



CWD forekomst på Hardangervidda etter jakt 2022

Veterinærinstituttet, 25.10.2022

Tester og villreinbestand

Det er totalt testet 1251 villrein på Hardangervidda i 2022 (pr. 17.10). Det er testet flest simler, med en andel på 51%, deretter bukker, 34%, og minst ungdyr, 15%. I forhold til estimert antall dyr i bestanden ble 38 % av voksne bukker, 22 % av voksne simler og 14 % av ungdyrene testet i jaktuttaket i 2022.

En voksen simle har testet positivt. Simla kom fra Austre Vollane, Vinje kommune, Villreinområde Hardangervidda. Prøven ble tatt ut 27.9.2022, og CWD diagnosen satt 6.10.2022.

Tabell 1 og 2 viser henholdsvis antall villrein testet fra Hardangervidda i 2022, pr. 17.10, og estimert bestandsstørrelse før jakta 2022.

Tabell 1. Registrert antall villrein testet fra Hardangervidda i 2022, per 17.10.2022. I tillegg ble det registrert 10 kalver testet, og 14 prøver som uegnet til testing. Dyr testet med ukjent kjønn/alderskategori er fordelt med samme fordeling som fra dyr testet der denne informasjonen var registrert. (RLN=Retropharyngeal Lymph Node)

| Kjønn og alderskategori | Antall testa totalt | Antall testa med RLN | Ekstra antall testa fordelt fra «Ukjent» | Ekstra antall testa med RLN fordelt fra «Ukjent» | Antatt antall testa | Antatt antall testa med RLN |
|-------------------------|---------------------|----------------------|------------------------------------------|--------------------------------------------------|---------------------|-----------------------------|
| Voksen bukk | 378 | 313 | 46 | 33 | 424 | 346 |
| Voksen simle | 570 | 437 | 70 | 50 | 640 | 487 |
| Ungdyr | 166 | 122 | 21 | 14 | 187 | 136 |
| Ukjent | 137 | 97 | - | - | - | - |
| SUM | 1251 | 969 | 137 | 97 | 1251 | 969 |

Tabell 2. Estimert bestandsstørrelse før jakta 2022. Standardavvikene er avrundet oppover.

| Kategori | Antall dyr | |
|--------------|--------------|---------------|
| | Gjennomsnitt | Standardavvik |
| Voksen bukk | 1113 | 50 |
| Voksen simle | 2916 | 50 |
| Ungdyr | 1359 | 40 |
| SUM | 5388 | |

Estimert gjenværende infeksjon med CWD-prion hos villrein på Hardangervidda

Antall gjenværende CWD-infiserte dyr i bestanden etter jaktuttaket er estimert for ungdyr, simler og bukker hver for seg, og summert til totalt antall smitta dyr. Estimatenes presenteres i form av sannsynlighet for 0, 1-4, 5-10 eller flere enn 10 smitta dyr.

Modellen som er brukt forsøker å ta hensyn til usikkerheten som kommer av at vi ikke tester alle dyrene i bestanden, at testen ikke er perfekt, og at vi er usikre på nøyaktig antall bukker, simler og ungdyr i bestanden. I tillegg forsøker den å ta hensyn til kunnskapen vi har fra tidligere undersøkelser, og usikkerheten rundt utvikling av smittesituasjonen med tid, gjennom en prior prevalensfordeling. Den forutsetter at prevalensen (andelen smitta individer) hos bukk er to og tre ganger høyere enn hos henholdsvis simle og ungdyr. Modellen er kjørt med tre varianter der styrken på denne sammenhengen varierer. Vi viser varianten som er mest forenlig med biologien i hovedteksten (2022_F1_stok). De andre variantene er beskrevet i Metodiske detaljer (Appendix).

Resultatene er vist i Figurene 1-3 og Tabell 3, der de er sammenlignet med 2021-estimatene. Årets resultater for estimert totalt antall smitta dyr er i tillegg vist i Figur 4.

Resultatene tyder på at det fremdeles er mest sannsynlig 1- 4 smitta villrein igjen på Hardangervidda etter jakten 2022.

