

### 3.6.3 SMITTESPREDNING I KYSTSONEN

En bærekraftig havbruksnæring fordrer bedre kontroll med sykdomssituasjonen. Vi er avhengige av å forstå hvordan sykdomsfremkallende mikroorganismer og parasitter sprer seg i det marine miljøet. For å bedre kunnskapsnivået må vi ta i bruk ulike fagmiljø. Dette handler om mikrobiologi, økologi, oseanografi, risikoanalyse – og ikke minst, politikk.



Stein Mortensen  
stein.mortensen@imr.no

Lars Asplin  
lars.asplin@imr.no

Peder A. Jansen, Veterinærinstituttet i Oslo  
pederjansen@vetinst.no

Kjetil Korsnes, Høgskolen i Bodø  
kjetil.korsnes@hibo.no

Are Nylund, Universitetet i Bergen  
are.nylund@bio.uib.no

Vi står nesten uten muligheter for å drive effektive føre-var-tiltak på nasjonalt nivå. Havbruksforvaltningen er i prinsippet underlagt EUs regelverk. Det er nesten ”fri flyt” av biologisk materiale. Mulighetene for å dele kysten inn i autonome havbruksområder forsvant etter all sannsynlighet med EØS-avtalen. Vi sitter tilbake med to virkemidler: å samarbeide for å bedre kunnskapen om smitteoverføring og å utvikle en felles arena hvor ulike fagmiljø bidrar til effektiv sykdomsbekjempelse.

#### Behovet for kunnskap om smittespredning

I tillegg til sykdomsproblemene kommer hensynet til de ville bestandene. Også vill fisk blir syk, og smitte kan overføres mellom ville og oppdrettede bestander. Sykdom og smittespredning må derfor settes inn i en økologisk kontekst. Skal sykdomsfremkallende organismer overleve, må de infisere nye verter. Gjennom evolusjonen er det etablert en form for balanse. Den sykdomsfremkallende organismen må ikke drepe verten (være høyvirulent) for da utrydder den samtidig seg

selv. Den må heller ikke bli nedkjempet av vertens immunsystem, det gir samme resultat. I naturen er dette en dynamisk prosess. Sykdomsproblemer i oppdrettet er bestemt både av egenskapene til den sykdomsfremkallende organismen og av hvordan vi driver oppdrettsvirksomheten.

Smittespredning kan skje på en rekke måter. For en del sykdommer er det enighet i fagmiljøene om hvordan smittespredning skjer. Eksempler på dette er kjente parasitter som lakselus, bendelmark, hap-tormark og bakterier som for eksempel forårsaker vibriose og furunkulose. Disse er godt studert og har gitt opphav til smittehygieniske krav som generasjonsskille, avstand mellom lokaliteter og desinfeksjon av inntaksvann til smoltanlegg. For andre sykdomsfremkallende organismer er det fremdeles uenighet om hvordan spredningen foregår. Dette gjelder spesielt for virus, der ulike fagmiljø vektlegger data og betydning av spredningsmekanismer forskjellig.

#### Hva gjør vi med avstandsreglene?

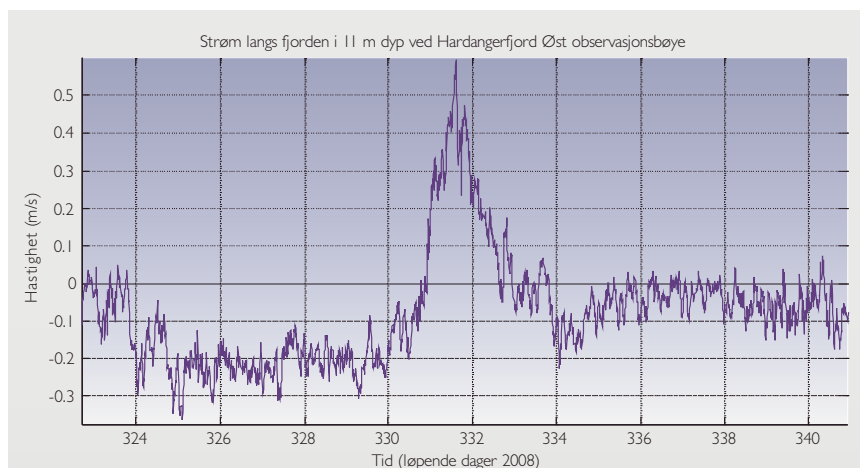
Store deler av norskekysten er etter hvert ganske tett besatt med oppdrettsanlegg. For å unngå vannbåren smittespredning er det krav om at det skal være en viss avstand mellom anleggene. Dette er et godt prinsipp, men studier av dynamikken i en serie fiske sykdommer viser at noen kilometer sjøavstand betyr lite. Avstandsprinsippet baserer seg nemlig på flere forhold. For det første forutsettes det at smittestoffet faktisk spres via vannmassene. Deretter må vannstrømmen mellom anleggene være langsom nok til at smittestoffet fortynnes tilstrekkelig eller dør før det når naboanlegget. I tillegg må

