

Programkonferanse Havbruk 19-21 april 2010

# Modell for slektskapsanalyse for Infeksiøs lakseanemi (ILA) virus

TM Lyngstad<sup>1</sup>, MJ Hjortaa<sup>1</sup>, AB Kristoffersen<sup>1</sup>, E Karlsen<sup>2</sup>, EJ Johansen<sup>2</sup>, CM Jonassen<sup>3</sup>, PA Jansen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Veterinærinstituttet

<sup>2</sup> Mattilsynet

<sup>3</sup> Akershus Universitetssykehus



**Veterinærinstituttet**  
National Veterinary Institute

# Mål

- Koble genetiske og epidemiologiske data fra utbrudd med infeksiøs lakseanemi (ILA) og risikolokaliteter positive for ILA virus
- Bruke slektskap mellom gensekvenser til å teste ulike spredningsveier



Foto: TM Lyngstad

# Data

- Studieperiode: Januar 2007 - august 2009
- Prøver fra ILA utbrudd og lokaliteter i nærheten av ILA utbrudd (risikolokaliteter)
- Epidemiologisk informasjon
- ID og koordinater fra Fiskeridirektoratets register



# Omfang prøveuttak

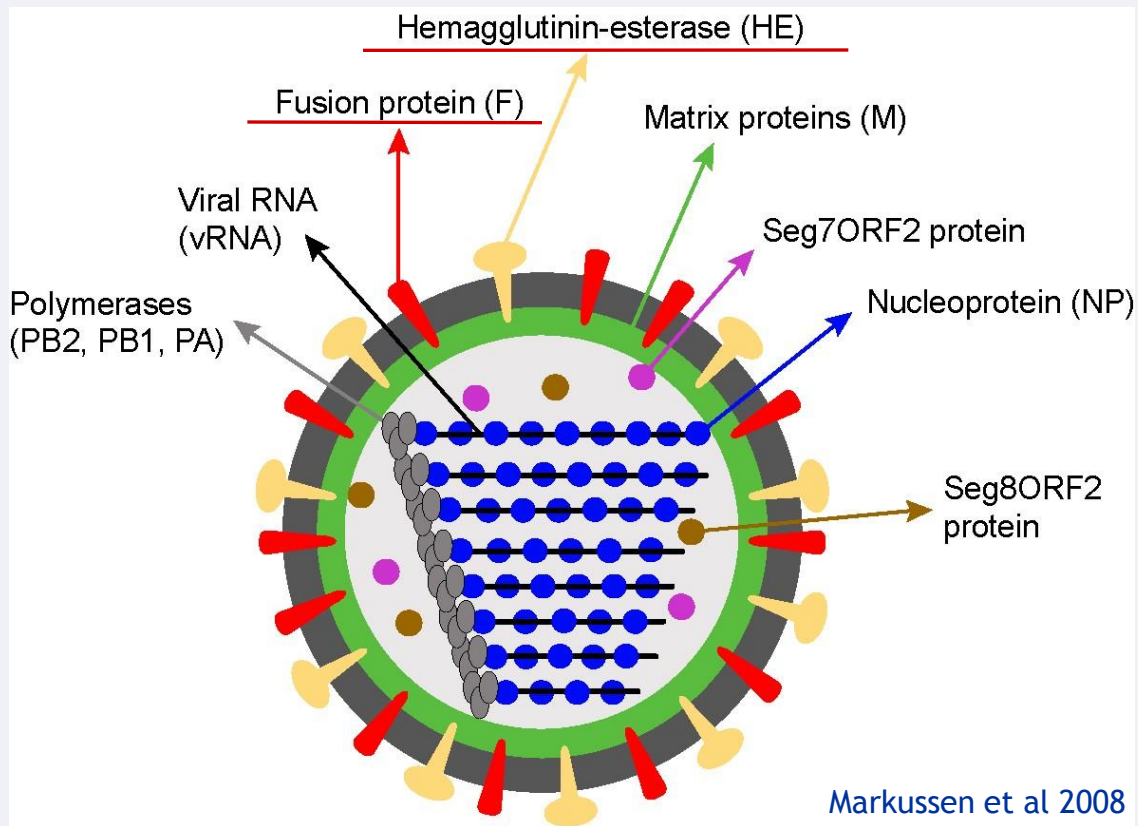
- 30 ILA utbrudds
  - 10 fisk per lokalitet (nyre, noen gjeller)
- 28 Risikolokaliteter
  - 30 fisk per lokalitet (nyre, hjerte, gjeller)