Estimert sannsynlighet for at det ikke er noen smitta villrein på Hardangervidda er redusert i forhold til estimatet etter jakten 2021 (fra 28 % til 9 % under gitte forutsetninger).

Estimert sannsynlighet for at det er 5 smitta villrein eller fler på Hardangervidda er økt i forhold til estimatet etter jakten 2021 (fra 18 % til 28 % under gitte forutsetninger).

Sannsynligheten for gjenværende smitte er trolig høyest hos bukk, deretter simle, så ungdyr, men dette avhenger av antagelsen om at prevalensen hos bukk i gjennomsnitt er dobbelt så høy som hos simle. Etter jakten 2021 var sannsynlighetsestimaten for smitte høyere hos simle enn hos bukk.

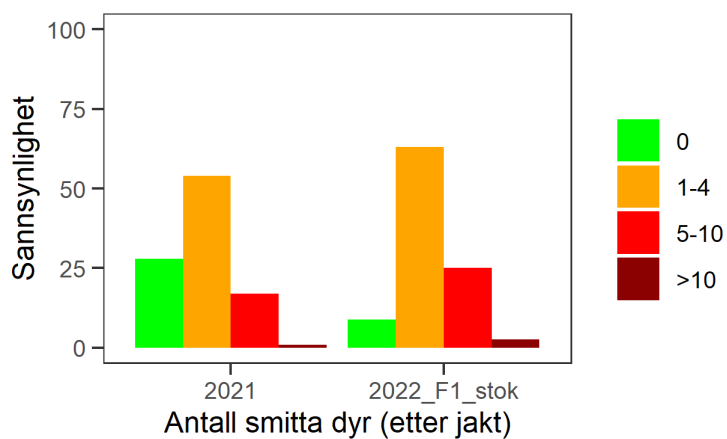


Fig. 1. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta villrein totalt på Hardangervidda etter jakt i 2021 og 2022

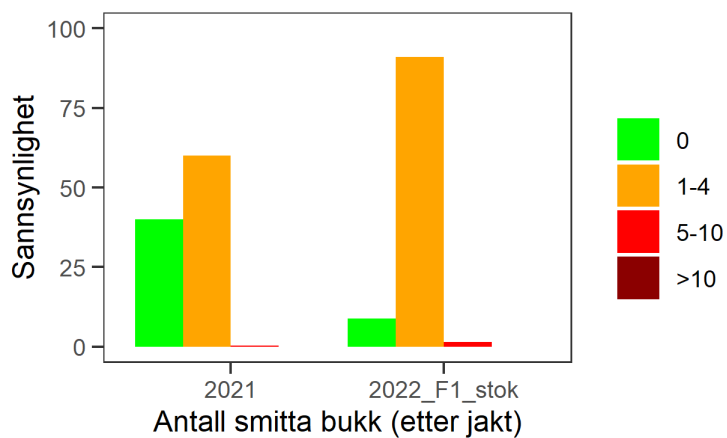


Fig. 2. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta voksne villreinbukker på Hardangervidda etter jakt i 2021 og 2022.

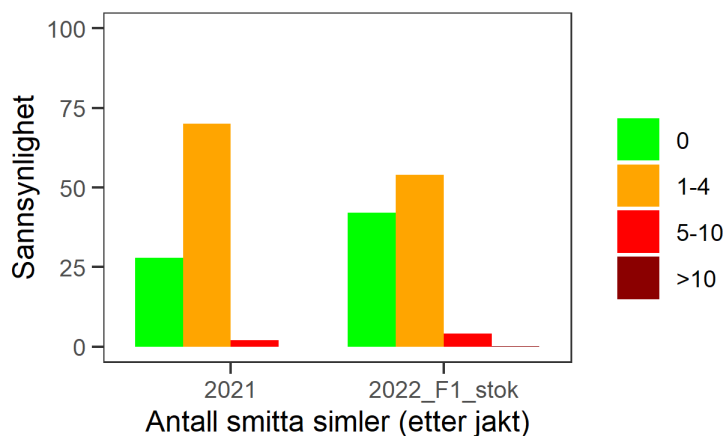


Fig. 3. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta voksne villreinsimler på Hardangervidda etter jakt i 2021 og 2022.