strømbildet være forutsigbart. Hvis ingen av disse forutsetningene er til stede, hva gjør vi da med avstandsreglene?

Det er flere relevante forskningsprosjekter om avstandsproblematikken. Skal dagens forvaltningsmodell bli bedre, er det avgjørende at informasjon fra ett fagmiljø raskt blir tatt i bruk av et annet. Når vi vet hvordan vannmassene forflytter seg, kan dette kombineres med kunnskap om hvordan ulike smittestoff overlever i vann under ulike forhold. Det gjør det mulig å forutsi avstand og retning for mulig smittespredning. Fletter vi inn data om hvilke smitteveier ulike virus og bakterier bruker, og kobler dette opp mot konkrete sykdomsutbrudd, kan vi danne oss et bilde av den relative betydningen av ulike smitteveier. Dette er et kontinuerlig og krevende ”biologisk detektivarbeid”.

#### Studier av vannstrømmene

For å studere spredningsveier av smittestoff i et fjordsystem må vi kjenne vannbevegelsen. Havforskningsinstituttet har en stor forskningsaktivitet på miljøvirkninger av havbruk og fjordøkologi, hvor studier av vannbevegelse og temperaturforholdene i vannet er viktig. Gjennom flere år er det bygget opp metodikk for å skaffe nødvendig informasjon om fjordmiljøet. Systemet er relativt komplisert og består av sentrale observasjoner og et numerisk modellapparat. Det er separate modeller for spredning av sporstoff og partikler. De brukes blant annet for å modellere spredningen av lakselus. Videre opererer vi også egne modeller for drivkrefter (blant annet vind) og randbetingelser (hav/kystmodell). Vi kan implementere modellapparatet for et hvert fjordområde, og i dag er modeller



**Figur 3.6.3.1**

Målinger av strømhastighet (meter per sekund) på 11 meters dyp langs fjordaksen i Hardangerfjorden, målt som 10-minuttersverdier. Positive verdier er strøm innover fjorden og negative utover. Målingene er gjort med en observasjonsbøye plassert utenfor Rosendal i posisjon 59°99'N, 5°92'E.

*Water current speed (meters per second) at 11 meter depth along the fjord axis in Hardangerfjorden, measured every 10 minutes. Positive values show outgoing currents, while negative values show inwards currents. Samplings are done with a buoy placed off Rosendal at the position 59°99'N, 5°92'E.*

for Lysefjorden, Hardangerfjorden, Sognefjorden, Folda, Altafjorden og Porsangerfjorden operative.

Vannbevegelsene i fjorder og kyststrøk er sammenlignbare med atmosfærebevegelsen og det vi kjenner som "været"; et kaotisk og lite forutsigbart system dersom vi snakker om tidsperioder lengre enn et par dager. Siden alt utvikler seg saktere i vann enn i lufta, er det likevel noe enklere å beregne hva som skjer og har skjedd.

Målinger av strømmen fra fjorder viser at bevegelsen er satt sammen av svingninger med mange skalaer. Modellering av Hardangerfjorden viser at vanntransporten domineres av episoder med alt fra noen timer til flere dagers varighet. Figur 3.6.3.1 viser målinger som 10-minuttersverdier fra 11 meters dyp av strømkomponenten langs fjordaksen. Positive verdier er strøm innover fjorden og negative er utover. Observasjonene som er vist i figuren er fra en drøy 2-ukersperiode i månedsskiftet november–desember 2008. Her starter det med en uke der gjennomsnittlig strømhastighet ut fjorden er ca. 0,2 meter per sekund. Teoretisk vil det vannet som passerer strømmåleren kunne forflytte seg 120 kilometer på en uke. Denne episoden med utstrømning avløses av en kraftig episode med innstrømning, skapt av en sterk sønnavind. Vannet i området forflytter seg flere titalls kilometer i forbindelse med denne episoden. Vi vet også at strømhastighetene drevet av vind øker betydelig fra 11 meters dyp mot overflaten, og at hastighetene helt i overflaten sannsynligvis vil være to til tre ganger sterkere enn på 11 meters dyp.

