



Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2020

Charlotte K. Hjulsager, Yuan Liang

September 2022

Denne rapport beskriver resultaterne der er opnået i henhold til ”Projektplan vedr. overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark i 2020”. Overvågningen er udført af Dansk Veterinærkonsortium (DK-VET) i samarbejde med Fødevarestyrelsen (FVST) og Statens Naturhistoriske Museum (SNM).

En stor tak rettes til indsamlerne af prøver fra vilde fugle i naturen, herunder de frivillige ringmærkere. Vildthåndteringsvirksomhederne Kivan Food, Klosterheden Vildt og Alpevej Vildtbehandling takkes for nedlagt fjervildtprøver. Private borgere takkes for så vidt angår døde fugle til den passive overvågning for fugleinfluenza.

Endvidere takkes laboranter, akademikere og dyrlæger på SSI for omhyggelig udførelse af laboratorieundersøgelserne, og laboranter og patologer på KU og DTU takkes for håndtering af kadavere af døde vilde fugle.

DK-VET rapport, endelig version 07.10.2022.

Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2020

Projektdeltagere:

Charlotte K Hjulsager, Influenzasektionen, Statens Serum Institut

Jesper S Krog, Influenzasektionen, Statens Serum Institut

Jesper J Madsen, Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet

Kasper Thorup, Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet

Yuan Liang, Institut for Veterinær- og Husdyrvidenskab, Københavns Universitet

Lars E Larsen, Institut for Veterinær- og Husdyrvidenskab, Københavns Universitet

Udarbejdet af Charlotte K. Hjulsager & Yuan Liang

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, Artillerivej 5, 2300 København S

Sammenfatning

Overvågning af fugleinfluenza, aviær influenza (AI), på EU niveau går tilbage til 2002, og Danmark følger EU kommissionens bestemmelser for udformning af overvågningen, der har skiftet gennem årene i takt med indhøstede erfaringer.

Som led i den passive overvågning for AI virus i 2020, blev der testet 288 fugle, som var fundet døde i naturen. HPAI virus blev påvist i 92 af disse fugle. Det første fund var HPAI H5N5 påvist i en musvåge fundet død 30. oktober 2020 i Guldborgsund. HPAI H5N5 virus blev også påvist i en bramgås, der var fundet død ved Tønder den 9. november 2020. Disse to fund var de eneste med HPAI H5N5. Af de resterende HPAI positive fugle var 88 inficeret med HPAI H5N8 virus, to var inficeret med HPAI H5 virus, hvor NA ikke kunne subtypes. LPAI virus, der ikke var H5 eller H7 subtype, blev påvist i en enkelt fugl. Genetiske analyser viste at de danske HPAI H5N5 og H5N8 virus tilhører H5 clade 2.3.4.4b og er beslægtet med europæiske HPAI H5N5 og H5N8 virus fra efteråret 2020.

Der blev udført en aktiv overvågning af AI virus i raske vilde fugle i Danmark i 2020. Denne blev udført i samarbejde med Fødevarestyrelsen (FVST) og Statens Naturhistoriske Museum, Københavns Universitet (SNM) i henhold til ”Projektplan vedr. overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark i 2020”.

Der blev i alt undersøgt 220 pools af kloaksvabere fra op til 5 fugle af samme art, fundet på samme sted og på samme tid. Der blev indsamlet prøver fra 786 fugle fordelt på 22 arter. Indsamlingen dækkede de fleste landsdele.

Influenza A virus blev påvist i 63 pools positive, svarende til 29 % af de analyserede pools. De positive pools blev testet med specifikke subtypnings PCR metoder for H5 og H7.

For første gang blev der påvist HPAI virus i den aktive overvågning af tilsyneladende raske vilde fugle. Én pool var positiv for H5 HPAI virus. Denne pool bestod af 5 enkelprøver fra pibeænder, der var nedlagt på Agersø den 31. oktober 2020; prøverne var indsamlet af SNM. Fundet er overensstemmende med teorien om at langdistance-trækfugle kan bringe HPAI virus ind i Europa på deres vej fra deres ynglepladser i Nordskandinavien og Rusland. Desværre indeholdt prøverne for lidt virus til at der kunne udføres en nærmere karakterisering af virus.

Der blev også påvist lavpatogene H5/H7 virus, idet syv pools blev subtyped til H5 og patogenicitetsbestemt ved sekventering til LPAI H5 virus. Der blev påvist H7 LPAI virus i én pool. Efter et par år med markant færre H5 LPAI virus påvisninger i vilde fugle, var dette en lille stigning, uden at det dog nåede op på tidligere års niveau, hvor der var op til 28 % af de influenza A virus PCR positive pools der var H5 LPAI. Fund af en enkelt H7 LPAI virus positiv pool er i overensstemmelse med niveauet for fund af denne virus subtype i vilde fugle over årene.

Overvågningen i Danmark tilvejebringer værdifuld information om de virus, der er udbredt i de danske fuglebestande. Baseret på sekvenser fra de påviste danske H5 virus er udført en PCR assay fitness-analyse af de H5 subtypningsassays, der anvendes til både AI mistanker og overvågning. Mens EURL overvåger de EU-anbefalede assays anvendelighed på europæisk plan, er vores analyse målrettet de LPAI H5 virus, der er udbredt lokalt i de danske fuglebestande.

Analysen indikererede, at de assays, der anvendes til subtypning af H5 LPAI virus, er anvendelige overfor de virus, der cirkulerer i Danmark i dag, på trods af den drift i sekvenserne, som blev afsløret ved fuldlængde HA sekventering og molekulærphylogenetisk analyse. Men analysen viste også, at det er nødvendigt med den nuværende strategi for subtypning, der involverer samtidig anvendelse af både ”H5” og ”H5CS” real-time assays for at opnå en sensitiv påvisning af LPAI H5 virus.

Fitness-analysen understregede vigtigheden af, at der foretages en løbende monitorering af drift i sekvenserne, så de anvendte assays kan opdateres ved behov. Det er nødvendigt, at vi selv holder øje med situationen under danske forhold, via en fortsat overvågning af driften i H5/H7 virus. På den måde kan vi bedst sikre, at vi har det rette værktøj til at påvise H5/H7 virus med høj sensitivitet, når der opstår mistanke om AI virus i danske fjerkræbesætninger, og således hurtigt få kontrol over de anmeldedepligtige AI virus til gavn for både dyresundheden og samfundsøkonomien.

HPAI virus blev for første gang påvist i en kommercial besætning i Danmark i november 2020. Den 16. november 2020 blev der erklæret udbrud med HPAI virus med subtypen H5N8 i en lukket indendørs slagtekyllingeopdrætsbesætning i Tustrup ved Randers. Udbruddet skete samtidig med at der blev påvist samme/tæt beslægtede HPAI virus i vilde fugle i Danmark og resten af Nordeuropa.

På trods af grundig epidemiologisk udredning af besætningsudbruddet, lykkedes det ikke at dokumentere smittekilden. På baggrund af besætningens høje niveau af smittebeskyttelse, kombineret med tætheden til andedam og enge med samling af vandfugle, blev det vurderet, at det var mest sandsynligt at smitten var kommet ind i besætningen fra det omkringliggende miljø via luftindtaget, men det var ikke muligt at afgøre specifikt hvordan introduktionen skete.

Derudover blev der påvist H5N8 HPAI virus i en stor hobbybesætning i december 2020. Besætningen havde mere end 100 forskellige arter og var beliggende ved Jelling i Vejle kommune. Virus blev påvist i ænder uden kliniske tegn på HPAI, efter antistofpåvisning i rutineovervågningsprøver. Idet der blev påvist H5 antistoffer i fuglene, er det muligt, at de har haft en tidligere H5 LPAI infektion, som kan have givet en vis immunitet mod HPAI virusset som kan forklare de milde kliniske symptomer.

Derudover var der et besætningsudbrud med H5N1 LPAI virus i høns i starten af 2020, hvor virus blev påvist i opfølgende svaberprøver efter påvisning af H5 antistoffer i rutineovervågningsprøver. Der var ingen tegn på at besætningsudbruddene var relaterede til hinanden.

Indholdsfortegnelse

Sammenfatning	3
Indholdsfortegnelse.....	5
Formål og afgrænsning.....	6
Baggrund, relevans og perspektiv	7
HPAI i Europa siden 2014	8
Zoonotiske tilfælde med AI virus.....	9
Metode	10
Prøveindsamling, passiv overvågning - døde vilde fugle.....	10
Prøveindsamling, aktiv overvågning - raske vilde fugle	10
PCR-screening, -subtypning og patogenitetsbestemmelse	10
Dyrkning og subtypning af isolater samt patogenitetsbestemmelse	10
Resultater og diskussion.....	11
Passiv overvågning - døde vilde fugle.....	11
Aktiv overvågning – levende vilde fugle.....	12
Prøver	12
PCR resultater CH	13
Virusisolater.....	15
Sammenligning med resultater fra tidligere år	16
Molekylær karakterisering af AI virus.....	17
Evaluering af H5 specifikke diagnostiske assays.....	17
H5 LPAI diversitet	18
H5 HPAI diversitet.....	19
H7 diversitet LPAI i 2020.....	20
H9 virus.....	21
AI virus i fjerkræ.....	21
Referencer	24
Bilag 1. Oversigt over den passive overvågning	26
Bilag 2. Oversigt over den aktive overvågning	31
Bilag 3. Virusisolat-oversigter	32
Bilag 4. Match mellem virus sekvenser og primere og prober i diagnostiske H5 RT-PCR assays.....	33
Bilag 5. Projektplan for overvågningen af AI i vilde fugle i Danmark 2020	36

Formål og agrænsning

Formålet med AI overvågningen i vilde fugle i Danmark er at sikre en tidlig påvisning af HPAI (passiv overvågning) og at belyse vilde fugles rolle i spredningen af AI virus (aktiv overvågning). Overvågningen udføres som en virologisk screening, der primært er rettet mod AI virus med subtyperne H5 og H7. Fund af andre AI virus i vilde fugle subtypes så vidt muligt. Via den molekulære karakterisering af de virus, der påvises i vilde fugle i den danske fauna, og fjerkræ der opdrættes på dansk grund, opnås en mere præcis karakterisering af virus end blot på subtype niveau. Den molekulære karakterisering er fx nødvendig for karakterisering af H7 virus med henblik på identifikation af "Asian H7N9-like" virus og andre varianter af AI virus med zoonotisk potentiale. De molekulære analyser frembringer ligeledes værdifulde data til en løbende evaluering af egnetheden af de molekulærdiagnostiske assays, der anvendes til at undersøge mistanker om AI i fjerkræ. Dette er en stadig nødvendighed, da AI virus konstant muterer.

AI overvågningen i vilde fugle i Danmark i 2020 bestod af:

1) Passiv overvågning.

Overvågning for HPAI i døde og syge vilde fugle i medfør af Kommissionens afgørelse af 25. juni 2010 (2010/367/EU), bilag II. Målgruppen af fugle er angivet i artslisten (EFSA et al. 2017).

FVST indberettede laboratorieresultaterne fra den passive overvågning til EFSA.

2) Aktiv overvågning.

En national aktiv overvågning for LPAI virus i levende vilde fugle, herunder nedlagte fugle.

3) Molekylær karakterisering.

Udvalgte virus og gener fra 1) + 2), samt virus i fjerkræbesætninger påvist i forbindelse med AI mistanker og virologisk overvågning af opdrættet fjervildt, blev karakteriseret molekulært med primært fokus på karakterisering af H5 og H7 virus.

Baggrund, relevans og perspektiv

Aviær influenza (AI) er en smitsom virusinfektion, som kan angribe alle fuglearter, og som er forårsaget af influenza A virus (IAV). IAV tilhører *Orthomyxoviridae* virusfamilien og har et negativ-sense, enkeltstrenget, segmenteret RNA genom. IAV kan inficere mange dyrearter inkl. mennesker, grise, heste og fugle. Vilde fugle af ordenerne *Anseriformes* (ænder, gæs og svaner) og *Charadriiformes* (måger, terner og vadefugle) menes at udgøre det naturlige reservoir for influenza A virus (Verhagen et al. 2011).

IAV udviser en stor diversitet. Mest udtalt er den genetiske og antigene variation af overfladeproteinerne hæmagglutinin (HA) og neuraminidase (NA). Virus klassificeres ud fra den antigene variation af disse HA og NA proteiner. I fugle kendes 16 hovedvarianter af HA (H1-H16) og 9 varianter af NA (N1-N9). De findes i mange kombinationer, og disse såkaldte virussubtyper (f.eks. H1N1, H5N1 og H7N3) anvendes i IAV klassifikationen og nomenklaturen. AI virus kan yderligere klassificeres på baggrund af deres patogene fænotype i kyllinger. Højpatogen aviær influenza (HPAI) er en akut systemisk sygdomstilstand i fjerkræ, hvor mortaliteten kan være op til 100 %. HPAI er med meget få undtagelser begrænset til virus af subtyperne H5 og H7. Alle andre subtyper af AI virus er normalt lavpatogene (LPAI), og forvolder mildere eller ingen sygdom (Verhagen et al. 2011). AI virus med subtyperne H5 og H7 findes også i den lavpatogene form. Udvikling af sygdom efter infektion med AI virus er værtsafhængig, således at et givent virus i nogle arter giver kliniske symptomer, mens det i andre arter kan give mildere eller slet ingen symptomer. LPAI virus forekommer enzootisk hos vilde fugle, mens kun få HPAI virus er enzootisk forekommende og kun uden for Europa (f.eks. H5N1) (Alexander, 2000a).

LPAI virus med subtyperne H5 og H7 kan mutere til HPAI virus. Aminosyresekvensen omkring HA kløvningsstedet er afgørende for patogeniteten, men konstellationen af de øvrige gener og individuelle genmutationer spiller ligeledes en rolle (Hatta et al. 2001; Stech et al. 2009). De faktorer der medfører transition fra LPAI til HPAI kendes ikke. I nogle tilfælde ser det ud til, at virus har muteret fra LPAI til HPAI umiddelbart efter introduktion af LPAI til fjerkræ, mens LPAI virus i andre tilfælde ser ud til at have cirkuleret i månedsvis før den/de nødvendige mutationer er sket (Banks et al. 2001). Det er således rimeligt at antage, at risikoen for, at ændringen fra LPAI til HPAI vil ske, afhænger af hvor længe og hvor mange LPAI virus, der cirkulerer i en flok (Alexander, 2007). Dermed er det en uønsket situation at have LPAI H5/H7 virus cirkulerende i fjerkræflokke, og således er det vigtigt at undgå introduktion af LPAI H5/H7 virus. Hvis introduktion sker, er en hurtig diagnose og effektiv bekæmpelse, f.eks. ved depopulation (aflivning), af yderste vigtighed. Vilde fugle er i nogle tilfælde identificeret som en mulig kilde til introduktion af virus til fjerkræflokket (Alexander, 2007). Dette kan ske enten ved direkte kontakt eller indirekte kontakt, hvor andre dyrearter, mennesker eller utensilier, mekanisk har båret virus ind i flokken. Denne sekundære transmission af virus er, i nogle større AI udbrud, kædet sammen med bevægelse af personale og materiel mellem besætninger. Virus er stabilt i miljøet og kan overleve i længere tid i f.eks. overfladenvand, som dermed udgør en kilde til virus og bidrager til cirkulation af virus i bestanden af vilde fugle, især svømmefugle (Alexander, 2007).

LPAI virus kan inddeltes i to fylogenetiske hovedlinjer: den eurasiske og den amerikanske linje. Denne opdeling af influenzavirus kan forklares ud fra den geografiske og økologiske adskillelse af fugle, der benytter trækruter enten over Europa/Asien/Afrika/Australien eller Amerika (Munster and Fouchier, 2009; Verhagen et al. 2011). Ud over den geografiske opdeling af AI virus, ses også en opdeling baseret på værtspopulationer. Et eksempel herpå er AI virus med subtyperne H13 og H16, der primært isoleres fra måger og terner (*Charadriiformes*) (Fouchier et al. 2005). Disse AI virus har udviklet sig til separate genetiske linjer, der er forskellige fra AI virus af subtyperne H1 – H12 der primært findes i ænder (*Anseriformes*) (Munster et al. 2007).

Udbrud af HPAI i fjerkræ kendes tilbage til 1959, hvor det første udbrud med HPAI H5N1 blev påvist i høns i Skotland. Frem til omkring 2003 var der ca. 20 udbrud i tamfjerkræ med HPAI H5 eller H7 virus på

verdensplan. Frekvensen af udbrud har siden været stigende. De fleste udbrud har været i høns og har typisk involveret fra tusindvis til millioner af dyr (Alexander, 2007). I 2003 ændrede situationen sig imidlertid dramatisk, idet HPAI H5N1 af asiatsk oprindelse blev enzootisk forekommende i dele af Asien og bredte sig til Europa og Afrika, hvor dette virus har været årsag til udbrud i vilde fugle og/eller fjerkræ i over 60 lande, heraf 24 europæiske (Cattoli et al. 2009). Udo over at være et problem i fjerkræproduktionen, anses den asiatiske variant af HPAI H5N1 virus for at være en betydelig human trussel med mere end 450 fatale tilfælde (WHO update no. 824, 24 December 2021) og en frygt for, at dette virus vil kunne udvikle sig til et virus med pandemisk potentiale (Capua og Alexander, 2007).

Ved udbrud af HPAI i fjerkræ, især i tamænder der opdrættes på friland, vil der være risiko for overførsel til vildfugle populationen (Alexander 2007) og virus kan potentielt spredes over store afstande af vilde fugle, især hvis de ikke eller kun i ringe grad er klinisk syge (Keawcharoen et al. 2008).

HPAI i Europa siden 2014

De seneste år har der været udbrud af HPAI H5 virus i vilde fugle og fjerkræ i Europa. I vinteren 2014/2015 blev HPAI H5N8 virus rapporteret fra både vilde fugle og fjerkræ i EU (Tyskland, Holland, UK, Sverige, Italien, Ungarn). Disse virus tilhørte clade 2.3.4.4.a HPAI H5 virus. Genetiske undersøgelser af virus fra både vilde fugle og fjerkræ peger på en rolle for vilde fugle i spredningen af virus. H5N8 virusset blev også fundet i USA, og reassorterede efterfølgende med amerikansk linje NA gener. Reassorterede HPAI H5 clade 2.3.4.4a virus med andre N typer end N8 (H5N5, H5N6) er ligeledes fundet i Asien.

I 2016-2017 blev der igen rapporteret om HPAI H5N8 virus i Europa i vilde fugle og fjerkræ. H5 fra denne periode adskilte sig genetisk fra 2014-15 HPAI H5N8 virus og tilhørte clade 2.3.4.4.b. Det første fund var 27. oktober 2016 i en vild fugl i Ungarn. Virusset spredte sig herefter hurtigt til de fleste europæiske lande, herunder Danmark 7. november 2016.

Genetiske analyser har indikeret, at det er sandsynligt, at virusset blev introduceret med vilde fugle fra Rusland via hhv. en nord- og en centraleuropæisk rute. Det er tæt beslægtet med virus, der blev påvist tidligere i 2016 i Tyva, Rusland. FAO (The Food and Agriculture Organization) advarede i september 2016 om, at der var stor risiko for spredning af HPAI H5N8 vest og syd for Tyva med trækfugle, på baggrund af dette fund og ved sammenligning med dynamikken af tidligere introduktioner af HPAI virus til Europa (Sims et al. 2016). Udo over H5N8, blev der i 2016-17 i mindre omfang påvist HPAI reassortments H5N5 og H5N6 i Europa. Disse virus er sandsynligvis opstået ved reassortment mellem HPAI H5N8 og lokale lavpatogene virus.

I 2018-19 var der udbrud af HPAI clade 2.3.4.4.b H5N6 i flere europæiske lande. Udo over Danmark, var der fund af dette virus i Finland, Sverige, Holland, Tyskland, Irland, Slovakiet og Storbritannien, primært i første halvår af 2018. Hovedparten af de positive fund i Danmark var i vilde fugle indsamlet i perioden 12. februar til 17. april 2018, herefter fandtes sporadiske H5N6 HPAI positive vilde fugle i juli, august og september 2018. Efter yderligere 3 måneder blev der påvist HPAI H5N6 i en havørn fundet den 22. december 2018 ved Næstved, og i en musvåge fundet i Odsherred den 4. januar 2019. Sådanne sene fund sås ikke i andre europæiske lande (Liang et al. 2021a).

Der har generelt været meget lavere aktivitet for så vidt angår fund af HPAI virus i vilde fugle og fjerkræ på europæisk plan i 2019 end i de foregående år med først HPAI H5N8 og dernæst HPAI H5N6. I Polen var der flere udbrud med HPAI H5N8 i fjerkræ i slutningen af 2019 og starten af 2020. Fylogenetiske analyser viste at disse virus var tættere beslægtet med virus fra Afrika (Nigeria) end med europæiske HPAI H5Nx virus fra 2016-2018. I starten af 2020 var der også rapporter om HPAI H5N8 fra Tyskland, Ungarn, Rumænien, Slovakiet og Tjekkiet. De involverede virus var tæt beslægtet med de polske "Nigeria-like" HPAI H5N8 virus ifølge det europæiske referencelaboratorium for aviær influenza og Newcastle disease, IZSVe, Italien (EURL).

