

# **Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk Veterinær Konsortium om overvågning af influenza i svin i 2020**

## **Afrapportering af resultater for 2. kvartal 2020**

**Nicole B. Goecke**

**Charlotte K. Hjulsager**

**Jesper Schak Krog**

**Lars Erik Larsen**



DK-VET rapport. Juli 2020

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk veterinærkonsortium om overvågning af influenza i svin i 2020. Afrapportering af resultater for 2. kvartal 2020

Udarbejdet af Nicole B. Goecke, Charlotte K. Hjulsager, Jesper Schak Krog og Lars Erik Larsen

Udarbejdet i henhold til den veterinære myndighedsaftale mellem Miljø- og Fødevareministeriet og Københavns Universitet i samarbejde med Statens Serum Institut; Dansk veterinær Konsortium (DK-VET).

Projektperiode: 01-01-2020 – 31-12-2020

Udgivet af Statens Serum Institut og Københavns Universitet

## Baggrund

I henhold til aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk Veterinær Konsortium (Statens Serum Institut og København Universitet) om overvågning af influenza i svin 2020, gennemføres følgende undersøgelser på prøver fra diagnostiske indsendelser fra danske svinebesætninger til test for svineinfluenzavirus:

1. Test af influenzaviruspositive prøver for pandemisk influenza A virus H1N1-2009v (H1N1pdm09) ved real-time PCR specifik for HA-genet i H1N1pdm09 virus.
2. Subtypning (HA og NA subtype) af influenzavirus fundet i indsendelser til influenza undersøgelse på Center for Diagnostik, DTU og Statens Serum Institut.
3. Genom karakterisering af udvalgte virusisolater.

## Resultater

Resultaterne for 2. kvartal 2020 er opsummeret i Tabel 1.

### Prøver testet

Alle indsendelser fra danske svinebesætninger til Statens Serum Institut og Center for Diagnostik, DTU med specifikt ønske om undersøgelse for influenzavirus er testet og indgår i overvågningen. Omkostningerne til influenzapåvisning påhviler de indsendende dyrlæger. Der er typisk testet 1-5 prøver (næsesvabere, lungevæv eller sput) pr. indsendelse.

I perioden 1. april til 30. juni 2020 blev der modtaget i alt 178 indsendelser fra 160 forskellige besætninger til diagnostisk undersøgelse for influenza A virus, hvilket er væsentligt flere end i den tilsvarende periode i 2018-2019 og det højeste antal indsendelser modtaget i 2. kvartal siden overvågningen startede i 2011.

Der blev påvist influenza A virus i 110 indsendelser, svarende til at 62 % af indsendelserne havde mindst en positiv prøve. Andelen af positive indsendelser var den højeste i 2. kvartal siden overvågningen startede i 2011. De tidligere år har andelen af positive indsendelser i 2. kvartal udgjort mellem 35-58 % af indsendelserne.

### Test for H1N1pdm09 med RT-PCR

Alle prøver, hvori der er påvist influenza A virus, blev testet med specifik real-time RT-PCR for H1N1pdm09 HA-genet. Virus betegnes som H1pdm09Nx på baggrund af påvisning af det specifikke HA-gen fra denne type virus med dette assay. Resultatet sendes til indsender.

H1pdm09Nx er påvist i prøver fra 35 indsendelser fra 30 forskellige besætninger registreret med forskellige CHR.-numre. Dermed er denne subtype påvist i 32% af de influenzapositive indsendelser, hvilket er et højere antal end for den samme periode i 2016-2019, hvor niveauet lå på 14-19%. Dog er antallet af H1pdm09Nx positive indsendelser i 2. kvartal 2020 på niveau med 2. kvartal fra 2015.

### Subtypning ved analyse af HA og NA gener

Subtypning foretages ved specifik real-time RT-PCR undersøgelse for de varianter af H1, H3, N1 og N2, der vurderes relevante under danske forhold. Prøver der ikke kan subtypes med denne metode, subtypes (HA og NA genet) ved sekvensanalyse. Resultater fra prøver indsendt i 2. kvartal fremgår

af Tabel 1. I lighed med de seneste år er H1avN2sw den subtype der oftest påvises. For første gang i Danmark er der påvist infektion i svin med human sæson influenza virus af subtypen H3N2 (H3huN2hu) i grise. For fem forskellige indsendelser fra 2. kvartal blev der fundet, at én prøve indeholdte en eller flere HA og NA gener. Disse prøver indeholdte flere af følgende gener; H1av, H1pdm, N1av, N1pdm og N2sw i forskellige kombinationer. Da det ikke vides hvordan disse gener skal kombineres har de fået deres eget afsnit nederst i Tabel 1.

#### Genom karakterisering ved sekventering af udvalgte virus

Partiel og fuldlængde karakterisering af influenzavirus fra positive indsendelser pågår.

**Tabel 1. Status 2. kvartal 2018 - 2020**

	2020 2.kv	2020 1.+2.kv	2019 2.kv	2019 1.+2.kv	2018 2.kv	2018 1.+2.kv
<b>Parameter</b>						
Generel Influenza A undersøgelse						
Antal indsendelser undersøgt	178	378	132	293	79	212
Antal positive indsendelser	110	228	77	163	44	115
Antal positive prøver i alt	270	530	174	370	87	237
Undersøgelse for pandemisk influenza A virus						
Antal prøver testet for H1pdm09	270	526	174	370	87	237
Antal positive indsendelser	35	62	11	31	8	23
Antal positive besætninger	30	56	11	28	8	23
Indsendelser subtypet både HA og NA	48	92	23	53	24	62
H1avN1av	1	2	4	10	0	0
H1avN2sw	22	53	16	38	19	47
H1avN2hu	2	2	1	2	0	0
H1avN1pdm	0	0	0	1	0	0
H1av (ukendt NA type)	3	4	-	-	-	-
H3huN2sw	0	0	0	0	0	1
H3huN2hu	1	1	0	0	0	0
H1pdm09N1pdm09	5	10	1	1	0	9
H1pdm09N2sw	1	3	0	0	5	5
H1pdm09N2hu	0	0	0	0	0	1
H1pdm09N1av	11	15	0	0	0	0
Flere HA og NA gener i samme prøve						
H1av – N1av, N2sw	2	2	-	-	-	-
H1av, H1pdm – N1pdm, N2sw	2	3	-	-	-	-
H1av – N1pdm, N2sw	1	1	-	-	-	-