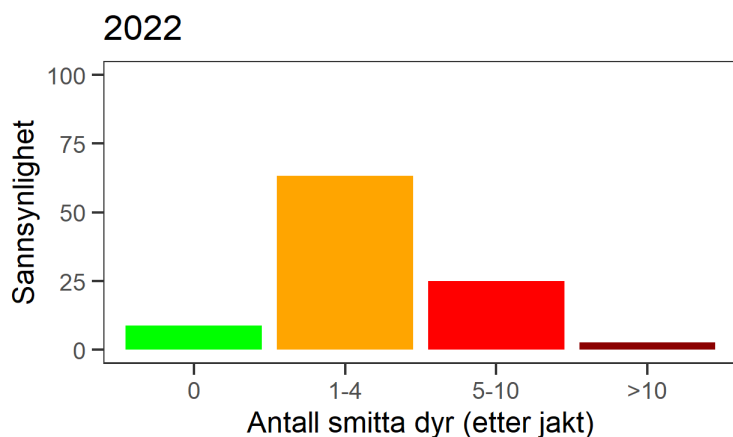


Fig. 4. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta villrein totalt på Hardangervidda etter jakt 2022 (2022_F1_stok fra Fig.1).

Tabell 3. Sannsynlighetsfordeling (%) for estimert antall smitta villrein på Hardangervidda etter jakt i 2021 og 2022.

| År | Antall smitta | Totalt | Voksen bukk | Voksen simle | Ungdyr |
|------|---------------|--------|-------------|--------------|--------|
| 2021 | 0 | 28 | 40 | 28 | 82 |
| | 1 - 4 | 54 | 60 | 70 | 18 |
| | 5 - 10 | 17 | 0,4 | 2,1 | 0 |
| | >10 | 0,8 | 0 | 0 | 0 |
| 2022 | 0 | 8,9 | 8,9 | 42 | 53 |
| | 1 til 4 | 63 | 91 | 54 | 47 |
| | 5 til 10 | 25 | 1,5 | 4,2 | 0 |
| | >10 | 2,6 | 0 | 0,1 | 0 |

Usikkerhet i resultatene

Modellen vi bruker forsøker å ta hensyn til en rekke usikkerhetsmomenter, men det gjenstår fortsatt usikkerhet rundt angitte estimater. Vi trekker her frem noen elementer.

Sykdomsdynamikken er ukjent for CWD hos villrein, og modellen har derfor ikke mulighet for å integrere det i estimatberegningen. Ved lave antall infiserte dyr er tilfeldigheter avgjørende i forhold til utvikling av situasjonen. Valg av priorfordeling forsøker å ta hensyn til denne usikkerheten, men fjerner den på ingen måte. I Appendix vises effekten av to ulike priorfordelinger på estimatene (Tabell A6.1).

Modellen antar at dyrene som testes er representative for populasjonen. Testing baserer seg i stor grad på jaktuttak, og det er vanskelig å anslå i hvilken grad de kan anses som representative. CWD kan være overrepresentert både i svake dyr, som kan tenkes å lettere bli skutt i jakt, men også i syke/skadde/selvdøde dyr og predatortap, som mest sannsynlig i liten grad er prøvetatt.

Så lenge det er få positive prøver trenger vi å anta en sammenheng mellom forekomst av CWD i de ulike subpopulasjonene vi har med: voksen bukk, voksen simle og ungdyr. For 2022-estimatene har vi forsøkt å inkludere biologisk variabilitet og tilfeldighet, men forutsetter fortsatt en streng sammenheng i bruk av tidligere års resultater (priorfordeling).

Appendix - Metodiske detaljer

A1. Håndtering av sampling usikkerhet.

Vi tester kun en andel av dyrene («utvalget»), som vi antar er tilfeldig valgt ut i forhold til sykdomsstatus. Da kan antall smittede i utvalget forventes å følge en hypergeometrisk fordeling, og vi kan ut fra det beregne hvor sannsynlig det er å oppnå resultatet vi har fått, gitt ulike antall infiserte i flokken (likelihood fordeling). Dette gjøres for hver av underpopulasjonene bukk, simle og ungdyr. Totalt antall infiserte dyr oppnås ved å summere infiserte dyr i underpopulasjonene.