Senere på året, hhv. 29. og 30. oktober, blev der i Tyskland, påvist HPAI H5N5 virus i en musvåge og HPAI H5N8 virus i en bramgås. Virusset fundet i bramgåsen var tæt beslægtet med et H5N8 virus, der havde forårsaget et udbrud i en fjerkræsbesætning i Irak, maj 2020. Generelt var virus fundet i epizootien 2020/2021 (september 2020 – september 2021) tættere beslægtet med virusset fra Irak, og omtales som ”Iraqi-like”, og har en anden genotype end de H5N8 virus, der blev fundet i foråret 2020 (Liang et al. 2021b). I 2020-2021 epizootien blev der påvist HPAI H5 i vilde fugle og/eller fjerkræ og andre fugle i fangenskab i 3792 tilfælde i Europa fordelt på 31 lande (EFSA 2022). Dette var den hidtil største HPAI epizooti i Europa.

Zoonotiske tilfælde med AI virus

Influenza er en zoonose, men de HPAI H5N6 virus der blev fundet i Europa i 2016-2019, er ikke nært beslægtede med de humanpatogene H5N6 virus fra Sydøstasien, der siden 2014 har krævet 33 dødsfald, blandt 80 laboratoriebekræftede tilfælde (WHO, 2022). Virus tilhørende H5 clade 2.3.4.4b er dog påvist i enkelte af de nyere humane tilfælde (Xiao et al. 2021)

Globalt er der i perioden fra januar 2003 – 25. august 2022 indrapporteret 864 tilfælde med H5N1 virus fra 18 lande, heraf 456 fatale tilfælde. Langt de fleste tilfælde er fra Asien eller Egypten og skyldes asian lineage H5N1 virus, der adskiller sig genetisk fra de H5N1 virus der har cirkuleret i fuglebestande i Europa siden 2020. Siden 2016 har der kun været meget få rapporterede tilfælde. De humane tilfælde relateres til kontakt med smittede levende eller døde fugle eller inficeret miljø.

Virus med subtypen H7N9 kendes fra tidligere, men i marts 2013 blev en særlig H7N9 variant, i det efterfølgende benævnt ”Asian H7N9”, fundet i Kina. Dette specifikke virus menes at være opstået ved multiple reassortment events af virus fra asiatiske fugle; H7N9 virusset har formodentlig fået sit HA gen fra domesticerede ænder, NA genet fra vilde fugle og de resterende gener fra H9N2 virus fra domesticeret fjerkræ. Virusset er udbredt i fjerkræ i Kina. Virusset kendtes i begyndelsen kun i en lavpatogen form i fjerkræ, som dog kunne forårsage alvorlig sygdom i mennesker. Siden februar 2017 er der også påvist HPAI H7N9 virus i fjerkræ. Dette virus kan også smitte mennesker og forårsagede en stigning i antallet af humane tilfælde under den 5. bølge af H7N9 epidemien (oktober 2016 - september 2017) og en geografisk spredning af tilfældene. Der er rapporteret om 1568 laboratoriebekræftede humane tilfælde af H7N9 infektion til WHO siden starten af 2013, heraf 616 fatale tilfælde. De humane cases relateres til kontakt med smittede levende eller døde fugle eller inficeret miljø. Der er set vedvaren smitte mellem mennesker. Vaccination af fjerkræ er anvendt til at få udbruddet under kontrol. Det seneste humane tilfælde med H7N9 virus var i 2019.

I februar 2018 er der rapporteret om et tilfælde af human smitte med aviær influenza virus A subtype H7N4. Der har ikke været rapporteret tilfælde med denne subtype siden (WHO, 2022).

I 2016 blev der rapporteret om et tilfælde med LPAI H7N2 efter smitte blandt katte på et dyreinternat i New York. Personen havde været i tæt kontakt med kattene (CDC, 2016).

H9N2 virus er enzootisk forekommende i forskellige typer af terrestrisk fjerkræ flere steder på det eurasiske kontinent, nogle gange med øget sygelighed. Dette virus blev første gang påvist i Guangdong provinsen i Kina i 1994. Smitte til mennesker med dødelig udgang er forekommet flere gange og virus har doneret interne gener til zoonotiske influenzavirus Asian H7N9 og H10N8. Der er i alt rapporteret om 78 humane tilfælde af H9N2, heraf to dødsfald (begge med underliggende sygdom), siden december 2015. Heraf 76 fra Kina og to fra Cambodia (WHO 2022).

Metode

Prøveindsamling, passiv overvågning - døde vilde fugle

Kadavere af fugle fundet døde i naturen blev indsendt til DK-VET eller Center for diagnostik (CfD på DTU), hvor der blev udtaget kloaksvabere og trachealsvabere i AI kloak (flerstyrke) medie til analyse for AI virus, således at hver fugl blev testet som en pool af en kloak- og en svælgsvaber på SSI. Fjerfaldvildt indsendt til faldvildtundersøgelser på DTU, Center for Diagnostik, indgik også i overvågningen, idet prøver blev udtaget på DTU og indleveret til test på SSI. Laboratoriesvar blev sendt til FVST, Dyresundhed og med kopi til DTU for så vidt angik fjerfaldvildt. Fuglene og de tilhørende laboratorieresultater blev ligeledes løbende registreret i FVST's offentligt tilgængelige fugleinfluenza database (<https://ai.fvst.dk/>).

Enkelte fugle blev testet på hjernemateriale, da det blev klart at det kunne være et bedre materiale til diagnostik af de HPAI virus i vilde fugle, der var årsag til udbrud i Europa i slutningen af 2020 og ind i 2021.

Prøveindsamling, aktiv overvågning - raske vilde fugle

Til den aktive overvågning af raske vilde fugle blev der indsamlet kloaksvaberprøver fra vilde fugle, som i det efterfølgende er opdelt i to kategorier baseret på indsamlingsmetoden:

1) Nedlagt fjervildt. FVST varetog udtagelse af prøver fra hhv. 100, 150 og 202 nedlagte gråænder og krikænder, der var indleveret på vildthåndteringsvirksomhederne Kivan Food (Sjælland), Alpeej Vildtbehandling (Fyn) og Klosterheden Vildt (Jylland), i alt 452 fugle. Prøverne blev udtaget i perioden 7. september - 16. november 2020, og indsendt på køl til SSI med FVST's kurerservice.

2) Levende fugle. SNM koordinerede udtagelse af prøver fra vildtlevende fugle ud fra en prioriteret liste (bilag 5) med fokus på vandfugle, der enten blev fanget og frigivet i forbindelse med ringmærkning eller nedlagt ved jagt samme dag, som prøverne blev taget. Prøverne blev udtaget som kloaksvabere i kloak(flerstyrke)medie og indleveret på SSI eller indsendt med PostNord til SSI. Der blev indsendt prøver fra 308 fugle, indsamlet 4. februar og i perioden 5. september - 15. december 2020. Endvidere blev der taget prøver fra 26 fugle, primært måger, der blev indsamlet på eller nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme i perioden 25. oktober – 20. november 2020.

Prøver fra op til 5 fugle af samme art og udtaget på samme tid og sted, blev pooleret på laboratoriet før test. Alle pools blev undersøgt på SSI med laboratoriemetoder udført i henhold til den diagnostiske manual for aviær influenza, EU direktiv 2005/94/EF, med mindre andet er angivet.

PCR-screening, -subtypning og patogenicitetsbestemmelse

Alle pools blev indledningsvist screenet for tilstedeværelsen af Influenza A virus med real-time RT-PCR målrettet matrix-genet. Influenza A virus positive pools blev subtypet med specifik RT-PCR (real-time og/eller konventionel RT-PCR) mod H5 og H7 subtyperne. H5 og H7 positive pools blev ligeledes konfirmeret ved sekventering henover HA-kløvningsstedet, og sekvensen blev anvendt til bestemmelse af patogeniciteten som hhv. lavpatogen AI virus (LPAI) eller højpatogen AI virus (HPAI).

Dyrkning og subtypning af isolater samt patogenicitetsbestemmelse

Pools, der var PCR positive for AI virus, blev podet i embryonerede hønseæg med det formål at isolere virus. AI virusisolater blev bekræftet med real-time RT-PCR målrettet matrix-genet, og H og N subtypet ved anvendelse af hæmagglutinations inhibitionstest (HI-test) og neuraminidase inhibitionstest (N-test), og/eller ved Sangersekventering af HA og NA generne med in-house protokoller med primere modifieret fra Hofmann et al. (2001) eller ved inhouse Next-generation sequencing (NGS) på OneTube PCR produkter genereret med MBTuni12R og MBTuni13 primere (modifieret fra Zhou et al. 2009). I de tilfælde hvor

virusisolaterne ikke var AI virus, blev isolaterne testet med RT-PCR for aviær paramyxovirus serotype 1 (APMV-1) og HI-test overfor et panel af APMV type 1-2 og V4-9 antisera.

Resultater og diskussion

Passiv overvågning - døde vilde fugle

Som led i den passive overvågning for AI virus i 2020, blev der testet 288 fugle, som var fundet døde i naturen (tabel 1; bilag 1). Det første fund var HPAI H5N5 påvist i en musvåge fundet død 30. oktober 2020 i Guldborgsund. Derudover blev en bramgås, fundet død i Tønder den 9. november 2020, påvist positiv for HPAI virus H5N5. Disse to var de eneste fund af H5N5 virus. Ud af de 288 undersøgte fugle var 88 inficeret med HPAI H5N8 virus, to var inficeret med HPAI H5 virus, hvor NA ikke kunne subtypes, og en enkelt med et LPAI virus, der ikke var H5 eller H7 subtype.

Genetiske analyser viser at de danske HPAI H5N5 og H5N8 virusser tilhører H5 clade 2.3.4.4b og er beslægtet med de europæiske HPAI H5N5 og H5N8 virus fra efteråret 2020, de såkaldte "Iraqi-like" virus (Liang et al. 2021b). De nedstammer derfor ikke fra HPAI virus fundet i enkelte europæiske lande i foråret 2020.

Den geografiske fordeling af fugle indsendt til undersøgelse i 2020 fremgår af figur 1. De testede fugle er fundet fordelt over hele landet.



Figur 1. Passiv overvågning af aviær influenzavirus i vilde fugle, Danmark 2020. Detaljerede oplysninger fremgår af <https://ai.fvst.dk/> og bilag 1.

Tabel 1. Oversigt over den passive overvågning af AI i Danmark 2009-2020.

Døde vilde fugle	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Antal fugle testet	83	56	33	18	10	10	37	204	154	148	111	288
AI virus PCR positive	1	3	1	2	0	0	1	66	22	46	3	93
H5/H7 LPAI positive	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
H5/H7 HPAI positive	0	0	0	0	0	0	0	65	17	42	1	92
HPAI Subtyper								H5N8	H5N8	H5N6	H5N6	H5N5 H5N8

Aktiv overvågning – levende vilde fugle

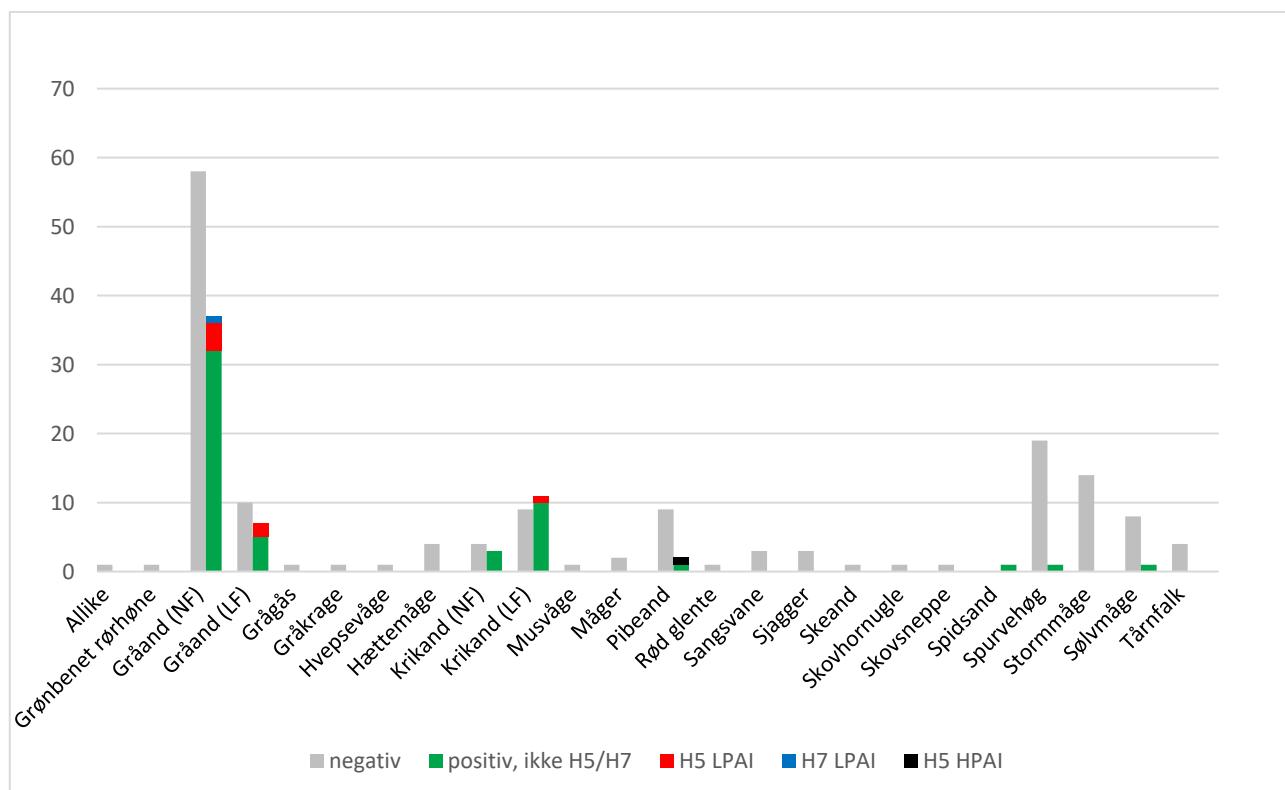
Prøver

Indsamlingen var målrettet de arter, som bedst muligt tilgodeser ønsket om at indsamle prøver fra fugle, der udgør en forhøjet risiko med hensyn til fugleinfluenza (EFSA, 2017), hvilket primært er vandfuglearter. Der blev indsamlet prøver fra vilde fugle indleveret på vildthåndteringsvirksomheder ("Nedlagt fjervildt") og fra raske vilde fugle i naturen ("Levende fugle"). En samlet oversigt over prøver og resultater fremgår af bilag 2.

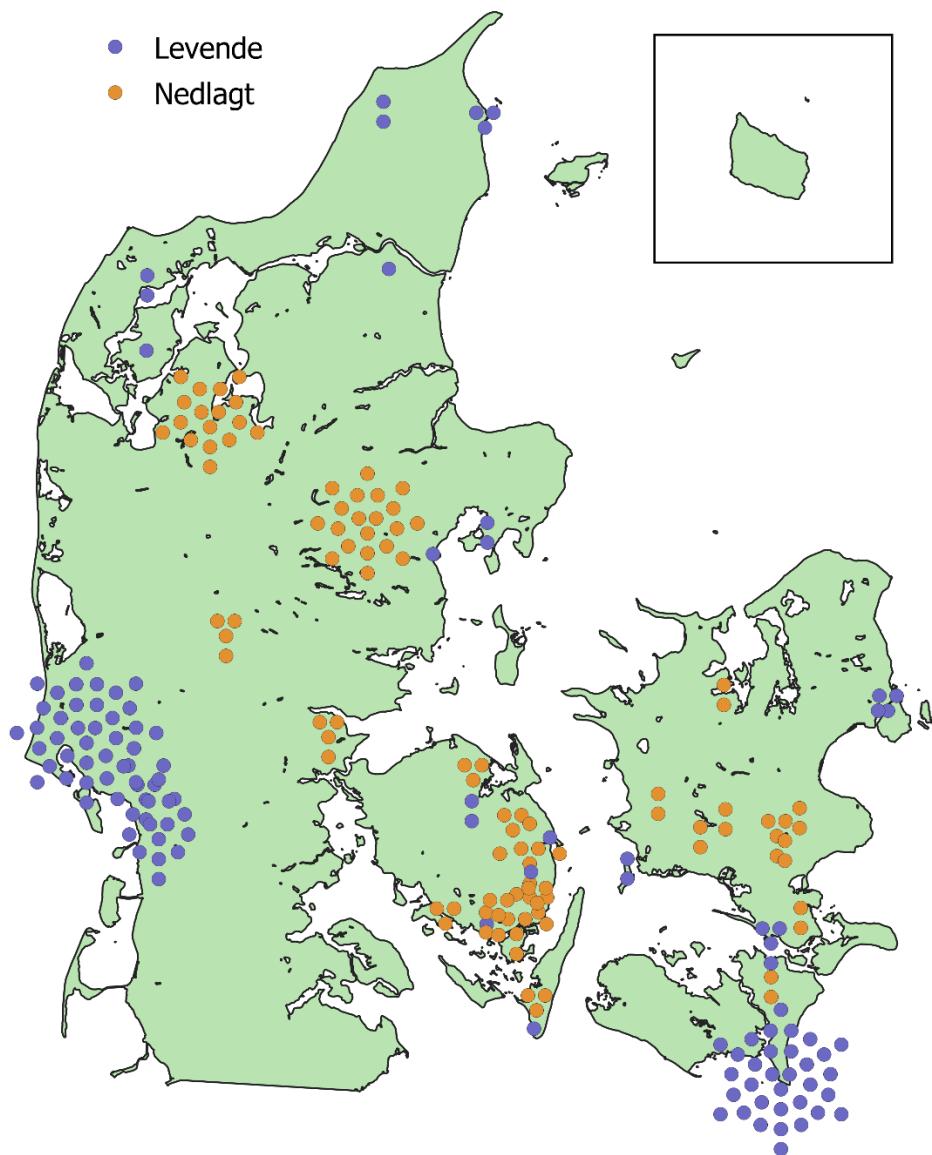
Kategorien "nedlagt fjervildt" omfattede prøver fra 424 gråender og 28 krikænder, der var indleveret på vildthåndteringsvirksomhederne Kivan Food (100 fugle, 20 pools), Alpevej Vildtbehandling (150 fugle, 37 pools) eller Klosterheden Vildt (202 fugle, 45 pools).

Kategorien "levende fugle" omfattede prøver fra 334 vildtlevende fugle, der blev testet i 118 pools. De fleste prøver blev indsamlet af ringmærkere fra Ringmærkningscentralen, Statens Naturhistoriske Museum, der indsamlede kloaksvabere fra vildtlevende fugle, der enten blev fanget og frigivet i forbindelse med ringmærkning, eller var nedlagt ved jagt samme dag som prøverne blev taget. I kategorien indgik også 13 pools med prøver fra 26 fugle der blev skudt på eller nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme. Disse fugle blev indleveret til KU, som udtog kloaksvabere. Disse prøver er omtalt som "COVID-måger" i bilag 2, selvom det også drejede sig om andre fugle end måger. De erstatter måger fra lufthavne som var planlagt jf. projektbeskrivelsen (bilag 5).

Der blev i alt undersøgt 220 pools af kloaksvabere fra 786 fugle fordelt på 22 arter (figur 2) og de fleste landsdele (figur 3). Kategorien "måger" dækker over 7 måger (2 pools) indsamlet på eller nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme, der ikke kunne artsbestemmes præcist.



Figur 2. Artsfordelingen for prøver og resultat af PCR undersøgelse og patogenicitetsbestemmelse. NF, nedlagt fjervildt fra vildthåndteringsvirksomheder; LF, levende ved prøveudtagelse eller skudt ved jagt umiddelbart inden prøveudtagelse, samt prøver fra primært måger der blev indsamlet i nærheden af SARS-CoV-2 ramte minkfarme.