Observasjonene illustrerer dynamikken som kan forekomme i fjordene, og samtidig hvilket potensial strømmen har til raskt å flytte vann mellom oppdrettsanlegg.

Eksempelet fra Hardangerfjorden viser at retningen på en smittespredning *ikke* er forutsigbar – den kan være både innover og utover en fjord. Spredningen av et passivt sporstoff fra et kontinuerlig utslipp ble studert i perioden 15. april til 20. mai 2007. Kilden var lagt like nord for Varaldsøy. Den 20. mai var sporstoffet i overflaten til stede i ulik konsentrasjon i omtrent hele fjorden (Figur 3.6.3.2). Fortynningen økte naturlig nok jo lenger vekk fra utslippspunktet vi kom. I de ytre og de aller innerste delene av Hardangerfjorden var konsentrasjonen av sporstoffet under 2 %. Modellresultatene viste at horisontal spredning av smittestoff innen en tidsramme på ett til to døgn er stor, minst 20 kilometer. For lengre perioder, i dette tilfellet om lag en uke, vil hele Hardangerfjorden kunne bli berørt av smittestoff som kommer langveisfra.

Modellresultatene kan gi informasjon om alderen på et smittestoff på et gitt sted, samt hvilken omgivelsestemperatur det har opplevd. Blanding av vannmassene vil være viktig for omgivelsestemperaturen til virus og bakterier som finnes i vannet. I de øvre vannlagene i en fjord er det store variasjoner i de hydrografiske forholdene. Om sommeren er de øverste meterne varme, med kaldere fjordvann under. Sent på høsten er forholdet motsatt. Da gjør avkjøling mot atmosfæren de øvre vannlagene kaldere enn fjordvannet dypere nede. Hvor

detaljert informasjon som trengs for å beregne risiko for smittespredning er usikkert. For å modellere realistisk strøm i et fjordområde behøves først og fremst informasjon om de viktigste drivkreftene: vind, ferskvannsavrenning, tidevann, vannstrøm og hydrografiske forhold i kysthavet utenfor fjorden.

### Hvilke faktorer påvirker smittespredningen?

Smittespredning er et resultat av en hel rekke faktorer. Det er grunnleggende at den sykdomsfremkallende mikroben faktisk er til stede. Langdistanseflyttinger av levende materiale er sjelden noen god strategi, og EUs prinsipp om "fri flyt" er derfor ikke bærekraftig. Mer transport har ført til mer sykdom. På den annen side er det ofte vanskelig å vite hvilke smittestoffer som er til stede og *hvor* de finnes.

Hvis et smittestoff er til stede, vil smitteoverføring handle om smittestoffets overlevelsessevne i miljøet, påvirkningspress og mottakelighet. En hel rekke spørsmål må besvares før vi kan danne oss et komplett bilde av smittespredningen:

Hva er kilden til smittestoffet?

Skjer det en smitteoverføring mellom vill fauna – villfisk som forflytter seg eller andre bærere (vektorer) og fisken i merdene?

Har vi en engangs eller kontinuerlig påvirkning?

Hva er smittestoffenes levetid i vann, partikler og sedimenter under ulike forhold?

Hva er dosen som skal til for å smitte verter?

Hva er introduksjonsveien til smittestoffet? Hvor stor er vertens motstand mot infeksjon (immunstatus)?

Sykdomsutviklingen er ikke bare avhengig av smittestoffets virulens (evne til å frembringe sykdom) og dose, men også av vertens evne til å motstå infeksjon. Miljøet i merdene påvirker fisken, og fiskevelferd er derfor et sentralt element i dette kompliserte bildet.

### Horisontal eller vertikal smitteoverføring?

Det diskuteres i fagmiljøene hvorvidt smitte skjer vertikalt (fra stamfisk til avkom) eller horisontalt (overføres fra fisk til fisk). Dette er ingen "enten eller"-diskusjon".

