

DTU Veterinærinstituttet



NOTAT

Til Fødevarestyrelsen/Steen Mortensen

Vedr. Risiko for udbrud af HPAI i hønsehold og effekt af forebyggende tiltag

Fra Professor Lars Erik Larsen, DTU

28. februar 2017
lael

Risiko for udbrud af HPAI i hønsehold og effekt af forebyggende tiltag

Introduktion af HPAI H5N8 i Europa i 2016

Udbrud af højpatogen aviær influenza virus (HPAI) af subtype H5N8 er konstateret i vilde fugle i flere europæiske lande i vinteren 2016-2017. Endvidere er H5N8 virusset konstateret i flere kommercielle bedrifter og hobbybesætninger med ænder, gæs, kalkuner og fjerkræ i hele Europa.

Genetisk analyse af de virus der er isoleret i Europa i 2016-17 er næsten identiske (baseret på analyse af HA genet) og har stor lighed med virus påvist i Rusland [1] og i central asiatiske lande i 2016 [2]. Dette indikerer at den mest sandsynlige introduktions rute ind i Europa er via trækfugle, men sandsynligvis finder der også en sekundær transmission sted inden for Europa via smittede vilde fugle [3][4]. H5N8 virus påvist i 2016/17 er genetisk forskellig fra de HPAI H5N8 virus der gav anledning til udbrud i 2014-15 i mange europæiske lande [2] og undersøgelser i bl.a. Holland viser at virusset fra 2014 med stor sandsynlighed ikke blev etableret i vilde fugle i Europa [5].

Smittekilder for fjerkræ

Analyser af tidligere udbrud af HPAI i Europa i 2006 og 2014 har påvist at de virus der påvises i tamfjerkræ er nært beslægtet med virus der påvises på samme tidspunkt i de vilde fugle [6][7]. Dette er også tilfældet for det aktuelle udbrud i 2016/17 [3].

På denne baggrund er det en generelt accepteret opfattelse at primær introduktion af HPAI i tamfjerkræ af alle typer sker via overførsel af virus fra vilde fugle til tamfjerkræ [3]. Efter introduktion af virus i en besætning kan der efterfølgende ske sekundær smitte mellem besætninger og formodentlig også smitte tilbage til vilde fugle [8]. Forskellige fuglearter har forskellig modtagelighed for aviær influenza og modtageligheden for de enkelte fuglearter varierer også mellem virusstammer [9][10][11][8]. Overordnet set er der mange arter af svømmefugle som selvom de er fuldt modtagelige for infektion ikke udvikler alvorlige symptomer ved infektion med H5N8 og derfor kan bidrage til spredning af virus også over store afstande [8]. Endvidere er det sandsynligt at andre arter af fugle, herunder småfugle, kan optræde som såkaldte bro-værter forstået på den måde at disse arter smittes med virus fra f.eks. svømmefugle i et vådområde og efterfølgende bringer virus ind i fjerkræbesætninger [12].

Generelt udskiller vilde fugle, der er smittet med HPAI, store mængder virus med fæces, men der er som nævnt ovenfor relativ stor forskel mellem fuglearter og fra virus til virus. Der er ikke foretaget

kontrollerede studier med det H5N8 virus, der cirkulerer i Europa i 2016/17, men vurderet ud fra de diagnostiske analyser, der er foretaget på DTU Veterinærinstituttet af danske positive vilde fugle (egne upubliceret data), og data fra andre europæiske lande [3] udskiller ramte fugle store mængder af virus i fæces.

Smitteforebyggende foranstaltninger

En EU kommissions beslutning fra 2005 (2005/734/EC) pålægger medlemslandene at indføre foranstaltninger til at begrænse kontakt mellem vilde fugle og tamfjerkræ i forbindelse med fund af HPAI i vilde fugle. De detaljerede forslag til foranstaltninger, der skal nedbringe risikoen for smitte til besætninger, er beskrevet i detaljer i de videnskabelige vurderinger EFSA (European Food Safety Authority) har foretaget i forbindelse med udbruddene i 2014 [8] og 2016 [3]. Redegørelserne indeholder også en vurdering af effekten af de forskellige tiltag. Overordnet set sigter anbefalingerne mod at forhindre direkte og indirekte kontakt mellem vilde fugle og tamfjerkræ ved en række konkrete tiltag om etablering af eksterne og interne smittebarrierer, begrænsning af transport ind og ud af besætningerne, hygiejne regler for personalet, karantæne for besøgene, tildækning af vand og foder samt at forhindre indirekte og direkte kontakt mellem tamfjerkræ og vilde fugle. Den faglige baggrund for disse tiltag er at undgå at tamfjerkræ eksponeres direkte eller indirekte for virus i fæces fra de vilde fugle.