Foto: TM Lyngstad

# Laboratorie undersøkelse

- Real Time RT PCR
- Skjematisk figur ILA virus



- HE genet og Fusjons protein genet ble sekvensert



# Tabulering av data (parvise kombinasjoner mellom lokaliteter)

- Genetisk avstand (Kimura 2)
  - 5' del av HE genet
  - HPR delen av HE genet
  - Fusjonsprotein genet
- Sjøavstand
- Felles driftsoperasjoner
- Felles smoltleverandør
- Antall dager mellom positive prøver



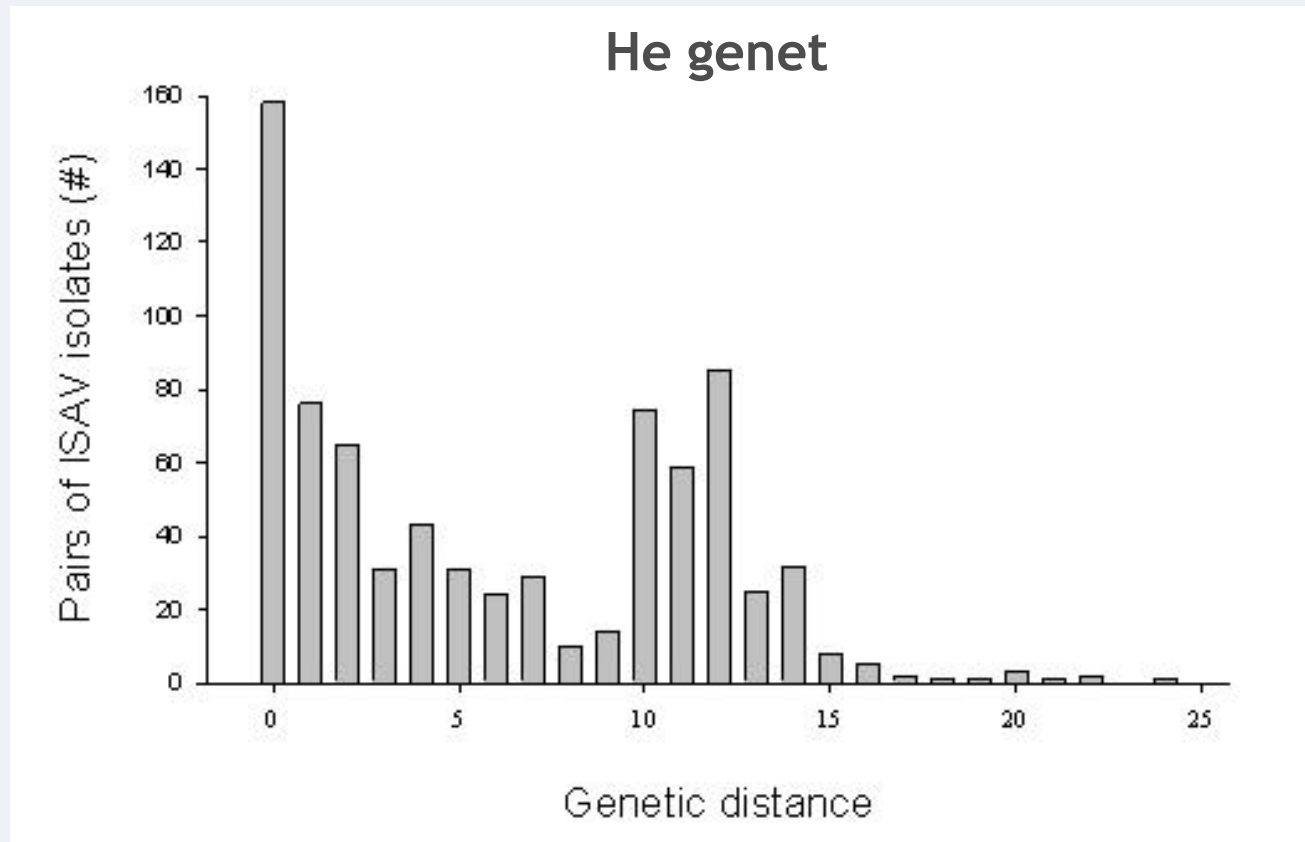
# Analyse av smitteveier

- Samme smittekilde → lignende virus sekvenser
- Tester følgende smitteveier
  - Sjø
  - Drift
  - Opphav



