Udarbejdet af	Lars Erik Larsen
Øvrige deltagere	Charlotte Hjulsager
Kontaktperson i FVST	Sten Mortensen; Marianne Møller Hansen

Dato for henvendelse	Dato for svarfrist	Dato for afsendelse	Versionsnummer
23.2.2021 kl 12	23.2.2021 kl. 14	23.2.2021 kl 14.00	1

Journalnummer/sagsnummer	FVST	KU	SSI
	2021-14-169-01785	061-0200/21-3680	21/01743

Besvarelse vedr.

Har nuværende HPAI epidemi afsæt i intensiv fjerkræproduktion

Bestilling

Fødevarestyrelsen ønsker at vide, om den nuværende HPAI epidemi kan have afsæt i intensiv fjerkræproduktion til brug for udarbejdelse af en kort notits, der adresserer påstanden, om at HPAI kommer fra intensiv fjerkræproduktion.
Fødevarestyrelsen har fået en bestilling på at komme med en kort notits, der adresserer påstanden i nedenstående artikel, om at HPAI kommer fra intensiv fjerkræproduktion.
Afsættet er en i artikel i Altinget fra Finn Jensen, Formand for Frit fjerkræ:
https://www.altinget.dk/foedevarer/artikel/frit-fjerkrae-om-fugleinfluenza-goer-nu-noget-ved-den-intensivefjerkraeproduktion?
Det anbefales at bruge Google Chrome som browser for åbning af artiklen.

Svar

Vurdering

De virus, der er påvist i danske besætninger i 2020-21, har stor genetisk lighed med virus påvist i den samme periode i døde vilde fugle i Danmark og med virus påvist i både tamfjerkræ og vilde fugle i resten af Europa. Endvidere er samme virus påvist i Rusland i sommeren 2020. På denne baggrund vurderes det at være *næsten 100% sandsynligt (99-100 %)* at virus er kommet ind i besætningerne via direkte eller indirekte kontakt med vilde fugle og er derfor ikke relateret til den intensive fjerkræproduktion i Danmark.

Virusset tilhører en gruppe af virus der globalt har cirkuleret i vilde fugle siden 1997. Oprindelsen af dette virus er ikke fuldstændig klarlagt, men det er ikke etableret at det var relateret til intensiv fjerkræ produktion.

Generelt er der ikke dokumentation for at intensiv fjerkræproduktion bidrager til udvikling af HPAI fra LPAI, mens udendørs produktion giver en øget risiko for introduktion af HPAI til tamfjerkræ fra vilde fugle.

Dansk Veterinær Konsortium · Enhed for Veterinær Myndighedsbetjening · vet-myn@sund.ku.dk · www.dkvet.dk

Metode
Besvarelsen er baseret på vurderinger foretaget af EFSA, internationale publikationer samt generel baggrundsviden.
Vurderingen er kvalitativ baseret på nedenstående risikoestimater

Kvalitative risiko-estimater (modificeret efter EFSA, doi: 10.2903/j.efsa.2018.5123):

Kvalitativt begreb	Kvantitativ fortolkning (%)
Næsten 100% sandsynligt	99-100
Ekstremt sandsynligt	95-99
Meget sandsynligt	90-95
Sandsynligt	66-90
Lige så sandsynligt som usandsynligt	33-66
Mindre sandsynligt	10-33
Usandsynligt	1-10
Meget usandsynligt	0,1-1
Ekstremt usandsynligt	0,001-0,1
Nærmest umuligt	<0,001

Definitioner
På trods af at fugle kan smittes med alle typer af influenza A virus er det kun infektion med influenza A virus af subtypen H5 eller H7, der betegnes fugleinfluenza og er anmeldepligtig i EU. Både H5 og H7 findes i to former (patotyper) som betegnes som hhv. lavpatogen (LPAI) og højpatogen (HPAI). LPAI virus giver lette infektioner i luftvejene og tarmkanalen, mens HPAI rammer alle væv og organer. HPAI har høj dødelighed for de fleste ramte fjerkræarter, mens svømmefugle kan være subklinisk smittede.

LPAI kan ved mutationer udvikle sig fra LPAI til HPAI. Hvis dette sker i en fjerkræflok betegnes dette som en **primær** HPAI infektion. HPAI kan også introduceres til tamfjerkræ via smitte fra vilde fugle hvilket betegnes som en **sekundær** HPAI infektion/udbrud.