A2. Håndtering av diagnostisk usikkerhet.

CWD diagnostikk er utfordrende. Selv om et infisert dyr inngår i utvalget, vil det ikke alltid gi et positivt testresultat. Andel infiserte dyr som tester positive kalles for test-sensitiviteten. Test-sensitiviteten avhenger av alderskategori og hva slags vevsmateriale som prøven inneholder: bare hjernevev (obex), versus materiale fra både lymfeknuter (RLN) og hjernevev. I tillegg avhenger den av inkubasjonstid og hvor lang tid det har gått siden smitte. Test-sensitiviteten er modellert i en smitteoppdagelsesmodell (Viljugrein et al. 2019), og oppsummert som en sannsynlighetsfordeling (gitt ved gjennomsnitt og standardavvik) for testsensitivitet, spesifikk for alderskategori og vevsmateriale testet (Table A2.1). Her er dette gjort ved å simulere 30 infiserte individer med tilfeldig tid siden smitte og regne ut gjennomsnitt test-sensitivitet i hver iterasjon av modellen (1000 iterasjoner).

I modellen har vi antatt at dyr smittet med CWD dør etter rundt 2 år. Testsensitiviteten blir lagt inn som en stokastisk beta-fordeling, der parametrene som definerer beta-fordelingen er spesifisert til å gi gjennomsnitt og standardavvik i henhold til Tabell A2.1.

Tabell A2.1. Sannsynlighetsfordeling av testsensitivitet, gitt ved gjennomsnitt og standardavvik

| Alderskategori | Vevsprøve | Testsensitivitet (%) | |
|----------------|-------------|----------------------|---------------|
| | | Gjennomsnitt | Standardavvik |
| voksne | RLN og obex | 84 | 4,6 |
| voksne | obex | 58 | 7,3 |
| ungdyr | RLN og obex | 80 | 5,3 |
| ungdyr | obex | 43 | 7,2 |

A3. Håndtering av usikkerheten knyttet til bestandsstørrelsen.

Størrelsen og sammensetningen av ville bestander er vanskelig å tallfeste med sikkerhet. Antall villrein i flokken beregnes i en bestandsestimerings-modell (Nilsen & Strand 2018). Fra denne modellen henter vi gjennomsnitt og standard avvik for forventet antall bukker, simler og ungdyr i populasjonen (Tabell 2), som antas å følge en normalfordeling.

A4. Bruk av tidligere kunnskap (prior).

Vi bruker en Bayesiansk tilnærming, der man legger vekt på både den kunnskapen man hadde før de nye undersøkelsene (prior kunnskap) og resultatet av de nye undersøkelsene, her fra det siste året eller jaktseasonen (likelihood fordeling).

Som prior-antagelse til prevalens estimatet for et gitt år bruker vi en binomisk tilnærming til prevalens. Denne angis som en betafordeling definert med parametre basert på antall positive og negative dyr som er testet i løpet av tidligere år. For et gitt tidligere år teller vi opp antall positive og negative bukk, og så legger vi til resultatene for simler og ungdyr med en vektning som tilsvarer en antakelse om at prevalensen er halvparten for simler og en tredjedel for ungdyr.

La n være antall individer som er testa (vektet antall), y hvor mange av disse som er positive (vektet antall) og c en konstant (valgt innenfor intervallet 0,5 til 1) som påvirker formen på prior-sannsynlighetsfordelingen nær null når det er få positive tester. Den binomiske tilnærmingen til prevalens kan settes opp som en beta-fordeling gitt ved α og β , der $\alpha = y + c$ positive tester og $\beta = n - y + c$ negative tester (https://en.wikipedia.org/wiki/Beta_distribution#Bayesian_inference).

Figur A4.1 viser effekten av ulike konstanter på priorfordelingen, og sammenligner disse fordelingene med tidligere estimerte verdier (prevalence 2021). Resultatene presentert her for 2021 og 2022 er oppnådd med en konstant på 0,8, bortsett fra Variant 3-v2 (se A6).

