

Laksedreperen *Gyrodactylus salaris* er 50 år, men kjenner vi jubilanten?

Lutz Bachmann og Tor A. Bakke

Siden introduksjonen av *Gyrodactylus salaris* til Norge i midten av 70-årene, har denne haptormarken fått en enorm offentlig oppmerksomhet. Ikke minst på grunn av at den per i dag forekommer i 46 vassdrag spredt over store deler av landet, hvor den gjennomgående har mer eller mindre utryddet laksebestanden. De katastrofale skadene på disse lokale laksestammene har sammen med kostnadene i å overvåke og utrydde parasitten, hatt store økonomiske konsekvenser for både lokalsamfunnene og myndighetene. For eksempel er det nødvendige budsjett for å utrydde parasitten i Vefsn-regionen (planlagt i 2008), estimert til rundt 150 millioner. Men på tross av de økonomiske konsekvenser ved infeksjonen og parasittens internasjonale berømmelse (f. eks. gir Google nærmere 100 000 treff på *Gyrodactylus salaris*) er parasittens fascinerende biologi lite kjent for de fleste. Dessuten har *Gyrodactylus* forskerne også fått store problemer da de senere taksonomiske forskningsresultater viser at det 50 år etter at arten ble beskrevet, er vanskeligere enn noen gang både å vite hvem *G. salaris* virkelig er og hva som er artens opprinnelse.

Ektoparasitten *Gyrodactylus salaris* blant haptormarkene (klassen Monogenea) i rekken flatmark (Platyhelminthes) (se Figur 1), ble beskrevet første gang i 1957, for 50 år siden, av den svenske taksonomen og systematikeren Göran Malmberg. Han fant den på ungfisk av Atlantisk laks (*Salmo salar*) i et oppdrettsanlegg ved Indalsälvs i Sverige som renner ut i Østersjøen. Det antas at parasittens naturlige utbredelse

omfatter de østlige delene av det Baltiske området med de store Russiske innsjøene Onega og Ladoga og tilhørende vassdrag. Men parasitten forekommer også naturlig i enkelte svenske og finske elver ved siden av i en rekke oppdrettsanlegg for regnbueørret (*Oncorhynchus mykiss*) i bl.a. Danmark, Tyskland og Italia. Tradisjonelt identifiseres *Gyrodactylus* artene på bakgrunn av vertsarten ved siden av stør-

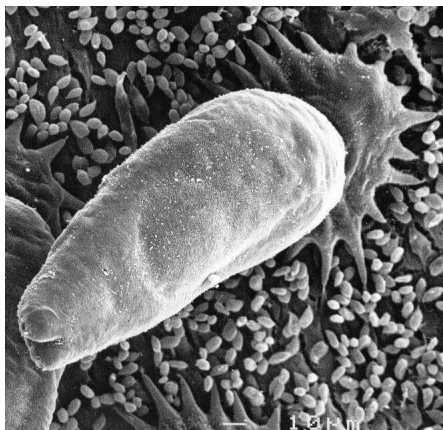
Lutz Bachmann
(f. 1959)

Diplom biolog ved Universitetet i Tübingen, Tyskland, i 1986, dr. rer. nat. i genetikk samme sted i 1990. Fast ansatt professor i molekylær systematikk ved Naturhistorisk museum, UiO, i 2000. Leder for Seksjon for zoologi, DNA laboratoriet og Krepssdyrsamlingen, Seksjon for zoologi, Naturhistorisk museum, UiO.

Tor A. Bakke (f. 1943)

Cand.real. ved Universitetet i Oslo (UiO) i 1970, fast ansatt ved Zoologisk museum, UiO, 1973, dr.philos. samme sted 1982, professor i zoologi 1993. Leder for Malakologisk samling og konstituert leder for Helminnologisk samling, Seksjon for zoologi, Naturhistorisk museum, UiO.

Figur 1.
Et sveipeelektronisk bilde av en *Gyrodactylus salaris* festet med sitt bakre festeapparat på huden til en Atlantisk laks. Omkring *G. salaris* ser vi en annen ektoparasitt, *Ichthyobodo* sp., som er en encellet ciliat som kan forårsake sykdommen costiosis hos laksefisk.



