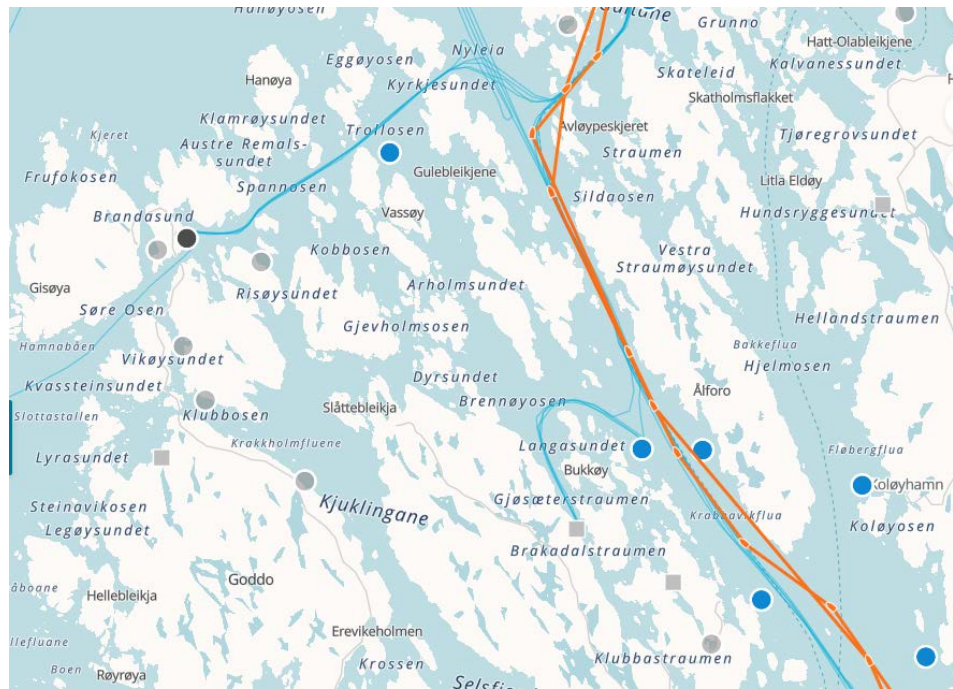


Risiko for PD-smitte relatert til brønnbåtpasseringer og nærhet til slakterier



Notatnr
Forfatter

SAMBA/44/22
Magne Aldrin
Ragnar Bang Huseby
Peder Andreas Jansen

Dato

13. januar 2023

Forfatteren

Magne Aldrin og Ragnar Bang Huseby er ansatt ved Norsk Regnesentral. Peder Andreas Jansen har hovedstilling ved Aqualife R&D og en bistilling ved Norsk Regnesentral

Norsk Regnesentral

Norsk Regnesentral (NR) er en uavhengig, ideell og allmenntilgjengelig privat stiftelse som utfører oppdragsforskning. NR ble etablert i 1952 og har kontorer i Kristen Nygaards hus ved Universitetet i Oslo. Forskningsområdene er statistisk modellering, geomodellering, jordobservasjon, maskinlæring, bildeanalyse, kunstig intelligens, språkteknologi, digital sikkerhet, digital inkludering og digital transformasjon. NR er et av Europas største miljøer innen anvendt statistisk modellering. Instituttet leverer samfunnsnyttige tjenester og skaper nye verdier for kunder og partnere innen et vidt spekter av bransjer: Teknologi og industri, Finans og forsikring, Klima og miljø, Naturressurser, Hav, Helse og Samfunn. Våre oppdragsgivere er privat næringsliv og offentlige virksomheter både i Norge og internasjonalt, EU og Norges forskningsråd. Vår oppgave er å skape forskningsresultater som brukes og synes.

Tittel **Risiko for PD-smitte relatert til
brønnbåtpasseringer og nærhet til
slakterier**

Forfatter **Magne Aldrin** <magne.aldrin@nr.no>
Ragnar Bang Huseby <huseby@nr.no>
Peder Andreas Jansen <aqualife-rd.no>

Dato 13. januar 2023

Publikasjonsnummer SAMBA/44/22

Sammendrag

Vi beregner her i hvilken grad passering av brønnbåter eller nærhet til slakterier øker risikoen for at fisken på et oppdrettsanlegg (lokalitet) blir smittet med PD (pancreas disease). Beregningene gjøres på grunnlag av data fra produksjonsområdene fra 2 til 7 fra starten av 2013 til midten av 2022. Vi bruker så en smittemodell for PD til å etablere sammenheng mellom registrert PD-smitte og ulike smittekilder. Den klart viktigste smittekilden er smitte fra naboanlegg, og 85 % av smittetilfellene tilskrives dette. Videre anslår vi at 12 % av smittetilfellene er relatert til at det var PD på forrige utsett på samme anlegg. Smitte relatert til nærhet til slakteri tilskrives 0,3 % av smittetilfellene. Når det gjelder brønnbåter tilskrives 0,2 % av smittetilfellene passering av brønnbåter og 0,2 % besøk av brønnbåter. Til sammen kan slakterier og brønnbåter tilskrives 0,7 % av smittetilfellene. Øvrige smittekilder utgjør 2,6 %. Det er viktig å redusere risikoen fra alle smittekilder, men når det gjelder PD er det aller viktigst er å hindre smitte mellom oppdrettsanlegg.

