

OPKLARING AF PRRS-UDBRUD PÅ EN PRRS-NEGATIV ORNESTATION I 2019

Charlotte Sonne Kristensen^a, Lise K. Kvisgaard^b, Pia Ryt-Hansen^c, Kasper Pedersen^a og Lars E. Larsen^c

^a SEGES Svineproduktion

^b Danmarks Tekniske Universitet, Center for Diagnostik

^c Københavns Universitet, Institut for Veterinær- og Husdyrvidenskab

STØTTET AF

Svineafgiftsfonden

Hovedkonklusion

En ny PRRS1-variant, opstået ved rekombination mellem PRRS-vaccinerne Unistrain@PRRS og Suvaxyn PRRS MLV, smittede den PRRS-negative ornestation ved Horsens i sommeren 2019, sandsynligvis fra en nabobesætning.

Sammendrag

En PRRS-negativ ornestation i Horsens blev i sommeren 2019 smittet med PRRS1. Det efterfølgende opklaringsarbejde viste, at en hidtil ukendt PRRS1-variant var kommet ind på ornestationen og havde smittet besætningens grise. Denne nye PRRS1-variant var en blanding (rekombinant) mellem de to PRRS-stammer, der er i vaccinerne Unistrain@PRRS og Suvaxyn PRRS MLV.

Denne nye PRRS1-variant blev ligeledes fundet retrospektivt i en besætning ca. 6 km væk fra ornestationen, hvor begge vacciner havde været i brug.

Det er derfor overvejende sandsynligt, at den nye rekombinante PRRS1-variant opstod i nabobesætningen. Hvordan denne nye PRRS1-variant blev introduceret på ornestationen, vides ikke. PRRS er dog kendt for at kunne spredes via luften.

Baggrund

Porcine reproduktions og respirations syndrom (PRRS) har siden sin første optræden i begyndelsen af 90'erne været en udfordring for svineproducenter over hele verden. Ifølge tal fra Sundhedsstyringen er ca. 35 % af de danske svinebesætninger, som er med i SPF-SuS, positive for antistoffer mod PRRS, og udbredelsen af serologiske positive besætninger har været faldende før udbruddet af PRRS på ornestationen ved Horsens. PRRS er udgøres faktisk af to forskellige virus, PRRS1 og PRRS2. Begge

findes i danske besætninger, og nogle besætninger er smittet med begge virus. Der findes flere forskellige genetiske varianter inden for PRRS1, og det er tidligere vist, at de PRRS1-varianter, der findes i Danmark, overordnet kan inddeles i to grupper. Den ene gruppe ligner Porcilis PRRS vaccinstammen, og den anden gruppe ligner den første PRRS, der blev isoleret i Danmark [1]. Den genetiske karakterisering, der ligger til grund for inddelingen af PRRS1 i varianter, foretages ved at kortlægge én eller flere af virus generne på samme måde, som når DNA-tests bruges hos mennesker i kriminalsager og faderskabssager. Det er tidligere vist, at to varianter af samme PRRS-type kan blande sig og lave nye varianter, en såkaldt rekombinant [2].

Flere avlsvirksomheder leverer sæd til danske sobesætninger, hvoraf den største leverer sæd til mere end 860.000 af de danske produktionssøer og består af 14 ornestationer, hvor fire er defineret som PRRS-positive, og ti er PRRS-negative. I sommeren 2019 var det muligt at påvise PRRS1 på en af disse PRRS-negative ornestationer. Efterfølgende blev tre avlsbesætninger og ca. 40 produktionsbesætninger smittet med PRRS via sæd fra ornestationen.

I opklaringsarbejdet stod det hurtigt klart, at den PRRS1-variant, der blev fundet på ornestationen, ikke lignede de PRRS1-varianter, der tidligere var påvist i Danmark.

Formålet med dette notat er at beskrive den nye variant af PRRS1 og resultatet af de gennemførte undersøgelser der er gennemført for at spore oprindelsen af virusset.

Materialer og metoder

Ornestationen

I undersøgelse indgik 42 blodprøver, herunder både de rutinemæssige statusprøver, der påviste smitten 26. juli, samt efterfølgende blodprøver.

Nabobesætning

Det stod hurtigt klart, at PRRS1-varianten fra ornestationen indeholdte dele fra PRRS-vaccinen, Unistrain@PRRS. Derfor blev alle besætninger, der havde brugt Unistrain@PRRS og var beliggende inden for en radius af 10 km fra ornestationen, identificeret via VETSTAT. Dette afslørede, at kun en besætning beliggende ca. 6 km vest fra ornestationen havde fået ordineret Unistrain@PRRS. Besætningen var i sommeren 2019 under afvikling, men 50 blodprøver blev udtaget fra smågrise, inden de sidste grise blev fjernet fra besætningen. Ejendommen har siden været tom for grise.