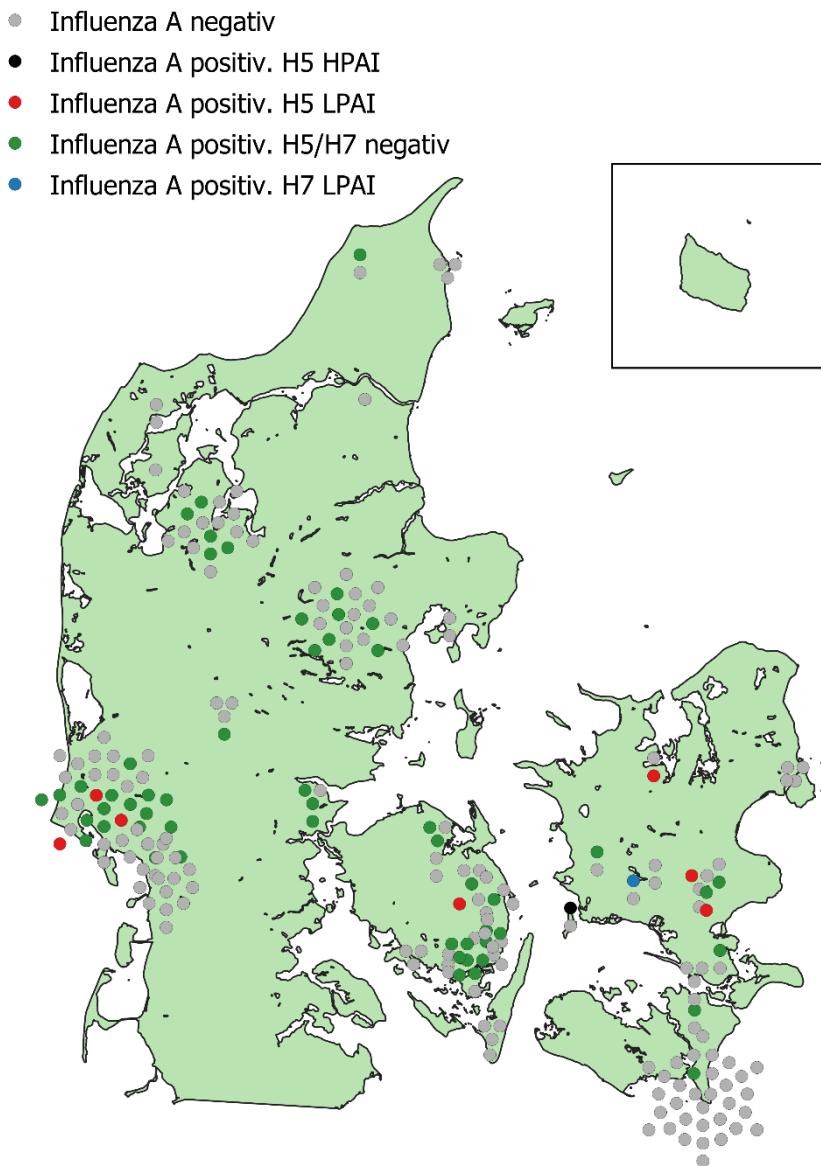
Figur 3. Indsamlingssteder på postnr.-niveau for fugle i den aktive overvågning for aviær influenza 2020. Både nedskudssteder for fugle i kategorien ”nedlagt fjervildt”, der omfattede fugle hvorfra der blev udtaget prøver på vildthåndteringsvirksomheder, og indsamlingslokaliteter for kategorien ”levende fugle”, der dækker over prøver indsamlet af Statens Naturhistoriske Museum (SNM) og fugle indsamlet på eller nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme er vist på kortet. Hvert punkt repræsenterer én pool, punkterne er distribueret i koncentriske cirkler med oprindelse i centrum af disse cirkler.

Indsamlingen af prøver var koncentreret i efterårshalvåret, ud fra den erfaring at chancen for at finde fugleinfluenzavirus er størst i denne periode. I 2020 blev der indsamlet prøver fra 12 fugle i 1. kvartal. De var alle fra Hovedstadsområdet og negative for influenzavirus. Prøver fra de resterende fugle blev indsamlet i perioden 5. september – 16. december og fordele sig med 343 fugle i 3. kvartal og 431 i 4. kvartal.

PCR resultater CH

De poolede prøver blev indledningsvist testet med PCR for influenza A virus. I alt var 63 pools positive, svarende til 29 % (tabel 2). De positive pools blev testet med specifikke subtypnings PCR metoder for H5 og H7. Syv pools blev subtypet til H5 og patogenicitetsbestemt ved sekventering til LPAI H5. Seks pools af svabere fra 29 gråænder en pool af prøver fra 3 krikænder. De var indsamlet på flere forskellige lokaliteter (figur 4). Der blev påvist H7 LPAI virus i én pool, der bestod af prøver fra 5 gråænder i kategorien nedlagt

fjervildt. Én pool var positiv for H5 HPAI virus. Denne pool bestod af 5 enkeltprøver fra pibeænder, der var nedlagt på Agersø den 31. oktober 2020, prøverne var indsamlet af SNM.



Figur 4. Geografisk fordeling på postnr.-niveau af prøver indsamlet i den aktive overvågning af AI i Danmark 2020.
Hvert punkt repræsenterer en pool, som er distribueret i koncentriske cirkler med oprindelse i centrum af disse cirkler.
Detaljerede oplysninger fremgår af bilag 2.

Andelen af PCR positive pools var dobbelt så høj for pools i kategorien ”nedlagt fjervildt” som for ”levende fugle” (tabel 2). Godt halvdelen af de undersøgte pools bestod af prøver fra gråænder, og de bidrog med 70 % af de AI virus positive pools. Gråænder, krikænder og pibeænder stod tilsammen for 95 % af de positive pools.

Prøverne blev indsamlet i Jylland, på Fyn, Falster, Sjælland og herunder i Hovedstadsregionen. Der blev fundet influenzavirus i pools fra alle disse landsdele, bortset fra Hovedstadsregionen (figur 4). De fleste positive pools var fra Jylland, hvor der også var udtaget flest prøver.

Der blev udtaget prøver i 1. kvartal og 3.-4. kvartal af 2020. Ingen af prøverne fra 1. kvartal var positive for influenzavirus. Derimod var 41 % af pools fra 3. kvartal positive for influenzavirus (n=38), mens 20 % af pools fra 4. kvartal var positive (n=25). Andelen af pools der var positive fordelte sig tilsvarende i 2016-2019.

Tabel 2. PCR resultater for de testede pools fra den aktive overvågning af AI 2020. Resultaterne er angivet hhv. samlet (i alt), fordelt på kategorierne Levende fugle og Nedlagt fjervildt, og fordelt på arter.

	I alt	Levende fugle	Nedlagt fjervildt	Gråænder	Krikænder	Pibeænder	Øvrige arter
Antal fugle	786	334	452	485	97	41	163
Antal pools	220	118	102	112 (51 %)**	27 (12 %)**	11 (5 %)**	70 (32 %)**
AI PCR positive pools	63 (29 %)	23	40	44 (70 %)***	14 (22 %)***	2 (3 %)***	3 (5 %)***
H5 LPAI	7 (10 %)*	3	4	6 (10 %)***	1 (2 %)***	0	0
H7 LPAI	1 (1 %)*	0	1	1	0	0	0
H5 HPAI	1 (1 %)*	1	0	0	0	1	0

*H5/H7 resultater er angivet i % af antal AI PCR positive pools; **for gråænder, krikænder, pibeænder og øvrige arter er angivet % af hhv. det totale antal pools og ***af de AI PCR positive pools.

Resultatet vedr. LPAI virus var i overensstemmelse med både europæiske (Munster et al. 2007) og danske overvågningsresultater fra tidligere år (Hjulsager et al. 2012a,b), samt den generelt anerkendte opfattelse af andefugles (primært svømmefugles) rolle som de primære bærere af AI virus (Munster et al. 2007).

Derimod er det første gang der blev påvist HPAI virus i tilsyneladende raske vilde fugle i Danmark, men det stemmer overens med samtidigt udbrud af HPAI virus i vilde fugle i Danmark og med tilsvarende fund i enkelte andre lande.

Virusisolater

Hæmagglutinerende virus (virusisolater) kunne isoleres efter podning i embryonerede hønseæg fra 21 pools fra vilde fugle i den aktive overvågning 2020. Af disse var 14 AI virus og 7 var aviær paramyxovirus (APMV) (bilag 3). Der er ikke isoleret virus fra indsendelser fra besætninger med mistanke om AI eller andre typer af indsendelser med prøver fra fugle.

Aviær influenza

Ved subtypning af AI virusisolaterne fra den aktive overvågning i vilde fugle blev der fundet virus med følgende subtyper: H3N8 (n=5), H4N6 (n=3), H6N1 (n=1), H6N2 (n=3), H7N5 (n=1) og H10N2 (n=1) (Bilag 3). Succesraten for isolation af AI virus i æg var 22 % ud af de AI virus PCR positive pools, hvilket er på niveau med de tidligere år, bortset fra 2019, hvor der kun kunne isoleres virus fra ca. 10 % af de AI virus PCR positive pools. Årsagen til den lavere succesrate i 2019 er ukendt.

Paramyxovirus

Overvågningen var ikke rettet mod påvisning af aviær paramyxovirus (APMV), og der blev derfor ikke foretaget en systematisk screening af alle prøver for APMV. Både AI virus og APMV er imidlertid hæmagglutinerende virus, derfor testes virusisolater, der ikke kan subtypes som AI virus, rutinemæssigt for APMV-1 og de øvrige APMV typer.

Der blev påvist avirulent APMV-1 virus (n=3), APMV-4 (n=2) og APMV-6 (n=2) i prøver fra den aktive overvågning i vilde fugle (bilag 3). Alle typer er blandt de hyppigst påviste typer i de foregående år. Alle isolaterne var fra svømmeænder. Det tyder på at svømmeænderne ofte er inficerede med paramyxovirus, og ænder betragtes da også som naturlig vært for de fundne APMV typer (Alexander, 2000b). Da andefugle både betragtes som naturlig vært for AI og APMV virus, er fundet af APMV i AI overvågningsprøverne forventet.

Sammenligning med resultater fra tidligere år

Nøgletalene fra den aktive overvågning af AI i 2015-2020 er angivet i tabel 3. Det var et krav, at prøver der indgik i overvågningen blev modtaget indenfor 5 dage efter udtagelse. Målet var at undersøge prøver fra 900 fugle, men der blev kun indsamlet prøver fra 786 fugle. Årsagen hertil var dels af SNM ikke kunne nå at indsamle deres budgetterede andel bl.a. pga. ugunstige vejrforhold, og at det ikke var muligt at få prøver fra lufthavne som planlagt. I stedet for fugle fra lufthavne indgik fugle (primært måger) skudt på og nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme i forbindelse med et projekt til at belyse om måger kunne bære smitte med SARS-CoV-2 virus mellem minkbesætninger, men der blev ikke indsamlet så mange fugle som forventet indenfor AI virus overvågningsperioden. Andelen og antallet af AI viruspositive pools i 2020 var alligevel på niveau med de foregående år. Ligeledes var succesraten for isolation af virus i æg på niveau med de foregående år.

Tabel 3. Sammenligning af AI overvågning 2016-2020 i vilde fugle, aktiv overvågning. PCR screeningsresultater på primærmateriale og succesrate for dyrkning af AI virus i æg.

	2016		2017		2018		2019		2020	
	fugle	prøver [#]								
Nedlagt fjervildt*	377	80	445	96	404	97	470	102	452	102
Levende fugle**	544	163	451	152	462	154	422	136	334	118
I alt	921	243	896	248	866	251	892	238	786	220
PCR positive	-	50 (21 %)	-	73 (29 %)		57 (23 %)		70 (29 %)		63 (29 %)
H5 LPAI	-	12 (24 %)	-	15 (21 %)		1 (2 %)		4 (6%)		7 (11 %)
H5 HPAI		0		0		0		0		1 (2 %)
H7 LPAI	-	1 (2 %)	-	0		0		0		1 (2 %)
H7 HPAI		0		0		0		0		0
AI VI positive	-	11 (22 %)	-	14 (19 %)		17 (30 %)		8 (11 %)		14 (22 %)

* Prøver er pools af 1-5 kloaksvabere udtaget fra samme art, på samme sted (postnr.) og tid. *Prøver fra nedlagt fjervildt er indsamlet på vildthåndteringsvirksomheder eller fra fugle skudt på flyvestationer. **Prøver fra Levende fugle er indsamlet via SNM og er enten levende vilde fugle genudsat efter prøveudtagelse eller nedlagt ved jagt og samplet samme dag. I kategorien Levende vilde fugle indgik også fugle (primært måger) skudt på og nær SARS-CoV-2 ramte minkfarme. **Efterfølgende test af enkelprøverne fra den positive prøve (pool) viste at prøver fra 2 fugle var positive for H5 HPAI virus.

Der blev for første gang påvist HPAI virus i tilsyneladende raske vilde fugle i vilde fugle i Danmark. H5 HPAI virus blev påvist i prøver indsamlet af SNM fra to pibeænder, der var nedlagt ved jagt på Agersø 31.10.2020. HPAI virusfund på det tidspunkt og i netop pibeænder, der anses for langdistance trækfugle, er i overensstemmelse med teorien om at HPAI virus kan introduceres til Europa med trækfugle.

Efter et par år med markant færre antal og andel af H5 LPAI virus positive pools, steg tallene lidt i 2020, uden dog at nå op på tidligere års niveau, hvor der er påvist H5 LPAI virus i op til 28 % af de influenza A virus PCR positive pools, svarende til 5 til 20 H5 LPAI positive pools. Disse påvisninger har været basis for at vi har kunnet udføre en vurdering af egnetheden af de diagnostiske RT-PCR assays, der anvendes til afklaring af AI mistanker og fylogenetiske analyser til at belyse H5 diversiteten i danske vilde fugle. Årsagen til nedgangen i påviste LPAI H5 virus er uklar, men det faktum at der ikke er ændret nævneværdigt ved designet af overvågningen i forhold til de foregående år, peger i retning af en anden forklaring. Udbruddet af HPAI H5 virus i vilde fugle fra november 2016 til 2018 har været en usædvanlig hændelse, og denne kan have en induceret øget immunitet overfor H5 virus i vildfuglebestanden, og denne immunitet kan nu være aftagende. En anden mulighed kunne være at cirkulerende LPAI H5 virus ikke kan detekteres tilstrækkeligt sensitivt med de anvendte PCR subtypningsassays. For at undersøge om nedgangen i påvisning af H5 virus skyldtes mutationer i følsomme områder af genomet testede vi i 2018 et større udvalg af prøverne en ekstra gang med et bredt detekterende H5 konventionelt PCR assay, som er mindre følsomt overfor mutationer end de real-time PCR assays, der sædvanligvis bruges til screening for H5 AI virus. Resultatet af de konventionelle tests bekræftede real-time RT-PCR resultaterne og indikerede dermed at nedgangen ikke skyldtes reduceret sensitivitet af testen. Endvidere har der ikke været rapporter på europæisk plan om forekomst af virus med

afvigende sekvenser i de områder af virus, der er essentiel for sensitiviteten af de anvendte real time PCR tests.

Fuglearten/familien synes at være den afgørende faktor for sandsynligheden for indsamling af en AI virus positiv pool. Forskelle i indsamlingsstrategierne, nedlagt fjervildt kontra ringmærkning, og deraf følgende håndtering af prøverne undervejs til laboratoriet synes af mindre betydning i den sammenhæng. De anvendte indsamlingsmetoder har suppleret hinanden, således at overvågningen har indbefattet flere forskellige arter, samtidig med at der blev påvist relativt mange AI virus.

Molekylær karakterisering af AI virus

Evaluering af H5 specifikke diagnostiske assays

Til subtypning og patogenicitetsbestemmelse af H5 virus anvendes EU anbefalede specifikke RT-PCR assays rutinemæssigt til AI diagnostik og overvågning på SSI. Influenzavirus muterer konstant, og kan mutere i en sådan grad, at de anvendte assays ikke vil kunne detektere virus længere. Ved at overvåge sekvenserne af virus, kan man følge med i om der er virus, der gradvist muterer således at de anvendte assays ikke kan bruges med sikkerhed.

Overvågningen i Danmark tilvejebringer værdifuld information om de virus, der er udbredt i danske fuglebestande. Baseret på sekvenser fra de påviste danske H5 virus, er der udført en analyse af de H5 subtypningsassays, der anvendes til både beredskab og forskning (Slomka et al. 2007a; Slomka et al. 2007b; Slomka et al. 2012). Mens EURL overvåger de anbefalede assays anvendelighed på europæisk plan, er vores analyse målrettet de H5 LPAI virus, der er udbredt i de danske fuglebestande.

For hvert RT-PCR assay blev H5 Ct værdien for hver prøve korreleret til pan influenza detektions assay resultatet ("AI-matrix" Ct-værdien) (Bilag 4). Jo større forskellen er på Ct-værdien for H5 i forhold til Ct-værdien for matrix assayet, jo mindre sensitivt er H5 assayet overfor det pågældende virus.

Analysen indikererede, at de assays, der anvendes til subtypning af H5, er anvendelige overfor de virus, der cirkulerer i Danmark i dag, på trods af den drift i sekvenserne, som afsløres af fuldlængde HA sekventeringen. Men analysen viste også, at det er nødvendigt med en strategi, der involverer samtidig anvendelse af både "H5" og "H5CS" real-time assays for at opnå en sensitiv påvisning af H5 LPAI virus. Fx blev H5 virus fra H5N1 LPAI udbrud kun detekteret af H5CS og ikke H5 assayet, som ellers er mere sensitivt overfor fx H5 HPAI virus fra 2020.

Da de danske virus jo i første omgang er fanget af disse assay, er der naturligvis en bias i resultatet. Der er dog ikke fundet yderligere H5 virus ved sekventering af isolater, som er en alternativ metode der er uafhængig af de primære og prober der indgår i de anvendte H5 og H5CS assays.

Det kan være umuligt at designe et enkelt assay bestående af to primere og en probe, som sensitivt kan detektere alle varianter af H5. Det er derfor relevant at anvende flere assays i rutinediagnostikken for at opnå en bedre sensitivitet, ligesom det gøres i dag på SSI. Fitness-analysen understreger vigtigheden af, at der foretages en løbende monitorering af drift i sekvenserne, så den anvendte assay-strategi kan opdateres ved behov. Da EU referencelaboratoriet sjældent har adgang til LPAI sekvenser fra vilde fugle i real-time, og da der endvidere kun sker en meget begrænset offentliggørelse af fund af H5/H7 LPAI virus i vilde fugle, kan EU referencelaboratoriet ikke udføre en fyldestgørende analyse af driften i H5/H7 virus. Det er derfor nødvendigt at vi selv holder øje med situationen under danske forhold med en fortsat overvågning af driften i H5/H7 virus, for på den måde at være i stand til at påvise H5/H7 virus med høj sensitivitet når der opstår mistanke om AI virus i danske fjerkræbesætninger.

For en mere sensitiv detektion af de cirkulerende H5 HPAI virus udviklede vi i løbet af december 2020 en version af det konventionelle assay, der anvendes til sekventering for H5 patogenicitetsbestemmelse, hvor

primerne i det sædvanlige assay blev justeret så det bedre matchede de cirkulerende H5 HPAI virus (i daglig tale kaldet AIVH5K-2020 assayet). H5 LPAI virus detekteres mest sensitivt med det originale assay (AIVH5K).

H5 LPAI diversitet

Der blev påvist H5 LPAI virus i én pool af kloaksvabere fra krikænder og seks pools af kloaksvabere fra gråænder fra den aktive overvågning i vilde fugle, alle havde HA kløvningsssekvensen PQRETRGLF. Derudover blev H5N1 LPAI virus påvist i prøver fra høns i forbindelse med en laboratoriemistanke rejst pga. påvisning af H5 antistoffer i rutineovervågningsprøver.

Sekventering blev foretaget med NGS-teknik fra prøver fra vilde fugle og fra en pool fra besætningsudbruddet. Det var ikke muligt at få sekvens på de resterende tre prøver, som kun var svagt positive. I figur 4 er sekvenserne sammenlignet med repræsentative sekvenser fra H5 LPAI virus fra tidligere år i Danmark og andre europæiske lande, samt sekvenser fra de tætteste beslægtede virus i offentligt tilgængelige sekvensdatabaser (GenBank og GISAID).