HPAI udbrud generelt - risikofaktorer
Langt de fleste dokumenterede udbrud af HPAI i tamfjerkræ globalt skyldes sekundær smitte fra vilde fugle og kun i meget få tilfælde er det dokumenteret at HPAI har udviklet sig fra LPAI i besætningen. En analyse foretaget af EFSA undersøgte udbrud af HPAI i Europa fra 2006 til 2016 identificerede således 9 primære udbrud og 274 sekundære udbrud[1].
Endvidere undersøgte den samme rapport 43 primære udbrud beskrevet globalt fra 1959 til 2017 og kunne ikke identificere en sammenhæng mellem udbrud og fugleart, immunstatus, produktionstype, fjerkrætæthed eller management. En anden undersøgelse belyste 42 udbrud af HPAI mellem 1959 og 2016 og fandt at udvikling fra LPAI og HPAI var uafhængig af produktionstype da indendørs, udendørs og hobby fjerkræ havde samme risiko[2].
En analyse af risikofaktorer for introduktion af LPAI og HPAI i Europæiske besætninger fandt bevis for introduktionen skyldes kontakt med vilde fugle[3] .

[1] Scientific opinion on avian influenza. EFSA Journal 2017;15(10):4991, 233 pp. https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4991
[2] Erasmus Medical Centre (NL), Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie (IT), 2017. Mechanisms and risk factors for mutation from low to highly pathogenic avian influenza virus. EFSA supporting publication 2017:EN-1287. 26 pp. doi:10.2903/sp.efsa.2017.EN-1287
[3] Central Veterinary Institute, Wageningen University, 2017. Risk factors of primary introduction of highly pathogenic and low pathogenic avian influenza virus into European poultry holdings, considering at least material contaminated by wild birds and contact with wild birds. EFSA supporting publication 2017:EN-1282. 24 pp. doi:10.2903/sp.efsa.2017.EN-1282

Samlet set vurderes kontakt til vilde fugle at udgøre den største risiko for introduktion af både HPAI og LPAI, hvilket også er tilfældet under danske forhold[4]

HPAI udbrud i Danmark 2020-2021 – virus oprindelse

Der er i 2020/21 konstateret fire udbrud af HPAI i danske besætninger/andre fugle i fangenskab. I alle tilfælde er der påvist virus af typen H5N8. Genetisk karakterisering af virus fra disse udbrud har påvist stor lighed med virus fundet i døde vilde fugle i Danmark i samme tidsperiode. Disse virus har endvidere stor lighed med virus påvist i andre europæiske lande og også med et HPAI virus der blev påvist i sommeren 2020 i Rusland[5].

Den tidligste påvisning af "stamfaren" til dette H5N8 virus er et virus, der blev påvist i Guandang provisen i Kina tilbage i 1996. Oprindelsen er ikke helt fastslået, men virusset menes af stamme fra en kinesisk vildgås. En senere udgave af dette virus - såkaldt Guandang-like virus - forårsagede store udbrud i fjerkræ og mennesker i Hongkong i 1997 og var også stamfar til det H5N1 virus, der blev påvist i flere europæiske lande i 2006 og som har cirkuleret i Sydøstasien og Mellemøsten lige siden. H5N1 har siden 1996 ændret sig dels via mutationer og dels ved at blande sig med virus gener fra andre LPAI virus, hvorved der er opstået nye subtyper som H5N8, H5N6 mm. Internationalt inddeler man disse virus i såkaldte *clades* hvor den *clade,* der er påvist i Europa og Nordamerika de senere år, betegnes clade 2.3.4.4.

---

[4] ROFUS: Risikoanalyse og Overvågning af FUgle- og Svineinfluenza. Slutrapport. DK-VET December 2020

[5] EFSA (European Food Safety Authority), ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control), EURL (European Reference Laboratory for Avian Influenza), Adlhoch C, Fusaro A, Gonzales JL, Kuiken T, Marangon S, Niqueux É, Staubach C, Terregino C and Baldinelli F, 2020. Scientific report: Avian influenza overview August – December 2020. EFSA Journal 2020;18(12):6379, 57 pp. doi:10.2903/j.efsa.2020.6379