Betydning af forskellige smitteruter

Udbruddene i Europa i 2014/15 involverede primært besætninger, som ikke havde udegående fjerkræ, men mange af besætningerne var placeret i områder med mange vådområder [8]. Konklusionen i den foreløbige vurdering foretaget i december 2014 var at smitten primært skete indirekte med mennesker, redskaber, foder mm.

Efterfølgende blev der i Tyskland foretaget en grundig vurdering af den mest sandsynlige smitterute for en del af de ramte besætninger [13]. Denne analyse vurderede at indirekte smitte og tæthed til vådområder var årsagen til udbrud i tre kommercielle besætninger, mens direkte kontakt til vilde fugle blev vurderet som den mest sandsynlige årsag ved udbrud i en zoologisk have og i to hobby besætninger [13]. Foreløbige data fra 4 medlemsstater inkluderende 55 besætninger (6 hobby besætninger og 49 kommercielle besætninger) fra 2016/17 udbruddet, publiceret i december 2016 [3], viste at halvdelen af de kommercielle besætninger med udbrud var lukkede besætninger. I samme rapport omtales at direkte kontakt med vilde fugle var årsagen til 6 udbrud i 4 medlemsstater, men detaljer og kilde for disse udbrud fremgår ikke af rapporten.

Generelt er det meget svært at påvise den specifikke smittevej for den enkelte besætning og i særdeleshed er det vanskeligt at adskille om et udbrud skyldes direkte og indirekte kontakt med vilde fugle. Tilsvarende er det meget vanskeligt at lave en kvantitativ vurdering af betydningen af de forskellige tiltag, der anbefales for at undgå smitte. I et af de få publicerede kvantitative studier baseret på overvågningsdata blev det konstateret at risikoen for udbrud af lav patogen aviær influenza (LPAI) var 11 gange større for udegående æglæggere i sammenligning med indegående æglæggere [14]. Tilsvarende analyse af data fra den danske og europæiske overvågning viser at risikoen for LPAI i udegående fjerkræ er større end for besætninger med indegående fjerkræ¹. Det skal understreges, at disse undersøgelser omhandler LPAI og ikke HPAI.

¹ DTU Veterinærinstituttet. 2014. Lind, P. Evaluering af det eksisterende overvågningsprogram for aviær influenza subtype H5 og H7 i fjerkræ og opdrættet fjervildt. FVST-sagsnr.: 2014-14-81-00028.

I en nylig rapport fra EFSA fra 2017 er de forskellige tiltag som EU anbefaler for at undgå smitte med HPAI [3] blevet sammenlignet med henblik på at vurdere hvor effektiv hvert tiltag vurderes at være for at forhindre introduktion og efterfølgende spredning. For kommercielle besætninger vurderede det at adskillelse af fjerkræ fra vilde fugle er det mest effektive tiltag for at undgå smitte i produktionszonen. Tilsvarende vurderede eksperterne at adskillelse mellem vilde fugle og tamfjerkræ også er den vigtigste foranstaltning i besætninger med hobbyfjerkræ. Andre tiltag som øger smitteforebyggelse ved skift af støvler mm blev også vurderet vigtig af de tre eksperter.

Vurdering

Vilde fugle, der er smittet med HPAI, vil udskille store mængder af virus via alle sekreter herunder fæces. Dette betyder at udegående fjerkræ kan smittes ved direkte kontakt med vilde fugle og ved indirekte kontakt med sekreter fra vilde fugle.

Udredning af nogle få udenlandske udbrud samt de konstaterede udbrud i besætninger med udelukkende indendørs produktion understreger at hobby og kommercielle fjerkræbesætninger kan smittes både via indirekte og direkte kontakt med vilde fugle

Det er ikke muligt at kvantificere effekten af de forskellige anbefalede foranstaltninger til at beskytte fjerkræ mod smitte fra vilde fugle, så den overordnede anbefaling er at implementere så mange af de anbefalede tiltag som muligt. Dette gælder også krav om at holde fjerkræ på stald samt fodring under tag i de tilfælde dette ikke er muligt.