Figur 2.
Et lysmikroskopisk bilde av en levende, svakt presert *Gyrodactylus salaris*. Vi ser de to store ankere i det bakre festeorganet omkranset av 16 individuelt sterkt bevegelige marginalhaker. Fremre delen av dyret har to lober der klebekjertler munner ut. Bak lobene ser vi det runde svelget som forgrener seg i to blindtarmar. Dette individet er høygravid og snart klar til å føde, det ser vi av de to ankere i uterus hos ungen (F1 generasjonen). Denne ungen er igjen gravid, det ser vi av det runde anlegget til de 16 marginalhakene hos F2 generasjonen.
Foto: Grethe Robertsen.

relsen og formen på det bakre festeorganets (opisthaptor) faste strukturer (Figur 2). Disse harde strukturene omfatter to store haker (hamuli), 16 marginalkroker og en ventral bro som knytter de to hakene sammen. Parasitten har også et eget fremre festeorgan (prohaptor) hvor klebekjertler munner ut på et par lober med diverse typer av sanseorganer (Figur 2). *G. salaris* er tvekjønnet, føder unger som er nesten fullt utvokste, og formerer seg både ukjønnset, kjønnset og ved jomfrufødsler (Figur 2). For nærmere studier av morfologien til festeorganene, kreves høyoppløselig lys- eller sveipeelektronmikroskop, noe som medfører at sikker identifisering av disse små (<1 mm) parasittene, er umulig under feltforhold. Da størrelsen på en del av målene for artsbestemmelse har vist seg å være avhengige av vanntemperaturen ved siden av at også vertsarten synes å kunne påvirke parasittens utseende, er sikre artsbestemmelser også problematiske i laboratoriet. Det har medført at en innen *Gyrodactylus* taksonomien har lagt stor vekt på hvilken vertsart som er infisert, ved siden av annen bakgrunnskunnskap.

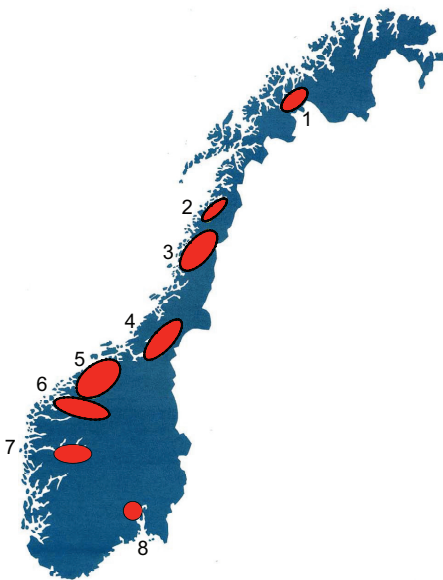
Da størrelsen på en del av målene for artsbestemmelse har vist seg å være avhengige av vanntemperaturen ved siden av at også vertsarten synes å kunne påvirke parasittens utseende, er sikre artsbestemmelser også problematiske i laboratoriet



Utbredelse og opprinnelse

G. salaris har kolonisert de fleste infiserte vassdragene i Norge gjennom utsetting av fisk fra infiserte klekkerier og oppdrettsanlegg, men har også i en del tilfeller spredt seg videre til andre elver i samme fjordsystem via brakkvann. Det første sikre funn av

parasitten stammer fra anlegget til Akvaforisk på Sunndalsøra i 1975 etter en periode med stor dødelighet av laks. Senere samme år ble parasitten også påvist på villaks i Lakselva i Nordland fylke. Per dags dato har en påvist parasitten i 46 norske vassdrag spredt over 7 fylker fra nord til sør (Figur 3). En antar at parasitten kom til Norge først på midten av 70-tallet via import av infisert laksefisk fra Østersjøområdet. Men muligheten for at *G. salaris* har forekommet i Norge før den tiden, kan ikke utelukkes. Andre *Gyrodactylus* arter på laksefisk som f.eks. *G. thymalli* Žitžan, 1960 på harr (*Thymallus thymallus*) og *G. derjavini* Mikailov, 1975 på ørret (*Salmo trutta*), synes å forekomme naturlig i Norge. Spesielt *G. thymalli* er en interessant art da den er meget lik *G. salaris*.