Ved vertikal overføring vil det også være en komponent av horisontal overføring. For å forstå hvordan sykdomsorganismen påvirker fisken, må vi se nærmere på samspillet disse har med sine mottakelige verter. Sentralt er spredningsmekanismene (infeksjon av nye verter), som i stor grad bestemmer egenskapene sykdomsorganismen må ha. Horisontal spredning gir ofte høyere virulens enn vertikal spredning,

fordi horisontal spredning favoriserer sykdomsorganismer med stor evne til å øke i antall i verten (altså gi sykdom), og som igjen kan infisere nye, friske verter. Vertikal spredning favoriserer lav virulens for ikke å utrydde de nye vertene som blir infisert (avkommet). Det medfører mer langvarige infeksjoner (persistens) hos vertene. Infeksjoner blir derfor styrt av balansen mellom disse to spredningsmekanismene, som er et resultat av samspillet mellom viruset og verten. Samspillet har oppstått i ville bestander av verter, og når en mottakelig vert blir satt inn i oppdrett risikerer vi å skyve på balansen. Flere av sykdommene næringen sliter med illustrerer dette.

#### Kunnskap om smittestoffene

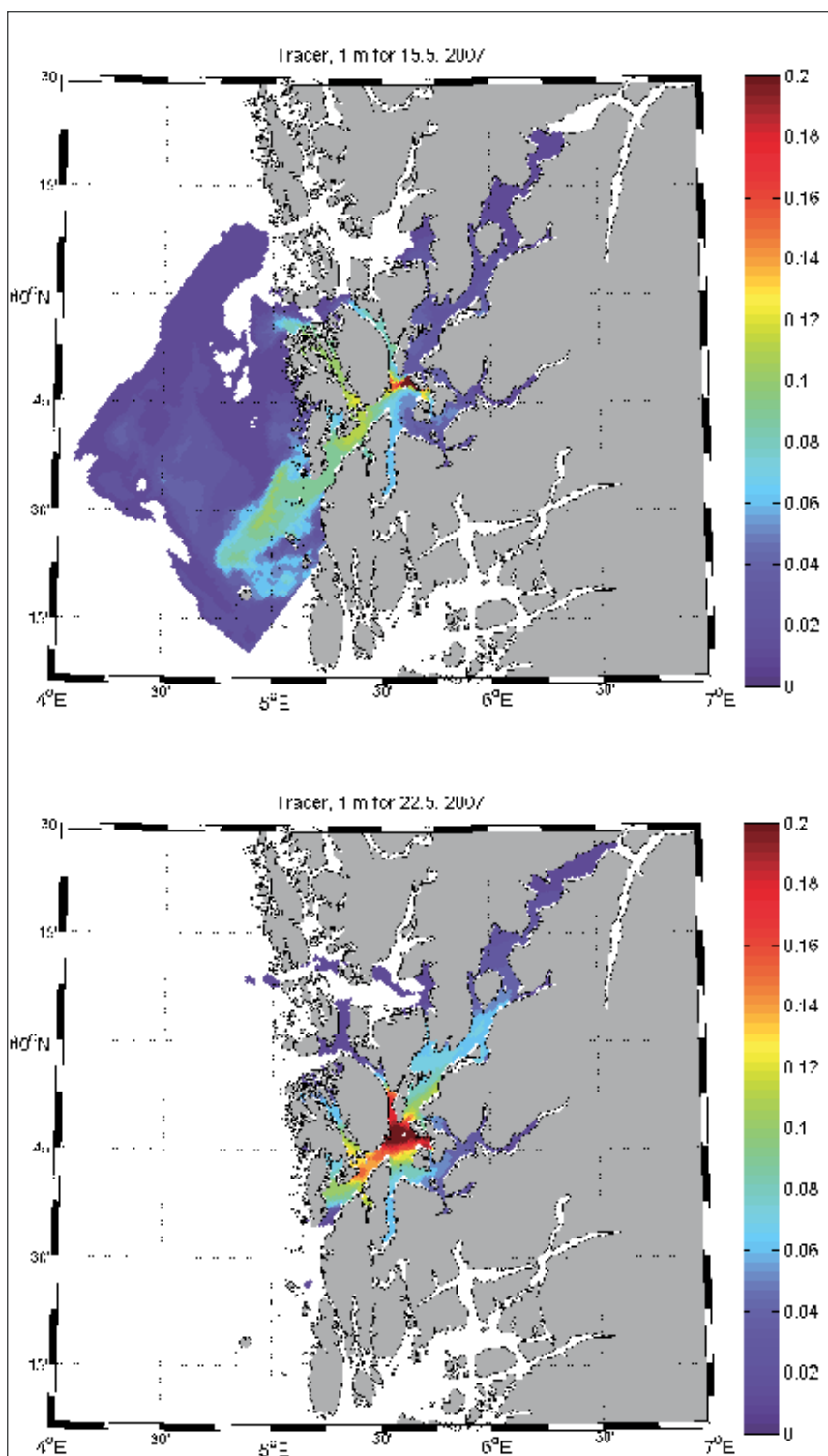
Smittestoff kan bli spredd uten at det forårsaker sykdom, for eksempel gjennom transport av infisert fisk som først utvikler sykdommen senere i livet. Forståelse av hvordan smittestoff spres krever deteksjonsverktøy, som både er spesifikke og evner å fange opp små mengder. Tradisjonelle metoder for påvisning av sykdom kombinert med nye genteknologiske metoder (som real time PCR) gir ny kunnskap. De nye metodene gjør det mulig å finne ørsmå mengder smittestoff, kartlegge arvestoffet til disse og se på slektskap innenfor og mellom grupper av sykdomsorganismer.