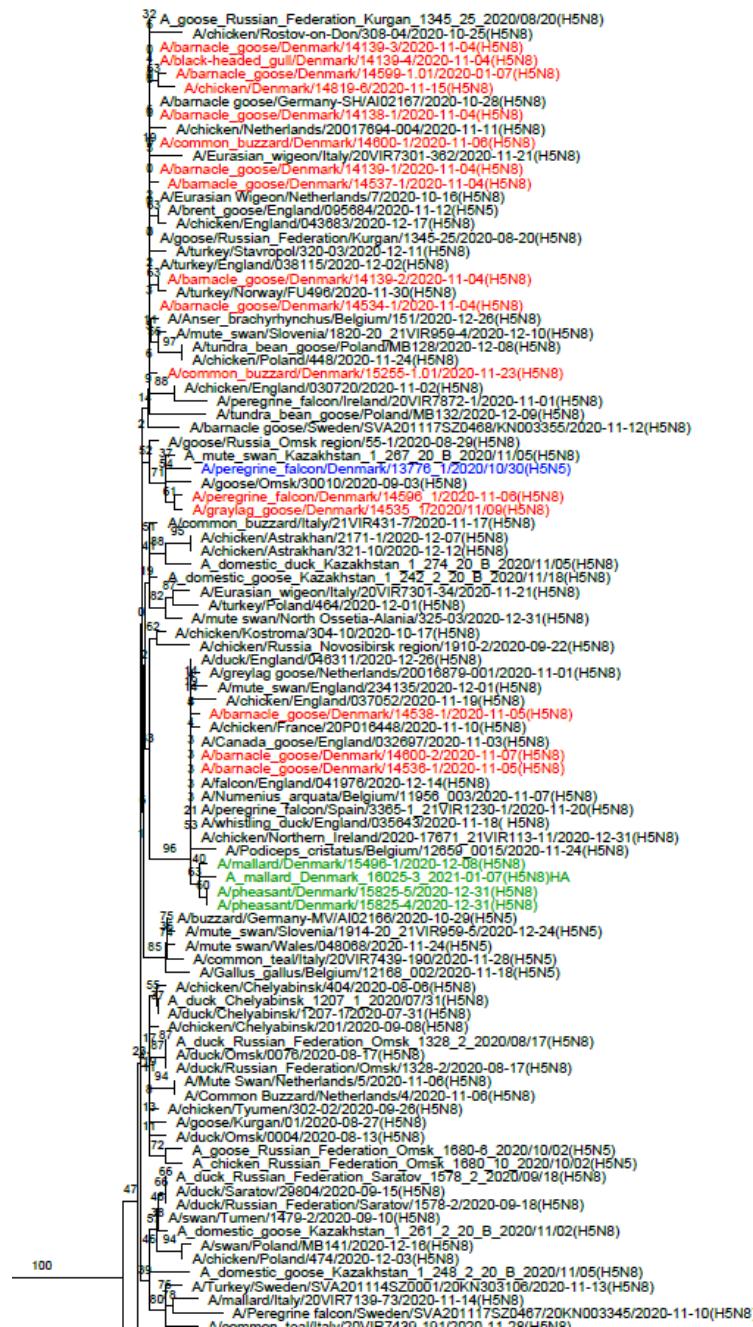
Den fylogenetiske analyse viser, at H5 generne fra de vilde fugle fra 2020 er nært beslægtede med hinanden og med H5 generne i tidligere års virus danske og europæiske virus fra vilde fugle og fjerkræ. H5 genet fra besætningsudbruddet i 2020 er og nært beslægtet med H5 fra nyere danske fund i vilde fugle og fra øvrige Europa. Resultatet peger på en kilde i vilde fugle til besætningsudbrud med H5 LPAI, hvilket er i overensstemmelse med forventningen og resultater fra andre lande.



Figur 4. Fylogenetisk analyse af danske LPAI H5 virus fra vilde fugle og fjerkræ. Sekvenser fra danske virus er markeret med orange skrift, de fra 2020 er med klar orange skrift. Maximum-Likelihood Phylogeny træ baseret på ca. 1500 bp fra HA-genet. w=vild fugl. c=besætning.

H5 HPAI diversitet

HPAI H5 virus blev påvist i én pool med 5 kloaksvabere fra pibeænder fra den aktive overvågning. Det er første gang, der er påvist HPAI virus i tilsyneladende raske vilde fugle i Danmark. Ved efterfølgende test af enkeltpørverne, der indgik i den positive pool, blev H5 HPAI virus påvist i 2 prøver. HA kløvningssite sekvensen var identisk med den, der blev fundet i samtidige H5 HPAI virus fra døde vilde fugle i den passive overvågning. Prøverne var kun svagt positive for H5 HPAI virus, hvilket sandsynligvis er årsag til at fuldlængde H5 sekvens ikke kunne genereres, og yderligere karakterisering af virus kunne dermed ikke udføres.



Figur 5. Fylogenetisk analyse af danske fuldlængde HPAI H5 gensekvenser fra vilde fugle. Sekvenser af HA-genet fra HPAI H5N8 virus fra vilde fugle i Danmark 2020 er fremhævet med rød tekst. HPAI H5N5 virus fundet i en død vandrefalk fra oktober 2020 er fremhævet med blå tekst, og var det første HPAI i Danmark i 2020. HPAI H5N8 virus fra fjerkræbesætninger er fremhævet med grøn tekst. Træet er baseret på fuldlængde HA gensekvens (1704 bp) og er konstrueret med Maximum-Likelihood Phylogeny.

Der er udført fuldlængde sekventering af HA-genet fra HPAI H5N8 og H5N5 virus der blev påvist i dødfundne vilde fugle i Danmark 2020 i forbindelse med den passive overvågning af AI virus.

Molekylærphylogenetisk analyse (figur 5) viste, at de danske H5N8 virus var nært beslægtede med hinanden og med samtidige HPAI H5N8 clade 2.3.4.4b virus fra andre europæiske lande. Analysen viste, at de danske og andre europæiske virus fra efteråret 2020 var tæt beslægtet med A/chicken/Iraq/1/2020 og bliver derfor omtalt som “Iraqi-like”. Disse virus nedstammede derfor ikke fra europæiske “Nigeria-like” virus, der blev påvist i Europa i foråret 2020, men menes at være en separat introduktion af virus med H5N8 subtypen, men med en anden genotype.

HPAI H5N5 virus påvist i en død vandrefalk i Danmark i oktober 2020, var derimod kun nært beslægtede med de danske H5N8 virus for gensegmenterne: PB1, HA, MP og NS. Mens PB2, PA og NP gensegmenterne fra dette virus var tættere beslægtet med russiske og eurasiatiske LPAI virus gensegmenter. Det danske HPAI H5N5 virus havde en unik genkonstellation i forhold til andre europæiske H5N5 virusser fra 2020 (Liang et al. 2021b).

H7 diversitet LPAI i 2020

Der er kun fundet H7 virus i ét tilfælde i 2020, hvor LPAI H7N5 virus blev påvist i en pool af kloaksvabere fra gråænder i kategorien nedlagt fjervildt. Virus blev patogenitetsbestemt til et LPAI virus, da HA sekvensen i kløvningssitet var PEPPKGRGLF. H7 detektionsraten er på niveau med de foregående år. Der er senest påvist H7 LPAI virus i et fjerkræudbrud i 2019 og i en pool fra den aktive overvågning af AI virus i vilde fugle i 2016.



Figur 6. Fylogenetisk analyse af danske LPAI H7 gener fra vilde fugle og fjerkræ. H7 virus fra Danmark er med lys blå tekst, virus fra 2020 er øverst med en mørkere blå nuance. w=vild fugl. c=kommercielt fjerkræ. Maximum-Likelihood Phylogeny træ baseret på fuldlængde HA gensekvens (1683 bp).

Fylogenetisk analyse af de danske H7 virus viser, at de ikke er nært beslægtede med den humanpatogene H7N9 virus variant fra Asien, der kan smitte fra fugle til mennesker, og heller med virus fra humane tillfælde med H7N2 og H7N4 virus i 2018. Danske H7 LPAI virus fundet i vilde fugle og fjerkræ de senere år er imidlertid nært beslægtede med hinanden og med H7 LPAI virus fra øvrige Europa (figur 6).

H7 LPAI virus påvises med meget lavere frekvens end H5 LPAI virus i vilde fugle i Danmark. Ikke desto mindre er det netop H7 LPAI virus, der har givet anledning til flest udbrud i fjerkræ de senere år, senest i januar 2019 og før det i 2016, 2013, 2010 og 2008. Der sker tilsyneladende en udveksling af virus mellem vilde fugle og fjerkræ, idet de virus, der bliver fundet i fjerkræ, er nært beslægtede med virus fra vilde fugle i Danmark. Fylogenetisk analyse af tilgængelige danske H7 virus HA sekvenser indikerer et tæt slægtskab mellem virus i vilde fugle og virus fra udbrud i fjerkræ, i overensstemmelse med teorien om at virus introduceres til fjerkræ via vilde fugle.

H9 virus

Der er en stigende bevågenhed over for AI virus med H9 subtypen, da denne subtype har opnået enzootisk udbredelse i flere dele af verden, herunder Kina og Mellemøsten, og også optræder i Europa. Der er ligeledes rapporter om, at H9N2 virus kan være mere patogene i fjerkræ end andre LPAI, og så har de også vist zoonotisk potentiale både ved smitte af H9N2 virus til mennesker, men især fordi H9N2 virus også menes at have doneret en del af generne til flere zoonotiske AI virus, fx H7N9.

Der har ikke været fokus på H9 virus i årets overvågning, men alle AI virusisolater fra overvågningen i vilde fugle 2020 er subtyped og ingen AI virus isolater var af H9 subtypen (bilag 3). Baseret på HA sekvenserne, var de danske H9N2 virus, der blev påvist nogle år tilbage, nærmest beslægtede med dem, der er fundet i vilde fugle i Skandinavien og landene omkring os. De er ikke tæt beslægtet med enzootisk forekommende H9N2 fra Asien.

AI virus i fjerkræ

Der har været et udbrud med LPAI H5N1 og to udbrud med HPAI H5N8 i danske fjerkræbesætninger i 2020. I alle tilfælde begrænsede udbruddene sig til primærbesætningerne. Udbruddet med LPAI H5N1 virus var i høns og virus blev påvist i opfølgende svaberprøver efter påvisning af H5 antistoffer i en rutineovervågningsprøve med titer 64. Virus kunne ikke isoleres ved dyrkning i hønseæg.

HPAI virus blev for første gang påvist i en kommercial besætning i Danmark i november 2020. Den 16. november 2020 blev der erklæret udbrud med HPAI virus med subtypen H5N8 i en lukket indendørs slagtekyllingeopdrætsbesætning i Tustrup ved Randers. Udbruddet skete samtidig med at der blev påvist samme/tæt beslægtede HPAI virus i vilde fugle i Danmark og resten af Nordeuropa. På baggrund af epidemiologiske undersøgelser, laboratorieundersøgelser og indhentning af data fra tilgængelige databaser, blev der udarbejdet en redegørelse med henblik på at samle den tilgængelige viden om udbruddet med henblik på forebyggelse, overvågning og bekämpelse af fugleinfluenza fremadrettet (DK-VET, 2020).

Udbruddet i besætningen startede med at der den 13. november blev observeret få døde høns i besætningen, men dødeligheden steg voldsomt over de kommende dage. De kliniske symptomer var domineret af diarre, nedsat ægproduktion, nedsat ædelyst, opkast, dårlig trivsel og nedtrykthed, mens der ikke blev konstateret respiratoriske symptomer. Karakterisering af virusset viste, at det var et HPAI virus af subtypen H5N8 som var næsten identisk med virus påvist i danske vilde fugle. Det er derfor meget sandsynligt at virusset stammer fra vilde fugle. På baggrund af besætningens høje niveau af smittebeskyttelse, kombineret med tætheden til andedam og enge med samling af vandfugle, blev det vurderet at det var mest sandsynligt at smitten var kommet ind i besætningen fra det omkringliggende miljø via luftindtaget, men det var ikke muligt at afgøre specifikt hvordan introduktionen skete.

Den 9. december blev der erklæret ud med H5N8 HPAI virus i en stor hobbybesætning med mere end 100 forskellige arter, beliggende ved Jelling i Vejle kommune. Virus blev påvist i ænder uden kliniske tegn på HPAI, efter antistofpåvisning i rutineovervågningsprøver. Da der blev påvist antistoffer i fuglene, er det muligt at de har haft en tidligere H5 LPAI infektion, som kan have givet en vis immunitet mod HPAI virusset.

Der er intet der tyder på at udbruddene var epidemiologisk relaterede.

I den virologiske screening af rutine overvågningsprøver fra fjervildtopdræt i 2020 blev i alt undersøgt 265 indsendelser (tabel 4). Hver indsendelse blev undersøgt for AI virus med PCR på en pool af kloaksvabere og på en pool af trachealsvabere fra 10 kadavere indsendt til DK-VET. Formålet var at påvise LPAI H5/H7 virus, for at undgå udslip til den vilde fauna og spredning til andre fjerkræbesætninger, og for at undgå at disse skulle udvikle sig til HPAI. Der blev påvist Influenza A virus i tre indsendelser fra gråandeopdræt.

Tabel 4. Oversigt over antal indsendelser til den virologiske overvågning af opdrættet fjervildt i perioden 2006-2019. Modificeret fra Hjulsager et al. 2012b.

Indsendelser	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020
Antal	ca. 250	395	362	333	307	258	272	267	255	256	260	274	268	255	265
AI virus positive	7	2	4	7	0	4	0	3	6	2	4	2	2	3	3
AI H5/H7* positive	3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	1	1	0

*alle er LPAI virus.

Der har kun været to AI laboratoriemistanker sfa. påvisning af H5 og/eller H7 antistoffer i rutineovervågningsprøver med HI-test ved reaktion med H5/H7 referenceantigener. Dette er et markant fald i forhold til tidligere. I 2019 var der 13 sådanne mistanker, i 2018 var der 18 og i 2017 og 2016, var der hhv. 5 og 10 seropositive rutineovervågningsindsendelser. I 2019 blev der påvis cirkulerende virus i to besætninger efter påvisning af antistoffer i rutineovervågningsprøver, og i 2018 blev der påvist cirkulerende H5 LPAI virus i en hønseflok efter påvisning af H5 antistoffer. Det er sjældent at det lykkes at påvise cirkulerende H5/H7 virus efter påvisning af H5/H7 antistoffer, muligvis fordi antistofferne ofte skyldes en tidligere infektion med H5/H7 virus, som ikke længere udskilles af dyrene.

De viruspositive fjerkræbesætninger blev fundet enten som følge af antistofpåvisning i rutine overvågningsprøver, som led i den virologiske overvågning af fjervildt opdræt eller i forbindelse med klinisk mistanke om AI/ND (tabel 5). Besætning B er en genganger fra med mange tidligere påvisning af virus, herunder LPAI virus.

Tabel 5. AI virus positive indsendelser til SSI fra fjerkræbesætninger i 2020.

Besætnings-ID	Indsendelse	Udtagelsesdato for svaberprøver	Fuglear	Indsendelsesårsag	Virus	AI positiv prøve
A	SAG-02750	28-01-2020	Høns	Antistofpåvisning	H5N1 LPAI	S
B	SAG-05980	14-07-2020	Gråender	Fjervildt	Ikke-H5/H7	S+K
C	SAG-06516	27-07-2020	Gråender	Fjervildt	Ikke-H5/H7	K
D	SAG-06767	30-07-2020*	Gråender	Fjervildt	Ikke-H5/H7	S+K
E	SAG-14819	15-11-2020	Høns	Klinisk mistanke	H5N8 HPAI	S+K
F	Sag-15496	08-12-2020	Ænder, gæs, svane mv (andre fugle i fangenskab)	Antistofpåvisning	H5N8 HPAI	S+K

K=kloaksvaber; S=trachealsvaber/svælgsvaber (der er undersøgt både K og S fra hver indsendelse).

Indsendelsesårsag, fjervildt er fra den virologiske overvågning i fjervildtopdræt; Antistofpåvisning er i forbindelse med den serologiske rutineovervågning for AI i fjerkræ; Klinisk mistanke om AI/ND. *modtagelsesdato, da udtagelsesdato ikke var oplyst.

Referencer

- Alexander, D.J., 2007. An Overview of the Epidemiology of Avian Influenza. *Vaccine* 25, 5637-5644.
- Alexander, D.J., 2000a. A Review of Avian Influenza in Different Bird Species. *Vet. Microbiol.* 74, 3-13.
- Alexander, D.J., 2000b. Newcastle disease and other avian paramyxoviruses. *Rev. sci. tech. off. int. Epiz.*, 19 (2), 443-462.
- Banks, J., Speidel, E.S., Moore, E., Plowright, L., Piccirillo, A., Capua, I., Cordioli, P., Fioretti, A., Alexander, D.J., 2001. Changes in the Haemagglutinin and the Neuraminidase Genes Prior to the Emergence of Highly Pathogenic H7N1 Avian Influenza Viruses in Italy. *Arch. Virol.* 146, 963-973.
- Capua, I., Alexander, D.J., 2007. Animal and Human Health Implications of Avian Influenza Infections. *Biosci. Rep.* 27, 359-372.
- Cattoli, G., Fusaro, A., Monne, I., Capua, I., 2009. H5N1 Virus Evolution in Europe—An Updated Overview. *Viruses* 2009, 1, 1351-1363. *Viruses* 1, 1351-1363.
- CDC, 2016. <https://www.cdc.gov/flu/spotlights/avian-influenza-cats.htm>
- DK-VET, 2020. Lars Erik Larsen, KU; Rene Bødner, KU; Jesper Schak Krog, SSI; Charlotte K. Hjulsager, SSI Hanne Christensen, FVST; Johanne Juul, Danhatch; Ole Roland Therkildsen, Aarhus Universitet. Epidemiologisk rapport for udbrud af HPAI H5N8 i slagtekylling opformerings besætning. Dansk Veterinærkonsortium, Stigbøjen 4, 1870 Frederiksberg C.
- EFSA, 2017. EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Reference Laboratory on Avian Influenza), Brown I, Kuiken T, Mulatti P, Smietanka K, Staubach C, Stroud D, Therkildsen OR, Willeberg P, Baldinelli F, Verdonck F and Adlhoch C, 2017. Scientific report: Avian influenza overview September - November 2017. EFSA Journal 2017;15(12):5141, 70 pp. doi:10.2903/j.efsa.2017.5141
- EFSA, 2022. EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Reference Laboratory for Avian Influenza), Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Niqueux É, Staubach C, Terregino C, Aznar I, Muñoz Guajardo I and Baldinelli F, 2022. Scientific report: Avian influenza overview March–June2022.EFSA Journal 2022;20(8):7415,67pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2022.7415>
- Fouchier, R.A., Munster, V., Wallensten, A., Bestebroer, T.M., Herfst, S., Smith, D., Rimmelwaan, G.F., Olsen, B., Osterhaus, A.D., 2005. Characterization of a Novel Influenza A Virus Hemagglutinin Subtype (H16) obtained from Black-Headed Gulls. *J. Virol.* 79, 2814-2822.
- Hatta, M., Gao, P., Halfmann, P., Kawaoka, Y., 2001. Molecular Basis for High Virulence of Hong Kong H5N1 Influenza A Viruses. *Science* 293, 1840-1842.
- Hjulsager, C.K., Breum, S.Ø., Trebbien, R., Handberg, K.J., Therkildsen, O.R., Madsen, J.J., Thorup, K., Baroch, J.A., DeLiberto, T.J., Larsen, L.E., Jørgensen, P.H., 2012a. Surveillance for Avian Influenza Viruses in Wild Birds in Denmark and Greenland, 2007-10. *Avian Dis.* 56, 992-998.
- Hjulsager, C.K., Breum, S.Ø., Trebbien, R., Larsen, L.E., Therkildsen, O.R., Madsen, J.J., Thorup, K., Handberg, K.J., Jørgensen, P.H., 2012b. Overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark 2003-2011. Rapport, 2.udgave pr. 10. juni 2014.
- Keawcharoen, J., van Riel, D., van Amerongen, G., Bestebroer, T., Beyer, W.E., van Lavieren, R., Osterhaus, A.D.M.E., Fouchier, R.A.M., Kuiken, T., 2008. Wild Ducks as Long-Distance Vectors of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus (H5N1). *Emerg. Infect. Dis.* 14, 600-607.
- Liang, Y., Krog, J.S., Ryt-Hansen, P., Pedersen, A.G., Kvistgaard, L.K., Holm, E., Nielsen, P.D., Hammer, A.H., Madsen, J.J., Thorup, K., Larsen, L.E., Hjulsager, C.K., 2021a. Molecular Characterization of Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses H5N6 Detected in Denmark in 2018-2019. *Viruses* 2021, 13, 1052.
- Liang Y, Nissen JN, Krog JS, Breum SØ, Trebbien R, Larsen LE, Hjulsager CK. 2021b. Novel Clade 2.3.4.4b Highly Pathogenic Avian Influenza A H5N8 and H5N5 Viruses in Denmark, 2020. *Viruses* 2021. May 11;13(5):886. doi: 10.3390/v13050886. PMID: 34065033; PMCID: PMC8151437.

Munster, V.J., Baas, C., Lexmond, P., Waldenstrom, J., Wallensten, A., Fransson, T., Rimmelzwaan, G.F., Beyer, W., Schutten, M., Olsen, B., Osterhaus, A., Fouchier, R., 2007. Spatial, Temporal, and Species Variation in Prevalence of Influenza A Viruses in Wild Migratory Birds. *PLoS Pathog* 3, 630-638.

Munster, V.J., Fouchier, R.A.M., 2009. Avian Influenza Virus: Of Virus and Bird Ecology. *Vaccine* 27, 6340-6344.

Sims, L., Khomenko, S., Kamata, A., Belot, G., Bastard, J., Palamara, E., Bruni, M., von Dobschuetz, S., Dauphin, G., Raizman, E., Lubroth, J., 2016. H5N8 highly pathogenic avian influenza (HPAI) of clade 2.3.4.4 detected through surveillance of wild migratory birds in the Tyva Republic, the Russian Federation – potential for international spread. *Empres watch* 35, 1-8.

Slomka, M.J., Coward, V.J., Banks, J., Löndt, B.Z., Brown, I.H., Voermans, J., Koch, G., Handberg, K.J., Jørgensen, P.H., Cherbonnel-Pansart, M., Jestin, V., Cattoli, G., Capua, I., Ejdersund, A., Thorén, P., Czifra, G., 2007a. Identification of Sensitive and Specific Avian Influenza Polymerase Chain Reaction Methods Through Blind Ring Trials Organized in the European Union. *Avian Dis.* 51, 227-234.