Emneord

Målgruppe

Tilgjengelighet Åpen

Prosjekt

Prosjektnummer

Satsningsområde Marine ressurser og helse

Antall sider 17

© Copyright Norsk Regnesentral

Innhold

1	Innledning	5
2	Data	5
3	PD-modellen	7
4	Resultater	9
5	Detaljert modellbeskrivelse og parameterestimer	10
5.1	Model for cohorts infected at stocking	11
5.2	The infection process model	11
5.3	The outbreak process model.	14
	Referanser	17

1 Innledning

Arbeidet som beskrives her er utført av Norsk Regnesentral (NR) på oppdrag fra Sjømat Norge og i samarbeid med Mattilsynet. Hensikten er å bedømme i hvilken grad passering av brønnbåter eller nærhet til slakterier øker risikoen for at fisken på et oppdrettsanlegg (lokalitet) blir smittet med PD (pancreas disease).

Beregningene gjøres på grunnlag av data fra produksjonsområdene (PO) fra 2 til 7 fra starten av 2013 til midten av 2022. De aller fleste PD-tilfeller opptrer i disse PO-ene. For hvert enkelt oppdrettsanlegg i området som har hatt laks eller regnbueørret i denne perioden har vi data som inkluderer informasjon om registrerte PD-tilfeller, brønnbåtlokasjon over tid og beliggenhet til oppdrettsanlegg og slakterier.

Vi bruker så en smittemodell for PD til å etablere sammenheng mellom registrert PD-smitte og ulike smittekilder. Denne smittemodellen er utviklet tidligere (Aldrin et al., 2015; Bang Jensen et al., 2021) og utvidet i dette prosjektet til å omfatte slakterier og brønnbåter.

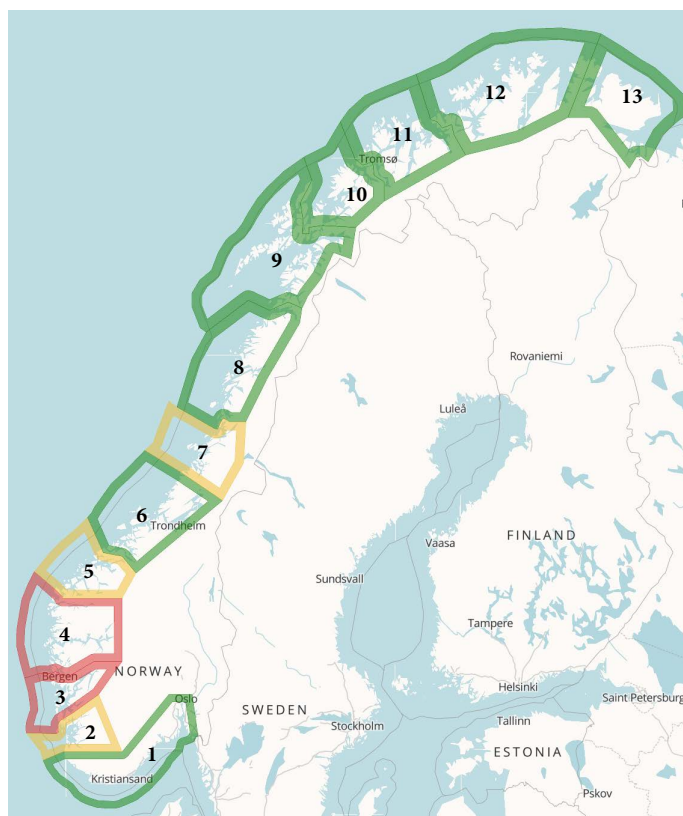
2 Data

Vi bruker data fra starten av 2013 til og med uke 26 i 2022 for alle marine oppdrettsanlegg i PO 2-7 (Figur 1) som har hatt laks eller regnbueørret i denne perioden. De fleste data er åpne og hentet fra Barentswatch (barentswatch.no). Antall fisk og vekt av fisk på anleggene har vi fått tilgang til fra Fiskeridirektoratet.