Spredningen av ulike sykdomsfremkallende virus og bakterier kan ha forskjellig mønster avhengig av smittestoffets egenskaper. Vi skal bruke noen av de alvorlige fiskesykdommene i norsk fiskeoppdrett; VNN, ILA, PD og francisellose, som eksempler for å illustrere dagens kunnskapsstatus om smittespredning. Mer informasjon og oversikt over sykdomssituasjonen finnes på Veterinærinstituttets internettside [www.vetinst.no](http://www.vetinst.no) og fiskehel-seportalen [www.fiskehelse.no](http://www.fiskehelse.no).

#### Viral nervevesnekrose (VNN)

Viral nervevesnekrose, VNN, forårsakes av et nodavirus, og sykdommen rammer marine oppdrettsarter som piggvar, kveite og torsk. Næringen har slitt med denne sykdommen siden slutten på 1980-tallet. Påvisning av VNN på torsk viser at vi skal være oppmerksom på sykdommen og iverksette tiltak for å unngå at den utvikler seg til et stort sykdomsproblem.

Nodavirus ser ut til å være vanlig i flere marine kaldtvannsarter, og er også påvist i villfisk som hyse, sei, lyr, rødspette og makrell. Det spres både vertikalt og horisontal. Undersøkelse av genetisk variasjon hos ulike isolater av nodavirus, den store utbredelsen og mottakelighet hos mange vertsarter, tyder på at vertikal spredning



**Figur 3.6.3.2**

Modellert spredning av en "merket vannmasse" fra et utslippspunkt ved Halsnøy (omtrent midt i figuren). Spredningen startet med et kontinuerlig utslipp den 15. april 2007. Relative verdier for konsentrasjon på en meters dyp den 15. og 22. mai illustrerer den variabiliteten vannmassene har til enten å fordele seg utover fjorden (15. mai, øverste figur) eller innover fjorden (22. mai). Vi kan merke seg særlig to forhold: Potensiell utbredelse er stor og fortynningen fra kilden er stor.

A model illustrating the spreading of a water body from a release point at Halsnøy (approximately in the centre of the figure). The spreading started with a continuous release on the 15<sup>th</sup> of April 2007. Relative concentration values at one meter depth on the 15<sup>th</sup> and 22<sup>nd</sup> of May illustrate the variability of the water masse, spreading outwards (15<sup>th</sup> of May, figure at top), or inwards (22<sup>th</sup> of May, lower figure). We can see that both the potential of spreading and the dilution factor is great.

er viktig i ville bestander. Hos torsk ser det ut til at spredningen av nodavirus skjer etter kjønnsmodning og gyting når fiskens immunsystem er svekket. Dette kan medføre at nodavirus i fisk som er smittet uten at det er utviklet sykdom, vil begynne å øke i antall når immunsystemet blir nedregulert. Når torsken gyter er et stort antall individer samlet på gytefeltet, der virus som frigis vil kunne infisere nye mottakelige torsk eller andre mottakelige arter. På denne måten vil vi ha både vertikal og horisontal spredning av nodavirus i naturen, der virus som er lavvirulente favoriseres. Livssyklusen til nodavirus blir tilpasset livssyklusen til den mottakelige verten. I oppdrett vil en slik tilpasning bli brutt. Det skyldes at seleksjonskriteriene endres gjennom økt tetthet av individer, endring i miljøbetingelser, fysiologiske begrensninger (stress) og selve driftsprosedurene (for eksempel flytting av fisk). I oppdrett vil det være kontinuerlig påfyll av nye mottakelige verter. Naturen selekterer bort virusisolater som overutnytter eller utrydder vertene. Derfor kan vi anta at det i oppdrett, over tid, vil være en seleksjon til fordel for mer virulente nodavirusisolater. Det øker betydningen av horisontal spredning kraftig. For å motvirke en slik utvikling bør vi ha tilgang på virusfri stamfisk (blokkere vertikal overføring) og beskytte sårbare stadier mot horisontal smitte.