Analyse af prøver

Serumrøverne blev analyseret for PRRS ved RT-PCR. De prøver med den største mængde virus blev efterfølgende udvalgt til sekventering af området ORF2-7 (som dækker 1/3 af PRRSV-genomet). Fra ornestationen blev fire prøver sekventeret, mens der fra nabobesætningen blev udvalgt fem prøver til sekventering. De resulterende sekvenser blev derefter sammenlignet inden for besætningen, og mellem ornestationen og nabobesætningen samt med tilgængelige PRRS1-sekvenser fra andre lande. Hvert enkelt gen blev individuelt undersøgt, og efterfølgende blev der kørt en såkaldt rekombinationsanalyse, for at undersøge om det pågældende virus indeholdte sekvenser fra forskellige PRRS1-varianter.

Desuden blev én prøve fra ornestationen fuld genom sekventeret og ligeledes undersøgt for rekombination.

Vejrdata

Vejrdata fra starten af juli 2019 i Horsens-området blev downloadet fra DMI. Temperatur, luftfugtighed, middel vindhastighed samt vindretning indgik og blev opgjort for perioden 30. juni til 10. juli 2019.

Resultater og diskussion

Ornestationen

På ornestationen var 21 ud af de 42 blodprøver positive for PRRS1-virus.

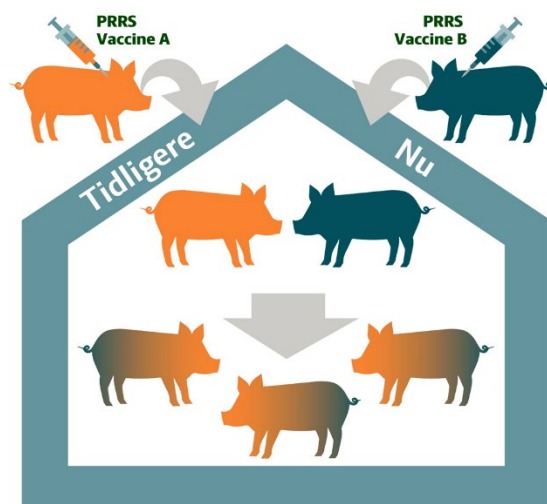
Fuld genom sekventering af PRRS1-varianten fra ornestationen viste, at nogle af generne var identiske med den PRRS1-stamme, der er inkluderet i vaccinen "Suvaxyn PRRS MLV", mens andre gener var identiske med den PRRS1-stamme, der er inkluderet i vaccinen "Unistrain PRRS" (Tabel 1).

Tabel 1. Fuld genom sekventering af PRRS1-varianten fra ornestationen og sammenligning på ORF-niveau til PRRS-vaccinerne Suvaxyn PRRS MLV og Unistrain PRRS.

ORF	Identisk på genniveau til Suvaxyn PRRS MLV vaccinstammen	Identisk på genniveau til Unistrain PRRS vaccinstammen
ORF 1	99,5 %	-*
ORF 2	99,03 %	-
ORF 3-7	-	99 %

*ej relevant

PRRS1 fra ornestationen er derfor en ny variant, som er opstået ved en rekombination mellem Suvaxyn PRRS MLV-vaccinstammen og Unistrain PRRSV-vaccinstammen. PRRS-vacciner består af levende PRRS-virus, der er blevet svækket, så de kun giver sygdom i et begrænset omfang. Men disse virus kan stadig cirkulere rundt i grisene og smitte fra gris til gris. Hvis en gris smittes med to forskellige varianter af PRRS inden for samme type (f.eks. fra to forskellige vacciner), kan det forekomme, at de to varianter blander sig og danner en ny variant (Figur 1). En rekombinant kan også opstå, når to feltvarianter eller når en felt- og vaccinevariant blander sig.



Figur 1. En rekombinant PRRS1 variant kan opstå, hvis to PRRS-vacciner af samme type bruges i samme besætning. Grise, der vaccineres med "PRRS Vaccine B", kan potentielt i dagene efter vaccinationen overføre denne virus til andre grise, som "tidligere" kunne være vaccineret med en anden "PRRS Vaccine A". Hvis begge typer PRRS-virus befinder sig i den samme gris på samme tidspunkt, opstår risikoen for en rekombination imellem dem.