For hvert enkelt oppdrettsanlegg har vi data for

- beliggenhet og sjøavstand til øvrige anlegg,
- når det er fisk på anlegget, på ukensnivå,
- antall fisk og vekt på fisk på anlegget, på månedsnivå,
- tid for registrert PD (både mistanke og påvist), fordelt på de to virusvariantene SAV2 og SAV3,
- sjøavstand til slakterier,
- sjøavstand til nærmeste passering av hver enkelt brønnbåt, på dagnivå.

I denne perioden har 644 anlegg vært aktive i i de aktuelle produksjonsområdene (dvs. de har hatt fisk i anlegget), og i en gjennomsnittlig uke er det 341 aktive anlegg. Det er tilsammen 2907 fiskekohorter, dvs. perioder fra fisk er satt ut på et



Figur 1. Oversikt over produksjonsområdene i Norge. Kart lastet ned fra barentswatch.no.

anlegg til fisken er fjernet. Av disse er 48 % kortere enn 16 måneder i sjøen, så en god del av kohortene består trolig av fisk som er flyttet fra et annet anlegg, mens noen kohorter trolig er satt ut som storsmolt og er kortere i sjøen av den grunn. Vi har ikke nøyaktige opplysninger om dette, men vi vil bruke betegnelsen “fisk flyttet fra annet anlegg” på kohorter som har startvekt større enn 250 gram, selv om en del av dette trolig vil være fisk satt ut som storsmolt.

I dataperioden har også 54 slakterier med ventemerid i sjø har vært i virksomhet, men ikke alle i hele perioden. Det finnes i tillegg noen få slakterier uten ventemerid i sjø, men disse er ikke inkludert i vårt datasett.

Brønnbåtenes posisjon ved ulike tidspunkter er registret i Barentswatch, og vi har for hver dag beregnet minste avstand mellom hvert enkelt oppdrettsanlegg og hvert enkelt slakteri. Totalt har 102 brønnbåter vært i nærheten av ett eller flere av anleggene i PO 2-7 i dataperioden. Hvis en brønnbåt har vært nærmere enn 500 meter fra et oppdrettsanlegg regner vi det som et besøk på anlegget, og hvis ikke regner vi det som en passering med en gitt avstand.

Videre har det vært 1283 registrerte PD-tilfeller, inkludert både påviste tilfeller og der det kun er registrert mistanke om PD. Til og med november 2019 har vi (fra tidligere arbeid) oversikt over hvilke tilfeller som er registrert som SAV2 og hvilke

som er registrert som SAV3. Fra 2013 til november 2019 er 93 % av PD-tilfellene sør for 62. breddegrad klassifisert som SAV3, men 97 % av tilfellene nord for dette er klassifisert som SAV2. Etter november 2019 har vi derfor antatt at tilfeller sør for 62 breddegrad skyldes SAV3, og at tilfeller nord for dette skyldes SAV2.

Figur 2 viser et eksempel på brønnbåtruter og plassering av oppdrettanlegg og slakterier.



Figur 2. Eksempel på oppdrettsanlegg (blå sirkler), slakteri (svart sirkel) og brønnbåtruter (blå og oransje linjer) i uke 3 2022. Kart lastet ned fra barentswatch.no.

3 PD-modellen

Som arbeidsredskap vil vi bruke en spredningsmodell for PD. Den er utviklet over tid i samarbeid med Veterinærinstituttet. PD-modellen er opprinnelig publisert i tidsskriftet Preventive Veterinary Medicine i 2015 (Aldrin et al., 2015), og seinere utvidet og oppdatert på nye data (Bang Jensen et al., 2021). Den har også blitt brukt til scenariosimulering for å beregne effekt av tiltak mot PD (Pettersen et al., 2016).

Det er to varianter av PD, forårsaket av virusvariantene SAV2 og SAV3. Vi behandler dette som to uavhengige epidemier, og modellerer hver av dem med vår

PD-modell. PD-modellen dekker i utgangspunktet alle marine oppdrettsanlegg i Norge som har laks eller regnbueørrett, men vi har i dette prosjektet begrenset oss til anlegg i PO 2-7 hvor de aller fleste PD-tilfeller finnes. Modellen er på anleggsnivå, og består av en smitteprosess og en utbruddsprosess (Figur 3). Et oppdrettsanlegg kan bli smittet på ulike måter, og vi opererer med åtte mulige smittekilder

- Fisk allerede smittet ved utsett
- Fisk flyttet fra annet anlegg og smittet i forkant
- Smitte fra naboanlegg med PD
- PD på forrige fiskegruppe på anlegget
- Slakteri med ventemerde
- Passering av brønnbåt
- Besøk av brønnbåt (avstand mindre enn 500 meter)
- Ikke-spesifiserte kilder