# Slektskapsvariabel (Avhengig variabel)

- Binær variabel (1/0) er konstruert på grunnlag av genetisk avstand He genet, og gyldig HPR delesjon





# Risikofaktorer (Forklaringsvariabler)

- Sjøavstand (km)
- Felles driftsoperasjoner (1/0)
- Felles smoltleverandør (1/0)
- Antall dager mellom positive prøver (dager)



# Analyse - Logistisk regresjon

- Assosiasjon mellom den avhengige variabelen og forklaringsvariablene ble analysert ved hjelp av en logistisk regresjons modell:

$$\text{logit}(p_i) = \beta_0 + \sum_j \beta_j \cdot X_{ij}$$

$p_i$  ~ sannsynlighet for likhet

$\beta_0$  ~ konstantledd

$\beta_j$  ~ stigningstall

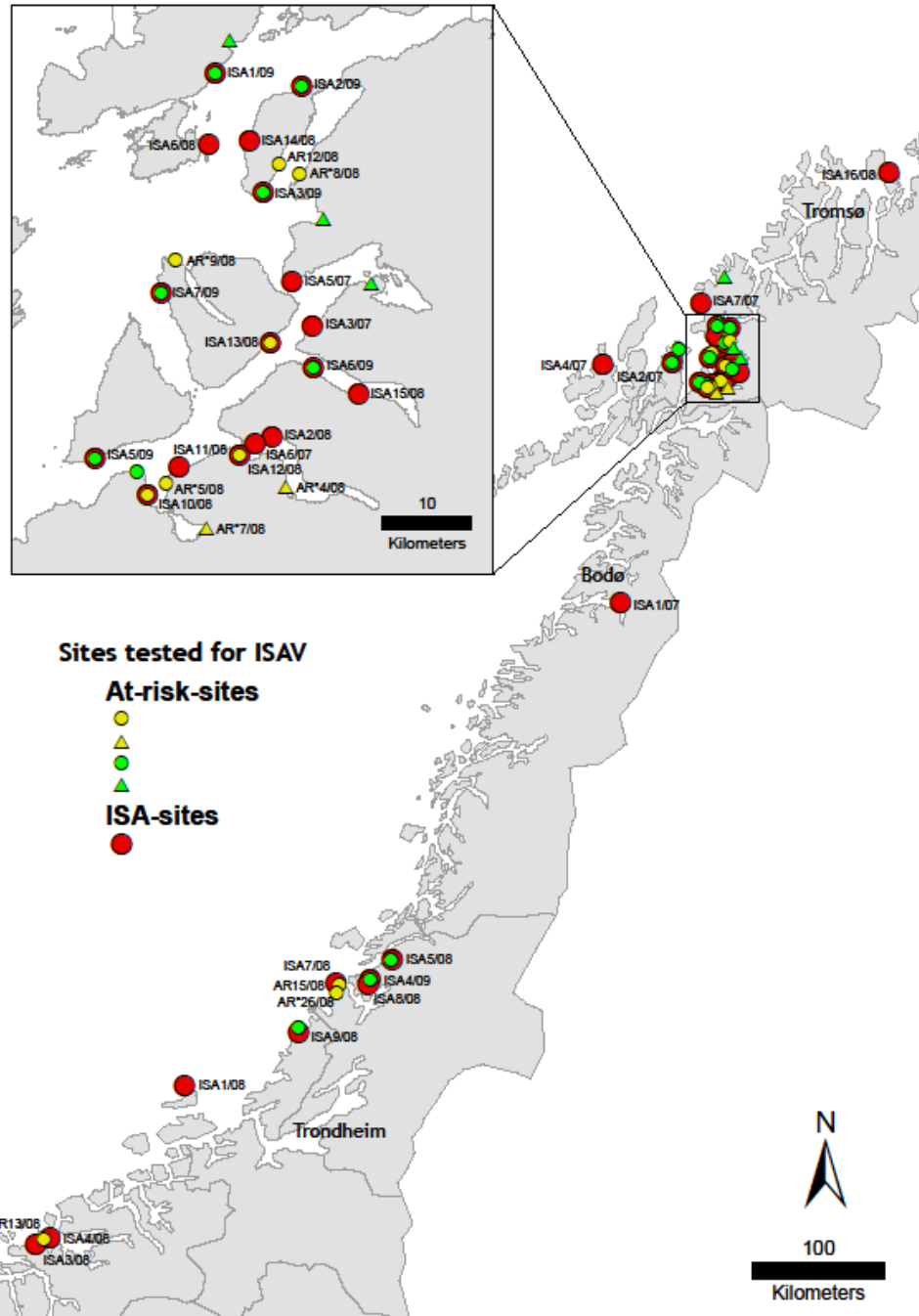
$X_{ij}$  ~ forklaringsvariabel

# Håndtering av avhengige data

- Våre data med par av lokaliteter er ikke uavhengige observasjoner
- Modellens forklaringsgrad og signifikante effekter ble evaluert ved hjelp av bootstrapping (Mantel test)



# Resultat

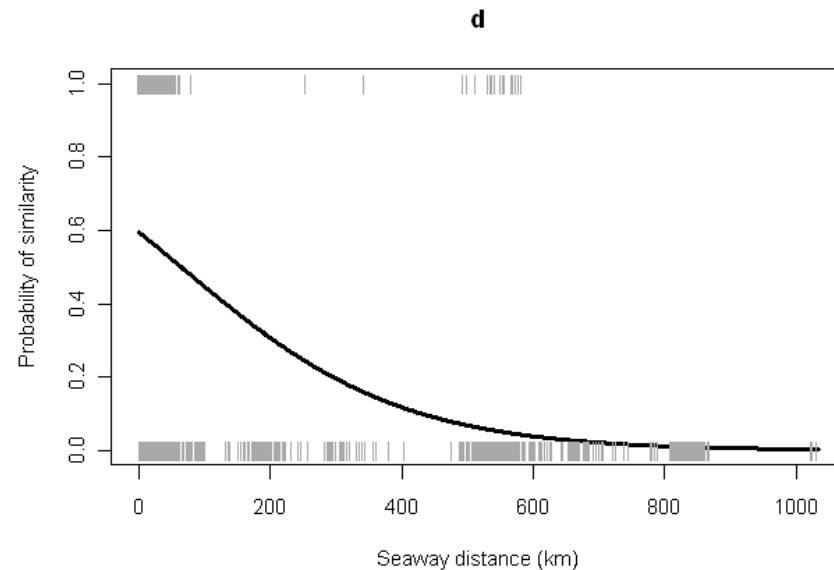
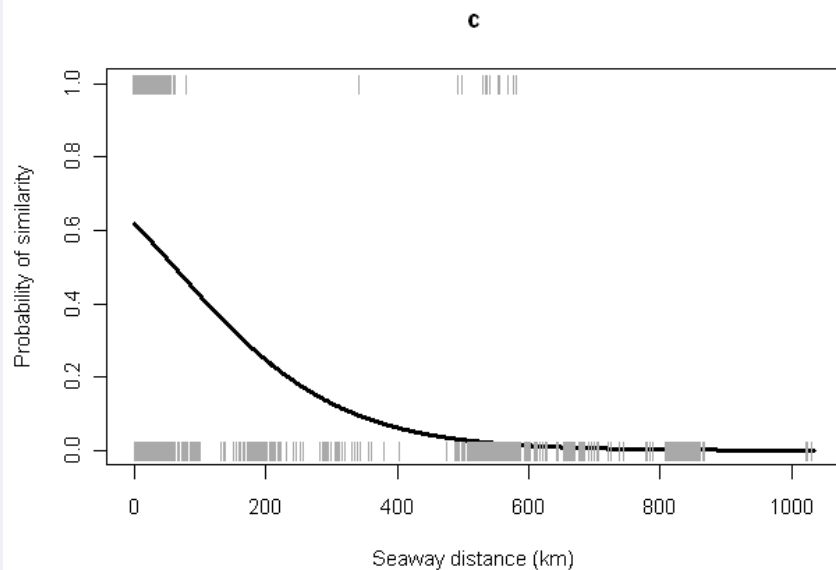
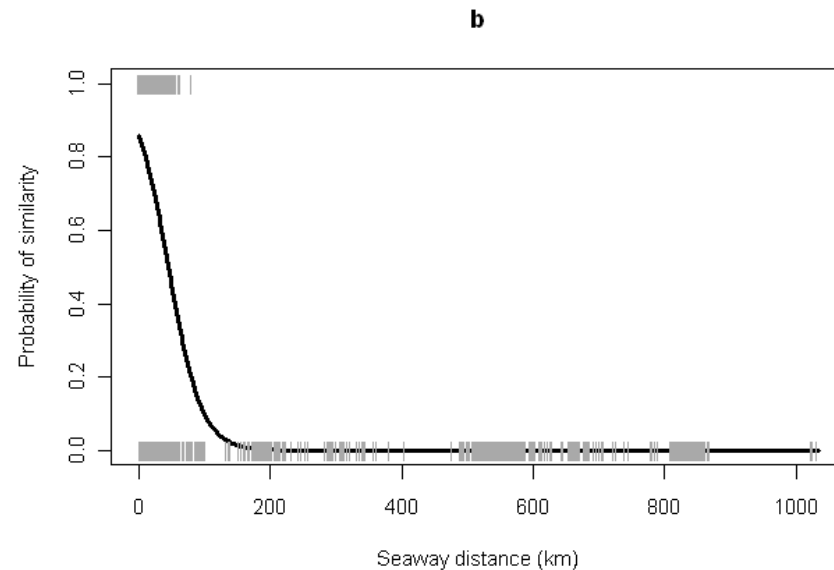
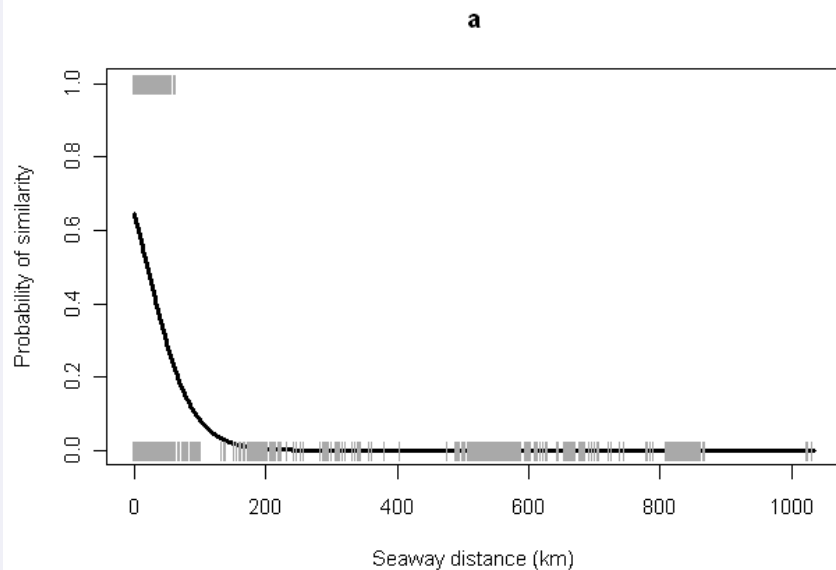