Molekylærgenetiske kjernemarkører

I verden i dag er det beskrevet flere enn 400 *Gyrodactylus* arter fra fisk, samtidig som biodiversiteten i denne slekten er antatt å være dramatisk underestimert. Enkelte forskere har foreslått at artsantallet i slekten kan være nærmere 20 000. Antagelsen baserer seg på at de fleste fiskeartene sannsynligvis er infisert med minst en vertsspesifikk *Gyrodactylus* art et eller annet sted i vertens utbredelsesareal. Men om dette høye artsantallet stemmer er usikkert, og et åpent spørsmål for den fremtidige forskning. Ikke desto mindre er taksonomene i dag konfrontert med problemet å identifisere, beskrive og diagnostisere et stort antall *Gyrodactylus* arter med en gjennomgående ekstremt liten morfologisk variasjon. Men i de senere årene har forskerne ved siden av morfologi også tatt i bruk molekylærgenetisk metodikk for å karakterisere og identifisere *Gyrodactylus* artene. Med denne metoden bestemmes sekvensene av nukleotider i gitte markør gener, som deretter sammenlignes mellom *Gyrodactylus* arter eller populasjoner innen arten. De viktigste molekylærgenetiske markører finner man i de sekvensene som danner det ribosomale genkluster. Kort fortalt, disse genene som er organisert i gengrupper hos nesten alle eukaryote organismer, har som oppgave å kode for det RNAet som bygger opp ribosomene som er cellenes proteinfabrikker (se Figur 4). Disse klusterne av RNA gener kan karakteriseres ved at de har (i) en typisk konserverert struktur, (ii) forekommer i tallrike (multiple) kopier i genomet og (iii) er arrangert etter hverandre, dvs. tandem med samme

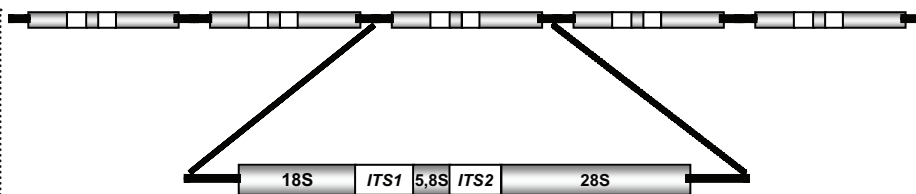
Ikke desto mindre er taksonomene i dag konfrontert med problemet å identifisere, beskrive og diagnostisere et stort antall *Gyrodactylus* arter med en gjennomgående ekstremt liten morfologisk variasjon

Figur 3. *Gyrodactylus salaris*' totale utbredelse i Norge siden den ble observert for første gang på midten av 70-tallet. Parasitten forekommer i 46 elver spredt over 8 smitteregioner fra nord til sør som angitt i rødt: Region 1 – Skibotn regionen (Troms fylke), Region 2 – Rana regionen (Nordland fylke), Region 3 – Vefsn regionen (Nordland fylke), Region 4 – Beitstad regionen (Nord-Trøndelag fylke), Region 5 – Sunndals regionen (Møre and Romsdal fylke), Region 6 – Romsdals regionen (Møre and Romsdal fylke), Region 7 – Lærdals regionen (Sogn and Fjordane fylke), og Region 8 – Drammens regionen (Buskerud fylke)

Figur 4.

Organiseringen av de ribosomale RNA genene i kjernegenomet hos *Gyrodactylus* artene. De ribosomale 18S, 5,8S og 28S genene er atskilt av «Internal Transcribed Spacers» (ITS) 1 og 2. Vanligvis kan en diagnostisere nært relaterte arter med disse nukleotid sekvensene. Disse grupper av RNA gener har en typisk konserverert struktur, forekommer i tallrike (multiple) kopier i genomet og er arrangert etter hverandre, dvs. tandem med samme orientering.