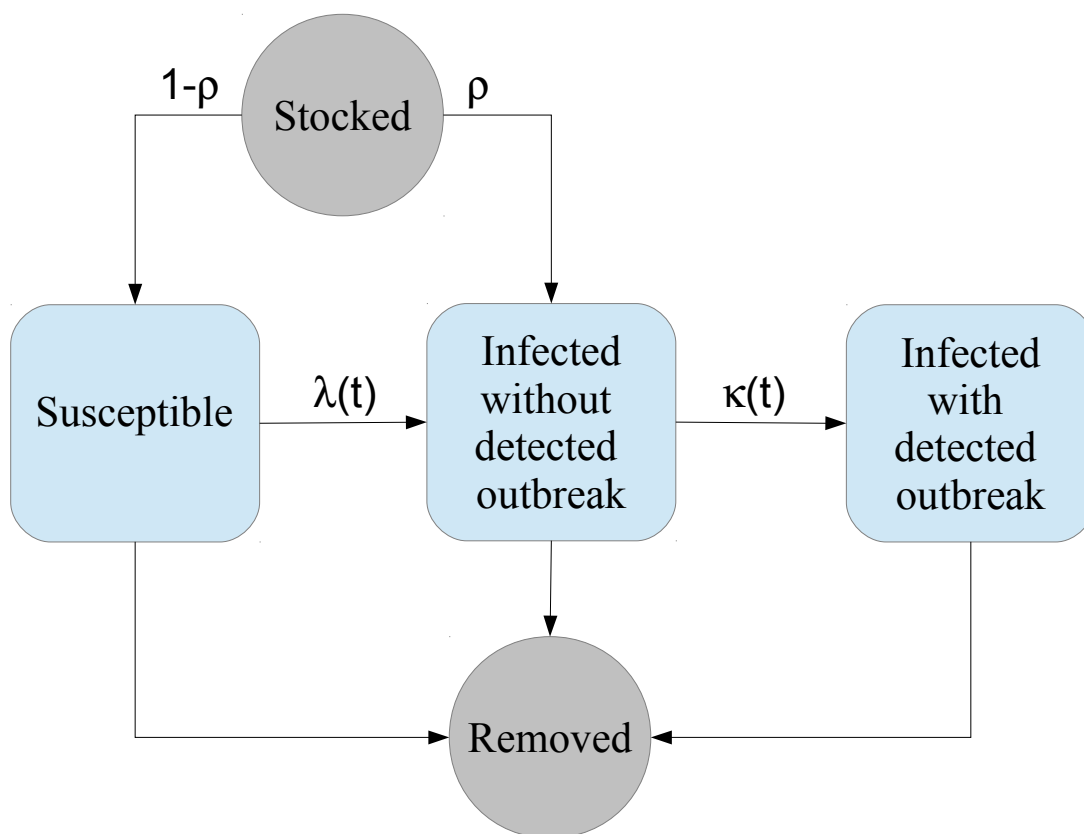
Smitterisikoen som tilskrives de to første av disse smittekildene er symbolisert med ρ i Figur 3, mens smitterisikoen som tilskrives de øvrige smittekilder inntrer etter utsett og varierer over tid og er symbolisert ved $\lambda(t)$ i figuren.

Vi har ikke direkte oversikt over fisk som er flyttet fra ett anlegg til et annet, og vi baserer oss i stedet på vekt av fisken første uke i sjø. Hvis det er over 250 gram definerer vi det som fisk flyttet fra et annet anlegg.

Ikke-spesifiserte kilder er en type bakgrunnsmitte som vi ikke har noen klar forklaring av, men en slik kilde kan f.eks. være smittet villfisk.

Sannsynligheten for smitte mellom naboanlegg øker med synkende sjøavstand mellom anleggene. Videre vil sannsynlighet for smitte fra slakterier eller brønnbøter også øke med synkende sjøavstand til disse. Etter at et anlegg først er smittet, vil graden av smitte (fortolket som total virusmengde eller andel av fisk som er smittet) typisk øke en stund, men kan deretter synke igjen etter å ha nådd en topp. Hvor raskt smitteutviklinga går avhenger av tid på året (sjøtemperatur). PD-smitte kan føre til et klinisk utbrudd som registreres. PD-smitte kan også oppdages ved PCR-testing. Sannsynligheten for at eksisterende PD-smitte blir registrert (symbolisert med $\kappa(t)$ i Figur 3) øker med grad av smitte, men sannsynligheten er i tillegg høyere etter september 2017 fordi jevnlig PCR-testing har vært påbudt siden den gang.