#### Infeksiøs lakseanemi (ILA)

ILA er en av de sykdommene som har forårsaket størst problemer i lakseoppdrett siden 1980-tallet. Sykdommen er klassifisert som alvorlig, og har eksistert lenge. Iverksatte tiltak har ikke eliminert sykdommen. I 2008 var det utbrudd i flere anlegg i Troms. Det har vært utført mye forskning rundt viruset, blant annet er det vist både horisontal og vertikal spredning, eksistens av lavvirulente og høyvirulente virusisolater og et stort antall ulike genotyper.

Diskusjon rundt spredningsmekanismer for viruset har i stor grad vært preget av uenighet rundt betydningen av vertikal overføring. Avhengig av hvilke data som legges til grunn, og tolkningen av dem, har forskningsmiljøene kommet til ulike konklusjoner. Vi begynner nå å nærme oss en felles forståelse av hvordan spredningen foregår, basert på en stadig økende datamengde om viruset. Nyere forskning peker i retning av at vertikal spredning er viktig. Dette kan illustreres med et eksempel fra Chile, hvor det er store problemer med ILA. Genetiske analyser av virusisolater viser at ILA-virus i Chile etter all sannsynlighet er innført med smittebærende egg fra Nord-Amerika og Europa. Det er likevel verdt å merke seg at ILA i stor grad har vært spredd horisontalt i chilensk oppdrett. Årsaken til dette er sannsynlig-



Figur 3.6.3.3

Torsk med francisellose. Her ser vi en kraftig granulomdannelse i lever.  
*Francisellosis in cod.*

Foto: Are Nylund

vis strukturen på chilensk lakseoppdrett. Innenfor et begrenset geografisk område gjøres det store utsett uten krav om generasjonsskille. Det har også vært drevet oppdrett av yngel og smolt i innsjøer hvor det finnes både høyvirulente og lavvirulente ILA-virus. Det har vært utbrudd av ILA i disse innsjøene, men fisk er likevel blitt overført til anlegg i sjø. Bildet er forskjellig fra det vi ser i Norge. ILA-forskningen viser hvor viktig det er med gode og tilstrekkelig omfattende data fra både felt og laboratorier.

#### Pankreassyke (PD)

Pankreassyke (PD, av engelsk "Pancreas disease") forårsakes av et såkalt salmonid alfavirus (SAV). PD er en av de mest alvorlige sykdommene i dagens lakseoppdrett, og har påført næringen store tap. Sykdommen er spredd nordover fra et kjerneområde på Vestlandet. En bekjempelsesplan mot PD inkluderer driftsforhold, transport og lokalisering. Vaksiner mot PD har ikke gitt fullgod effekt. Det blir forsket på spredning, virusets egenskaper og hvilke spredningsmekanismer som er viktige. Kunnskapen om SAV er på langt nær så omfattende som for ILA-viruset, og det er fortsatt en viss uenighet i forskningsmiljøene om hvordan spredningen foregår.

Veterinærinstituttet har modellert spredningen, og vektlegger horisontal spredning som viktig mekanisme. Publiserte resultater fra UiB viser imidlertid funn av viruset i smolt i ferskvann og i stamfisk av laks. Dette tyder på at vertikal spredning ikke kan avskrives. Deres ståsted er at det ikke finnes data som viser at det er et marint reservoar eller at spredning via marin fisk mellom oppdrettsanlegg forekommer. Smitteforsøk tyder også at utvikling av pankreassyke kan være nært knyttet mot tilstedeværelse av andre sykdomsorganismer og utløst av at fisken er svekket gjennom dårlige miljøforhold.

