Villfisk er potensielle verter for patogener og det er vist at sei er mulig bærer av SAV og IPNV. Andre faktorer som er med på å øke risiko for spredning av patogener, er at et fåtall settefiskanlegg leverer til mange sjøanlegg spredt over store geografiske områder. Videre viser rømmingstallene i Norge at inntil 1 million fisk har rømt enkelte år (se figur 1). Det er en åpenbar risiko for spredning av sykdom med rømt fisk og i en del tilfeller har også syk fisk rømt. Det er for eksempel blitt påvist ILA på rømt oppdrettslaks i elver i Troms. Imidlertid har tiltak i næringen gjort at rømmingstallene har gått ned de siste årene.

Storskala flytting av fisk over lange avstander, over landegrenser og kontinenter gir en risiko for spredning av patogener til helt nye områder. Selv om materialet som flyttes undersøkes med tanke på patogener, vil bærerfisk og øyerogn kunne inneholde patogener som er under deteksjonsnivå. Flytting av fiskemateriale over landegrenser gir en risiko for import av eksotiske patogener som vil kunne gi store konsekvenser for ville lokale populasjoner. Som eksempel kan nevnes *Gyrodactylus salaris* og dens spredning i norske elver. Det er også mistanke om spredning av ILAV fra Norge til Chile pga. handel med øyerogn. Flytting av fisk fra sør til nord i Norge er mistenkt å være årsak til enkeltutbrudd av PD nord for Hustadvika.



Figur 1. Offisielt antall rømte laks, regnbueørret og torsk i perioden 2001 – 2009

Kilde: Fiskeridirektoratet





## Fremtidig forskning

Kunnskapen om patogener i ville fiskepopulasjoner og smitte mellom villfisk og oppdrettsfisk er mangelfull. Først og fremst mangler en kunnskap om status i ville populasjoner. Det er et behov for å undersøke tilstedeværelsen av ulike patogener i villfisk både inne i fjordstrøk og langs kysten, gjerne over en lengre tidsperiode. Videre vil det være nødvendig med tverrfaglige prosjekter der en tar i bruk blant annet avanserte statistiske metoder og modelleringsverktøy for å kunne planlegge, gjennomføre og tolke resultatene av fremtidige patogenundersøkelser i ville fiskebestander. Mange faktorer spiller inn og påvirker utfallet av patogenoverføring og sykdomsutvikling. Epidemiologiske studier og simuleringsmodeller i kombinasjon med feltdata vil kunne gi kunnskap om smittespredning og risiko forbundet med dette. Det er også nødvendig med undersøkelser som går over tid (såkalte tidsserier) der en undersøker områder med og uten oppdrettsvirksomhet og områder før og etter at oppdrettsvirksomhet er startet opp. Slike tidsserier kan også brukes til å evaluere effekter av tiltak som f. eks. oppdrettsfrie soner, periodevise brakklegginger og lignende. For lakseoppdrett vil det være begrensede muligheter siden virksomheten har pågått lenge og pga. omfanget den har i dag. Torskeoppdrett er ikke like utbredt, men vil mest sannsynlig vokse over tid. Dermed vil det være gode muligheter for å studere områder før og etter at torskeoppdrett er etablert.

Patogener som bæres av villfisk er ikke nødvendigvis i stand til å fremkalle sykdom. I tillegg til forekomst og utbredelse av patogener i ville bestander bør studier av patogenenes virulens (sykdomsfremkallende evne) studeres nærmere ved grunnleggende smitte- og virulensstudier under kontrollerte betingelser. Det er også nødvendig med utvikling av nye smitte modeller for å kunne studere:

- Smitte mellom arter
- Mottagelighet for patogener
- Utskillelse av patogener

Kunnskapen om mulige verter og reservoarer for patogener er mangelfull. En bør blant annet følge opp nærmere de foreløpige funnene som antyder at lakselus og sei kan fungere som reservoarer og vektorer for ulike fiskevirus. Betydningen av funn av patogener i villfisk i forhold til risiko for utvikling av sykdom, risiko i forhold til utskillelse og overføring av patogenet bør studeres nærmere. Utskillelsesrater og minste mengde som skal til for å gi en infeksjon vil kunne gi nyttig informasjon om risiko for smitteoverføring. Studier av patogen-vert interaksjoner, immunresponser i kombinasjon med vaksineutvikling for intracellulære patogener og avlsarbeid for økt sykdomsresistens vil være svært viktig for å kunne redusere antall sykdomsutbrudd i oppdrettsfisk og dermed redusere risikoen for smittespredning. I forhold til parasitter, der kunnskapsnivået foreløpig er begrenset på flere områder, er det blant annet behov for mer brukervennlige protokoller for såkalt Alpha taksonomi (artbestemmelse/klassifisering) av parasitter og utvikling av flere PCR-baserte metoder for påvisning av nye patogene parasitter. Videreutvikling av feltmetodikk for mer pålitelig registrering av parasitter er også aktuelt.

**Utvalgte referanser:**

Hammell, K.L., Stephen, C., Bricknell, I., Evensen, O., Bustos, P., 2009. Salmon Aquaculture Dialogue Working Group Report on Salmon Disease. Salmon Aquaculture Dialogue, ([wwf.worldwildlife.org/site/pageNavigator/SalmonSOIForm](http://wwf.worldwildlife.org/site/pageNavigator/SalmonSOIForm)) pp. 175.

Raynard, R., Wahli, T., Vatsos, I., Mortensen, S. (Eds.), 2007. Review of disease interactions and pathogen exchange between farmed and wild finfish and shellfish in Europe. DIPNET, ([www.dipnet.info/docs/doc.asp?id=48](http://www.dipnet.info/docs/doc.asp?id=48)), Aberdeen, pp. 459.

Revie, C., Dill, L., Finstad, B., Todd, C.D., 2009. Salmon Aquaculture Working Group Report on Sea Lice. Salmon Aquaculture Dialogue, ([wwf.worldwildlife.org/site/pageNavigator/SalmonSOIForm](http://wwf.worldwildlife.org/site/pageNavigator/SalmonSOIForm)) pp. 117.

Fiskehelse rapporten, publisert 2009, 2010 og 2011 av Veterinærinstituttet ([www.vetinst.no/Forskning/Publikasjoner/Fiskehelse rapporten](http://www.vetinst.no/Forskning/Publikasjoner/Fiskehelse rapporten)).

Det henvises for øvrig til Johansen, L.-H., Jensen, I., Mikkelsen, H., Bjørn, P.A. Jansen, P. og Bergh, Ø., 2011. Disease interaction and pathogens exchange between wild and farmed fish populations with special reference to Norway. Aquaculture, (doi: 10.1016/j.aquaculture.2011.02.014).