Men det merkelige er at disse markørene som kan benyttes for et flertall av *Gyrodactylus* artene, ikke skiller *G. salaris* fra den nært relaterte arten *G. thymalli* som infiserer harr



orientering. I disse ribosomale genklusterne har forskerne klart å identifisere spesifikke regioner som omfatter f.eks. genene som koder for 18S og 28S RNAet. Disse genene forandrer seg meget lite over tid, selv om det kan forekomme. Mellom disse genene igjen, finnes såkalte «spacer», sekvenser som har som oppgave å holde de kodende genene atskilte. Det har vist seg at disse «spacer»-sekvensene forandrer seg relativt hurtig over tid. Spesielt i de to såkalte «Internal Transcribed Spacers» (ITS 1 og 2) som atskiller henholdsvis de ribosomale genene 18S og 5,8S, og 5,8S og 28S, kan en vanligvis finne tilstrekkelig med forskjeller i nukleotid sekvensene til å diagnostisere nært relaterte arter. Med andre ord, to taksa med identisk ITS 1 og ITS 2, er samme art. Det har medført at disse molekylærgenetiske markørene er mye benyttet for å identifisere arter og populasjoner med spesifikke egenskaper. Men det merkelige er at disse markørene som kan benyttes for et flertall av *Gyrodactylus* artene, ikke skiller *G. salaris* fra den nært relaterte arten *G. thymalli* som infiserer harr. Det har vist seg at en sekvens på hele 1200 basepar (bp) er identisk over store deler av utbredelsesområdet til disse artene, noe som skulle bety at *G. salaris* og *G. thymalli* er samme art. Ut fra nomenklaturreglene (Code of Zoological Nomenclature) medfører det at *G. thymalli* er et

junior synonym for *G. salaris* som er den arten som ble beskrevet først. Dette kan se ut som et akademisk problem, men som vi skal se, det er ikke bare det.

Utryddelse: tiltak og problemer

Det er nemlig også et forvaltningsmessig problem, da *G. salaris* forårsaker omfattende skader på norsk villaks ved siden av i anlegg med regnbueørret, både økologisk og økonomisk. Disse problemene medførte at i 1983 ble *G. salaris* tatt med på listen over meldepiktige sykdommer på ferskvannsfisk i Norge, som igjen medførte at tiltak kunne raskt igangsettes i smittede anlegg og vassdrag. Parasitten er også listet opp i «Office International des Épidémiologies (O.I.E.) i «Aquatic Animal Health Code» innen EU. Det har medført strenge sikkerhetstiltak i Europa for å hindre spredning av sykdommen, og i Norge også for å eliminere parasitten fra infiserte vassdrag. Det skjer først og fremst ved bruk av plantegiften rotenon (nå benyttes CF-legumin); en uspesifikk gift (biocid) som dreper alle organismer som puster med gjeller, og dermed også de potensielle fiskevertenene i de infiserte vassdragene som behandles. Og uten fisk å feste seg på, dør parasittene raskt ut i vassdraget. I de senere årene har en også startet med å benytte metallet aluminium til utryddelse av parasitten, bl.a. i Batnfjordelva, Lærdalselva og Steinkjersvassdraget. Da vannløst aluminium også er

farlig for fisk, forsøker en å balansere konsentrasjonen slik at aluminium kun virker som et paracitocid i det infiserte vassdraget. Ved begge metoder har en imidlertid opplevd at parasitten har dukket opp igjen etter behandlingen, selv etter flere forsøk. Men uansett metode, mottiltak må rettes mot alle *G. salaris* infeksjoner uansett muligheten for at virulensen varierer mellom forskjellige stammer – strainer – av parasitten. For det vil sjelden bli tid nok til å teste muligheten for strain forskjeller i infektivitet og virulens når arten er påvist i nye områder eller på nye verter. Dessuten, hvis det nå i tillegg viser seg at *G. thymalli* er samme art som laksedreperen, vil *G. salaris* (i) få en utbredelse langt større enn tidligere antatt, (ii) naturlig infisere flere laksefiskarter, som for eksempel harr, og også (iii) omfatte ufarlige strainer for laks og regnbueørret. Dette vil igjen medføre at nye vassdrag vil måtte overvåkes og inkluderes i programmerne for utryddelse av parasitten, noe som medfører at kostnadene for tiltakene mot parasitten vil øke dramatisk. Utryddelses-programmer rettet mot *G. salaris* vil bli nesten umulig å igangsette, da utgiftene sannsynligvis vil være uoverkommelige. Nåværende lovverk for forvaltning av sykdommen gyrodactylose vil også måtte spesifiseres bedre. Samtidig vil behovet øke for gode diagnostiske tester for å kunne atskille virulente fra harmløse strainer. Ideelt sett ville det også være ønskelig å kunne foreta slike diagnostiske tester under feltbetingelser. Den parasittologiske forskningen ved Naturhistorisk museum, UiO, har vært spesielt rettet inn på å utvikle markører for artsdiagnostikk innen slekten *Gyrodactylus*

ved siden av å diagnostisere farlige *G. salaris* strainer.

