

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

Afrapportering af resultater for 3. kvartal 2021

Pia Ryt-Hansen

Charlotte K. Hjulsager

Jesper Schak Krog

Lars Erik Larsen



DK-VET rapport. December 2021

Aftale mellem Fødevarestyrelsen og Dansk veterinærkonsortium om overvågning af influenza i svin i 2021. Afrapportering af resultater for 3. kvartal 2021

Udarbejdet af Pia Ryt-Hansen, Charlotte K. Hjulsager, Jesper Schak Krog og Lars Erik Larsen

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

Projektperiode: 01-01-2021 – 31-12-2021

Udgivet af Statens Serum Institut og Københavns Universitet

Baggrund

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

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

Resultater

Resultaterne for 3. kvartal 2021 er opsummeret i Tabel 1 og Tabel 2.

Prøver testet

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

I perioden 1. juli til 30. september 2021 blev der modtaget i alt 171 indsendelser fra 164 forskellige besætninger, registreret med forskelligt CHR nr., til diagnostisk undersøgelse for influenza A virus. Derved ses der også i dette kvartal en stigning i antal indsendelser sammenlignet med 2019 og 2020, hvor tallet lå på henholdsvis 116 og 109 indsendelser for 3. kvartal.

Der blev påvist influenza A virus i 90 indsendelser, svarende til at 53% af indsendelserne havde mindst én positiv prøve. Andelen af positive indsendelser i 3. kvartal er dermed markant lavere end sidste år, hvor andelen af positive indsendelser udgjorde 68 %, men på niveau med 2019, hvor 50 % af indsendelserne var positive. Over alle årene i overvågningen har andelen af positive indsendelser i 3. kvartal udgjort mellem 32-68 % af indsendelserne. Resultaterne fra 3. kvartal er opgjort i Tabel 1.

Test for H1N1pdm09 med RT-PCR

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

H1pdm09Nx er påvist i prøver fra 26 indsendelser fra 26 forskellige besætninger registreret med forskellige CHR-numre. Dermed er denne subtype påvist i 29% af de influenzapositive indsendelser i 3. kvartal, hvilket er en stigning i forhold til den samme periode sidste år, hvor niveauet lå på 20%. Generelt har andelen af H1pdm09Nx positive indsendelser i 3. kvartal udgjort mellem 20-29 %. Resultaterne fra H1pdm09 screeningen fra 3. kvartal er opgjort i Tabel 1.

Overvågningen i de foregående år har afsløret, at diversiteten af H1pdm09 virus, der cirkulerer i den danske svinepopulation, er steget til en grad, der har vist sig at påvirke sensitiviteten af H1pdm09 subtypningsassays. Således optimeres subtypningsproceduren løbende for tilpasning til de virus, der kan forventes at cirkulere i Danmark. Alligevel kan der stadig være en risiko for, at H1pdm09 virus ikke kan påvises i en prøve, der blot er svagt positiv for influenzavirus. Prøver, der er svagt positive for influenza A virus, rapporteres derfor som "kan ikke subtypes" i analysen for H1pdm09 i de tilfælde, hvor undersøgelsen for H1pdm09 giver et negativt resultat. Man kan derfor ikke antage, at subtypen ikke er H1pdm09, hvis prøven er svagt positiv for influenza A virus, og analysen for H1pdm09 er negativ.

Subtypning ved analyse af HA og NA gener

Subtypning foretages ved specifik real-time RT-PCR undersøgelse for de varianter af H1, H3, N1 og N2, der vurderes relevante under danske forhold. Prøver der ikke kan subtypes med denne metode, subtypes ved sekvensanalyse. Nogle prøver vil ikke kunne subtypes, fordi der er for lidt virus i dem. Resultater fra prøver indsendt i 3. kvartal fremgår af Tabel 2. I lighed med de seneste år er H1avN2sw den subtype, der langt oftest påvises. Dog ses det at den nye subtype H1pdmN1av også er i markant fremgang, og udgør 19% af de subtypedede prøver. For fem indsendelser fra 3. kvartal blev der påvist flere forskellige HA og NA gener i den samme prøve. I disse indsendelser er der prøver, hvor der er påvist flere af følgende gensegmenter; H1av, H1pdm, N1av, N1pdm og N2sw i forskellige kombinationer. Yderligere fuld genom sekventering vil blive foretaget på disse prøver, for at kortlægge om disse er reelle infektioner med flere subtyper.

Genom karakterisering ved sekventering af udvalgte virus

Partiel og fuldlængde karakterisering af influenzavirus fra positive indsendelser pågår.

Tabel 1. Tilstedeværelse af influenza A virus og screening for H1pdm09 virus 2019-2021

	2021 3.kv	2020 3.kv	2019 3.kv	2021 1.-3.kv	2020 1.-3.kv	2019 1.-3.kv
Parameter						
Generel Influenza A undersøgelse						
Antal indsendelser undersøgt	171	116	109	651	493	403
Antal positive indsendelser	90	79	55	329	309	218
Antal positive prøver i alt	229	229	137	852	765	507
Undersøgelse for pandemisk influenza A virus						
Antal prøver testet for H1pdm09	229	229	137	851	761	507
Antal positive indsendelser	26	16	13	142	80	44
Antal positive besætninger	26	16	13	135	69	42

Tabel 2. Resultater fra subtypningen 2019-2021

	2021 3.kv	2020 3.kv	2019 3.kv	2021 1.-3.kv	2020 1.-3.kv	2019 1.-3.kv
Parameter						
Indsendelser subtypet både HA og NA	58	46	27	240	145	80
H1avN1av	6	1	2	11	5	13
H1avN2sw	31	33	16	124	88	53
H1avN2hu	0	0	2	1	2	4
H1avN1pdm	0	0	0	0	0	1
H3huN2sw	0	0	0	1	0	0
H3huN2hu	0	0	0	0	1	0
H1pdm09N1pdm09	4	2	3	20	13	4
H1pdm09N2sw	1	2	0	12	5	0
H1pdm09N2hu	0	0	0	0	0	0
H1pdm09N1av	11	5	0	55	21	0
Flere HA og NA gener i samme prøve						
H1av, N1av, N2sw	2	0	1	3	2	2
H1av, H1pdm, N1pdm, N2sw	1	0	1	4	4	1
H1av, H1pdm, N1pdm	0	0	1	0	0	1
H1pdm, N1pdm, N2sw	0	1	0	0	1	0
H1av, N1pdm, N2sw	0	2	1	1	3	1
H1av, H1pdm, N1av, N2sw	1	0	0	5	0	0
H1pdm, N1pdm, N1av	1	0	0	1	0	0
H1av, H1pdm, N2sw	0	0	0	2	0	0