Modellen estimeres ut fra de tilgjengelige data. Selve smittetidspunktene er ikke registrert, kun tid for registrert PD-tilfelle, som er etter smittetidspunktet.



Figur 3. Oversikt over PD-modellen internt for et anlegg.

4 Resultater

Ut fra dataene og PD-modellen har vi beregnet en relativ viktighet av hver smittekilde, oppsummert i Tabell 1. Beregningene er selvsagt usikre, men om vi ser bort fra usikkerheten kan resultatene fortolkes slik: Av alle smittetilfeller tilskrives 0,2 % til at fisken er smittet når den settes ut, mens 1,7 % tilskrives fisk som er flyttet fra et annet anlegg og som allerede er smittet når den flyttes. Den klart viktigste smittekilden er smitte fra naboanlegg, og 84,8 % av smittetilfellene tilskrives dette. Videre anslår vi at 12,0 % av smittetilfellene er relatert til at det var PD på forrige utsett på samme anlegg. Dette kan skyldes at det er gjenværende virus i nærheten av anlegget eller at noen enkeltanlegg har spesielt stor smitterisiko og dermed får PD ofte, og at årsaken likevel er smitte fra naboanlegg. Smitte relatert til nærhet til slakteri tilskrives 0,3 % av smittetilfellene. Når det gjelder brønnbåter tilskrives 0,2 % av smittetilfellene passering av brønnbåter og 0,2 % besøk av brønnbåter. Til sist står ikke-spesifiserte kilder for 0,7 % av smittetilfellene. Til sammen kan slakterier og brønnbåter tilskrives 0,7 % av smittetilfellene. Det er viktig å redusere risikoen fra alle smittekilder, men når det gjelder PD er det aller viktigst er å hindre smitte mellom oppdrettsanlegg.

Tabell 1. Relativ viktighet av hver smittekilde angitt i %, med 95 % usikkerhetsintervall.

Smittekilde	Estimat	95 %
		usikkerhetsintervall
Er smittet ved utsett	0,2	0,0 - 0,6
Fisk flyttet fra annet anlegg	1,7	0,8 - 2,7
Smittet naboanlegg	85,0	82,4 - 87,3
Tidligere smitte på samme anlegg	12,0	9,6 - 14,2
Slakteri	0,3	0,0 - 1,0
Passering av brønnbåt	0,2	0,0 - 0,6
Besøk av brønnbåt	0,2	0,0 - 0,5
Ikke-spesifiserte kilder	0,7	0,2 - 1,5

For å anskueliggjøre smitterisiko fra brønnbåter og slakterier i forhold til smitterisiko fra oppdrettsanlegg har vi beregnet følgende: Et *tilfeldig* oppdrettsanlegg 3 km unna utgjør dette samme smittefare som

- 54 slakterier 3 km unna,
- 330 brønnbåtpasseringer 3 km unna,
- 28 besøk av brønnbåt,

Videre har vi beregnet at hvis det er et *smittet* anlegg 3 km unna utgjør samme smittefare som

- 140 slakterier 3 km unna,
- 860 brønnbåtpasseringer 3 km unna,
- 73 besøk av brønnbåt.

Estimater av alle modellparametre er gitt i kapittel 5.

5 Detaljert modellbeskrivelse og parameterestimer

Vi presenter her en komprimert, teknisk beskrivelse av modellen. Det er en modifisert versjon av beskrivelsen i Aldrin et al. (2015), og vi tillater oss da å skrive på engelsk.

5.1 Model for cohorts infected at stocking

We assume that there is a probability ρ for a cohort already being infected when it is stocked, and where $\rho = \rho_r$ for a relocated cohort and $\rho = \rho_o$ for an ordinary cohort.

5.2 The infection process model

A key concept in the infection process model is the infection rate $\lambda_i(t)$ for a given susceptible fish cohort i at a given time t . The total infection rate for fish cohort i at time t has the following additive-multiplicative structure

$$\lambda_i(t) = \delta_i^{sus}(\tau) \cdot \lambda_b(t) \cdot \lambda_{ix}(t) \cdot [\lambda_i^d(t) + \lambda_i^p(t) + \lambda_i^s(t) + \lambda_i^{pw}(t) + \lambda_i^{vw}(t) + \lambda_i^o(t)]. \quad (1)$$

The three multiplicative factors in Eq. (1) are: i) $\delta_i^{sus}(\tau)$, an at-risk indicator being 1 when fish cohort i is susceptible and 0 otherwise ($\delta_i^{sus}(\tau) = 1$ if $\delta_i^{sto} = \delta_i^{inf} = 0$ or if $\delta_i^{sto} = 0, \delta_i^{inf} = 1$ and $t < t_i^{inf}$); ii) $\lambda_b(t)$, a time-varying proportionality factor common for all fish cohorts, called the baseline hazard (more details are given below); and iii) $\lambda_{ix}(t)$, a factor proportional to the susceptibility of fish cohort i and functionally related to explanatory variables x (more details are given below).

