



SUNDHEDSMINISTERIET

Holbergsgade 6
DK-1057 København K

T +45 7226 9000
F +45 7226 9001
M sum@sum.dk
W sum.dk

Folketingets Sundhedsudvalg

Dato: 24-03-2021
Enhed: MEDINT
Sagsbeh.: DEPJBR
Sagsnr.: 2014528
Dok. nr.: 1448766

Folketingets Sundheds- og Ældreudvalg har den 15. oktober 2020 stillet følgende spørgsmål nr. 36 (Alm. del) til sundheds- og ældreministeren, som hermed besvares af sundhedsministeren. Spørgsmålet er stillet efter ønske fra Liselott Blixt (DF).

Spørgsmål nr. 36:

”Vil ministeren redegøre for, hvilke beviser der er, for at coronavirus muterer i mink fra minkfarme? Er der taget prøver, der beviser det? Hvad har man undersøgt i andre lande med minkavl?”

Svar:

Til brug for besvarelsen er der indhentet bidrag fra Statens Serum Institut, som jeg kan henholde mig til:

”Virusmutationer er små ændringer i en virus’ arvemateriale, som opstår løbende i forbindelse med, at virus kopierer sig. Jo flere virus der kopieres, jo større er sandsynligheden for, at der opstår mutationer. En virus’ arvemateriale og hermed eventuelle mutationer kan afdækkes ved helgenomsekvensering (WGS).

Smitten blandt mink, som fandt sted i 2020, førte til, at der opstod nye virusvarianter i minkene, der også blev spredt videre til mennesker tæt på farmene og videre i Nordjylland især. De fundne mutationer omfatter en række ændringer i et område af virusgenomet, der koder for det protein (spike), som virus bruger til at inficere kroppens celler med. Efter en naturlig infektion danner man antistoffer over for dette protein, og mange af de potentielle COVID-19-vaccinekandidater er således baseret på dette protein. Der er derfor en teoretisk mulighed for, at effekten af spike baserede COVID-19-vacciner kan være påvirket, når der sker ændringer i denne del af arvematerialet.

Fuldgenomsekvenserne viser en række mutationer, som genfindes i både mink og personer relateret til minkfarmene og i lokalområdet efter den 10. juni 2020. De mest markante ændringer er mutationen i det receptorbindende domæne i spike proteinet (A22920T; Y453F) samt deletionen af to aminosyrer i spike proteinet på den genomiske position 21766-21771. På farm 1 observeres Y453F ændringen i halvdelen af prøverne fra de undersøgte mink, hvilket viser at mutationen er opstået i mink. I personen relateret til farm 1, som var testet positiv i midten af maj, og som formodes at være det tilfælde, der bragte smitten ind på minkfarmen, ses mutationen i spike proteinet ikke, hvilket underbygger, at ændringen er sket i mink på farm 1. Deletionen i spike proteinet observeredes første gang blandt mink på farm 4 og er set blandt mink på de efterfølgende smittede minkfarme i Nordjylland samt hos personer med tilknytning til farmene. Denne ændring er derfor af nyere dato og er sket ud fra den først observerede variant med mutation i spike proteinet. Minkvarianter med Y453F, i kombination med spike deletionen, er fundet i mink på hovedparten af de smittede minkfarme i Nordjylland. En del af disse minkvarianter har yderligere mutationer og der er set varianter med op til seks aminosyreændringer i spikeproteinet.

Y453F mutationen i spike proteinet er ikke tidligere set på verdensplan udover i SARS-CoV-2 i mink fra flere inficerede minkfarme i Nederlandene. Det kan ud fra fylogenen udelukkes, at der er en epidemiologisk sammenhæng mellem udbruddene i Nederlandene og Danmark, da virus fra Danmark tilhører en anden clade end virus fra Nederlandene. Y453F ændringen er efterfølgende også observeret i mink i Sverige, Polen og Grækenland. Spike deletionen (21766-21771) er ikke observeret i mink i andre lande, og i danske mink er den udelukkende observeret i kombination med Y453F.

Det er derfor sandsynligt, at minkene via mennesker er blevet smittet, og at virus efterfølgende har tilpasset sig mink ved at udvikle særlige mutationer. Alternative smitteveje kan dog heller ikke udelukkes. De fylogenetiske analyser kan ikke alene bruges til udredning af smitteveje, men skal ses i sammenhæng med epidemiologiske undersøgelser.”

- . / . Statens Serum Institut har desuden henvist til artiklen *“Eurosurveillance | Preliminary report of an outbreak of SARS-CoV-2 in mink and mink farmers associated with community spread, Denmark, June to November 2020”* for yderligere information. Kopi af artiklen er vedlagt som bilag.
- . / . Jeg kan desuden henvise til besvarelserne af MFU L 77 - spm. 10 og 11.

Med venlig hilsen

Magnus Heunicke / Julie Broholm