Molekylære mitokondrielle markører

En annen genetisk markør ved siden av ITS 1 og 2 som den senere tid er blitt meget viktig for forståelsen av *G. salaris*-forårsaket gyrodactylose på laks og regnbueørret, er genet for cytochrome oxidase I (CO1), et protein som spiller en vital rolle i respirasjons-syklus (Krebs syklus). Dette genet har vist seg å ha en større variasjon enn de ribosomale genene og er derfor bedre å benytte for finskalaanalyser av den genetiske variabilitet på både arts- og populasjonsnivå. CO1 genet som er lokalisert til det mitokondrielle genomet hos dyr, nedarves vanligvis kun på morsiden (maternalt), dvs. alt avkom mottar det mitokondrielle genom fra deres mødre, ikke fedre. For parasittologene medfører det den teoretiske og praktiske fordelene at alle individene med et gitt mitokondrielt genom tilhører samme haplotypen, dvs. har samme stammor og dermed samme spesifikke maternale slektslinje. Med tanke på gyrodactylosen på laks vil det da kunne være mulig å identifisere den mitokondrielle haplotypen som først infiserte laksen i et spesifikt vassdrag, ved siden av alle dens etterkommere. I den senere tid har en funnet en betydelig diversitet i nukleotid sekvensen i CO1 genet hos *G. salaris*, noe som virker meget lovende med tanke på dette.

Klader og haplotyper av *G. salaris* og *G. thymalli*

Det har vist seg at i de norske *G. salaris* infiserte vassdragene faller de mitokondrielle haplotypene i to klare grup-

Hvis det nå i tillegg viser seg at *G. thymalli* er samme art som laksedreperen, vil *G. salaris* (i) få en utbredelse langt større enn tidligere antatt, (ii) naturlig infisere flere laksefiskarter, som for eksempel harr, og også (iii) omfatte ufarlige strainer for laks og regnbueørret

En kan uten tvil påstå at *G. salaris* i Drammenelva, Lierelva og Lærdalselva er introdusert til Norge via en annen rute enn de en finner på laks i de andre infiserte norske vassdragene og at de dermed er ganske spesielle

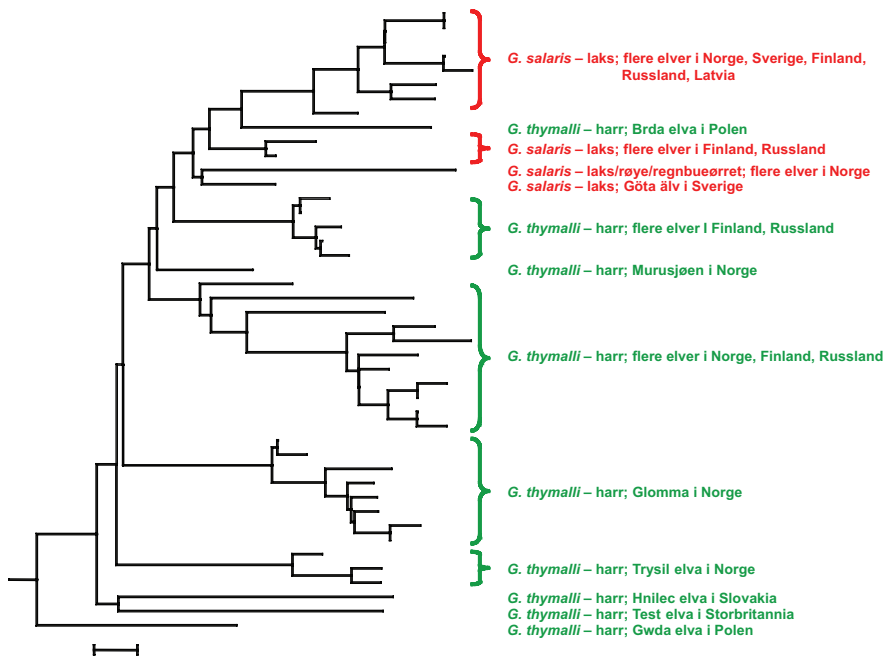
per av relaterte sekvenser. Den ene gruppen består av kun én haplotype og omfatter parasitter fra de tre norske elvene Drammenelva, Lierelva og Lærdalselva, ved siden av de parasittene som en finner på regnbueørret for forskjellige steder i Europa. Den andre gruppen av relaterte haplotyper forekommer i alle andre norske elver som er infisert med *G. salaris*. Denne gruppen omfatter også de funn en har av *G. salaris* på Baltisk laks i elver som drenerer ned i Østersjøen. Det er også fra denne gruppen en antar at *G. salaris* ble introdusert til Norge, noe som også støttes av de mitokondrielle DNA analyser som er gjort. Men for den *G. salaris* en finner på laksen i Drammenselva, Lierelva og Lærdalselva, er opprinnelsen usikker bortsett fra at en antar at den er innført via importert, infisert regnbueørret. Men