The six additive terms in Eq. (1) represent alternative transmission pathways: i) $\lambda_i^d(t)$, the relative rate of infection from infectious fish cohorts in the neighbourhood, depending on *distance* to infected fish cohorts; ii) $\lambda_i^p(t)$, the relative rate of infection from *previous* infected fish cohorts at the same fish farm i ; iii) $\lambda_i^s(t)$, the relative rate of infection from *slaughterhouses*; iv) $\lambda_i^{pw}(t)$, the relative rate of infection from *passing wellboats*; v) $\lambda_i^{vw}(t)$, the relative rate of infection from *visiting wellboats*; and vi) $\lambda_i^o(t)$, the relative rate of infection via *other*, non-specified, pathways.

The transmission pathways and expressions for the baseline hazard, cohort susceptibility and cohort infectiousness are presented in more detail in the following sections.

Infection from neighbouring farms This component represents transmission from neighbourhood cohorts such that the risk of infection is related to the seaway distances to the surrounding infectious cohorts. The neighbourhood component can be broken down into the sum of contributions from each cohort j , denoted $\lambda_{ij}^d(t)$, such that $\lambda_i^d(t) = \sum_{j \neq i} \lambda_{ij}^d(t)$. The contribution from cohort j is modelled as

$$\lambda_{ij}^d(t) = \phi \cdot \exp(-\phi \cdot d_{ij}^\alpha / \alpha) \cdot \lambda_{jz}(t) \cdot I_j(t), \quad (2)$$

where: i) d_{ij} is the seaway distance between fish cohorts i and j ; ii) ϕ and α are parameters that express the effect of the seaway distance for the risk of infection; iii) $\lambda_{jz}(t)$ is a factor proportional to the infectiousness of fish cohort j , and functionally related to explanatory variables z (more details are given below); and iv) $I_j(t)$ represents the relative infectiousness of a neighbourhood cohort j at time t . This can be interpreted as the proportion of fish infected. $I_j(t)$ is exactly zero when cohort j is non-infectious and positive when cohort j is infectious. It is modelled by an internal SIR model described below.

Previous infected cohorts Transmission from a previous infected fish cohort is modelled as

$$\lambda_i^p(t) = \zeta^p \cdot \delta_i^{prev}, \quad (3)$$

where δ_i^{prev} is an indicator variable being 1 if a previous fish cohort at the same farm i was infectious at most six months prior to stocking of the current fish cohort and 0 otherwise. The parameter ζ^p expresses the effect of previous infected cohorts.

Infection from slaughterhouses This component, $\lambda_i^s(t)$, represents transmission from slaughterhouses. It can be broken down into the sum of contributions from each slaughterhouse j , denoted $\lambda_{ij}^s(t)$, such that $\lambda_i^s(t) = \sum_j \lambda_{ij}^s(t)$. The contribution from slaughterhouse j is modelled as

$$\lambda_{ij}^s(t) = \zeta^s \cdot \exp(-\phi \cdot d_{ij}^\alpha / \alpha) \cdot I_j^s(t), \quad (4)$$

where $I_j^s(t)$ is 1 when the j -th slaughterhouse is active and 0 otherwise, d_{ij} is the seaway distance to the j -th slaughterhouse, and the parameter ζ^s expresses the effect of slaughterhouses.

Infection from passing wellboats This component, $\lambda_i^{pw}(t)$, represents transmission from passing wellboats. It can be broken down into the sum of contributions from each wellboat j , denoted $\lambda_{ij}^{pw}(t)$, such that $\lambda_i^{pw}(t) = \sum_j \lambda_{ij}^{pw}(t)$. The contribution from wellboat j is modelled as

$$\lambda_{ij}^{pw}(t) = \zeta^{pw} \cdot \exp(-\phi \cdot (d_{ij}(t))^\alpha / \alpha) \cdot I_j^{pw}(t), \quad (5)$$

where $I_j^s(t)$ is 1 when the j -th wellboat is active (its position is registered) and 0 otherwise, $d_{ij}(t)$ is the shortest seaway distance to the j -th wellboat during a day at time t and where the parameter ζ^{pw} expresses the effect of passing wellboats.

