

Opdatering på sekvensanalyse af Hatting og ”nabobesætning”

Lars Erik Larsen, KU/DTU, Lise Kvisgaard, DTU og Charlotte Sonne Kristensen, SEGES

Revivderet: 27.09.2019

Horsens-PRRS virus

Den foreløbige genetiske karakterisering viser at:

3000nt af ORF1a er 99,5 % identisk på gen niveau med Suvazxyn PRRSV vaccinstammen (96V198) fra Zoetis

ORF2 (nt133-ORF3 (858 fra ORF2 start codon) er 99.03 % identisk identisk på gen niveau med Suvazxyn PRRSV vaccinstammen (96V198) fra Zoetis

ORF3 (fra nt 859) til ORF7: er 99 % identisk på gen niveau med Unistrain PRRSV vaccinstammen (Amervac) fra Hipra

Sekventering af den resterende del af ORF 1 pågår

Konklusion

Virus er en rekombination mellem Unistrain PRRSV vaccinstammen (Amervac-like) og Suvaxyn PRRS vaccinstammen (96V198-like). På baggrund af den høje grad af lighed til specielt Unistrain vaccine stammen, vurderes det, at denne rekombination er opstået for nyligt.

Besætning – beliggende i nærheden af Hatting, Horsens

Prøver er udtaget fra besætning hvor begge vacciner er anvendt og som er beliggende tæt på Hatting, Horsens. Der er indtil videre sekventeret fra 4 prøver fra enkelte dyr fra denne besætning.

	Partiel ORF2 (489nt)	Match %	ORF5	Match %
1	Orne/Zoetis	99,8	Zoetis	99.5
2	Amervac	99.2	Amervac/orne	98.3
3	Amervac	99.4	Amervac/orne	98.5
4	Orne/Zoetis	100	Zoetis	99.7

Dette tyder på at virus fra gris 1 er identisk med virus i gris 4 og virus fra gris 2 identisk med virus fra gris 3.

Diskussion

Virus fra gris 1 og 4 er ren Suvaxyn PRRS vaccine stamme (96V198-like) og virus fra gris 2 og 3 er ren Unistrain PRRSV vaccine stamme (Amervac-like). Det rekombinante virus er ikke genfundet i denne besætning.

Konklusion

På baggrund af resultaterne af sekvensanalyserne, oplysninger om at nabobesætningen havde anvendt begge vacciner, besætningens beliggenhed relativt tæt på Hatting ornestation, samt Vetstat data, der viser at Suvaxyn PRRS kun er anvendt i tre besætninger i Danmark vurderes det, at det er sandsynligt, at rekombinationen er sket i den pågældende besætning. Denne vurdering er med det forbehold, at det virus, der er påvist på Hatting, ikke er genfundet i besætningen og at udbredelse af denne variant i Danmark ikke er kendt. På baggrund af de tilgængelige data er det ikke muligt, at vurdere om dette virus har spredt sig direkte fra nabobesætningen eller via en anden besætning.

Det er vigtigt at understrege, at denne situation kunne være opstået med hvilke som helst PRRSV variant.