Tiltakene som er iverksatt for å hindre spredning av PD baserer seg på at spredningen i hovedsak er horisontal. Diskusjonen rundt spredning av PD viser med tydelighet viktigheten av de vitenskapelige data som legges til grunn og hvordan de tolkes og vektlegges.

#### Francisellose

I motsetning til de tre sykdommene som er nevnt over, er francisellose forårsaket av en intracellulær bakterie: *Francisella piscicida*/*Francisella philomera*, subsp. *noatumensis* (det brukes to navn på denne bakterien). Bakterien har skapt problemer og høy dødelighet i oppdrett av torsk i Sør-Norge, og er også påvist i Nord-Norge. Bakterien forårsaker en alvorlig infeksjon som ofte sees som byller i fiskens indre organer, og har siden den ble oppdaget i 2004 blitt påvist i flere anlegg hvert år.

*Francisella*-bakterien er påvist i villfisk som torsk, sei, hyse, lyr og makrell i den sørlige delen av Norge. Dette tyder på at villfisk kan fungere som reservoar og at den kan forekomme i det marine miljø. Påvisningene i Nord-Norge ser ut til å kunne knyttes til fisketransport fra Sør-Norge. Dødelighet og sykdomsutvikling har variert. Det skyldes mest sannsynlig temperaturforskjeller; høyere temperatur i Sør-Norge vil resultere i hurtigere sykdomsutvikling. *Francisella* er påvist i villtorsk, og det er grunn til å anta at villfanget stamtorsk har hatt bakterien med seg inn i anleggene. Horisontal spredning av bakterien ser ut til å være viktig, spesielt ved høy temperatur, men vi kan ikke utelukke at det også skjer en vertikal overføring.

#### Modellering av risiko for sykdomsspredning

Siden smittestoff kan være til stede uten at det forårsaker sykdom, er det ikke mulig å ha en komplett oversikt over smittestoffenes utbredelse. Studier av ulike sykdomsfrem-

kallende mikroorganismer og parasitter pågår kontinuerlig, og bidrar til et gradvis bedre kunnskapsgrunnlag. Oversikt over sykdomsutbrudd kan imidlertid brukes til modellering og risikoanalyse, og for mange av de viktige sykdommene i lakseoppdrett finnes det god historisk oversikt over utbrudd. For sykdommer som er klassifisert som meldepliktige foreligger det særlig god oversikt i Prøvejournalssystemet ved Veterinærinstituttet (VI). Dette gjelder for eksempel for infeksjøs lakseanemi (ILA) der diagnostikk fra alle utbrudd har vært foretatt ved VI, og for pankreassyke (PD) fra 2007.

I Norge er det krav om at bestander av laksefisk knyttet til lokaliteter i sjø skal innrapporteres månedlig til det sentrale registeret Havbruksdata. Det omfatter blant annet data om antall fisk, fiskestørrelse, biomasse på merdnivå og lakselustellinger og forbruk. Kobling av Havbruksregisteret og Havbruksdata forteller hvor alle bestander av laksefisk i sjø er lokalisert til enhver tid, og gjør det mulig å knytte en rekke andre relevante opplysninger til disse bestandene. Datagrunnlaget er svært verdifullt for vurdering av smittespredning, og gir gode muligheter for modellering av sykdomsspredning i tid og rom. Veterinærinstituttet og Norsk Regnesentral (NR) har i samarbeid utviklet hver sin tilnærming til statistisk modellering av smittespredning.

Veterinærinstituttets tilnærming går ut på å modellere sannsynligheten for utbrudd av sykdom som funksjon av ulike risikofaktorer. Her håndteres smitte gjennom vannkontakt som et smittepress en gitt bestand av fisk er utsatt for på en gitt tid fra alle nabolokaliteter med syk fisk. En styrke ved tilnærmingen er at den er relativt fleksibel med hensyn til å teste effekter av mange risikofaktorer. Norsk Regnesentral har utviklet en stokastisk modell, det vil si en modell som har elementer av tilfeldighet i seg, og som er i stand til å kvantifisere betydningen av ulike definerte spredningsveier for virus sykdommer mellom lokaliteter for lakseoppdrett i sjø. Modellen for spredning av virusforårsakete sykdommer mellom lokaliteter for lakseoppdrett i sjø ble først utviklet og kalibrert for spredning av ILA i Norge over årene 2002–2005. I tillegg er modellen nå tilpasset til å håndtere spredning av PD og hjerte- og skjelettmuskulaturbetennelse (HSMB). Begge tilnærmingene viser at smitte fra nære nabolokaliteter med sykdom er en viktig spredningsvei.