Infection from visiting wellboats This component, $\lambda_i^{vw}(t)$, represents transmission from visiting wellboats. It can be broken down into the sum of contributions from each visiting wellboat j , denoted $\lambda_{ij}^{vw}(t)$, such that $\lambda_i^{vw}(t) = \sum_j \lambda_{ij}^{vw}(t)$. The contribution from visiting wellboat j is modelled as

$$\lambda_{ij}^{vw}(t) = \zeta^{vw} \cdot I_{ij}^{vw}(t), \quad (6)$$

where $I_{ij}^{vw}(t)$ is 1 when the j -th wellboat is visiting the farm during a day at time t and 0 otherwise, and where the parameter ζ^{vw} expresses the effect of visiting wellboats.

Other transmission pathways Finally, transmission via other pathways accounts for all other potential sources of infection. Such unspecified transmission is assumed to be constant in time and space in the present application *i.e.*

$$\lambda_i^o(t) = \theta_0, \quad (7)$$

where θ_0 is a non-negative parameter.

Baseline hazard, susceptibility, and infectiousness The baseline hazard $\lambda_b(t)$ is currently modelled as

$$\lambda_b(t) = \exp(\psi_0 + \psi_1 \cdot l(t)). \quad (8)$$

where l is a linear function increasing from -1 to 1 during the data period, and the ψ_k -s are parameters.

The susceptibility factor $\lambda_{ix}(t)$ is modelled as

$$\lambda_{ix}(t) = \exp(\beta^n x_i^n(t) + \beta^w x_i^w(t)). \quad (9)$$

Here, $x_i^n(t) = \log(n_i(t) - \overline{\log(n)})$, where $n_i(t)$ is the number of fish in cohort i in month t , and $\overline{\log(n)}$ is the mean of $\log(n_i(t))$ taken over all cohorts and months. Likewise, $x_i^w(t) = \log(w_i(t) - \overline{\log(w)})$, where $w_i(t)$ is the mean weight of fish in cohort i in month t , and $\overline{\log(w)}$ is the mean of $\log(w_i(t))$.

The infectiousness factor $\lambda_{jz}(t)$ is modelled as

$$\lambda_{jz}(t) = \exp(\tau^n z_j^n(t) + \tau^w z_j^w(t)), \quad (10)$$

where $z_j^n(t) = x_j^n(t)$ and $z_j^w(t) = x_j^w(t)$, *i.e.* the same variables that were included in the susceptibility factor.

Modelling $I_j(t)$ by an SIR model To mimic the propagation of infection within cohorts consisting of large numbers of individual fish, we assume that the cohort-internal epidemic follows an SIR model. Thus, at time t a fish can be either susceptible, infected, or recovered. We let $S_j(t)$, $I_j(t)$ and $R_j(t)$ denote the proportions of susceptible, infected and recovered fish in cohort j at time t , where $I_j(t)$ is included in Eqs. (2). Then

$$S_j(t) + I_j(t) + R_j(t) = 1. \quad (11)$$

At the time cohort j becomes infected, $I_j(t) = I_0$ and $S_j(t) = 1 - I_0$, where I_0 is a constant parameter. An SIR model is usually defined by a set of differential equations in continuous time, but this is computationally demanding since it involves integration. Instead, we evaluate the process states at discrete, monthly time steps, and interpolate $I_j(t)$ at intermediate time points to derive a continuous process. Thus, starting at time $t = t_j^{inf}$ with $I_j(t_j^{inf}) = I_0$, future proportions of susceptible and infected fish are first calculated at a set of discrete time points by

$$S_j(t+1) = -\eta_j(t') \cdot I_j(t) \cdot S_j(t), \quad (12)$$

$$I_j(t+1) = \eta_j(t') \cdot I_j(t) \cdot S_j(t) - \nu \cdot I_j(t), \quad (13)$$

where the time unit is month. The proportions of infected fish at intermediate times $t < t' < t+1$ are further given by $I_j(t') = [1 - (t' - t)]I_j(t) + (t' - t)I_j(t+1)$. In an ordinary SIR model, both the transmission rate η and the recovery rate ν are assumed to be constant, but here we use a more flexible version and let η vary both in time and between cohorts, and evaluate it at the midpoint t' between t and $t+1$, i.e. $t' = t + 1/2$. The model for η is

$$\text{logit}(\eta_j(t')/10) = \eta_0^{S2} + \eta_{s1}^{S2} \sin(2\pi Y(t')) + \eta_{c1}^{S2} \cos(2\pi Y(t')) \quad (14)$$

$$+ \eta_{s2}^{S2} \sin(4\pi Y(t')) + \eta_{c2}^{S2} \cos(4\pi Y(t')), \quad (15)$$

where the η -s are parameters.

