



Holbergsgade 6
DK-1057 København K

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

Dato: 16-11-2020
Enhed: MEDINT
Sagsbeh.: DEPMIAA
Sagsnr.: 2016251
Dok. nr.: 1467536

Folketingets Miljø- og Fødevarerudvalg

Folketingets Miljø- og Fødevarerudvalg har den 14. november 2020 stillet følgende spørgsmål nr. 10 til L 77 (Forslag til lov om aflivning af og midlertidig forbud mod hold af mink) til sundheds- og ældreministeren, som hermed besvares. Spørgsmålet er stillet efter ønske fra ikke-medlem af udvalget (MFU) Ellen Trane Nørby (V), Jane Heitmann (V), Martin Geertsen (V), Sophie Løhde (V) og Karsten Lauritzen (V).

Spørgsmål nr. 10:

”Ministeren bedes - evt. med bidrag fra Statens Serum Institut - oplyse antallet af de registrerede mutationer i mink hhv. den 1. oktober, 15. oktober, 25. oktober og 4. november 2020. Endvidere bedes ministeren oplyse, hvilke mutationer af COVID-19 der er tale om, herunder på hvilke områder de præcist risikerer at svække en eventuel kommende vaccine.”

Svar:

Til brug for besvarelse af spørgsmålet er der indhentet nedenstående bidrag fra Statens Serum Institut, som jeg henholder mig til.

”Ved vaccination efterlignes en rigtig infektion ved at bruge dele af virus til at rejse et specifikt immunrespons, herunder antistoffer. De fleste COVID-19 vacciner under udvikling anvender spikeproteinet fra SARS-CoV-2. Gensekvensen for spikeproteinet koder for proteinets sammensætning (aminosyresammensætning) og udseende (konfirmation), og antistofferne, der produceres på baggrund af vaccination, vil være rettet mod dette spikeprotein. Hvis genet, der koder for spikeproteiner, muterer, vil aminosyresammensætningen og evt. konfirmation af proteinet ændres. Antallet og typen af mutationer i virus-spikeproteinet vil medføre, at dette i højere eller mindre grad vil blive forskelligt fra vaccine-spikeproteinet. Dette kan videre medføre en risiko for, at de vaccineinducerede antistoffer ikke længere vil være i stand til at genkende det ”nye” virus-spikeprotein, hvilket kan påvirke vaccines effekt over for smitte med nye minkvarianter.

Der er i minkbesætninger (bemærk SSI’s risikovurdering af 3. november 2020) forholder sig minkmutationer fundet i mennesker) registreret 12 forskellige mutationer i spikeproteinet i perioden fra 15. juni 2020 til 4. november 2020 (baseret på sekvensresultater fra 76 ud af 207 smittede farme). Disse fordeler sig med syv mutationer (pr. 1. oktober 2020), syv mutationer (pr. 15. oktober 2020), 11 mutationer (pr. 25. oktober 2020) og 12 mutationer (pr. 4. november 2020). De i alt 12 registrerede spikemutationer forekommer i forskellige kombinationer, og der er i perioden ikke registreret mere end fem spikemutationer i samme minkvirusstamme. I virus fra de fleste smittede minkfarme (71%), ses to mutationer (ændringen i det receptorbindende domæne (Y453F) samt ændringen i det N-terminale domæne, H69/V70del). I 3% ses en mutation (Y453F), mens der i 16% ses tre mutationer, i 8% ses fire mutationer og i 2% ses fem mutationer.”

Med venlig hilsen

Magnus Heunicke / Michelle Aagaard