

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

Afrapportering af resultater for 3. kvartal 2020

Redigeret version (marts 2021)

Nicole B. Goecke

Charlotte K. Hjulsager

Jesper Schak Krog

Lars Erik Larsen



Dette er en redigeret version af afrapporteringen af resultater for 3. kvartal 2020. Denne redigering er foretaget, da det blev opdaget, at nogle prøver var blevet talt med dobbelt i optællingen, samt at der var én indsendelse til sundhedsovervågning, der ved en fejl var medtaget i optællingen. Derudover er der i den redigerede version inkluderet data fra SEGES Laboratorium for Svinesygdomme, Kjellerup.

Den nye optælling viser, at der i 3. kvartal 2020 var 150 indsendelser fra 129 forskellige besætninger i stedet for de opgivet 116 indsendelser fra 109 forskellige besætninger. De 79 af de 150 indsendelser var influenza A virus positive, svarende til at 53% af indsendelserne havde mindst en positiv prøve, hvilket var opgivet til 68% i den første version af afrapporteringen for 3. kvartal 2020. Ydermere var der i første version af rapporten opgivet at 229 prøver var positive for influenza A virus og at 229 prøver var blevet testet for H1pdm09. Disse tal er blevet redigeret til 196 prøver.

DK-VET rapport. November 2020– redigeret version marts 2021

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk veterinærkonsortium om overvågning af influenza i svin i 2020. Afrapportering af resultater for 3. 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 Københavns 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, Statens Serum Institut (SSI) og SEGES Laboratorium for Svinesygdomme, Kjellerup.
3. Genom karakterisering af udvalgte virusisolater.

Resultater

Resultaterne for 3. kvartal 2020 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 (næsesvabere, lungevæv eller spyt) pr. indsendelse.

I perioden 1. juli til 30. september 2020 blev der modtaget i alt 150 indsendelser fra 129 forskellige besætninger, registreret med forskelligt CHR nr., til diagnostisk undersøgelse for influenza A virus, hvilket er flere end i den tilsvarende periode i 2018-2019 og det højeste antal indsendelser modtaget i 3. kvartal siden overvågningen startede i 2011.

Der blev påvist influenza A virus i 79 indsendelser, svarende til at 53% af indsendelserne havde mindst en positiv prøve. Andelen af positive indsendelser i 3. kvartal var på niveau med andelen i 3. kvartal i 2019, som var på 51%. De tidligere år har andelen af positive indsendelser i 3. kvartal udgjort mellem 32-57% 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 16 indsendelser fra 16 forskellige besætninger registreret med forskellige CHR.-numre. Dermed er denne subtype påvist i 20% af de influenzapositive indsendelser, hvilket er på niveau med den samme periode i 2015-2019, hvor niveaulet lå på 20-29%.

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 (HA og NA genet) ved sekvensanalyse. Nogle prøver vil ikke kunne subtypes, fordi der er for lidt virus i dem. Resultater fra prøver indsendt i 3. kvartal fremgår af Tabel 1B. I lighed med de seneste år er H1avN2sw den subtype, der langt oftest påvises. For tre indsendelser fra 3. kvartal blev der påvist flere forskellige NA gener i den samme prøve. I 2020 er der prøver, hvor der er påvist flere af følgende gensegmenter; H1av, H1pdm, N1av, N1pdm og N2sw i forskellige kombinationer. Da det ikke vides hvordan disse gensegmenter er kombineret, har de fået deres eget afsnit nederst i Tabel 1B.

Genom karakterisering ved sekventering af udvalgte virus

Partiel og fuldlængde karakterisering af influenzavirus fra positive indsendelser pågår.

Tabel 1A og B. Status 3. kvartal 2018 - 2020

A. PCR påvisning og H1pdm subtypning	2020 3.kv	2020 1.-3.kv	2019 3.kv	2019 1.-3.kv	2018 3.kv	2018 1.-3.kv
Parameter						
Generel Influenza A undersøgelse						
Antal indsendelser undersøgt	150	526	109	403	96	308
Antal positive indsendelser	79	309	55	218	55	170
Antal positive prøver i alt	196	729	137	507	143	380
Undersøgelse for influenza A virus med H1pdm09 H1 gen						
Antal prøver testet for H1pdm09	196	725	137	507	143	380
Antal positive indsendelser	16	80	13	44	15	38
Antal positive besætninger	16	66	13	42	14	36

B. Subtypning (HA og NA gen)	2020 3.kv	2020 1.-3.kv	2019 3.kv	2019 1.-3.kv	2018 3.kv	2018 1.-3.kv
Parameter						
Indsendelser subtypet både HA og NA	46	145	27	80	31	96
H1avN1av	1	5	2	13	2	3
H1avN2sw	33	88	16	53	21	69
H1avN2hu	0	2	2	4	0	0
H1avN1pdm	0	0	0	1	1	1
H3huN2sw	0	0	0	0	0	1
H3huN2hu	0	1	0	0	0	0
H1pdm09N1pdm09	2	13	3	4	4	14
H1pdm09N2sw	2	5	0	0	3	8
H1pdm09N2hu	0	0	0	0	0	0
H1pdm09N1av	5	21	0	0	0	0
Flere HA og NA gener i samme prøve						
H1av – N1av, N2sw	0	2	1	2	-	-
H1av, H1pdm – N1pdm, N2sw	0	4	1	1	-	-
H1av, H1pdm – N1pdm	0	0	1	1		
H1pdm – N1pdm, N2sw	1	1	0	0	-	-
H1av – N1pdm, N2sw	2	3	1	1	-	-