den virkelige opprinnelsen til denne haplotypen forklarer ikke dette, da også regnbueørret er importert og da til Europa fra Nord-Amerika hvor den ikke er infisert med *G. salaris*. Det vil si at den må ha ervervet parasitten etter sin ankomst til Europa. Uansett, en kan uten tvil påstå at *G. salaris* i Drammenelva, Lierelva og Lærdalselva er introdusert til Norge via en annen rute enn de en finner på laks i de andre infiserte norske vassdragene og at de dermed er ganske spesielle.

I den senere tid har en fått sekvensert CO1 genene i mange nye geografiske isolater av *G. thymalli* som forekommer på harr både i Norge og i Europa ellers. Disse molekylærgenetiske undersøkelser viser en ennå større variasjon enn hva en har funnet for *G. salaris*. Til nå er omkring 10 grupper av nært relaterte haplotyper påvist hos

Figur 5.

Det fylogenetiske tre av mitokondrielle haplotyper av *Gyrodactylus salaris* og *G. thymalli*, basert på sekvensering av cytochrome oxidase I gen. Treet illustrerer også sekvensforskjellene gjennom grenlengde: haplotyper som er knyttet sammen gjennom korte grener ligner hverandre mer enn dem som er knyttet sammen med lengre grener. Vi ser at haplotypene grupperer i flere klader, men det forekommer ingen spesifikk klade for *Gyrodactylus salaris* eller *G. thymalli*. Lengden av målestokken tilsvarer en sekvensforskjell på 0,2 prosent.



G. thymalli, et antall som ganske sikkert vil øke med funn av parasitten i andre områder enn de som til nå er studert. Denne store genetiske diversiteten i CO1 sekvenser som en har observert hos *G. salaris* og *G. thymalli*, kan illustreres ved et fylogenetisk tre som viser relasjonene mellom haplotypene basert på deres genetiske avstand (se figur 5). Denne genetiske avstanden kan beregnes på forskjellige måter, men uansett metode så har de alle det til felles at den genetiske avstanden er positivt korrelert med økte forskjeller i gen sekvensene. Med andre ord, desto nærmere sekvensene grupperes i det fylogenetiske treet jo mer like er de. Dessuten viser de mitokondrielle haplotypene av *G. salaris* og *G. thymalli* i figur 5 det interessante fenomen, at flertallet av haplotypene ikke kan grupperes videre i en høyere orden, dvs. at verken *G. salaris* haplotypene eller *G. thymalli* haplotypene danner egne grupper. Noe som igjen medfører at haplotypene til *G. salaris* ikke kan spores tilbake til én opprinnelig sekvens som er forskjellig fra den tilsvarende sekvens hos *G. thymalli*.

Molekylær systematikk, artsbegreper og *G. salaris*

Det medfører at de molekylær genetiske undersøkelsene som til nå er utført på disse mitokondrielle COI sekvensene, utfordrer den herskende oppfatning at *G. salaris* og *G. thymalli* er to forskjellige arter. Disse funnene antyder med stor sannsynlighet to andre muligheter, enten at (i) *G. salaris* og *G. thymalli* er samme art, men omfatter mange mitokondrielle haplotyper, eller at (ii) det vi i dag betrakter som *G. salaris* og *G. thymalli* i virkeligheten re-

presenterer et kompleks av arter hvor hver kan defineres ut fra et sett mitokondrielle haplotyper. Blant taksonomene vil det første alternativet bli foretrukket av de såkalte «lumpers», det andre av de såkalte «splitters», hvor uenigheten også er grunnet på forskjeller i valg av artskonsept. For i denne sammenhengen er det viktig å være oppmerksom på at det forekommer flere definisjoner på hva den biologiske enheten vi kaller en «art» virkelig er, og der definisjoner også kan ekskludere hverandre. Men alle definerer de uheldigvis samme term, arten. Figur 5 beskriver også hva som kan betraktes som en klade av mitokondrielle haplotyper hos *G. salaris* og *G. thymalli*.