Nabobesætning

I nabobesætningen var 21 af de 50 prøver positive for PRRS1-virus. Sekventering viste, at en PRRS1-variant identisk til den på ornestationen var tilstede i besætningen, ligesom både PRRS1-varianter identiske med begge vaccinstammer (Suvaxyn PRRS MLV og Unistrain PRRSV) kunne påvises. Besætningens grise fik i perioden februar 2018 til marts 2019 fået ordineret Unistrain®. Derudover fik de i perioden april 2019 til juni 2019 ordineret Suvaxyn PRRS MLV. Brugen af begge vacciner samt tilstedeværelsen af de enkelte vaccinstammer og den nye rekombinante PRRS1-virus gjorde det højst sandsynligt, at den nye rekombinante PRRS1-variant var opstået i denne besætning.

Spredning af PRRS1 til ornestationen

Den tidligste blodprøve, hvor der kunne identificeres PRRS1-virus fra ornestationen, var fra 10. juli 2019. Ornestationen blev dog først erklæret smittet med PRRS1 26. juli, da overvågningen foregik ved undersøgelse af antistoffer. De to orner, der var positive for virus 10. juli, havde på daværende tidspunkt ikke dannet antistoffer. Ornestationen er derfor sandsynligvis smittet i perioden 3. juli til 9. juli. Der er ikke påvist brud på smittebeskyttelsen på ornestationen, og det er ligeledes ikke fundet sandsynligt, at smitten har fundet sted fra en Daka-lastbil eller i forbindelse med transport af smågrise på den nærliggende motorvej. Selvom nabobesætningen ligger ca. 6 km sydvest fra ornestationen, er det sandsynligt, at ornestationen blev smittet via luften. PRRS har tidligere vist sig at smitte via luften [3] og at være isoleret helt op til 9,1 km væk fra en PRRS-positiv besætning [4]. Ornestationen blev smittet midt på sommeren, men lige præcis i den første uge af juli 2019 var der dårligt vejr omkring Horsens. Perioden var kendetegnet ved temperaturer på 10-15 grader, luftfugtighed på 60-100 %, middel vindhastighed på 2-8 m/s samt vindstød på op til 18 m/s og overvejende vestenvind – altså i retningen af ornestationen. Derfor er det ikke usandsynligt, at PRRS1-smitten er sket over de ca. 6 km. Om den nye variant af PRRS1 er smittet direkte til ornestationen eller via en anden besætning, vides ikke.

Konklusion

En ny PRRS1-variant, som blev identificeret på en ornestation, viste sig at være en rekombination mellem PRRS-vaccinerne Unistrain®PRRS og Suvaxyn PRRS MLV. Varianten blev ligeledes fundet i en besætning ca. 6 km fra ornestationen. I denne besætning var begge PRRS-vacciner ordineret, dog ikke på samme tid, men inden for en periode på ti dage. Det er derfor overvejende sandsynligt, at den nye PRRS1-variant opstod i nabobesætningen.

Referencer

- [1] Kvisgaard, L.K., Hjulsager, C.K., Kristensen, C.S., Lauritsen, K.T., Larsen, L.E., 2013. Genetic and antigenic characterization of complete genomes of Type 1 Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome viruses (PRRSV) isolated in Denmark over a period of 10 years. *Virus Res.* 178, 197–205. doi:10.1016/j.virusres.2013.10.009
- [2] Forsberg, R., Storgaard, T., Nielsen, H.S., Oleksiewicz, M.B., Cordioli, P., Sala, G., Hein, J., Bøtner, A. 2002. The Genetic Diversity of European Type PRRSV Is Similar to That of the North American Type but Is Geographically Skewed within Europe. *Virology*, 299, pp38-47. <https://doi.org/10.1006/viro.2002.1450>
- [3] Kristensen, C.S., Bøtner, A., Takai, H., Nielsen, J.P., Jorsal, S.E. 2004. Experimental airborne transmission of PRRS virus. *Veterinary Microbiology*, 99, pp 197-202. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2004.01.005>
- [4] Otake, S., Dee, S., Corzo, C., Oliveira, S., Deen, J. 2010. Long-distance airborne transport of infectious PRRSV and *Mycoplasma hyopneumoniae* from a swine population infected with multiple viral variants. *Veterinary Microbiology*, 145, pp. 198-208. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.03.028>

NAV nr.: 1170

//CSK//

Dyregruppe: Søer, pattegrise, smågrise, slagtesvin
Fagområde: Veterinær



Tlf.: 33 39 45 00

svineproduktion@seg.es.dk

Ophavsretten tilhører SEGES, KU og DTU. Informationerne fra denne hjemmeside må anvendes i anden sammenhæng med kildeangivelse.

Ansvar: Informationerne på denne side er af generel karakter og søger ikke at løse individuelle eller konkrete rådgivningsbehov.

SEGES er således i intet tilfælde ansvarlig for tab, direkte såvel som indirekte, som brugere måtte lide ved at anvende de indlagte informationer.