5.3 The outbreak process model

Similar to the transmission model, the key concept in the modelling of detected outbreaks is the outbreak rate for a given infected fish cohort at time t , or more precisely, the rate of a PD infection being registered. We therefore assume that the outbreak rate is proportional to the proportion of infected fish $I_i(t)$ modelled by Eq. (13), which was termed the relative infectiousness in Eqs. (2). Let $\kappa_i(t)$ denote the outbreak rate for a fish cohort i at time t , which is given by

$$\kappa_i(t) = \exp(\kappa_0) \cdot I_i(t), \quad (16)$$

where κ_0 is a parameter common for all cohorts, and $\kappa_0 = \kappa_{early}$ before October 2017 and $\kappa_0 = \kappa_{late}$ from October 2017 and further on.

The parameter estimates are given in Table 2, and estimates of some interesting derived quantities are given in Table 3.

Tabell 2. Parameter estimates with 95 % credibility intervals . The parameters θ_1 and ξ are defined in the Supplementary Material to Aldrin et al. (2015)

Parameter description	Parameter symbol	Posterior mean	95 % C.I. lower	95 % C.I. upper
$P(\text{infected at stocking})$	ρ_o	0.0014	1e-04	0.0039
$P(\text{infected at stocking relocated})$	ρ_r	0.0122	0.0052	0.0214
Distance effect	ϕ	0.8922	0.732	1.0191
Distance transformation	α	0.2414	0.1935	0.308
Effect of previously infected cohorts	ζ^p	0.0027	5e-04	0.008
Effect of slaughter houses	ζ^s	0.0058	3e-04	0.0179
Effect of well boat passes	ζ^{pw}	9e-04	3.1e-05	0.0031
Effect of well boat visits	ζ^{vw}	1e-04	2e-06	4e-04
Effect of other sources	θ_0	9.7e-06	3.1e-07	3.8e-05
Log baseline hazard intercept	ψ_0	2.8238	1.4477	4.1328
Log baseline coef. time	ψ_1	-0.4762	-0.6379	-0.3286
Log susceptibility coef. log number of fish	β^n	0.0979	0.0199	0.188
Log susceptibility coef. log weight of fish	β^w	0.5815	0.4825	0.6852
Log infectiousness coef. log number of fish	τ^n	2.1404	1.6944	2.4999
Log infectiousness coef. log weight of fish	τ^w	-0.2905	-0.6217	0.1323
Initial proportion of infection in SIR	I_0	0.3982	0.2486	0.5705
Recovery rate in SIR	ν	0.3474	0.3019	0.3911
Logit transmission rate in SIR, intercept	η_0	-2.0075	-2.5952	-1.3395
Logit transmission rate in SIR, seasonal coef.	η_{s1}	0.3788	-0.1471	1.0063
Logit transmission rate in SIR, seasonal coef.	η_{e1}	-1.2179	-2.0181	-0.6681
Logit transmission rate in SIR, seasonal coef.	η_{s2}	-0.1593	-0.825	0.642
Logit transmission rate in SIR, seasonal coef.	η_{e2}	1.0071	0.4437	1.6582
Log outbreak rate intercept to 09/17	κ_{early}	-1.4509	-1.6252	-1.2929
Log outbreak rate intercept from 10/17	κ_{late}	0.3267	0.1296	0.5623
Used in initialisation	θ_1	4.6e-06	7.3e-08	2.1e-05
Used in initialisation	ξ	0.0787	0.0023	0.276

Tabell 3. Estimates of selected derived quantities.

Description	Posterior mean	95 % C.I. lower	95 % C.I. upper
Average number of months from infection to outbreak to 09/17	3.0	2.6	3.4
Average number of months from infection to outbreak from 10/17	1.7	1.3	2.0
Percent infected cohorts (SAV2, SAV3 or both)	59.85	57.91	61.98
Percent of cohorts infected with SAV2	22.7	21.75	23.74
Percent of cohorts infected with SAV3	37.69	36.27	39.19
Percent of infections without outbreak	26.7	24.22	29.3
Average number of months from infection to outbreak	2.29	1.99	2.62

Referanser

Aldrin, M., Huseby, R. og Jansen, P. (2015). Space-time modelling of the spread of pancreas disease (pd) within and between norwegian marine salmonid farms. *Prev. Vet. Med.*, 121:132–141.

Bang Jensen, B., Dean, K., Huseby, R., Aldrin, M. og Qviller, L. (2021). Realtime case study simulations of transmission of pancreas disease (pd) in norwegian salmonid farming for disease control purposes. *epidemics*, 37:100502.

Pettersen, J., Brynildsrud, O., Huseby, R., Rich, K., Aunsmo, A., Jensen, B. og Aldrin, M. (2016). The epidemiological and economic effects from systematic depopulation of norwegian marine salmon farms infected with pancreas disease virus. *Prev. Vet. Med.*, 132:113–124.