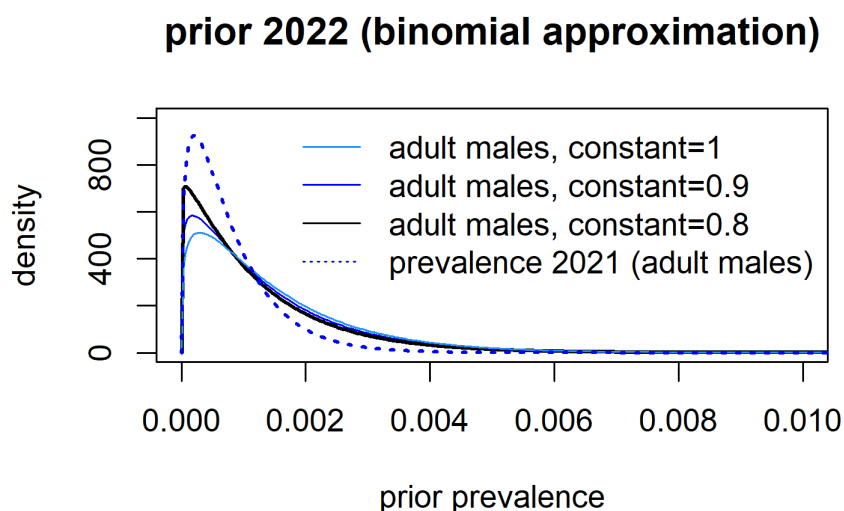


Fig A4.1 Prior-fordelingen fra den binomiske tilnærmingen kan justeres med forskjellig valg av konstant som legges til. Her sammenlignes bruk av tre forskjellige konstanter og effekt på priorfordeling for prevalens estimering for 2022 i forhold til estimert prevalens for 2021.

A5. Dynamisk usikkerhet

Situasjonen på Hardangervidda forandrer seg med tid. Det er foreløpig alt for stor usikkerhet til å forsøke å modellere inn smittedynamikk i estimatene. Modellen angir derfor et rent statistisk resultat, basert på hvor mange dyr som har testet negativt og positivt, i ulike kategorier og med ulike prøver, og en rekke antagelser.

For å øke usikkerheten knyttet til de historiske dataene, halverer vi vekten av det som er testet tidligere for hvert år som går. Det vil for eksempel si at positive og negative bukk testet for 3 år siden er nedjustert med en faktor 1/8.

Vi sørger for at modellen er fleksibel nok til å kunne gi rom for endring i prevalens fra år til år, ved å bruke en prior prevalens-fordeling som har en noe økt varians i forhold til estimert prevalens ved fjorårets jaktuttak.

A6. Bruk av avhengige prevalenser for bukk, simle og ungdyr.

Så lenge vi bare har negative tester for ungdyr, og få positive tester totalt, har vi ikke nok informasjon til å estimere prevalensen av simler og ungdyr uavhengig av prevalensen i bukk. Det antas derfor i priorfordelingene at prevalensen hos bukk er dobbelt så høy som hos simle, og tre ganger så høy som hos ungdyr. Dette er gjort med bakgrunn i CWD forekomsten i Nord-Amerika, samt resultatene fra Nordfjella, som tyder på at bukker kan være rundt to og tre ganger mer utsatt for CWD enn henholdsvis simler og ungdyr (Mysterud et al. 2019). Det er brukt tre varianter som skiller mellom hvor sterkt vi setter sammenhengen.

Variant 1 (2022_F1):

Antar at, til enhver tid (i hver iterasjon), er

- prevalens voksen simle = prevalens voksen bukk / 2
- prevalens ungdyr = prevalens voksen bukk / 3

Denne varianten har som styrke at den ivaretar den biologiske avhengigheten som finnes innad i flokken, som tilsier at hvis et dyr er smittet er det mer sannsynlig at andre smittes også. Den har som svakhet at den antar en eksakt sammenheng i prevalensen til bukk, simle og ungdyr, og at den dermed ikke ivaretar biologiske tilfeldigheter og variabilitet, samt vår usikkerhet rundt faktorene 2 og 3.