Slomka, M.J., Pavlidis, T., Banks, J., Shell, W., McNally, A., Essen, S., Brown, I.H., 2007b. Validated H5 Eurasian real-time reverse transcriptase-polymerase chain reaction and its application in H5N1 outbreaks in 2005-2006. *Avian Dis.* 51, 373-377.

Slomka, M.J., To, T.L., Tong, H.H., Coward, V.J., Hanna, A., Shell, W., Pavlidis, T., Densham, A.L.E., Kargiolakis, G., Arnold, M.E., Banks, J., Brown, I.H., 2012. Challenges for accurate and prompt molecular diagnosis of clades of highly pathogenic avian influenza H5N1 viruses emerging in Vietnam. *Avian Pathol.* 41, 177-193.

Slomka, M.J., Hanna, A., Mahmooda, S., Govil, J., Krill, D., Manvell, R.J., Shell, W., Arnold, M.E., Banks, J., Brown, I.H., 2013. Phylogenetic and molecular characteristics of Eurasian H9 avian influenza viruses and their detection by two different H9-specific RealTime reverse transcriptase polymerase chain reaction tests. *Vet.Microbiol.* 162,530-542.

Stech, O., Veits, J., Weber, S., Deckers, D., Schröder, D., Vahlenkamp, T.W., Breithaupt, A., Teifke, J., Mettenleiter, T.C., Stech, J., 2009. Acquisition of a Polybasic Hemagglutinin Cleavage Site by a Low-Pathogenic Avian Influenza Virus is Not Sufficient for Immediate Transformation into a Highly Pathogenic Strain. *J. Virol.* 83, 5864-5868.

Verhagen, J.H., Munster, V.J., Fouchier, R.A.M., 2011. 28 - Ecology and Evolution of Avian Influenza Viruses. *Genetics and Evolution of Infectious Disease*. Elsevier, London, pp. 729-749.

WHO, 2022. Avian Influenza Weekly Update Number 859. 26 August 2022. https://www.who.int/docs/default-source/wpro--documents/emergency/surveillance/avian-influenza/ai_20220826.pdf?sfvrsn=5f006f99_103

Xiao C, Xu J, Lan Y, Huang Z, Zhou L, Guo Y, Li X, Yang L, Gao GF, Wang D, Liu WJ, Zhou X, Yang H. Five Independent Cases of Human Infection with Avian Influenza H5N6 - Sichuan Province, China, 2021. *China CDC Wkly.* 2021 Sep 3;3(36):751-756. doi: 10.46234/ccdcw2021.187. PMID: 34594983; PMCID: PMC8427102.

Zhou, B., Donnelly, M.E., Scholes, D.T., George, K.St., Hatta, M., Kawaoka, Y., Wentworth, D.E., 2009. Single-Reaction Genomic Amplification Accelerates Sequencing and Vaccine Production for Classical and Swine Origin Human Influenza A Viruses. *J. Virol.* 83 (19), 10309-10313.

Bilag 1. Oversigt over den passive overvågning

AI 2020 – passiv overvågning

Kategori	Tilstand	Art	VET sagsnr.	Fundsted (Kommune)	Indsamlingsdato	Resultat
	Død	Musvåge	SAG-02664-J3Q5H3-01	Hillerød	12-01-2020	Negativ
	Død	Spurvehøg	SAG-02665-Z7W9P3-01	Gribskov	13-01-2020	Negativ
	Død	Skovhornugle	SAG-02667-T8M5Z5-01	Odense	15-01-2020	Negativ
	Død	Knopsvane	SAG-02666-G4G6W8-01	Rudersdal	20-01-2020	Negativ
FA-04681	Død	Husskade	SAG-02686-K5Q5M6-01	Roskilde	23-01-2020	Negativ
FA-04682	Død	Knopsvane	SAG-02685-P3Y7P3-01	København	23-01-2020	Negativ
FA-04688	Død	Råge	SAG-02841-T6L3Q0-01	Vejen	03-02-2020	Negativ
FA-04691	Død	Musvåge	SAG-02872-B5Y8V6-01	Favrskov	03-02-2020	Negativ
FA-04689	Død	Musvåge	SAG-02871-P4F3F3-01	Odsherred	03-02-2020	Negativ
FA-04701	Død	Musvåge	SAG-02889-Y3G9G1-01	Mariagerfjord	04-02-2020	Negativ
	Død	Musvåge	SAG-03224-N7P3G8-01	Sorø	08-02-2020	Negativ
FA-04708	Død	Knopsvane	SAG-03040-K5V3W3-01	Guldborgsund	11-02-2020	Negativ
	Død	Blishøne	SAG-03201-L7X7Q3-01	Gribskov	11-02-2020	Negativ
	Død	Blishøne	SAG-03201-L7X7Q3-02	Gribskov	11-02-2020	Negativ
FA-04709	Død	Musvåge	SAG-03041-Y0V7C7-01	Halsnæs	13-02-2020	Negativ
FA-04711	Død	Spurvehøg	SAG-03238-Z3Q8S5-01	Faaborg-Midtfyn	25-02-2020	Negativ
FA-04712	Død	Duehøg	SAG-03281-P7V9P6-01	Mariagerfjord	26-02-2020	Negativ
	Død	Duehøg	SAG-03479-P5X9Z0-01	Guldborgsund	01-03-2020	Negativ
FA-04716	Død	Sortand	SAG-03383-L3G9R6-01	Læsø	04-03-2020	Negativ
FA-04715	Død	Ederfugl	SAG-03384-X6W9S6-01	Læsø	04-03-2020	Negativ
FA-04714	Død	Sortand	SAG-03385-J3L8M6-01	Læsø	04-03-2020	Negativ
	Død	Sølvmåge	SAG-03431-F1X3R9-01	Gladsaxe	04-03-2020	Negativ
FA-04721	Død	Knopsvane	SAG-03382-L8D9X1-01	Horsens	09-03-2020	Negativ
FA-04723	Død	Spurvehøg	SAG-03669-H0S7L0-01	Tårnby	25-03-2020	Negativ
FA-04738	Død	Musvåge	SAG-03849-L6Y5Q6-01	Viborg	01-04-2020	Negativ
FA-04742	Død	Ederfugl	SAG-03863-R3L0R1-01	Aalborg	02-04-2020	Negativ
FA-04741	Død	Ederfugl	SAG-03862-X4W0C2-01	Aalborg	02-04-2020	Negativ
FA-04740	Død	Ederfugl	SAG-03861-L1J6J7-01	Aalborg	02-04-2020	Negativ
FA-04745	Død	Hættemåge	SAG-03860-W8X4W6-01	Sorø	06-04-2020	Negativ
FA-04744	Død	Stormmåge	SAG-03859-B9L9G6-01	Sorø	06-04-2020	Negativ
FA-04743	Død	Stormmåge	SAG-03858-S2K9M8-01	Sorø	06-04-2020	Negativ
FA-04747	Død	Knopsvane	SAG-03977-X9C7G3-01	Aabenraa	14-04-2020	Negativ
	Død	Spurvehøg	SAG-04171-X8C1S6-01	Hillerød	17-04-2020	Negativ
	Død	Moskusand	SAG-04239-Z3X4Y9-01	Slagelse	23-04-2020	Negativ
	Død	Moskusand	SAG-04239-Z3X4Y9-02	Slagelse	23-04-2020	Negativ
	Død	Moskusand	SAG-04239-Z3X4Y9-03	Slagelse	23-04-2020	Negativ
	Død	Musvåge	SAG-04262-C9G4J8-01	Thisted	24-04-2020	Negativ
FA-04749	Død	Rød Glente	SAG-04271-G2M7Y5-01	Faaborg-Midtfyn	30-04-2020	Negativ
	Død	Duehøg	SAG-04373-N4C7N3-01	Stevns	30-04-2020	Negativ
	Død	Stormmåge	SAG-04737-B1C9K6-01	Hvidovre	25-05-2020	Negativ
	Død	Kongeørn	SAG-04825-V9X6X0-01	Jammerbugt	27-05-2020	Negativ
FA-04750	Død	Husskade	SAG-04773-F3X2D6-01	Ballerup	29-05-2020	Negativ
FA-04752	Død	Gråand	SAG-04774-C4X3F3-01	Aalborg	02-06-2020	Negativ
FA-04754	Død	Gråand	SAG-04870-Z7J9N6-01	Holbæk	08-06-2020	Negativ
FA-04757	Død	Knopsvane	SAG-05531-W0Z4W7-01	Lolland	17-06-2020	Negativ
FA-04756	Død	Gråand	SAG-05222-G8F7H9-01	Aalborg	17-06-2020	Negativ
FA-04758	Død	Knopsvane	SAG-05426-M3M5G6-01	Ringkøbing-Skjern	25-06-2020	Negativ
	Død	Musvåge	SAG-05803-W4N0G6-01	Faaborg-Midtfyn	10-07-2020	Negativ
FA-04798	Død	Sølvmåge	SAG-06274-F9Q9Q8-02	Mariagerfjord	20-07-2020	Negativ
FA-04799	Død	Sølvmåge	SAG-06274-F9Q9Q8-03	Mariagerfjord	20-07-2020	Negativ
FA-04800	Død	Sølvmåge	SAG-06274-F9Q9Q8-04	Mariagerfjord	20-07-2020	Negativ
FA-04801	Død	Sølvmåge	SAG-06274-F9Q9Q8-05	Mariagerfjord	20-07-2020	Negativ
FA-04797	Død	Sølvmåge	SAG-06274-F9Q9Q8-01	Mariagerfjord	28-07-2020	Negativ
FA-04807	Død	Ringdue	SAG-06809-Q5R6W7-01	Aalborg	28-07-2020	Negativ
FA-04808	Død	Gråand	SAG-07914-D8Y4C4-01	Aalborg	18-08-2020	Negativ
FA-04811	Død	Fasan	SAG-08721-R3W8F0-03	Guldborgsund	28-08-2020	Negativ
FA-04810	Død	Fasan	SAG-08721-R3W8F0-02	Guldborgsund	28-08-2020	Negativ
FA-04809	Død	Fasan	SAG-08721-R3W8F0-01	Guldborgsund	28-08-2020	Negativ

FA-04812	Død	Fasan	SAG-08721-R3W8F0-04	Guldborgsund	Negativ
FA-04813	Død	Fasan	SAG-08721-R3W8F0-05	Guldborgsund	Negativ
FA-04814	Død	Tårnfalk	SAG-08833-Q8D8W7-01	Aalborg	01-09-2020
FA-04815	Død	Ederfugl	SAG-08814-N8V9Q3-01	Esbjerg	01-09-2020
FA-04817	Død	Knopsvane	SAG-08942-X9N4T5-01	Odder	02-09-2020
	Død	Havørn	SAG-10210-M9Q7R4-01	Svendborg	15-09-2020
	Død	Musvåge	SAG-10546-H3R5M3-01	Kalundborg	20-09-2020
FA-04818	Død	Musvåge	SAG-12188-G3Q5R0-01	Varde	08-10-2020
FA-04819	Død	Sølvmåge	SAG-12187-K0B0V9-01	Frederikshavn	09-10-2020
FA-04822	Død	Råge	SAG-12316-Q3S3S5-01	Struer	13-10-2020
FA-04821	Død	Råge	SAG-12315-G8C2J6-01	Struer	13-10-2020
FA-04820	Død	Råge	SAG-12314-F2V8W1-01	Struer	13-10-2020
FA-04823	Død	Musvåge	SAG-12774-T4F0J3-01	Vejle	21-10-2020
FA-04879	Død	Husskade	SAG-13076-J5S0L8-01	Aarhus	23-10-2020
FA-04824	Død	Hættemåge	SAG-13075-H1J0X6-01	Esbjerg	26-10-2020
FA-04884	Død	Hættemåge	SAG-13219-G2B8K5-01	Randers	26-10-2020
FA-04878	Død	Solsort	SAG-13074-K7K9K9-01	Furesø	26-10-2020
FA-04877	Død	Solsort	SAG-13074-K7K9K9-02	Furesø	26-10-2020
FA-04876	Død	Solsort	SAG-13074-K7K9K9-03	Furesø	26-10-2020
FA-04885	Død	Gråkrage	SAG-13219-G2B8K5-02	Randers	26-10-2020
FA-04886	Død	Sortand	SAG-13708-N5F9T7-01	Thisted	28-10-2020
FA-04887	Død	Sortand	SAG-13707-K4B2F4-01	Hjørring	30-10-2020
	Død	Vandrefalk	SAG-13776-J9Q6V6-01	Guldborgsund	30-10-2020
FA-04889	Død	Sortkrage	SAG-14123-V0Z4C3-01	Køge	02-11-2020
FA-04947	Død	Bramgås	SAG-14661-G3D2F4-01	Haderslev	10-11-2020
FA-04890	Død	Bramgås	SAG-14138-G1Z1P7-01	Tønder	04-11-2020
FA-04894	Død	Hættemåge	SAG-14139-Y9W5L4-04	Tønder	04-11-2020
FA-04897	Død	Bramgås	SAG-14537-X7D3X9-01	Vejle	05-11-2020
FA-04898	Død	Bramgås	SAG-14534-H9D6P0-01	Tønder	06-11-2020
FA-04891	Død	Bramgås	SAG-14139-Y9W5L4-01	Tønder	04-11-2020
FA-04892	Død	Bramgås	SAG-14139-Y9W5L4-02	Tønder	04-11-2020
FA-04893	Død	Bramgås	SAG-14139-Y9W5L4-03	Tønder	04-11-2020
FA-04899	Død	Bramgås	SAG-14538-Q3N1K2-01	Sønderborg	06-11-2020
FA-04900	Død	Bramgås	SAG-14536-H1S2F5-01	Aabenraa	06-11-2020
FA-04903	Død	Blisgås	SAG-14598-J5T4W6-01	Assens	09-11-2020
FA-04920	Død	Musvåge	SAG-14600-C6M6V4-01	Aabenraa	09-11-2020
FA-04908	Død	Vandrefalk	SAG-14596-J9N2X9-01	Svendborg	09-11-2020
FA-04939	Død	Spurvehøg	SAG-14657-J1V0Y9-01	Esbjerg	10-11-2020
FA-04904	Død	Tårnfalk	SAG-14655-Z3N0X3-01	Greve	09-11-2020
FA-04910	Død	Knopsvane	SAG-14785-Y9Y1M5-01	Bornholm	09-11-2020
FA-04921	Død	Bramgås	SAG-14600-C6M6V4-02	Aabenraa	09-11-2020
FA-04909	Død	Bramgås	SAG-14599-G0J5K0-01	Kalundborg	09-11-2020
FA-04948	Død	Bramgås	SAG-14717-X5K0R3-01	Haderslev	10-11-2020
FA-04949	Død	Knortegås	SAG-14714-X3T0V7-01	Aabenraa	10-11-2020
FA-04922	Død	Spurvehøg	SAG-14656-Y1J7N8-01	Røddovre	10-11-2020
FA-04956	Død	Musvåge	SAG-14705-H9R3S9-01	Kolding	10-11-2020
FA-04962	Død	Bramgås	SAG-15035-N1G8M9-01	Tønder	11-11-2020
FA-04902	Død	Spurvehøg	SAG-14603-J5Q1M8-01	Kolding	09-11-2020
FA-04915	Død	Skovsneppe	SAG-14622-X9T0V5-01	Aalborg	09-11-2020
FA-04925	Død	Musvåge	SAG-14658-G4P5N5-01	Ringkøbing-Skjern	10-11-2020
FA-04955	Død	Musvåge	SAG-14704-G2B8L8-01	Aabenraa	11-11-2020
FA-04951	Død	Bramgås	SAG-14712-V8T8R6-01	Kolding	11-11-2020
	Død	Grågås	SAG-14535-G4X8M5-01	Aalborg	09-11-2020
FA-04974	Død	Husskade	SAG-14799-M4L0Q7-01	Norddjurs	11-11-2020
FA-04973	Død	Knarand	SAG-14781-K7F2F0-01	Billund	11-11-2020
FA-04975	Død	Musvåge	SAG-14838-L3L8F9-01	Silkeborg	12-11-2020
FA-04923	Død	Sølvmåge	SAG-14595-C9S8C8-01	Halsnæs	10-11-2020
FA-04941	Død	Bramgås	SAG-14715-S9Q7Z1-01	Tønder	10-11-2020
FA-04942	Død	Sølvmåge	SAG-14713-K1N5D4-01	Tønder	10-11-2020
FA-04952	Død	Bramgås	SAG-14716-S6J0N8-01	Vejen	11-11-2020
FA-04971	Død	Bramgås	SAG-14782-R6S0N2-01	Tønder	12-11-2020
FA-04972	Død	Bramgås	SAG-14783-V3K7D2-01	Tønder	12-11-2020
FA-04969	Død	Råge	SAG-14788-X5L6T8-01	Vejle	12-11-2020
FA-04982	Død	Husskade	SAG-14833-Q6W7C7-01	Favrskov	13-11-2020

FA-04977	Død	Hættemåge	SAG-14859-S6B8K2-01	Sønderborg	11-11-2020	H5 N ikke bestemt
FA-04960	Død	Musvåge	SAG-15033-M6C9H7-01	Esbjerg	11-11-2020	Negativ
FA-04958	Død	Skovsneppe	SAG-15030-Y5V2J8-01	Esbjerg	11-11-2020	Negativ
FA-04968	Død	Sølvmåge	SAG-14798-N4C2X8-01	Nyborg	12-11-2020	Negativ
FA-04967	Død	Hættemåge	SAG-14786-T8K8Q4-01	Sønderborg	12-11-2020	Negativ
FA-04970	Død	Solsort	SAG-14780-T5M9W4-01	Varde	12-11-2020	Negativ
FA-04959	Død	Bramgås	SAG-15031-Y5C1M6-01	Esbjerg	11-11-2020	H5 N8
FA-04963	Død	Sølvmåge	SAG-15036-P6J3C2-01	Tønder	11-11-2020	H5 N8
FA-04965	Død	Bramgås	SAG-14784-T6J2T3-01	Kalundborg	12-11-2020	H5 N8
FA-04981	Død	Hættemåge	SAG-14829-S7K1Y2-01	Favrskov	13-11-2020	Negativ
FA-04984	Død	Bramgås	SAG-14858-N4V8F6-01	Varde	13-11-2020	H5 N8
FA-04995	Død	Skovskade	SAG-14902-Z4G9J5-01	Jammerbugt	13-11-2020	Negativ
FA-04976	Død	Vandrefalk	SAG-14836-G9F1K1-01	Slagelse	13-11-2020	H5 N8
FA-04989	Død	Bramgås	SAG-14840-R5N1D5-01	Sønderborg	13-11-2020	H5 N8
FA-04024	Død	Musvåge	SAG-14909-F3W6K1-01	Horsens	13-11-2020	H5 N8
FA-04991	Død	Natugle	SAG-14831-D7K7P5-01	Haderslev	13-11-2020	Negativ
FA-04985	Død	Fløjlsand	SAG-14860-K8L8S5-01	Fanø	13-11-2020	Negativ
FA-04986	Død	Sule	SAG-14849-T7C2R7-01	Fanø	13-11-2020	Negativ
FA-04987	Død	Ederfugl	SAG-14868-R2P9H1-01	Fanø	13-11-2020	Negativ
FA-04046	Død	Skovsneppe	SAG-14899-N5C6V7-01	Esbjerg	13-11-2020	Negativ
FA-04988	Død	Storspove	SAG-14847-J4G1H0-01	Fanø	13-11-2020	H5 N8
FA-05004	Død	Svartbag	SAG-14951-P1D1M0-01	Esbjerg	16-11-2020	H5 N8
FA-05025	Død	Musvåge	SAG-14959-S1F3X5-01	Varde	17-11-2020	H5 N8
FA-05007	Død	Grågås	SAG-15046-Q2P4K6-01	Brønderslev	17-11-2020	H5 N8
FA-04096	Død	Sølvmåge	SAG-14904-S9P0R2-01	Aabenraa	16-11-2020	Negativ
FA-04996	Død	Gråkrage	SAG-14901-Q6T9C8-01	Thisted	16-11-2020	Negativ
	Død	Slørugle	SAG-14908-X1Q4T3-01	Horsens	13-11-2020	Negativ
FA-04072	Død	Grønbenet	SAG-14936-S9Z8K2-01	Kolding	16-11-2020	H5 N ikke bestemt
		Rørhøne				
FA-05003	Død	Bramgås	SAG-14956-X2K7H8-01	Varde	16-11-2020	H5 N8
FA-05031	Død	Ederfugl	SAG-14947-H1N4B3-01	Varde	17-11-2020	H5 N8
FA-05034	Død	Bramgås	SAG-15130-C6B3Y5-01	Ringkøbing-Skjern	17-11-2020	H5 N8
	Død	Ederfugl	SAG-14948-G6G0H4-01	Varde	14-11-2020	H5 N8
FA-05024	Død	Skarv	SAG-14964-W7F0Z8-01	Aabenraa	17-11-2020	Negativ
FA-05043	Død	Vandrefalk	SAG-15154-N1L0S3-01	Fanø	16-11-2020	H5 N8
FA-05011	Død	Solsort	SAG-14954-C8G6X1-01	Haderslev	17-11-2020	Negativ
FA-04003	Død	Bramgås	SAG-14900-G5G4Z9-01	Sønderborg	16-11-2020	H5 N8
FA-05002	Død	Sølvmåge	SAG-14960-Y4B7Q6-01	Varde	16-11-2020	H5 N8
FA-05006	Død	Bramgås	SAG-15037-T2K8Q6-01	Slagelse	17-11-2020	H5 N8
FA-05042	Død	Bramgås	SAG-15153-P0W1B6-01	Fanø	18-11-2020	H5 N8
FA-05039	Død	Musvåge	SAG-15133-Y7B2R5-01	Vesthimmerlands	17-11-2020	Negativ
FA-05019	Død	Solsort	SAG-14953-Z1C2R1-01	Aabenraa	17-11-2020	Negativ
FA-05026	Død	Allike	SAG-14961-R8G1K0-01	Vejen	17-11-2020	Negativ
FA-05018	Død	Ravn	SAG-14963-H3L2X3-01	Haderslev	17-11-2020	Negativ
FA-05012	Død	Husskade	SAG-15090-H7J6H1-01	Rudersdal	17-11-2020	Negativ
FA-05013	Død	Spurvehøg	SAG-15096-V3P2Z3-01	Guldborgsund	17-11-2020	Negativ
FA-05014	Død	Spurvehøg	SAG-15094-D9Y1C8-01	Helsingør	17-11-2020	Negativ
FA-05015	Død	Knarand	SAG-15093-M3Z8D1-01	Næstved	17-11-2020	Negativ
FA-05027	Død	Blisgås	SAG-14950-K2T3W8-01	Esbjerg	17-11-2020	H5 N8
FA-05029	Død	Bramgås	SAG-14952-M4Y0G1-01	Esbjerg	17-11-2020	H5 N8
FA-04998	Død	Bramgås	SAG-15038-D3K1V7-01	Kalundborg	17-11-2020	H5 N8
FA-05008	Død	Bramgås	SAG-14949-G7T1G4-01	Esbjerg	17-11-2020	H5 N8
FA-04999	Død	Gråand	SAG-15039-J5C6C2-01	Kalundborg	16-11-2020	H5 N8
	Død	Havørn	SAG-15355-V1G6Z2-01	Lolland	16-11-2020	H5 N8
FA-05016	Død	Gråand	SAG-15092-Z9K0D4-01	Frederiksberg	17-11-2020	Negativ
FA-05041	Død	Solsort	SAG-15042-J1P7L7-01	Aabenraa	18-11-2020	Negativ
FA-05009	Død	Bramgås	SAG-14962-H5K3G1-01	Tønder	17-11-2020	H5 N8
FA-05036	Død	Bramgås	SAG-15155-J1Z9M0-01	Haderslev	18-11-2020	H5 N8
FA-05038	Død	Musvåge	SAG-15132-S6X7G1-01	Ringkøbing-Skjern	18-11-2020	H5 N8
FA-05045	Død	Bramgås	SAG-15045-X2F6P1-01	Jammerbugt	18-11-2020	H5 N8
FA-05046	Død	Bramgås	SAG-15043-W1W1X4-01	Thisted	18-11-2020	H5 N8
FA-05049	Død	Sølvmåge	SAG-15086-K6L4C1-01	Kolding	19-11-2020	Negativ
FA-05050	Død	Allike	SAG-15127-H9C9R5-01	Esbjerg	19-11-2020	Negativ