Det må nevnes at generelt sett er det gjennomsnittlige avvik mellom sekvenser av forskjellige klader, 2-3 %. Selv om denne forskjellen umiddelbart kan virke lav, så finnes tilsvarende forskjeller hos andre taksa som for eksempel fugler eller sommerfugler, kun på artsnivå. Da en klade kan fungere som basis for en artsbeskrivelse, medfører det at både *G. salaris* og *G. thymalli* kan oppdeles i atskillige arter. Noe som vil ha som konsekvens at det er flere arter som forårsaker alvorlig gyrodactylose på norsk villaks ved siden av å medføre problemer i regnbueørret-oppdrett.

Arter, strainer og *G. salaris* – forvaltningsutfordringer

Men det er ikke slutt med det, for nylig har det vist seg at de taksonomiske problemene er ennå mer komplekse da en ny og merkelig strain av *G. salaris* er påvist på røye (*Salvelinus alpinus*) i diverse vann knyttet til øvre deler av Numedalsvassdraget. Studerer en nærmere den molekylære markøren COI i

Disse funnene antyder med stor sannsynlighet enten at (i) *G. salaris* og *G. thymalli* er samme art, men omfatter mange mitokondrielle haplotyper, eller at (ii) det vi i dag betrakter som *G. salaris* og *G. thymalli* i virkeligheten representerer et kompleks av arter hvor hver kan defineres ut fra et sett mitokondrielle haplotyper

Selv om parasitten antagelig hadde vært i systemet mange år uten å infisere laksen, kunne ikke myndighetene lempe på restriksjonene før eksperimentelle forsøk kunne bekrefte at denne *G. salaris* strainen ikke var farlig for den stedegne laksepopulasjonen

denne strainen, finner en at markøren er meget lik det en finner hos *G. salaris* fra regnbueørret. Men til forskjell fra denne haplotypen, viser eksperimentelle laboratorieforsøk at strainen fra denne røya reproducerer dårlig på laks, men bedre på regnbueørret og røye. Det antas derfor at denne *G. salaris* strainen har blitt overført fra regnbueørret til røye som alternativ vert. Men som med regnbueørret haplotypen av *G. salaris*, er også opprinnelsen til denne strainen, ukjent. Disse strain-forskjellene kan kreve revideringer av lovverket knyttet til *G. salaris*' forårsaket gyrodactylose. På tross av at infeksjonsforsøk viste at denne strainen er ufarlig for laks, kan en ikke se bort fra at den kan representere en trussel for norsk villaks i fremtiden. Samtidig representerer denne unike strainen også en eksepsjonell mulighet for nærmere studier av infeksjonsbiologien til *Gyrodactylus* og parasittens økologiske og fysiologiske krav for en suksessfull reproduksjon på norsk laks.

Artsdiagnostikk og lakseforvaltningen – et skoleeksempel

Funnet av en *G. salaris* strain på røye i diverse vann knyttet til Numedalsvassdraget, er et skoleeksempel på behovet for betydningen av å utvikle bedre diagnostiske metoder for parasitten for derigjennom også å utvikle en bedre klassifisering av *Gyrodactylus* artene. Straks *G. salaris* ble sikkert diagnostisert på røya i Pålsbufjorden der den først ble påvist, ble funnet etter lovens krav, raskt varslet til forvaltningsmyndighetene. På den tiden kunne det ikke utelukkes at denne *G. salaris* strainen representerte en

trussel for laksen på de lakseførende strekningene lengre nede i vassdraget. Rapporten medførte umiddelbare restriksjoner på fisket i vassdraget, med store konsekvenser også for de lokale aktivitetene som er avhengige av sportsfisket. Selv om parasitten antagelig hadde vært i systemet mange år uten å infisere laksen, kunne ikke myndighetene lempe på restriksjonene før eksperimentelle forsøk kunne bekrefte at denne *G. salaris* strainen ikke var farlig for den stedegne laksepopulasjonen. En annen sak er at mangelen på slike strain-spesifikke diagnostiske markører skaper store usikkerheter og vanskeliggjør også tolkningen av tidligere undersøkelser av *Gyrodactylus* der det ikke klart kommer fram hvilken *G. salaris* strain som omhandles.