#### **Overvåking av en hel region – et viktig skritt fremover**

Med etablering av nye arter og flere lokaliteter trengs gode data om hvilke smittestoff

som er til stede. Den reelle utbredelsen av smittestoffene må overvåkes for å si noe om risiko og spredningsdynamikk i et område. I dag er det mulig å undersøke dette, ettersom vi har gode og sensitive påvisningsverktøy. I Nordland etableres det nå et stort overvåkningsprosjekt for nettopp for å generere slike data for et viktig oppdrettsområde. I prosjektet, som har fått navnet Nordscreen, samarbeider oppdrettere, fiskehelsetjenester og forskningsinstitusjoner for å overvåke en avgrenset region over flere år. Det er også etablert dialog med Mattilsynet og bransjeorganisasjonen FHL-Havbruk. De genererte data vil kunne brukes til modellering, risikovurdering og identifisering av målrettede tiltak mot spredning. Ved å samle alle ledd i oppdrettsnæringen og bruke nasjonal spisskompetanse, vil vi kunne si noe konkret om helsestatus og risiko i en region.

Forståelse av hvordan spredning av sykdomsorganismer forekommer i oppdrettsnæringen krever omfattende kunnskap om hvert enkelt smittestoff og egenskapene disse har. Det er et stort behov for data til bruk i modellering av spredning. Smittespredning er komplisert, og modellene vil være sterkt påvirket av hvilke data som legges til grunn, og tolkningen av disse.

Vitenskaplige data som genereres av forskningsmiljøene, må diskuteres åpent for å avdekke uenighet og hvilke områder som trenger mer data eller avklaringer. Det må skapes en felles forståelse av hvilke mekanismer som er viktige i spredning av sykdomsorganismer. Tolkningen av ulike data må avklares på faglig grunnlag. Når vi vet hva fagmiljøene er uenige om, kan det opparbeides mer data slik at modellene blir mer robuste.

Vi trenger mer kunnskap om parasitter og sykdommer hos villfisk. Her er data viktige både for å kunne vurdere sykdommer som regulerende faktor i ville bestander, og for å få et bedre grunnlag for å vurdere risiko for smitte mellom vill og oppdrettet fisk.

Det er viktig å etablere hensiktsmessige forvaltningsstrategier for å unngå smitte og bekjempe sykdommer før de spres. Bekjempelsesplanen for pankreassyke er et godt eksempel. Erfaringene fra dette arbeidet bør brukes for å utvikle et effektivt forvaltningsverktøy – også med tanke på fremtidige sykdomsproblemer. Det er viktig å ta stilling til hvordan vi samlet skal forholde oss til en modell som kanskje legger begrensninger på fri ekspansjon i næringen. Prosessen videre betinger et godt samarbeid mellom forskningsmiljøene, næring og forvaltning.

#### **Spreading of Disease in Marine Aquaculture**

In order to develop a sustainable marine aquaculture, we need a better control of the fish disease situation. It is then crucial to understand the different mechanisms and strategies of spreading applied by pathogenic agents, and the balance between the pathogens and their susceptible hosts. The spreading of pathogenic viruses is particularly complicated, and it seems like virus transmission is continuously balancing between vertical and horizontal spreading – as an adaptation to hosts and environmental conditions. Knowledge on each pathogen, its survival potential in the environment, hosts, reservoirs and virulence is therefore crucial in order to estimate risk and take precautions in order to avoid spreading.

Disease management in marine aquaculture is largely based upon distance between farms. Studies of particle transport via water currents have shown that movements may be both rapid, long distanced and unpredictable, and distance between farms may not be as efficient to avoid disease spreading as intended. Risk models have been developed that apply data on disease outbreaks related to distance, management and production practice. The models have been applied to describe the spreading of salmon diseases like Infectious Salmon Anaemia and Pancreas Disease. The National Veterinary Institute and the University of Bergen have somewhat different results and thus different interpretation of data related to disease spreading, and different hypothesis on the relative importance of vertical vs. horizontal spreading. However, new, sensitive diagnostic tools enable us to perform a better diagnostic, revealing potential carriers and the presence of pathogens in environmental samples and water. This brings us closer to a common understanding of disease spreading and improvement of the different models. Success in the development of management model ahead of us relies on a constructive collaboration between the scientific institutes, the different bodies of management and the industry itself.