

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk Veterinær Konsortium om overvågning af influenza i svin i 2021

Afrapportering af resultater for 2. kvartal 2021

Pia Ryt-Hansen

Charlotte K. Hjulsager

Jesper Schak Krog

Lars Erik Larsen



DK-VET rapport. August 2021

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk veterinærkonsortium om overvågning af influenza i svin i 2021. Afrapportering af resultater for 1. kvartal 2021

Udarbejdet af Pia Ryt-Hansen, 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: 01-01-2021 – 31-12-2021

Udgivet af Statens Serum Institut og Københavns Universitet

Baggrund

I henhold til aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk Veterinær Konsortium (Statens Serum Institut og Københavns Universitet) om overvågning af influenza i svin 2021, gennemføres følgende undersøgelser på prøver fra diagnostiske indsendelser fra danske svinebesætninger til test for svineinflenzavirus på Statens Serum Institut (SSI), Center for Diagnostik, DTU (CfD) og SEGES Laboratorium for Svinesygdomme, Kjellerup:

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.
3. Genom karakterisering af udvalgte virusisolater.

Resultater

Resultaterne for 2. kvartal 2021 er opsummeret i Tabel 1A og B.

Prøver testet

Alle indsendelser fra danske svinebesætninger 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 (næsesebber, lungevæv eller spyt) pr. indsendelse.

I perioden 1. april til 30. juni 2021 blev der modtaget i alt 211 indsendelser fra 191 forskellige besætninger, registreret med forskelligt CHR nr., til diagnostisk undersøgelse for influenza A virus. Derved ses der også i dette kvartal en stigning i antal indsendelser sammenlignet med 2019 og 2020, hvor tallet lå på henholdsvis 132 og 178 indsendelser for 1. kvartal.

Der blev påvist influenza A virus i 94 indsendelser, svarende til at 45% af indsendelserne havde mindst en positiv prøve. Andelen af positive indsendelser var dermed markant lavere sammenlignet med 1. kvartal i 2019 og 2020, hvor andelen var henholdsvis 58% og 62%. Over alle årene i overvågningen har andelen af positive indsendelser i 2. kvartal dog 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.

H1pdm09Nx er påvist i prøver fra 47 indsendelser fra 42 forskellige besætninger registreret med forskellige CHR-numre. Dermed er denne subtype påvist i 50% af de influenzapositive indsendelser, hvilket er markant højere end den samme periode i 2012-2020, hvor niveauet lå på 17-32%.

Overvågningen i de foregående år har afsløret, at diversiteten af H1pdm09 virus, der cirkulerer i den danske svinepopulation, er steget til en grad, der har vist sig at påvirke sensitiviteten af H1pdm09 subtypningsassays. På trods af indførelsen af en optimeret subtypningsprocedure, hvor der anvendes flere primer/probe par end tidligere, vil der stadig være en risiko for, at H1pdm09 virus ikke kan

subtypes i en svagt positiv prøve. Prøver, der er svagt positive for influenza A virus, rapporteres derfor som ”kan ikke subtypes” i analysen for H1pdm09 i de tilfælde, hvor undersøgelsen for H1pdm09 giver et negativt resultat. Man kan derfor ikke antage, at subtypen ikke er H1pdm09, hvis prøven er svagt positiv for influenza A virus, og analysen for H1pdm09 er negativ.

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 ved sekvensanalyse. Nogle prøver vil ikke kunne subtypes, fordi der er for lidt virus i dem. Resultater fra prøver indsendt i 2. kvartal fremgår af Tabel 1B. I lighed med de seneste år er H1avN2sw den subtype, der langt oftest påvises. Dog ses det at den nye subtype H1pdmN1av også er i markant fremgang, og udgør 24 % af de subtypedede prøver. For otte indsendelser fra 2. kvartal blev der påvist flere forskellige HA og NA gener i den samme prøve. I disse indsendelser er der prøver, hvor der er påvist flere af følgende gensegmenter; H1av, H1pdm, N1av, N1pdm og N2sw i forskellige kombinationer. Yderligere fuld genom sekventering vil blive foretaget på disse prøver, for at kortlægge om disse er reelle infektioner med flere subtyper.

Genom karakterisering ved sekventering af udvalgte virus

Partiel og fuldlængde karakterisering af influenzavirus fra positive indsendelser pågår.

Tabel 1A og B. Status 2. kvartal 2019 - 2021

A. PCR påvisning og H1pdm subtypning	2021 2.kv	2020 2.kv	2019 2.kv	2021 1+2.kv*	2020 1+2.kv	2019 1+2.kv
Parameter						
Generel Influenza A virus undersøgelse						
Antal indsendelser undersøgt	211	178	132	532	378	293
Antal positive indsendelser	94	110	77	271	228	163
Antal positive prøver i alt	232	270	174	707	530	370
Undersøgelse for influenza A virus med H1pdm09 HA gen						
Antal prøver testet	231	270	174	706	526	370
Antal positive indsendelser	47	35	11	116	62	31
Antal positive besætninger	42	30	11	109	56	28

* Resultater fra DTU, der ikke indgik i 2021 1. kvartalsrapport, er nu indregnet i den samlede opgørelse for 2021 kvartal 1 og 2.

B. Subtypning (HA og NA gen)	2021 2.kv	2020 2.kv	2019 2.kv	2021 1+2.kv	2020 1+2.kv	2019 1+2.kv
Parameter						
Indsendelser subtypet både HA og NA	58	48	23	182	92	53
H1avN1av	2	1	4	5	2	10
H1avN2sw	23	22	16	93	53	38
H1avN2hu	1	2	1	1	2	2
H1avN1pdm	0	0	0	0	0	1
H3huN2sw	1	0	0	1	0	0
H3huN2hu	0	1	0	0	1	0
H1pdm09N1pdm09	4	5	1	16	10	1
H1pdm09N2sw	5	1	0	11	3	0
H1pdm09N2hu	0	0	0	0	0	0
H1pdm09N1av	14	11	0	44	15	0
Flere HA og NA gener i samme prøve						
H1av – N1av, N2sw	1	2	-	1	2	-
H1av – N1pdm, N2sw	1	1	-	1	0	-
H1av, H1pdm – N1pdm, N2sw	2	2	-	4	3	-
H1av, H1pdm – N1pdm	0	0	-	0	0	-
H1av, H1pdm – N1av, N2sw	3	0	-	4	0	-
H1av, H1pdm – N2sw	1	0	-	2	0	-
H1pdm – N1pdm, N2sw	0	0	-	1	1	-