Vi er derfor overbevist om at det er et stort nasjonalt behov for å utvikle mer sofistikert molekylærgenetisk og morfologisk metodikk innen *Gyrodactylus* taksonomi og diagnostikk. Slike metoder vil også kunne gi oss bedre og mer detaljert informasjon om *Gyrodactylus* slektens biodiversitet og diversitetens biologiske og økologiske konsekvenser. Vi vil da kunne bedre svare på spørsmålet om hvem jubilan-ten virkelig er, uansett om spørsmålet stilles av forskere, politikere eller det interesserte publikum.

Videre lesning

- Bakke TA, Harris PD, Cable J (2002) Host specificity dynamics: observations on gyrodactylid monogeneans. *International Journal for Parasitology* 32: 281-308
- Bakke TA, Cable J, Harris PD (2007) The biology of gyrodactylid monogeneans: the «Russian Doll-killers». *Advances in Parasitology* 64: 161-376.
- Cable J, Harris PD (2002) Gyrodactylid developmental biology: historical review, current status and future trends. *International Journal for Parasitology* 32: 255-280.
- Hansen H, Bachmann L, Bakke T A (2003) Mitochondrial DNA variation of *Gyrodactylus* spp. (Monogenea, Gyrodactylidae) populations infecting Atlantic salmon, grayling and rainbow trout in Norway and Sweden. *International Journal for Parasitology* 33: 1471-1478.
- Hansen H, Bakke TA, Bachmann L (2007) Mitochondrial haplotype diversity of *Gyrodactylus thymalli* (Platyhelminthes; Monogenea): extended geographic sampling in the United Kingdom, Poland, and Norway reveals further lineages. *Parasitological Research* 100: 1389-1394.
- Huysse T, Plaisance L, Webster BL, Mo TA, Bakke TA, Bachmann L, Littlewood DTJ (2007) The mitochondrial genome of *Gyrodactylus salaris* (Platyhelminthes: Monogenea: Monopisthocotylea), a pathogen of Atlantic salmon. *Parasitology* 134: 739-747.
- Johnsen BO, Møkkelgjerd PI, Jensen AJ (1999) Parasitten *Gyrodactylus salaris* på laks i norske vassdrag, statusrapport ved inngangen til år 2000. *NINA Oppdragsmelding* 617: 1-129.
- Malmberg G (1957) On the occurrence of *Gyrodactylus* on Swedish fishes. *Skrifter utgiuna av Södra Sveriges Fiskeriförening, Årsskrift 1956*: 19-76.
- Matejusová I, Gelnar M, Verneau O, Cunningham CO, Littlewood DTJ (2003) Molecular phylogenetic analysis of the genus *Gyrodactylus* (Platyhelminthes: Monogenea) inferred from rDNA ITS region: subgenera versus species groups. *Parasitology* 127: 603-611.
- Olstad K, Robertsen G, Bachmann L, Bakke TA (2007) Variation in host preference within *Gyrodactylus salaris* (Monogenea): an experimental approach. *Parasitology* 134: 589-597.
- Robertsen G, Hansen H, Bachmann L, Bakke TA (2007) Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) is a suitable host for *Gyrodactylus salaris* (Monogenea, Gyrodactylidae) in Norway. *Parasitology* 134: 257-267.
- Zietara MS, Lumme J (2004) Comparison of molecular phylogeny and morphological systematics in fish parasite genus *Gyrodactylus* Normann, 1832 (Monogenea, Gyrodactylidae). *Zoologica Poloniae* 49: 5-28.
- Žitžan R (1960) *Gyrodactylus thymalli* n. sp. aus den Flossen der Äsche (*Thymallus thymallus* L.) *Helminthologia* 11: 161-166.