FA-05047	Død	Sædgås	SAG-15128-V2X8C3-01	Billund	19-11-2020	H5 N8
FA-05052	Død	Knopsvane	SAG-15040-Z4Q7X3-01	Ringkøbing-Skjern	19-11-2020	Negativ
FA-05053	Død	Musvåge	SAG-15041-V9G8L2-01	Ringkøbing-Skjern	19-11-2020	Negativ
FA-05058	Død	Sølvmåge	SAG-15283-H6S3V2-01	Hjørring	19-11-2020	Negativ
FA-05060	Død	Ederfugl	SAG-15284-Y7X6Z5-01	Hjørring	19-11-2020	Negativ
FA-05059	Død	Ederfugl	SAG-15285-C7B1Q2-01	Hjørring		Negativ
FA-05061	Død	Knopsvane	SAG-15129-H8T8X0-01	Bornholm	20-11-2020	Negativ
FA-05054	Død	Bramgås	SAG-15122-M7Y1F3-01	Nordfyns	19-11-2020	H5 N8
FA-05055	Død	Hættemåge	SAG-15123-V1V4Z5-01	Sorø	19-11-2020	H5 N8
FA-05057	Død	Grågås	SAG-15124-Z7Q0X3-01	Guldborgsund	20-11-2020	H5 N8
FA-05062	Død	Sølvmåge	SAG-15152-F4B7H2-01	Ringkøbing-Skjern	20-11-2020	Negativ
FA-05063	Død	Tårnfalk	SAG-15201-G1V3R8-01	Solrød	20-11-2020	Negativ
FA-05076	Død	Gråand	SAG-15196-B0C1C7-01	Randers	23-11-2020	Negativ
FA-05085	Død	Musvåge	SAG-15202-D6S5X8-01	Viborg	23-11-2020	Negativ
FA-05082	Død	Bramgås	SAG-15203-Z8F3M6-01	Ikast-Brande	23-11-2020	H5 N8
FA-05075	Død	Skovsneppe	SAG-15207-J4K2T8-01	Hillerød	23-11-2020	Negativ
FA-05077	Død	Spurvehøg	SAG-15197-Z7C2D4-01	Rebild	23-11-2020	Negativ
FA-05069	Død	Skovsneppe	SAG-15206-Q5F0S4-01	Guldborgsund	23-11-2020	Negativ
FA-05083	Død	Korthæbbet Gås	SAG-15231-X8S9C6-01	Brønderslev	23-11-2020	H5 N8
FA-05078	Død	Grågås	SAG-15253-K4Q2Q4-01	Halsnæs	23-11-2020	H5 N8
FA-05074	Død	Musvåge	SAG-15228-H1C2N1-01	Ringsted	23-11-2020	Negativ
FA-05079	Død	Skovsneppe	SAG-15205-M5V9Z9-01	Albertslund	23-11-2020	Negativ
FA-05089	Død	Skarv	SAG-15230-K4W3F4-01	Norddjurs	24-11-2020	Negativ
FA-05090	Død	Musvåge	SAG-15204-D9M0B9-01	Hedensted	24-11-2020	Negativ
FA-05073	Død	Korthæbbet Gås	SAG-15229-M6N2D6-01	Vordingborg	23-11-2020	H5 N8
FA-05094	Død	Musvåge	SAG-15255-Y9Z4D0-01	Ringkøbing-Skjern	24-11-2020	H5 N8
FA-05088	Død	Tårnfalk	SAG-15256-F2R7Q3-01	Lolland	24-11-2020	Negativ
FA-05095	Død	Sølvmåge	SAG-15233-R2M3L1-01	Holstebro	24-11-2020	H5 N8
FA-05093	Død	Spurvehøg	SAG-15232-F6T2G6-01	Assens	24-11-2020	Negativ
FA-05096	Død	Sølvmåge	SAG-15254-T0T5H5-01	Odder	25-11-2020	Negativ
FA-05091	Død	Fasan	SAG-15286-B6M3H4-01	Nordfyns	24-11-2020	H5 N8
	Død	Musvåge	SAG-15350-X2P2X5-01	Vejle	24-11-2020	H5 N8
FA-05101	Død	Spurvehøg	SAG-15385-F2B1B0-01	Guldborgsund	26-11-2020	Negativ
	Død	Bramgås	SAG-15465-T9L1P0-01	Viborg	06-12-2020	H5 N8
FA-05102	Død	Sølvmåge	SAG-15336-S5F1F1-01	Syddjurs	26-11-2020	Negativ
FA-05099	Død	Spurvehøg	SAG-15326-M4C7G0-01	Holbæk	26-11-2020	Negativ
FA-05103	Død	Sule	SAG-15335-F5K1X8-01	Ringkøbing-Skjern	26-11-2020	H5 N8
FA-05121	Død	Sølvmåge	SAG-15390-D9D8H5-01	Thisted	30-11-2020	Negativ
FA-05120	Død	Sølvmåge	SAG-15392-L6Y7X0-01	Thisted	30-11-2020	Negativ
FA-05119	Død	Svartbag	SAG-15391-S9K7W8-01	Thisted	30-11-2020	Negativ
FA-05105	Død	Tårnfalk	SAG-15351-T0W4J8-01	Faaborg-Midtfyn	30-11-2020	Negativ
FA-05108	Død	Musvåge	SAG-15389-J2C9G5-01	Egedal	30-11-2020	Negativ
FA-05109	Død	Knopsvane	SAG-15393-H6Q2X8-01	Egedal	30-11-2020	Negativ
FA-05129	Død	Knopsvane	SAG-15432-C5L5W3-01	Bornholm	01-12-2020	H5 N8
FA-05104	Død	Råge	SAG-15337-R8Z9P6-01	Assens	30-11-2020	Negativ
FA-05110	Død	Spurvehøg	SAG-15388-L9P7W5-01	Roskilde	30-11-2020	Negativ
FA-05115	Død	Skovsneppe	SAG-15386-N9S4W2-01	København	01-12-2020	Negativ
FA-05122	Død	Natugle	SAG-15383-P9P2G3-01	Vejle	01-12-2020	Negativ
FA-05112	Død	Spurvehøg	SAG-15387-M1W1H6-01	Brønderslev	30-11-2020	Negativ
FA-05114	Død	Musvåge	SAG-15382-Q5Q4X4-01	Gladsaxe	01-12-2020	Negativ
FA-05118	Død	Natugle	SAG-15439-W7C3H2-01	Lejre	01-12-2020	Negativ
FA-05131	Død	Knopsvane	SAG-15434-J0D1Z1-01	Bornholm	01-12-2020	Negativ
FA-05124	Død	Bramgås	SAG-15466-S7B7G2-01	Guldborgsund	01-12-2020	Negativ
FA-05113	Død	Grågås	SAG-15384-C2C9Z9-01	Viborg	30-11-2020	H5 N8
FA-05137	Død	Knopsvane	SAG-15433-B4X0C5-01	Bornholm	01-12-2020	H5 N8
FA-05130	Død	Knopsvane	SAG-15435-C3Y3Q9-01	Bornholm	01-12-2020	H5 N8
FA-05123	Død	Musvåge	SAG-15436-P4Z1Q8-01	Herning	01-12-2020	Negativ
FA-05126	Død	Sølvmåge	SAG-15437-K2F8P2-01	Skive	01-12-2020	Negativ
FA-05125	Død	Grågås	SAG-15438-W1R8P0-01	Næstved	01-12-2020	H5 N8
FA-05166	Død	Fasan	SAG-15501-Q4J1G1-01	Norddjurs	04-12-2020	Negativ
FA-05133	Død	Svartbag	SAG-15602-V2X4H2-01	Bornholm	04-12-2020	Negativ
	Død	Musvåge	SAG-15606-L9Z1F3-01	Slagelse	04-01-2021	Negativ

FA-05170	Død	Musvåge	SAG-15515-W0R4W0-01	Thisted	07-12-2020	Negativ
FA-05171	Død	Musvåge	SAG-15513-K8B7X5-01	Thisted	07-12-2020	Negativ
FA-05184	Død	Fiskehejre	SAG-15518-R4S6M2-01	Randers	07-12-2020	Negativ
FA-05175	Død	Gråand	SAG-15503-W6Q6H2-01	København	07-12-2020	Negativ
FA-05177	Død	Ravn	SAG-15520-R7Z1P7-01	Randers	07-12-2020	Negativ
FA-05174	Død	Fasan	SAG-15516-G3S2F8-01	Aalborg	07-12-2020	Negativ
FA-05178	Død	Sølvmåge	SAG-15517-N2F4H2-01	Vesthimmerlands	08-12-2020	Negativ
FA-05179	Død	Musvåge	SAG-15512-V7C9G5-01	Horsens	07-12-2020	H5 N8
FA-05183	Død	Sølvmåge	SAG-15608-H1Z4D7-01	Bornholm	08-12-2020	Negativ
FA-05186	Død	Skarv	SAG-15519-P5H3V9-01	Jammerbugt	09-12-2020	Negativ
FA-05187	Død	Knopsvane	SAG-15604-M5Q4P2-01	Svendborg	09-12-2020	Negativ
FA-05185	Død	Ederfugl	SAG-15605-Y6J7M2-01	Faaborg-Midtfyn	09-12-2020	Negativ
FA-05189	Død	Kortnæbbet Gås	SAG-15607-G0Z9G2-01	Ringkøbing-Skjern	10-12-2020	H5 N8
FA-05188	Død	Sangsvane	SAG-15603-D7R8Y8-01	Ringkøbing-Skjern	10-12-2020	Negativ
FA-05197	Død	Musvåge	SAG-15627-L8K1V1-01	Faaborg-Midtfyn	11-12-2020	Negativ
FA-05193	Død	Musvåge	SAG-15649-K1G3Y5-01	Middelfart	11-12-2020	Ikke H5 eller H7 N ikke bestemt
FA-05192	Død	Hættemåge	SAG-15609-F8F8Q5-01	København	11-12-2020	Negativ
FA-05206	Død	Husskade	SAG-15628-C5J8J7-01	Egedal	14-12-2020	Negativ
FA-04020	Død	Musvåge	SAG-15650-M5F3L5-01	Aabenraa	14-12-2020	H5 N8
FA-05190	Død	Råge	SAG-15691-S1H4W3-01	Silkeborg	14-12-2020	Negativ
FA-05213	Død	Musvåge	SAG-15688-J5P0X7-01	Roskilde	14-12-2020	Negativ
FA-05214	Død	Musvåge	SAG-15690-S7W7H7-01	Ishøj	14-12-2020	Negativ
FA-05203	Død	Fiskehejre	SAG-15629-D7N0M8-01	Frederikssund	14-12-2020	Negativ
FA-05225	Død	Knopsvane	SAG-15689-K7C8Z8-01	Lolland	14-12-2020	Negativ
FA-05274	Død	Sølvmåge	SAG-15686-T6N5L4-01	Ringsted	15-12-2020	Negativ
FA-05275	Død	Musvåge	SAG-15682-F1G8V0-01	Svendborg	15-12-2020	Negativ
FA-05191	Død	Grágås	SAG-15685-F2F7R7-01	Viborg	15-12-2020	H5 N8
FA-05276	Død	Blishøne	SAG-15687-C8K3S1-01	Lejre	16-12-2020	Negativ
FA-05261	Død	Musvåge	SAG-15784-M5G2C2-01	Odder	16-12-2020	H5 N8
FA-05277	Død	Musvåge	SAG-15683-F0R5L7-01	Furesø	16-12-2020	H5 N8
	Død	Vandrefalk	SAG-15817-T2B3B0-01	Jammerbugt	16-12-2020	H5 N8
FA-05211	Død	Tårnfalk	SAG-15786-Z2C3J4-01	Esbjerg	17-12-2020	Negativ
FA-05278	Død	Musvåge	SAG-15785-K3T1V3-01	Vejen	18-12-2020	Negativ
FA-05262	Død	Bramgås	SAG-15811-N9P8V1-01	Ringkøbing-Skjern	21-12-2020	H5 N8
FA-05247	Død	Bramgås	SAG-15807-Y7J2W0-01	Thisted	21-12-2020	H5 N8
FA-05279	Død	Stormmåge	SAG-15814-K3X0R2-01	Aalborg	21-12-2020	Negativ
FA-05218	Død	Sølvmåge	SAG-15812-B3B3P2-01	Sønderborg	21-12-2020	Negativ
FA-05227	Død	Sangsvane	SAG-15804-G1Q7V6-01	Rebild	21-12-2020	H5 N8
FA-05299	Død	Sangsvane	SAG-15808-Z3V5K5-01	Herning	22-12-2020	Negativ
FA-05248	Død	Skarv	SAG-15810-Q4C6S9-01	Brønderslev	23-12-2020	Negativ
FA-05308	Død	Sangsvane	SAG-15822-B8V1L9-01	Favrskov	23-12-2020	H5 N8
I alt						
88 HPAI H5N8						
2 HPAI H5N5						
2 HPAI H5						
1 AIV, ikke-H5/H7						

Kategori: Fugle med mistanke om AI indsendt af FVST er angivet med FA-nr. Øvrige fugle er indsendt af FVST eller af borgere i regi af Center for Vildtsundhed, disse kan også være indsendt med mistanke om AI.

Bilag 2. Oversigt over den aktive overvågning

AI 2020 – aktiv overvågning

Kvartal	Lokalitet	Fangst metode	Dyreart	Antal pools	Antal fugle	AI virus positive pools	H5/H7 positive pools	AI virus isolater
1	KBH	Levende	Grønbenet rørhøne	1	1			
1	KBH	Levende	Gråand	1	4			
1	KBH	Levende	Grågås	1	5			
1	KBH	Levende	Stormmåge	1	2			
3	Fyn	Nedlagt fj.	Gråand	13	50	10	4xH3N8, 2xH4N6, H6N2	
3	Jylland	Levende	Gråand	9	39	6	H5 LPAI	H3N8, APMV-1
3	Jylland	Levende	Krikand	9	34	6	H5 LPAI	H6N1, APMV-1, APMV-4
3	Jylland	Levende	Pibeand	1	1			
3	Jylland	Levende	Spurvehøg	1	1			
3	Jylland	Nedlagt fj.	Gråand	28	124	9		APMV-6
3	Jylland	Nedlagt fj.	Krikand	7	28	3		H4N6, APMV-6
3	Sjælland	Levende	Hvepsevåge	1	1			
3	Sjælland	Levende	Spurvehøg	11	13	1		
3	Sjælland	Levende	Tårnfalk	2	2			
3	Sjælland	Nedlagt fj.	Gråand	10	50	3		H10N2, APMV-4
4	Fyn	Levende	Gråand	4	10			
4	Fyn	Levende	Musvåge	1	1			
4	Fyn	Levende	Sølvmåge	1	1			
4	Fyn	Nedlagt fj.	Gråand	24	100	5	H5 LPAI	
			Covid-måger					
4	Jylland	måger	Allike	1	1			
4	Jylland	måger	Gråkrage	1	1			
4	Jylland	måger	Hættemåge	1	1			
4	Jylland	måger	måger	2	7			
4	Jylland	måger	Covid-måger					
4	Jylland	måger	Sølvmåge	7	15	1		
4	Jylland	måger	Tårnfalk	1	1			
4	Jylland	Levende	Gråand	3	8	1	H5 LPAI	
4	Jylland	Levende	Krikand	9	29	5		APMV-1
4	Jylland	Levende	Pibeand	9	35	1		H6N2
4	Jylland	Levende	Skeand	1	1			
4	Jylland	Levende	Skovsneppe	1	4			
4	Jylland	Levende	Spidsand	1	1	1		
4	Jylland	Levende	Stormmåge	13	59			
4	Jylland	Nedlagt fj.	Gråand	10	50	4		
4	Sjælland	Levende	Hættemåge	3	12			
4	Sjælland	Levende	Krikand	2	6			
4	Sjælland	Levende	Pibeand	1	5	1	H5 HPAI	
4	Sjælland	Levende	Rød glente	1	1			
4	Sjælland	Levende	Sangsvane	3	12			
4	Sjælland	Levende	Sjagger	3	3			
4	Sjælland	Levende	Skovhornugle	1	1			
4	Sjælland	Levende	Spurvehøg	8	10			
4	Sjælland	Levende	Sølvmåge	1	5			
4	Sjælland	Levende	Tårnfalk	1	1			
4	Sjælland	Nedlagt fj.	Gråand	10	50	6	3xH5 LPAI, H7 LPAI	H6N2, H7N5
I alt				220	786	63	9	14 AIV, 7 APMV

Lokalitet: KBH, Hovedstadsområdet postnr. 1xxx, 2xxx; Sjælland, inkl. Falster postnr. 3xxx, 4xxx; Fyn, postnr. 5xxx; Jylland, postnr. 6xxx, 7xxx, 8xxx, 9xxx.

Fangstmetode: Nedlagt, nedlagt fjervildt fra vildthåndteringsvirksomheder; Levende, levende ved prøveudtagelse eller skudt ved jagt umiddelbart forinden; COVID-måger indgår i kategorien Levende i øvrige opgørelser i rapporten, men er udspecifiseret her.

H5/H7 LPAI og HPAI er påvist ved PCR subtypning og HA kløvningssite sekventering. AI virusisolater er virus, der er isoleret i æg og subtypet ved HI-test/N-test og/eller sekventering af HA og NA generne fra virusisolaterne.