# Univariat analyse

Risikofaktorer (Forklarings- variabler)	Nivå	Ulike n=571	Like n=209	p -verdi	AIC
Sjøavstand (km)	Gjennomsnitt	403	26	<0.001	448
	(5%, 95%)	(20, 844)	(5, 52)		
	$\sigma$	291	15		
Dager mellom positive prøver	Gjennomsnitt	229	260	0.05	907
	(5%, 95%)	(9, 542)	(7, 678)		
	$\sigma$	191	199		
Deler driftsoperasjoner	0	228	45	<0.001	802*
	1	282	148		
Deler settefiskleverandø r	0	463	146	<0.001	805*
	1	47	47		



# Sensitivitet for slektskapskriteriet





# Konklusjon

- Modellen viser at kort sjøavstand har størst forklaringskraft med hensyn til å forutsi slektskap mellom virus
- Forenelig med at ILA virus sprer seg mellom naboanlegg
- Forklarer ikke alle utbrudd



# Takk til

Fiskeri og havbruksnæringens forskningsfond

Forskningsrådet ved Havbruksprogrammet

Mattilsynet for prøvetaking og innsamling av epidemiologisk informasjon

Kaia Haugbro og Elin Trettenes, Veterinærinstituttet Seksjon for virologi og serologi

Samarbeidspartnere: Siri Mjåland (FHI), Niels Jørgen Olesen og S Madsen (Danmark), Peter Østergård og Debes Christiansen (Færøyene), Magne Aldrin (Norsk Regnesentral)

