

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

Afrapportering af resultater for 4. kvartal 2020

Nicole B. Goecke

Charlotte K. Hjulsager

Jesper Schak Krog

Lars Erik Larsen



DK-VET rapport. Marts 2021

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk veterinærkonsortium om overvågning af influenza i svin i 2020. Afrapportering af resultater for 4. 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 svineinflenzavirus:

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 4. 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 (næsesebore, lungevæv eller spyt) pr. indsendelse.

I perioden 1. oktober til 31. december 2020 blev der modtaget i alt 197 indsendelser fra 177 forskellige besætninger, registreret med forskelligt CHR nr., til diagnostisk undersøgelse for influenza A virus. Dette er på niveau med den tilsvarende periode i 2018 og 2019, hvor tallet lå på henholdsvis 184 og 194 indsendelser for 4. kvartal.

Der blev påvist influenza A virus i 91 indsendelser, svarende til at 46% af indsendelserne havde mindst en positiv prøve. Andelen af positive indsendelser var noget lavere end i 4. kvartal i 2018 og 2019, hvor andelen var henholdsvis 58% og 54%. De tidligere år har andelen af positive indsendelser i 4. kvartal udgjort mellem 36-58% 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 33 indsendelser fra 30 forskellige besætninger registreret med forskellige CHR-numre. Dermed er denne subtype påvist i 36% af de influenzapåvisende indsendelser, hvilket er noget højere end den samme periode i 2015-2019, hvor niveauet lå på 14-25%.

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 4. kvartal fremgår af Tabel 1B. I lighed med de seneste år er H1avN2sw den subtype, der langt oftest påvises. For én indsendelse fra 4. kvartal blev der påvist flere forskellige HA og 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 4. kvartal 2018 - 2020

A. PCR påvisning og H1pdm subtypning	2020 4.kv	2020 1.-4.kv	2019 4.kv	2019 1.-4.kv	2018 4.kv	2018 1.-4.kv
Parameter						
Generel Influenza A undersøgelse						
Antal indsendelser undersøgt	197	723	184	586	194	503
Antal positive indsendelser	91	400	99	318	112	282
Antal positive prøver i alt	221	950	244	751	261	641
Undersøgelse for influenza A virus med H1pdm09 H1 gen						
Antal prøver testet for H1pdm09	221	946	244	751	261	641
Antal positive indsendelser	33	113	21	65	24	62
Antal positive besætninger	30	90	20	60	24	57

B. Subtypning (HA og NA gen)	2020 4.kv	2020 1.-4.kv	2019 4.kv	2019 1.-4.kv	2018 4.kv	2018 1.-4.kv
Parameter						
Indsendelser subtypet både HA og NA	68	213	49	133	42	127
H1avN1av	2	7	2	13	7	10
H1avN2sw	39	127	38	97	23	90
H1avN2hu	0	2	1	5	1	2
H1avN1pdm	0	0	0	1	0	1
H3huN2sw	0	0	0	0	0	1
H3huN2hu	0	1	0	0	0	0
H1pdm09N1pdm09	11	24	3	9	1	15
H1pdm09N2sw	3	8	2	4	1	8
H1pdm09N2hu	0	0	0	0	0	0
H1pdm09N1av	12	33	3	4	0	0
Flere HA og NA gener i samme prøve						
H1av – N1av, N2sw	0	2	-	-	-	-
H1av, H1pdm – N1pdm, N2sw	0	4	-	-	-	-
H1av, H1pdm – N1pdm	0	0	-	-	-	-
H1pdm – N1pdm, N2sw	0	1	-	-	-	-
H1av – N1pdm, N2sw	0	3	-	-	-	-
H1av, H1pdm – N1av, N2sw	1	1	-	-	-	-