Bilag 3. Virusisolat-oversigter

AI virusisolater fra 2020. Alle isolater er fra den aktive AI overvågning. Subtype af isolater er fundet ved HI- og N- test og/eller sekventering. Subtype på originalmateriale er fundet ved PCR og/eller sekventering.

H-type	Subtype	Art	Prøve-id	AI subtype på originalmateriale
H3	H3N8	Gråand	S-09919-15	AIV, ikke H5/H7
	H3N8	Gråand	S-09919-16	AIV, ikke H5/H7
	H3N8	Gråand	S-09919-17	AIV, ikke H5/H7
	H3N8	Gråand	S-09919-18	AIV, ikke H5/H7
	H3N8	Gråand	S-10051-29	AIV, ikke H5/H7
H4	H4N6	Gråand	S-09916-13	AIV, ikke H5/H7
	H4N6	Gråand	S-09917-13	AIV, ikke H5/H7
	H4N6	Krikand	S-10545-55	AIV, ikke H5/H7
H6	H6N1	Krikand	S-09675-21	AIV, ikke H5/H7
	H6N2	Gråand	S-09917-15	AIV, ikke H5/H7
	H6N2	Pibeand	S-12079-23	AIV, ikke H5/H7
	H6N2	Gråand	S-12951-12	AIV, ikke H5/H7
H7	H7N5	Gråand	S-12947-12	H7 LPAI
H10	H10N2	Gråand	S-10463-12	AIV, ikke H5/H7

Virus fra overvågningen i vilde fugle og fjerkræ i 2020 der er isoleret i æg og som ikke var influenza A virus. Alle isolater er fra den aktive AI overvågning. Typning af APMV isolater med HI-test, APMV-1 virulens bestemt ved sekventering af F-gene kløvningssite (CS), samt AI virus subtype fundet ved PCR direkte på originalmaterialet.

Virus	Art	Prøve-id	AI subtype på originalmateriale	APMV-1 CS aminosyre sekvens
APMV-1	Gråand	S-10051-28	AIV, ikke H5/H7	ERQERL, avirulent
APMV-1	Krikand	S-10213-8	AIV, ikke H5/H7	ERQERL, avirulent
APMV-1	Krikand	S-12079-28	AIV, ikke H5/H7	ERQERL, avirulent
APMV-4	Krikand	S-09871-9	AIV, ikke H5/H7	
APMV-4	Gråand	S-10465-12	AIV, ikke H5/H7	
APMV-6	Gråand	S-09664-23	AIV, ikke H5/H7	
APMV-6	Krikand	S-10545-51	AIV, ikke H5/H7	

Bilag 4. Match mellem virus sekvenser og primere og prober i diagnostiske H5 RT-PCR assays

Mismatch mellem virussekvens og primere og prober er markeret med rødt. "—" angiver at sekvens ikke er bestemt. Ct-værdierne i pan Influenza A virus real-time RT-PCR "AI-matrix", real-time H5 HA2 og real-time H5CS er angivet for test af primærmateriale.

Konventionel H5 KHA

Ct AI-matrix	Virus/primernavn	KHA-1	KHA-3 rev compl.
	primersekvens	CCTCCAGARTATGCMTAYAAAATTGTC	CARGGMATGGTAGACGGTTGGTA
24,0	A/mallard/Denmark-4200/16131-3w/10-2012(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
29,0	A/common_teal/Denmark-6851/16120-2w/09-2012(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
24,3	A/mallard/Denmark-4930/16157-3w/11-2012(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
27,3	A/common_teal/Denmark-6851/16116-2w/09-2012(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32,1	A/mallard/Denmark-7330/13848-52w/11-2014(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,0	A/mallard/Denmark-4900/12225-27w/10-2014(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32,8	A/mallard/Denmark-4733/16917-59w/09-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
14,9	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4p2w/09-2015(H5N3)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGCTGGTA
30,4	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4w/09-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,0	A/mallard/Denmark-4920/21255-11w/11-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32,0	A/mallard/Denmark-4733/16917-57w/09-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,1	A/mallard/Denmark-6851/17051-13w/09-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,4	A/mallard/Denmark-8450/17093-52w/09-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
28,0	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18954-13w/10-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
27,1	A/mallard/Denmark-5853/18397-56w/10-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32,0	A/mallard/Denmark-5300/22541-55w/11-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
35,0	A/mallard/Denmark-4200/21256-23w/11-2015(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
35,3	A/mallard/Denmark-8450/17093-55w/09-2015(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33,3	A/Eurasian teal/Denmark-6851/17118-10w/09-2015(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
29,6	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18396-15w/10-2015(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32,0	A/mallard/Denmark-5300/22541-54w/11-2015(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
14,3	A/mallard/Denmark-11887-1Kp2/2016(H5N2)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
28,0	A/mallard/Denmark/14671-42w/2016(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,0	A/mallard/Denmark/14671-43w/2016(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
28,0	A/mallard/Denmark/14671-44w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33,0	A/mallard/Denmark/14671-47w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
35,0	A/mallard/Denmark/14824-79w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33,9	A/mallard/Denmark/18314-40w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,0	A/mallard/Denmark/19080-43w/2016(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33,0	A/mallard/Denmark/20546-18w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,0	A/mallard/Denmark/20546-19w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
31,0	A/mallard/Denmark/20546-20w/2016(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
34	A/mallard/Denmark/16246-46/2017-10-16(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33	A/mallard/Denmark/17731-7/2017-11-23(H5)	-----	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32	A/Eurasian teal/Denmark/16147-7w/2017-10-11(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
27	A/Eurasian teal/Denmark/14704-22w/2017-10-01(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33	A/mallard/Denmark/16246-47w/2017-10-16(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33	A/barnacle_goose/Denmark/19473-27/2017-12-03(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
26	A/barnacle_goose/Denmark/19473-29/2017-12-03(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30	A/mallard/Denmark/15399-8w/2017-11-13(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
26	A/Eurasian teal/Denmark/14704-20w/2017-10-01(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
28	A/mute_swan/Denmark/17734-4/2017-11-18(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
32	A/Northern_pintail/Denmark/15396-36/2017-10-20(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
36	A/mallard/Denmark/15467-58w/2017-10-09(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,8	A/duck/Denmark/6504-5c/2018-05-03(H5)	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGATAGAtGGTTGGTA
23,2	A/mallard/Denmark/8625-1Kc/2018-06-20(H5N2)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,3	A/chicken/Denmark/2804-8p2c/2019-02-27(H5N1)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTGAATGGTTGGTA
25,5	A_mallard_Denmark_50492-10w_2019-09-01(H5N9)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
35,0	A_Northern_shoveler_Denmark_50520-6w_2019-09-14(H5)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
28,9	A_Eurasian_teal_Denmark_S01823-40w_2019-11-03(H5N2)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,9	A_Eurasian_wigeon_Denmark_S01823-43w_2019-11-03(H5)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
26,4	A_mallard_Denmark_50250-11Kc_2019-06-25(H5N1)HA	GCTCCAGAATATCGGTACAAAATTGTC	CAAGGCATGGTGAATGGTTGGTA
35,1	A_chicken_Denmark_S02750-3_2020-01-28(H5N1)HA_1694134	GCTCCAGAATATCGGTACAAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
33,7	A_mallard_Denmark_12946-11w_2020-10-26(H5N2)_EPI1882954	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
30,1	A_mallard_Denmark_11267-20w_2020-10-02(H5N5)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
29,0	A_Eurasian_teal_Denmark_9665-28w_2020-09-14(H5N2)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA
25,1	A_mallard_Denmark_9675-20w_2020-09-12(H5N8)HA	GCTCCAGAATATGCATAACAAATTGTC	CAAGGCATGGTAGATGGTTGGTA

H5 HA2

Ct AI-matrix	Ct H5	Virus/primernavn	H5LH1	H5PRO	H5RH1 rev compl.
		primersekvens	ACATATGACTACCCACARTATTTCAG	TCWCAGTGGCGAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGRTAGCTGGTCT
-	-	A/mallard/Denmark/64650/2003(H5N7)HA_AY531029	ACATATGACTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGGTAGCTGGTCT
-	-	A/duck/Denmark/65047/04(H5N2)HA_DQ251447	ACATATGACTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGGTAGCTGGTCT
24,0	35,9	A/mallard/Denmark-4200/16131-3w/10-2012(H5)	ACATACGATTA CCC GCATTATA CAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
29,0	33,7	A/common_teal/Denmark-6851/16120-2w/09-2012(H5)	ACATACGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
24,3	25,7	A/mallard/Denmark-4930/16157-3w/11-2012(H5)	ACATACGATTA CCC GCATTATA CAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
27,3	38,4	A/common_teal/Denmark-6851/16116-2w/09-2012(H5)	ACATACGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32,1	32,7	A/mallard/Denmark-7330/13848-52w/11-2014(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,0	31,0	A/mallard/Denmark-4900/12225-27w/10-2014(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32,8	0,0	A/mallard/Denmark-4733/16917-59w/09-2015(H5)	ACATATATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCTCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
14,9	16,5	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4p2w/09-2015(H5N3)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,4	36,7	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,0	33,0	A/mallard/Denmark-4920/21255-11w/11-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32,0	33,7	A/mallard/Denmark-4733/16917-57w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,1	37,9	A/mallard/Denmark-6851/17051-13w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,4	32,6	A/mallard/Denmark-8450/17093-52w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
28,0	35,5	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18954-13w/10-2015(H5)	ACATACGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
27,1	33,1	A/mallard/Denmark-5853/18397-56w/10-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGTAAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32,0	35,3	A/mallard/Denmark-5300/22541-55w/11-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
35,0	0,0	A/mallard/Denmark-4200/21256-23w/11-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
34,6	38,6	A/mallard/Denmark-8450/17093-51w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
35,3	37,8	A/mallard/Denmark-8450/17093-55w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33,3	37,6	A/Eurasian teal/Denmark-6851/17118-10w/09-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
29,6	0,0	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18396-15w/10-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32,0	35,9	A/mallard/Denmark-5300/22541-54w/11-2015(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
14,3	21,7	A/mallard/Denmark/11887-1Kp2/2016(H5N2)	ACATATGATTA CCC GCATTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
28,0	34,0	A/mallard/Denmark/14671-42w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,0	37,0	A/mallard/Denmark/14671-43w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
28,0	35,0	A/mallard/Denmark/14671-44w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33,0	0,0	A/mallard/Denmark/14671-47w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
35,0	0,0	A/mallard/Denmark/14824-79w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33,9	0,0	A/mallard/Denmark/18314-40w/2016(H5)	ACATATGATTA CTC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,0	37,0	A/mallard/Denmark/19080-43w/2016(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33,0	0,0	A/mallard/Denmark/20546-18w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,0	36,6	A/mallard/Denmark/20546-19w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
31,0	37,5	A/mallard/Denmark/20546-20w/2016(H5)	ACATATGATTA CCC GAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
34	37,4	A/mallard/Denmark/16246-46/2017-10-16(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33	0	A/mallard/Denmark/17731-7/2017-11-23(H5)	ACATATATTACCC G CAGTACTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32	0	A/Eurasian_teal/Denmark/16147-7w/2017-10-11(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
27	29	A/Eurasian_teal/Denmark/14704-22w/2017-10-01(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33	38,2	A/mallard/Denmark/16246-47w/2017-10-16(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTATCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33	38,4	A/barnacle_goose/Denmark/19473-27/2017-12-03(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
26	31,8	A/barnacle_goose/Denmark/19473-29/2017-12-03(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30	35,0	A/mallard/Denmark/15399-8w/2017-11-13(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
26	33	A/Eurasian_teal/Denmark/14704-20w/2017-10-01(H5)	ACATACAAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
28	31,4	A/mute_swan/Denmark/17734-4/2017-11-18(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
32	39	A/Northern_pintail/Denmark/15396-36/2017-10-20(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
36	0	A/mallard/Denmark/15467-58w/2017-10-09(H5)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	-----	-----
30,8	34,6	A/duck/Denmark/6504-5c/2018-05-03(H5)	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	-----	-----
23,2	29,1	A/mallard/Denmark/8625-1Kc/2018-06-20(H5N2)HA	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,3	36,1	A/chicken/Denmark/2804-8p2c/2019-02-27(H5N1)HA	ACATATAATTACCC G CAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
25,5	31,18	A_mallard_Denmark_50492-10w_2019-09-01(H5N9)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
35,0	37,0	A_Northern_shoveler_Denmark_50520-6w_2019-09-14(H5)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
28,7	30,1	A_Eurasian_teal_Denmark_S01823-40w_2019-11-03(H5N2)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,9	35,6	A_Eurasian_wigeon_Denmark_S01823-43w_2019-11-03(H5)HA	ACATATAATTACCC G CAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
26,4	36,7	A_mallard_Denmark_50250-11Kc_2019-06-25(H5N1)HA	ACATATAATTACCC G CAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
35,1	0	A_chicken_Denmark_S02750-3_2020-01-28(H5N1)HA_1694134	ACATATAATTACCC G CAATATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
33,7	37,6	A_mallard_Denmark_12946-11w_2020-10-26(H5N2)	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
30,1	29,5	A_mallard_Denmark_11267-20w_2020-10-02(H5N5)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGTA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
29,0	29,3	A_Eurasian_teal_Denmark_9665-28w_2020-09-14(H5N2)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT
25,1	27,3	A_mallard_Denmark_9675-20w_2020-09-12(H5N8)HA	ACATATGATTA CCC GCAGTATTTCAG	TCAACAGTGGCAGTTCCCTAGCA	GCAATCATGATAGCTGGTCT

H5CS

Ct Al-matrix	Ct H5CS	Virus/primernavn	H5CS-240L	H5CS-240ProIno	H5CS-192R rev compl.
		primersekvens	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	IGAATGCCCAAATAYGTGA	TATTTGGRGCTATAGCAGGC
-	-	A/mallard/Denmark/64650/2003(H5N7)HA_AY531029	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
-	-	A/duck/Denmark/65047/04(H5N2)HA_DQ251447	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
24,0	25,2	A/mallard/Denmark-4200/16131-3w/10-2012(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
29,0	32,5	A/common_teal/Denmark-6851/16120-2w/09-2012(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
24,3	26,1	A/mallard/Denmark-4930/16157-3w/11-2012(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
27,3	33,5	A/common_teal/Denmark-6851/16116-2w/09-2012(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
32,1	31,6	A/mallard/Denmark-7330/13848-52w/11-2014(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,0	31,0	A/mallard/Denmark-4900/12225-27w/10-2014(H5)	GACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
32,8	34,1	A/mallard/Denmark-4733/16917-59w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
14,9	11,1	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4p2w/09-2015(H5N3)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
30,4	28,5	A/Eurasian teal/Denmark-6280/16946-4w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,0	30,8	A/mallard/Denmark-4920/21255-11w/11-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
32,0	30,1	A/mallard/Denmark-4733/16917-57w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,1	29,3	A/mallard/Denmark-6851/17051-13w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
30,4	29,5	A/mallard/Denmark-8450/17093-52w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
28,0	29,0	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18954-13w/10-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
27,1	28,6	A/mallard/Denmark-5853/18397-56w/10-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
32,0	31,5	A/mallard/Denmark-5300/22541-55w/11-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
35,0	37,6	A/mallard/Denmark-4200/21256-23w/11-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
34,6	34,6	A/mallard/Denmark-8450/17093-51w/09-2015(H5)	-----	-----	TATTTGGGAGCTATAGCAGGC
35,3	34,2	A/mallard/Denmark-8450/17093-55w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGAGCTATAGCAGGC
33,3	34,6	A/Eurasian teal/Denmark-6851/17118-10w/09-2015(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
29,6	36,0	A/Eurasian teal/Denmark-6851/18396-15w/10-2015(H5)	-----	-----	TATTTGGGCTATAGCAGGC
32,0	31,9	A/mallard/Denmark-5300/22541-54w/11-2015(H5)	-----	-----	TATTTGGGCTATAGCAGGC
14,3	12,4	A/mallard/Denmark/11887-1Kp2/2016(H5N2)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
28,0	29,0	A/mallard/Denmark/14671-42w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,0	31,0	A/mallard/Denmark/14671-43w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
28,0	29,0	A/mallard/Denmark/14671-44w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
33,0	34,0	A/mallard/Denmark/14671-47w/2016(H5)	-----	-----	TATTTGGGCTATAGCAGGC
35,0	34,0	A/mallard/Denmark/14824-79w/2016(H5)	-----	-----	TATTTGGGCTATAGCAGGC
33,9	34,1	A/mallard/Denmark/18314-40w/2016(H5)	-CACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,0	30,0	A/mallard/Denmark/19080-43w/2016(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
33,0	34,6	A/mallard/Denmark/20546-18w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
30,0	33,2	A/mallard/Denmark/20546-19w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
31,0	34,2	A/mallard/Denmark/20546-20w/2016(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
34	35	A/mallard/Denmark/16246-46/2017-10-16(H5)	AACACCAAATGTCAAACCCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
33	33,4	A/mallard/Denmark/17731-7/2017-11-23(H5)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
32	34	A/Eurasian teal/Denmark/16147-7w/2017-10-11(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
27	27	A/Eurasian teal/Denmark/14704-22w/2017-10-01(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
33	33	A/mallard/Denmark/16246-47w/2017-10-16(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
33	34,3	A/barnacle_goose/Denmark/19473-27/2017-12-03(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
26	27,8	A/barnacle_goose/Denmark/19473-29/2017-12-03(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
30	29,8	A/mallard/Denmark/15399-8w/2017-11-13(H5)	AATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
26	29	A/Eurasian teal/Denmark/14704-20w/2017-10-01(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
28	28,5	A/mute_swan/Denmark/17734-4/2017-11-18(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
32	32	A/Northern_pintail/Denmark/15396-36/2017-10-20(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
36	35	A/mallard/Denmark/15467-58w/2017-10-09(H5)	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	-----
30,8	34,8	A/duck/Denmark/6504-5c/2018-05-03(H5)	AAATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
23,2	28,1	A/mallard/Denmark/8625-1Kc/2018-06-20(H5N2)HA	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGT
30,3	30,0	A/chicken/Denmark/2804-8p2c/2019-02-27(H5N1)HA	GACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
25,5	29,87	A_mallard_Denmark_50492-10w_2019-09-01(H5N9)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
35,0	0	A_Northern_shoveler_Denmark_50520-6w_2019-09-14(H5)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
28,9	31,2	A_Eurasian_teal_Denmark_S01823-40w_2019-11-03(H5N2)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
30,9	33,51	A_Eurasian_wigeon_Denmark_S01823-43w_2019-11-03(H5)HA	GATACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
26,4	29,3	A_mallard_Denmark_S0250-11Kc_2019-06-25(H5N1)HA	GACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
35,1	37,0	A_chicken_Denmark_S02750-3_2020-01-28(H5N1)HA_1694134	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TGTTTGGGCTATAGCAGGC
33,7	36,1	A_mallard_Denmark_12946-11w_2020-10-26(H5N2)	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
30,1	29,8	A_mallard_Denmark_11267-20w_2020-10-02(H5N5)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATATGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
29,0	29,7	A_Eurasian_teal_Denmark_9665-28w_2020-09-14(H5N2)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC
25,1	27,1	A_mallard_Denmark_9675-20w_2020-09-12(H5N8)HA	AACACCAAGTGTCAAACCTCC	GGAATGCCCAAATACGTGA	TATTTGGGCTATAGCAGGC

Bilag 5. Projektplan for overvågningen af AI i vilde fugle i Danmark 2020



Projektplan vedr. overvågning af aviær influenza i vilde fugle i Danmark i 2020.

Overvågningen af aviær influenza i 2020 udføres af Dansk Veterinær Konsortium (DK-VET), der udgøres af Statens Serum Institut (SSI) og Københavns Universitet (KU), i henhold til Arbejdsprogram VET 2020.

Til den passive overvågning indsendes kadavere til KU, som forestår obduktion og prøveudtagelse og videresendelse af prøver til analyse på SSI. Svaberprøver fra fjerfaldvildt udtaget på DTU indgår ligeledes i overvågningen. Svaberprøverne undersøges på SSI som varetager alle laboratorieanalyser.

Den aktive overvågning i raske, levende vilde fugle udføres i samarbejde mellem Fødevarestyrelsen (FVST), Statens Naturhistoriske Museum, KU (SNM) og Veterinærinstituttet DTU (DTU-VET). FVST afholder udgifterne til udtagning af prøver.

Vildfugleovervågningen i 2020 omfatter:

- 1) En EU koordineret passiv overvågning for højpatogen aviær influenza (HPAI) virus i vilde fugle fundet døde eller syge, i medfor af Kommissionens Afgørelse 2010/367/EU¹.
- 2) En national aktiv overvågning (screening) for lavpatogen aviær influenza (LPAI) virus i levende vilde fugle, herunder nedlagte fugle.
- 3) Molekyler karakterisering af udvalgte virus og gener fra 1) + 2) og evt. virus fra fjerkræ. Der fokuseres på karakterisering af H5 og H7.