Denne varianten ble brukt for 2021 estimatene.

Variant 2 (2022_F1_indep) : Antar at prevalensene i bukk, simle og ungdyr kan variere uavhengig av hverandre. Prior-fordelingene spesifiseres i forhold til prior-fordelingen for prevalens i bukk med same forhold som over, men i hver iterasjon trekkes det uavhengige verdier for bukk, simle og ungdyr.

- prior-fordeling prevalens voksen simle = prior voksen bukk/2
- prior-fordeling for prevalens ungdyr = prior voksen bukk/3
- prior-prevalens simle, ungdyr og bukk trekkes hver for seg

Denne varianten har som styrke at den ivaretar biologiske tilfeldigheter og variabilitet noe bedre. Den har som svakhet at den kun i liten grad (gjennom prior-fordelingen) ivaretar avhengigheten som finnes innad i flokken, og fører til en sterk undervurdering av sannsynligheten for totalt null infiserte i flokken (se punkt A7).

Variant 3 (2022_F1_stok) : Antar at prevalensen hos bukk i gjennomsnitt er to og tre ganger høyere enn hos henholdsvis simle og ungdyr, men dette forholdet kan variere i hver iterasjon etter fordelinger vist i Figur A6.1. Denne varianten kombinerer en avhengighet med variabilitet, tilfeldighet og usikkerhet i forholdet mellom prevalensen hos bukk, simler og ungdyr. Med funn av bare ei smitta simle i 2022, vil prioren fortsatt styre estimatene av antall smitta dyr (som for variant 1), men estimatene vil variere mer (økt varians) sammenlignet med variant 1.

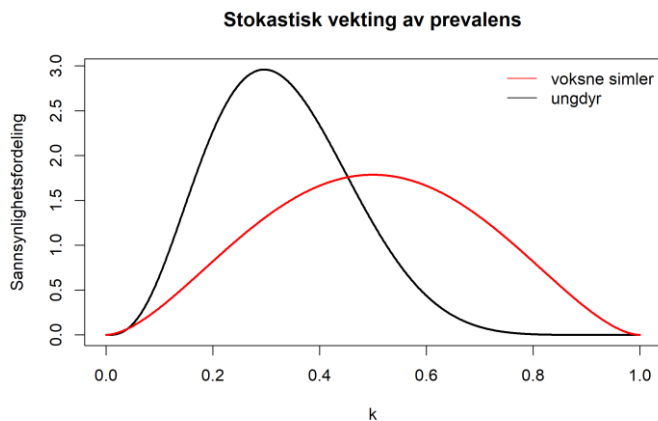


Fig. A6.1. Usikkerhetsfordelinger brukt for forholdsfaktorene for prevalensene hos voksne simler og ungdyr, sammenlignet med voksne bukker, i 2022 (Varianter 3).

Variant 3 - v2 er som Variant 3 men konstanten brukt for priorfordelingen er endret fra 0,8 til 1. Dette gir noe lavere sannsynlighet for 0 smitta dyr.

Resultatene for de tre variantene i 2022, og for variant 1 i 2021, er vist i Figur A6.2 til 4, og Tabell A6.1.

Estimert antall smitta bukk er det estimatet som er mest påvirket av hvilken forutsetning som brukes (Fig. A6.3). Ved variantene 1 og 3 øker funnet av den positive simla sannsynligheten for flere smitta bukk. Ved variant 2 gir funnet av den positive simla ingen informasjon til estimatet av antall infiserte bukk i 2022. Det vil imidlertid gi informasjon til prioren som brukes ved neste års prevalensestimater.