Referencer

- [1] Lee D-H, Sharshov K, Swayne DE, Kurskaya O, Sobolev I, Kabilov M, et al. Novel Reassortant Clade 2.3.4.4 Avian Influenza A(H5N8) Virus in Wild Aquatic Birds, Russia, 2016. *Emerg Infect Dis* 2017;23:359–60. doi:10.3201/eid2302.161252.
- [2] Pohlmann A, Starick E, Harder T, Grund C, Höper D, Globig A, et al. Outbreaks among Wild Birds and Domestic Poultry Caused by Reassorted Influenza A(H5N8) Clade 2.3.4.4 Viruses, Germany, 2016. *Emerg Infect Dis* 2017;23. doi:10.3201/eid2304.161949.
- [3] Butterworth A, Calistri A, Depner K, Edwards S, Good M, C GS, et al. Urgent request on avian influenza 2016:1–32. doi:10.2903/j.efsa.2016.4687.
- [4] Global Consortium for H5N8 and Related Influenza Viruses. Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8. *Science* 2016;354:213–7. doi:10.1126/science.aaf8852.
- [5] Poen MJ, Verhagen JH, Manvell RJ, Brown I, Bestebroer TM, van der Vliet S, et al. Lack of virological and serological evidence for continued circulation of highly pathogenic avian influenza H5N8 virus in wild birds in the Netherlands, 14 November 2014 to 31 January 2016. *Eurosurveillance* 2016;21:30349. doi:10.2807/1560-7917.ES.2016.21.38.30349.
- [6] Enserink M. Avian influenza. H5N1 moves into Africa, European Union, deepening global crisis. *Science* (80-) 2006;311:932.
- [7] Verhagen JH, van der Jeugd HP, Nolet BA, Slaterus R, Kharitonov SP, de Vries PP, et al. Wild bird surveillance around outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus in the Netherlands, 2014, within the context of global flyways. *Euro Surveill* 2015;20.
- [8] Highly pathogenic avian influenza A subtype H5N8. *EFSA J* 2014;12:3941.

- doi:10.2903/j.efsa.2014.3941.
- [9] Matsu A, Kobayashi T, Patchimasiri T, Shiina T, Suzuki S, Chaichoune K, et al. Pathogenicity of Genetically Similar, H5N1 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Strains in Chicken and the Differences in Sensitivity among Different Chicken Breeds 2016. doi:10.1371/journal.pone.0153649.
- [10] Bertran K, Swayne DE, Pantin-Jackwood MJ, Kapczynski DR, Spackman E, Suarez DL. Lack of chicken adaptation of newly emergent Eurasian H5N8 and reassortant H5N2 high pathogenicity avian influenza viruses in the U.S. is consistent with restricted poultry outbreaks in the Pacific flyway during 2014–2015. *Virology* 2016;494:190–7. doi:10.1016/j.virol.2016.04.019.
- [11] Kang H-M, Lee E-K, Song B-M, Heo G-B, Jung J, Jang I, et al. Experimental infection of mandarin duck with highly pathogenic avian influenza A (H5N8 and H5N1) viruses. *Vet Microbiol* 2017;198:59–63. doi:10.1016/j.vetmic.2016.12.005.
- [12] Bevins SN, Dusek RJ, White CL, Gidlewski T, Bodenstein B, Mansfield KG, et al. Widespread detection of highly pathogenic H5 influenza viruses in wild birds from the Pacific Flyway of the United States. *Sci Rep* 2016;6:28980. doi:10.1038/srep28980.
- [13] Conraths FJ, Sauter-Louis C, Globig A, Dietze K, Pannwitz G, Albrecht K, et al. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in Germany: Outbreak Investigations. *Transbound Emerg Dis* 2016;63:10–3. doi:10.1111/tbed.12443.
- [14] Gonzales JL, Stegeman JA, Koch G, de Wit SJ, Elbers AR. Rate of introduction of a low pathogenic avian influenza virus infection in different poultry production sectors in the Netherlands. *Influ RespiViruses* 2012.