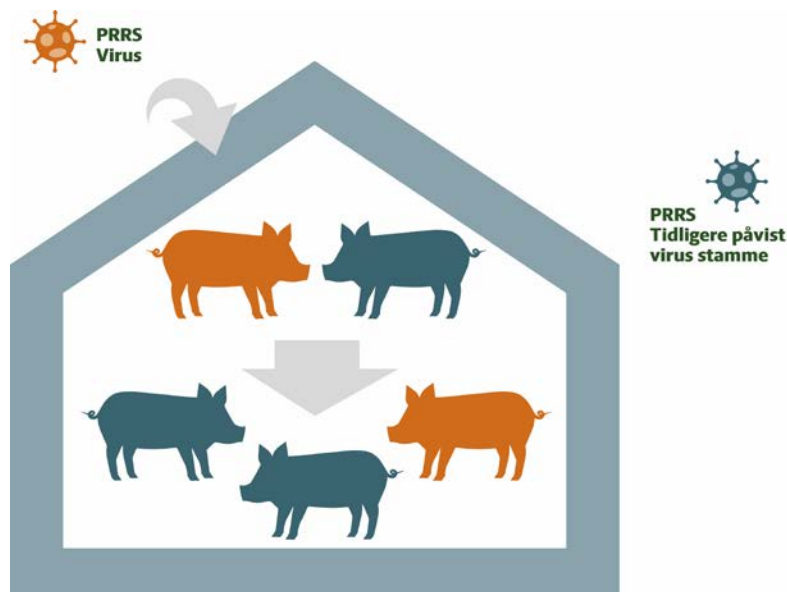


Sekvensanalyse af PRRS – hvorfor er det vigtigt?

Sekvensanalyse: En sekvensanalyse kan fortælle, om det er et PRRS-virus, som tidligere er fundet i besætningen, eller det er en ny variant, som har smittet besætningen. Sekvensanalysen er gratis.

Af Elisabeth Okholm Nielsen, chefdyrlæge, elin@seges.dk, Lars Erik Larsen, professor, lael@sund.ku.dk og Lise Kvisgaard, molekylærbiolog, Københavns Universitet, likik@sund.ku.dk.

Der er flere gode grunde til at tage imod tilbuddet om gratis sekvensanalyse af PRRS-virus. På verdensplan findes der mange forskellige varianter af PRRS-virus, og nogle er langt mere sygdomsfremkaldende end andre. Nogle varianter af PRRS-virus er så anderledes, at de vacciner, der anvendes i Danmark, har begrænset effekt. Det er derfor vigtigt, at vi løbende overvåger hvilke varianter, der cirkulerer i danske grisebesætninger. 'Horsens'-stammen er et eksempel på, at der pludselig kan opstå nye varianter, der hurtigt spreder sig. I forbindelse med PRRS-reduktionsprogrammet vil en genetisk analyse af PRRS-virus også have stor værdi. I takt med, at områder saneres for PRRS, vil der være tilfælde, hvor besætninger smittes igen eller der kan være besætninger, der vedbliver med at være positive på trods af saneringstiltag. I disse tilfælde kan en sekvensanalyse af et virus sammenlignes med det tidligere påviste virus, og det vil kunne sandsynliggøre, om der er tale om nysmittede udefra, eller om det skyldes, at virus ikke er blevet helt udryddet. Håbet er, at vi med tiden vil få et dækkende billede af de varianter af PRRS-virus, der findes i de positive besætninger i Danmark, og at det vil kunne udbygge vores viden om smitteveje.



I USA er genetiske analyser af PRRS-virus i de senere år blevet standard. Resultater af den genetisk karakterisering af PRRS-virus i USA er tilgængelig på <https://prrs.vdl.iastate.edu/>.

Sekventering er et godt værktøj

Der er bred enighed om, at effekten af PRRS-vacciner afhænger af graden af lighed mellem den virusstamme, der er i vaccinen og den virusstamme, der er i besætningen.



Fakta

Der kan laves sekvensanalyse på PRRS-virus, der er isoleret fra blodprøver, spytpåver eller processing fluids fra testikler. Det er dyrlægen, der står for indsendelse af prøver til sekventering. Dyrlægen skal kontakte elin@seges.dk for at aftale, at analysen laves uden beregning. Det tager omkring en uge at lave analysen.

Sekventering af et nyt PRRS udbrud kan vise, om det nye udbrud er med samme stamme, som der tidligere er påvist i besætningen.

En genetisk analyse kan ikke direkte fortælle, om en vaccine virker mod en specifik variant af PRRS-virus, fordi vacciners effekt kun påvirkes negativt af ændringer i specifikke områder af virus, og de områder der har betydning for PRRS-virus er ikke klarlagt. De genetiske undersøgelser kan dog give værdifuld information i nogle situationer, for eksempel hvor besætninger oplever nedsat effekt af vaccination, er sekventering et godt værktøj til at opklare sådanne sager, da problemer med manglende vaccineffekt kan skyldes introduktion af et nyt, anderledes virus.

Dyrlægen indsender prøver til sekventering

Der kan laves sekvensanalyse

på PRRS-virus, der er isoleret fra blodprøver, spytpåver eller processing fluids fra testikler. Der skal være en vis mængde virus i prøven, for at analysen kan foretages, så hvis der ikke er tilstrækkeligt med virus, vil laboratoriet bede om ekstra prøver. Det er dyrlægen, der står for indsendelse af prøver til sekventering eller som anmoder SSI eller Veterinært Laboratorium om at videresende prøver til Københavns Universitet. Dyrlægen skal kontakte SEGES (elin@seges.dk) for at aftale, at analysen laves uden beregning. Det tager normalt en uge at lave analysen fra prøvematerialet er modtaget på Københavns Universitet. PRRS sekvensdata anvendes anonymt til sammenligning med andre PRRS-virus i Danmark, i en form så besætningen ikke kan identificeres. Enhver anden anvendelse af data kræver skriftlig tilfaldelse fra indsender.