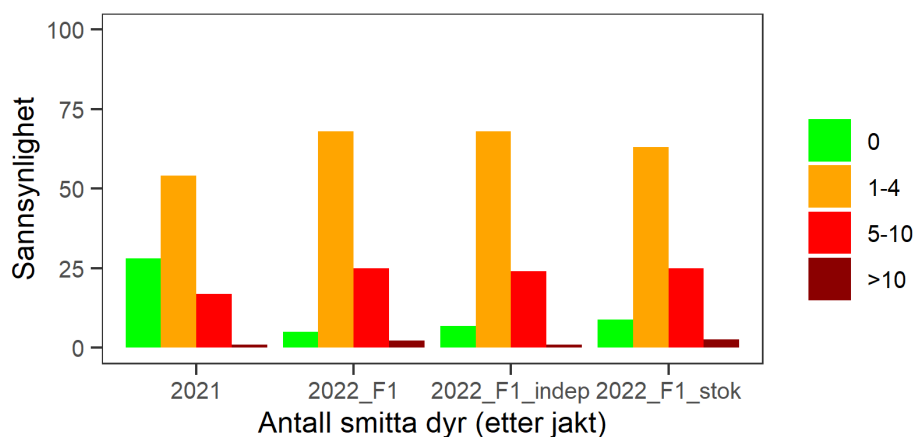


Fig. A6.2. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta villrein totalt på Hardangervidda etter jakt 2021 og etter jakt 2022 (tre varianter).

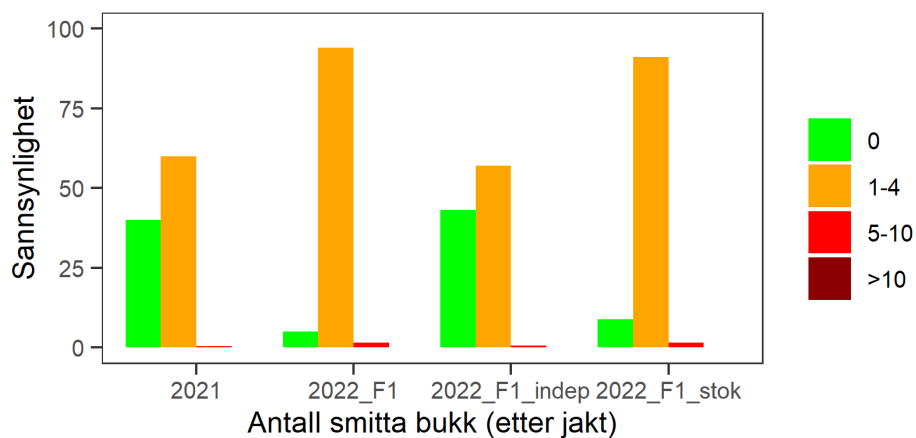


Fig. A6.3. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta voksne villreinbukker på Hardangervidda etter jakt 2021 og 2022 (tre varianter).

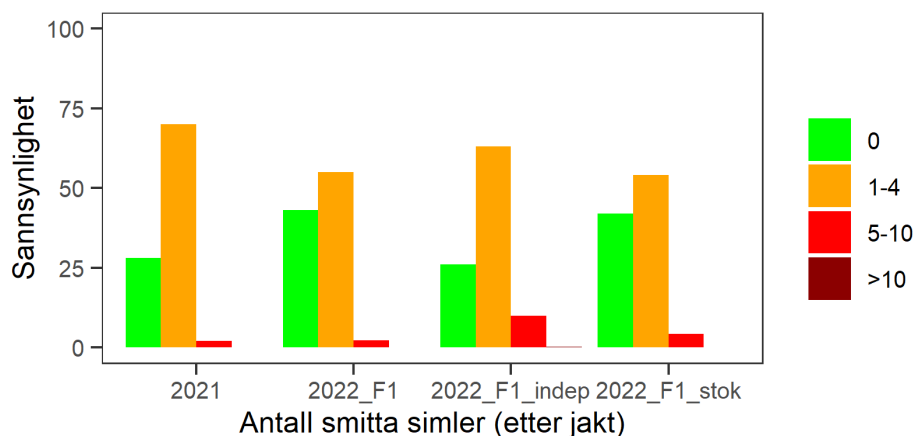


Fig. A6.4. Sannsynlighetsfordeling for estimert antall smitta voksne villreinsimler på Hardangervidda etter jakt 2021 og 2022 (tre varianter).