Baggrund

FVST er forpligtet til at overvåge for HPAI virus i døde og syge vilde fugle i medfor af Kommissionens Afgørelse¹ af 25. juni 2010 (2010/367/EU). Overvågningen er en del af det EU-baserede overvågningsprogram for AI, der har været gennemført siden 2003, og som løbende er blevet justeret.

FVST udfører en national aktiv overvågning for LPAI virus i levende og nedlagte vilde fugle. Overvågningen foretages som en screening for LPAI virus i vildt levende fugle, der udgør en forhøjet risiko med hensyn til aviær influenza, herunder undersøgelse af nedlagt vildt (fortrinsvist svømmeænder).

Danmark er i kraft af sin geografiske placering et knudepunkt på efterårstrækket for mange vandfuglearter, der primært yngler nord og nordost for Danmark. Det er eksempelvis arter som grågås, gråand, krikand, pibeand, troldand, hætemåge, stormmåge m.fl. Enkelte arter kommer dog fra et større område, der strækker sig fra det nordøstlige Canada til Nordsibirien. Det er eksempelvis arter som korthæbbet gås, knortegås, bramgås og stenvender. De fleste arter overvintrer i Europa og Nordafrika, men især vadefugle trækker længere mod syd. Alene i efterårs- og vintermånederne opholder omkring 3 millioner andefugle sig i de danske farvande. Det samlede antal vandfugle der trækker gennem landet er sandsynligvis langt større.

Hvis syge vandfugle, inficerede med fugleinfluenza, er i stand til at flyve over store afstande, og hvis disse trækfugle kan spredde virus til lokale arter eller omgivelserne, er ophavsområdet til kilde for smitte omfattende.

¹ Kommissionens Afgørelse nr. 367 af 25. juni 2010 om medlemsstaternes gennemforelse af overvågningsprogrammer vedrørende aviær influenza hos fjerkræ og vilde fugle (2010/367/EU)

I den aktive overvågning er målet at indsamle flest mulige positive fugleinfluenzaprøver. Blandt andet derfor er indsamlingerne koncentreret i efterårshalvåret, ud fra den erfaring at chancen for at finde fugleinfluenza er størst i denne periode. Endvidere er indsamlingen koncentreret om de arter, der udgør en forhøjet risiko med hensyn til fugleinfluenza (jf. EU kommissionsafgørelsen nr. 367 af 25. juni 2010), hvilket primært er vandfuglearter. I projektet har der derfor i de senere år været fokuseret på svømmeænder (især gråand, krikand, pibeand), gæs, svaner og måger.

Projektet er konstrueret på en sådan måde, at både artssammensætningen og den geografiske fordeling er stærkt afhængig af SNM's korps af frivillige ringmærkere og deres allerede eksisterende ringmærkningsaktiviteter. Det er lykkedes i de foregående år at indsamle prøver fra en lang række forskellige lokaliteter på tværs af landet, fra Vestjylland til Østsjælland. Derved vil prøverne sandsynligvis repræsentere de mindre geografiske forskelle der måske er mellem fugle der gæster det vestlige Jylland og dem der gæster Østdanmark.

De enkelte arters træk- og spredningsmønstre er beskrevet i værket Dansk Trækfugleatlas (Bønløkke et. al. 2006).

Fremgangsmåde

Alle prøver, der skal indgå i den passive overvågning (1) og den aktive screening (2), indsendes til laboratoriet den førstkomende hverdag efter prøveudtagning.

De sidste prøver i den aktive overvågning skal være modtaget på DTU-VET senest 14. december kl. 10. Der kan maksimalt analyseres ca. 20 pools pr. uge, svarende til max. 100 fugle fra den aktive screening.

1) Passiv overvågning

Formålet med overvågningen er dels at undersøge døde og syge vilde fugle for HPAI virus, dels at få indberetninger om usædvanlig dodelighed og markante sygdomsudbrud hos vilde fugle, der kan være tegn på smitte med aviær influenza.

Fuglearter omfattet af overvågningen fremgår af bilag 1 til denne aftale.

Veterinærerne står for visitering og indsendelse af døde og syge vilde fugle indberettet af borgere.

Kadaverne indsendes til KU, som udtager en trachealsvaber og en kloaksvaber pr. fugl, disse kan pooles for hver fugl til én samlet prøve (pool) pr. fugl. Svaberprøverne analyseres på SSI.

Svaberprøver fra fjernaldvildt udtagtes på DTU og analyseres på SSI.

Tidshorisont, PCR resultat: 4 arbejdsdage efter modtagelse.

Resultatet sigter mod at informere om der påvises HPAI virus.

Tidshorisont, opfølgende virusisolations af H5/H7 positive prøver: op til 4-5 uger efter modtagelse.

Virusisolationsen igangsættes indenfor 4-5 dage, men kan tage op til 4-5 uger.

2) Aktiv overvågning

Der etableres samarbejde med Ringmærkningscentralen under SNM, om indsamling af prøver bl.a. i forbindelse med ringmærkningsaktiviteter i 2020. De arter, der indsamles prøver fra, udvælges, så de bedst muligt tilgodeser ønsket om at indsamle fra fugle, der udgør en forhøjet risiko med hensyn til aviær influenza, jf. bilag 1. Der fokuseres primært på svømmeænder, dernæst måger og rovfugle. I 2020 ønskes ikke prøver fra fuglekletter fra gæs. Antallet af fugle/prøver det tilstræbes at indsamle, fremgår af nedenstående tabel. Der tilstræbes en geografisk fordeling af prøver så der i Hovedstadsregionen max. Tages 30 prøver. Prøverne er kloaksvabere, eller evt. fæcessvabere.

I fortsættelse af de tidligere års overvågning vil FVST udtagte og indsamle kloaksvaberprøver fra nedlagte ænder (gråand, krikand, pibeand). Prøverne udtages fortrinsvist i perioden 1/9 – 1/12 2020 fra nedlagte vilde fugle indleveret på vildthåndteringsvirksomhederne Kivan Food, Alpevej Vildtbehandling og Klosterheden Vildt.

Prøverne indsamles som kloaksvaber enkeltprower i kloakmedie (flerstyrkemedie) og pøoles i laboratoriet inden undersøgelse. Såfremt der er behov for analyse af enkeltprower i en positiv pool, kan enkeltprowerne testes; der foretages alene undersøgelse af enkeltprowerne, hvis poolen giver et uklart resultat, hvilket kan være tilfældet ved tilstedeværelse af flere virus i samme pool. Pooling i laboratoriet foretages således, at en pool kun indeholder max. 5 svabere indsamlet på samme dato, sted (på postnr. niveau) fra samme fugleart.

Fæcessvabere udtages ved at svabre en frisk fæcesklat og overfore den til rør med 3 ml AI kloakmedie. Der skal være god sikkerhed for at fuglearten kan afgøres, dvs. klatter efter flokke af fugle der lige er lettet.

Tidshorisont: Primaære resultater i løbet af 5 arbejdsdage (influenza A, H5 og H7, H5/H7 LPAI/HPAI) efter modtagelse. Sekundære resultater (subtypning af virusisolater) indenfor 4-5 uger, hvis der er tale om H5 eller H7 subtype og indenfor ca. 2 måneder, for andre H typers vedkommende. Afrapporteres i slutrapporten.

Resultat: sigter i forste omgang mod at informere om der forekommer H5 eller H7 AI virus samt karakterisering af H5/H7 subtyper m.h.t. patogenicitet. Endvidere en kortlægning af forekomsten af andre subtyper AI virus i vilde danske fugle.

Forsøgsvis vil der i 2020 inkluderes nedskudte fugle fra lufthavne, hvor især musvåger vurderes at kunne fungere som early warning for introduktion af virus til Danmark. Der tilstræbes et omfang på ca. 50 fugle, primært musvåger. Svartiden tilstræbes at være max 5 uger fra nedskydningsstidspunktet.

3) Molekylær karakterisering

Diversiteten af AI virus er stor og identifikation af specifikke virus-variante kræver en nærmere karakterisering af virus, som giver mere information end subtypen. Formålet er hurtig karakterisering af H7 virus med henblik på identifikation af H7N9-China like virus, hurtig karakterisering af H5 virus, karakterisering af H5 og H7 virus med henblik på evaluering af egnetheden af de anvendte RT-PCR assays til H5/H7 subtypning, subtypebestemmelse af ikke-H5/H7/H9 virus.

Udover virus fra vilde fugle, kan øvrige AI virus, som er identificeret i fjerkæbesætninger mv. i forbindelse med fx AI mistanker og overvågningen i afdøm fra opdrættet fjervildt, karakteriseres.

Tidshorisont: identifikation af H7N9-China virus ca. 5 arbejdsdage efter påvisning af H7. Resultatet af øvrige analyser rapporteres i slutrapporten.

Laboratoriemæssige undersøgelser

SSI udfører alle analyser, dog udføres obduktioner og patologisk undersøgelse af patologer på Kobenhavns Universitet. De laboratoriemæssige procedurer for den passive (1) og aktive (2) overvågning er i overensstemmelse med Kommissionens Afgørelse¹ og den diagnostiske manual (Beslutning 2006/437EU). Ikke alle metoder til uddybende molekylær karakterisering (3) er beskrevet i den diagnostiske manual. Det ønskede prøveantal fremgår af nedenstående skema.

1) Overvågning og tidlig påvisning af HP.AI virus i dode vilde fugle

Alle prøver undersøges med pan-influenza A virus RT-PCR.

Positive prøver undersøges med H5 og H7 specifik RT-PCR.

H5- og H7-positive prøver patogenicitetsbestemmes ved sekventering.

Der foretages opfølgende virusisolations af H5/H7 positive prøver. Virusisolater karakteriseres med HI-test (H-typning) og N-typning og/eller RT-PCR og sekventering. I en udbrudssituation foretages virusisolations kun på udvalgte prøver.

2) Screening for LPAI virus i levende vilde fugle, der udgør en forhøjet risiko med hensyn til aviær influenza inkl. undersøgelse af nedlagte fugle

Alle prøver undersøges med pan-influenza A virus RT-PCR.

Positive prøver undersøges med H5 og H7 specifik RT-PCR.

H5/H7 positive prøver patogenicitetsbestemmes ved sekventering.

Der foretages virusisolation på pan-influenza A virus positive prøver.

Virusisolater karakteriseres med HI-test (H-subtypning) og N-typning og/eller RT-PCR og sekventering.

3) Molekylær karakterisering

Udvalgte prøver fra den passive og aktive overvågning karakteriseres med sekvensanalyse og/eller RT-PCR af HA og evt. NA og øvrige gener. Der sigtes primært på karakterisering af H5 og H7 virus, sekundært på subtypebestemmelse af øvrige AI virus.

Lobende orientering om forløb

I 2. halvår indkalder FVST ved behov til møder (evt. i form af telefon- eller videolinkmøde) mellem FVST, SNM og DK-VET om status på prøveantal, fund, eventuelle omfordelinger hvis det forventede antal fugle indenfor formålene ikke kan opnås, etc. Alternativt til mødeafholdelse, orienterer parterne hinanden pr. mail månedligt.

Afrapportering

DK-VET, SSI, sender resultaterne af den passive overvågning til FVST i form af laboratoriesvar og indtaster endvidere resultaterne i databasen for "Proveresultater for fugleinfluenza", <https://ai.fvst.dk/>. Resultaterne er hermed tilgængelige på den offentlige vildfugleoversigt på FVST hjemmeside.

FVST foretager de ½-årige pligtige afrapporteringer til EU/EFSA ultimo juli 2020 og ultimo januar 2021.

DK-VET udarbejder en samlet slutrapport med resultaterne af den passive og aktive overvågning. Slutrapporten foreligger på dansk senest ultimo april 2021.

FVST orienteres straks ved fund af HPAI virus. Fund af LPAI H7N9-China-2013 afrapporteres ligeledes hurtigst muligt, men kræver molekylær karakterisering og kan tage op til 5 arbejdsdage fra påvisning af H7 subtype.

Oversigt over antal fugle og prøver i overvågning af AI i vilde fugle i Danmark 2020

Opgave	Antal fugle	Antal prøver (pools)
<i>Aktiv overvågning i levende vilde fugle (inkl. nedlagte)</i>		
SNM	400	130
FVST veterinærheder (nedlagt fjervildt)	450	90
Nedskudte fugle fra lufthavne	50	20
I alt	900	240
	Antal fugle (estimeret)	Antal prøver (estimeret)
<i>Passiv overvågning i døde vilde fugle</i>		
Fjervildt		
FVST, Veterinærheder		
I alt	100	100

Kontaktpersoner

Charlotte K. Hjulsager, DK-VET, SSI.

Lars E. Larsen, DK-VET, KU.

Pernille Dahl Nielsen, FVST.

Jesper Johannes Madsen og Kasper Thorup, SNM.

BILAG 1

Liste over arter af vilde fugle, der skal gøres til genstand for målrettet prøveudtagning og testning for aviær influenza (målarter)



Target list of wild bird species for passive surveillance of H5 HPAI viruses in the EU, based on passive surveillance data from 2005 to 2017

This document was published in December 2017 as part of the EFSA-ECDC-EURL scientific report [Avian influenza overview September – November 2017](#).

This list is produced as a guide to operators involved in passive wild bird surveillance for early warning of H5 HPAI in their region. The purpose of this list is to provide information on which bird species to focus in order to achieve the most effective testing of dead birds for detection of H5 HPAI viruses. It should be noted that the programmes within countries should be modulated according to demographics of local wild bird populations. Also, this list does not imply that only the carcasses of wild bird species on this list should be examined for H5 HPAI virus; carcasses of other wild bird species also should be examined, if there are reasons to do so.

The list is based on the data on the detection of H5 HPAI viruses in wild bird carcasses reported in the AI passive surveillance system by Member States between 2005 and 2017, excluding data from 2011 to 2013 where no AI epizootics occurred. Therefore, data included are from the H5N1 HPAI epidemic starting in 2005, the H5N8 HPAI epidemic starting in 2014, and the H5Nx HPAI epidemic starting in 2016. Overall, the list consists of wild bird species associated with an aquatic habitat, or wild bird species that prey on wild waterbirds or scavenge their carcasses. An exception is the fieldfare (*Turdus pilaris*). In principle, the list indicates which free-living wild bird species in the EU are more likely both to be exposed to H5 HPAI virus and to suffer a fatal infection. For this reason Muscovy duck (*Cairina moschata*) and Wood duck (*Aix sponsa*) that are exotic species only present as free-living population in a very few places in EU, were excluded. Some species were included, even if the high rate of positivity was from a single outbreak in one country, because it means that the species in question can be exposed to H5 HPAI virus in the field and can suffer fatal infection.

The list includes all species for which the rate of detection of H5 HPAI virus was 0.4% or greater; that is a chance of at least 1 in 250 of being detected positive. Careful consideration has been given to the thresholds for inclusion and some species tested at in large numbers but with low rates of detection have been excluded. It may well be that these excluded species would be targeted for active surveillance, i.e. testing apparently healthy wild birds. However, the cut-off point of 0.4% is a pragmatic choice and may be changed up or down by MSs based on local conditions including number of reports of dead wild birds and available funding.

Table: Fifty wild bird species targeted for passive surveillance of H5 HPAI viruses in the EU. This list is based on data reported by Member States to the AI EU Reference Laboratory in the AI passive surveillance system between 2005 and 2017 (years 2011, 2012, 2013 excluded). Only those submissions that were identified to species and having a detection rate of 0.4 % or higher were included. The species are arranged in families (for the large family Anatidae also in subfamily, tribe or genus), and ordered according to the species with the highest detection rates.

Family	Subfamily, tribe, or genus	Species	% positive (no. positive/no. tested)
Ducks, geese, and swans (Anatidae)	Diving ducks (Anatini)	Tufted duck (<i>Aythya fuligula</i>)	33.4% (338/1011)
		Greater scaup (<i>Aythya marila</i>)	12.7% (9/71)
	Dabbling ducks (Anatinae)	Common pochard (<i>Aythya ferina</i>)	11.4% (26/228)
		Red-crested pochard (<i>Netta rufina</i>)	0.9% (1/112)
		Northern pintail (<i>Anas acuta</i>)	5.4% (3/56)
		Eurasian wigeon (<i>Anas penelope</i>)	3.7% (8/219)

	Gadwall (<i>Anas strepera</i>)	1.7% (3/179)
	Mallard (<i>Anas platyrhynchos</i>)	0.5% (96/20572)
	Eurasian teal (<i>Anas crecca</i>)	0.4% (5/1145)
	Gosander (<i>Mergus merganser</i>)	6.4% (7/109)
	Common goldeneye (<i>Bucephala clangula</i>)	5.7% (3/53)
	Smew (<i>Mergus albellus</i>)	5.0% (1/20)
	Common eider (<i>Somateria mollissima</i>)	1.3% (3/228)
	Common shelduck (<i>Tadorna tadorna</i>)	0.5% (1/210)
	Egyptian goose (<i>Alopochen aegyptiacus</i>)	0.4% (1/234)
	True geese (<i>Anser</i> , <i>Branta</i> , <i>Chen</i>)	
	Lesser white-fronted goose (<i>Anser erythropus</i>)	1.3% (3/23)
	Greylag goose (<i>Anser anser</i>)	3.5% (60/1960)
	Taiga bean Goose (<i>Anser faba</i> (s))	2.0% (4/143)
	Canada goose (<i>Branta canadensis</i>)	1.0% (19/1061)
	Pink-footed goose (<i>Anser brachyrhynchus</i>)	1.3% (1/75)
	Brent goose (<i>Branta bernicla</i>)	1.2% (1/94)
	Greater white-fronted goose (<i>Anser albifrons</i>)	0.6% (2/350)
	Swans (<i>Cygnus</i>)	
	Black swan (<i>Cygnus atratus</i>)	9.5% (6/63)
	Whooper swan (<i>Cygnus cygnus</i>)	9.3% (165/1816)
	Mute swan (<i>Cygnus olor</i>)	7.6% (931/12268)
	Grebes (<i>Podicipedidae</i>)	
	Black-necked grebe (<i>Podiceps nigricollis</i>)	79.9% (246/308)
	Great crested grebe (<i>Podiceps cristatus</i>)	8.5% (50/588)
	Little grebe (<i>Tachybaptus ruficollis</i>)	7.8% (6/77)
	Storks (<i>Ciconiidae</i>)	
	White stork (<i>Ciconia ciconia</i>)	0.5% (5/911)
	Herons (<i>Ardeidae</i>)	
	Eurasian bittern (<i>Botaurus stellaris</i>)	2.9% (1/35)
	Little egret (<i>Egretta garzetta</i>)	2.9% (2/65)
	Great white egret (<i>Egretta alba</i>)	0.9% (4/441)
	Grey heron (<i>Ardea cinerea</i>)	0.8% (40/5093)
	Pelicans (<i>Pelecanidae</i>)	
	Dalmatian pelican (<i>Pelecanus crispus</i>)	27.5% (11/40)
	Great white pelican (<i>Pelecanus onocrotalus</i>)	9.5% (2/21)
	Cormorants and shags (<i>Phalacrocoracidae</i>)	
	Great cormorant (<i>Phalacrocorax carbo</i>)	0.6% (12/2080)
	Raptors (<i>Accipitridae</i> , <i>Falconidae</i> , <i>Strigidae</i>)	
	White-tailed eagle (<i>Haliaeetus albicilla</i>)	6.6% (20/325)
	Rough-legged buzzard (<i>Buteo lagopus</i>)	3.7% (1/27)
	Common buzzard (<i>Buteo buteo</i>)	1.1% (72/6307)
	Peregrine falcon (<i>Falco peregrinus</i>)	3.4% (10/297)
	Northern goshawk (<i>Accipiter gentilis</i>)	1.3% (8/616)
	Eurasian eagle-owl (<i>Bubo bubo</i>)	0.9% (3/340)
	Western swamp-hen (<i>Porphyrio porphyrio</i>)	6.7% (1/15)
	Coots, crakes, and rails (<i>Rallidae</i>)	
	Green sandpiper (<i>Tringa ochropus</i>)	33.3% (1/3)
	Sandpipers (<i>Scolopacidae</i>) ^(a)	
	Great black-backed gull (<i>Larus marinus</i>)	13.0% (22/159)
	European herring gull (<i>Larus argentatus</i>) ^(a)	31.1% (66/2135)
	Mew gull (<i>Larus canus</i>)	0.8 (4/461)
	Black-headed gull (<i>Chroicocephalus ridibundus</i>)	0.7% (30/4075)
	Corvids (<i>Corvidae</i>)	
	Eurasian magpie (<i>Pica pica</i>)	0.6% (7/1232)
	Thrushes (<i>Turdidae</i>)	
	Fieldfare (<i>Turdus pilaris</i>)	0.5% (1/192)

(a) This does not include the Caspian gull (*Larus cachinnans*) or the yellow-legged gull (*Larus michahellis*), which are considered separate species.

(b) Another water *Numerius* species was not included in this list because it was not identified to species. However, in the EU, the two most likely *Numerius* species are the Eurasian curlew (*N. arquata*) and the whimbrel (*N. phaeopus*).