Tabell A6.1. Sannsynlighetsfordeling (%) for estimert antall smitta villrein på Hardangervidda etter jakt 2021 og etter jakt 2022 (fire varianter). Variant 3 bruker sannsynlighetsfordeling for prevalensforhold mellom bukk og simle og bukk og ungdyr med gjennomsnittsverdier lik variant 1. I Variant 3 -v2 er konstanten brukt for priorfordelingen endret fra 0,8 til 1, noe som gir noe lavere sannsynlighet for 0 smitta dyr.

| År | Variant | Antall smitta | Totalt | Voksen bukk | Voksen simle | Ungdyr |
|------|--------------------------------|---------------|--------|-------------|--------------|--------|
| 2021 | variant 1 | 0 | 28 | 40 | 28 | 82 |
| | | 1 - 4 | 54 | 60 | 70 | 18 |
| | | 5 - 10 | 17 | 0,4 | 2,1 | 0 |
| | | >10 | 0,8 | 0 | 0 | 0 |
| 2022 | 2022_F1 (variant 1) | 0 | 5,1 | 5,1 | 43 | 46 |
| | | 1 til 4 | 68 | 94 | 55 | 54 |
| | | 5 til 10 | 25 | 1,6 | 2,2 | 0 |
| | | >10 | 2,2 | 0 | 0 | 0 |
| | 2022_F1_indep (variant 2) | 0 | 6,8 | 43 | 26 | 60 |
| | | 1 til 4 | 68 | 57 | 63 | 40 |
| | | 5 til 10 | 24 | 0,7 | 10 | 0 |
| | | >10 | 0,9 | 0 | 0,2 | 0 |
| | 2022_F1_stok (variant 3) | 0 | 8,9 | 8,9 | 42 | 53 |
| | | 1 til 4 | 63 | 91 | 54 | 47 |
| | | 5 til 10 | 25 | 1,5 | 4,2 | 0 |
| | | >10 | 2,6 | 0 | 0,1 | 0 |
| | 2022_F1_stok_v2 (variant 3-v2) | 0 | 7,1 | 7,1 | 37 | 49 |
| | | 1 til 4 | 61 | 92 | 57 | 51 |
| | | 5 til 10 | 29 | 1,9 | 5,3 | 0 |
| | | >10 | 3,4 | 0 | 0,1 | 0 |

A7. Undervurdering av sannsynligheten for fravær av infeksjon med variant 2.

I variant 2 trekkes priorprevalensene for bukk, simle og ungdyr uavhengig av hverandre. En lav prior-prevalens for bukk vil da like gjerne bli trukket samtidig som en høy prior-prevalens for simle. Det vil være svært usannsynlig rent statistisk sett, å trekke kun lave prevalenser for bukk, simle og ungdyr samtidig, når dette gjøres uavhengig av hverandre. Dermed vil sannsynligheten for å ha null infiserte bukk, simler og ungdyr samtidig, være veldig lav. Antall resterende infiserte dyr totalt oppnås ved å summere de tre kategoriene i hver iterasjon, og det vil derfor være tilsvarende sjeldent at summen blir null.

I Tabell A6.1 ser man at selv om sannsynligheten for å ha fravær av infeksjon i bukk, simle, og ungdyr hver for seg er relativt høye, er sannsynligheten for å ha fravær av infeksjon i alle kategorier svært lav, fordi dette antas å være uavhengige begivenheter, og sannsynlighetene ganges med hverandre. Dette strider imot biologisk virkelighet for smittsomme sykdommer.

Referanser

Mysterud, A. et al. The demographic pattern of infection with chronic wasting disease in reindeer at an early epidemic stage. *Ecosphere* 10, e02931 (2019).

Nilsen, E. B. & Strand, O. Integrating data from several sources for increased insight into demographic processes: Simulation studies and proof of concept for hierarchical change in ratio models. *PLoS ONE* 13, e0194566 (2018).

Viljugrein, H. et al. A method that accounts for differential detectability in mixed samples of long-term infections with applications to the case of chronic wasting disease in cervids. *Methods Ecol. Evol.* 10, 134-145 (2019).

Arbeidsgruppe

Arbeidet og oppsummeringen er gjort av Hildegunn Viljugrein, Haakon Bakka og Helga Høgåsen.