



Juliane Sørensen, Niccolò Vendramin, Argelia Cuenca

PRV-3

Epidemiologi og effekt af vand temperatur




Fremkost og spredning af PRV-3

- Første udbrud i Danmark i regnbueørred RAS i 2017
Anormal svømmeadfærd samt forhøjet dødelighed
- Overvågningsprogram fra slut 2017 til start 2019
53 dambrug (gennemstrøms og recirkulering).
Primært regnbueørred, men også enkelte bækørred
Vilde laks og bækørred testet i 2016, 2018 og 2019.



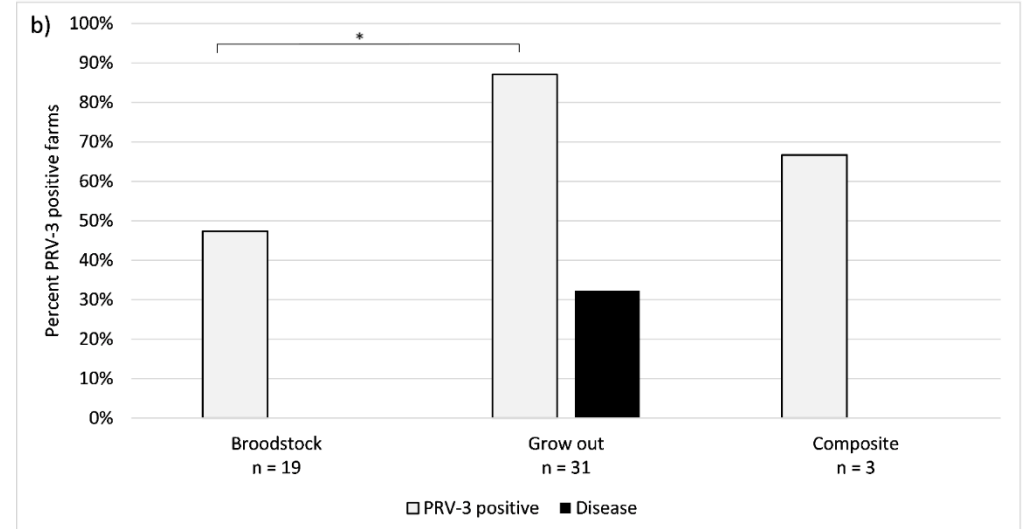
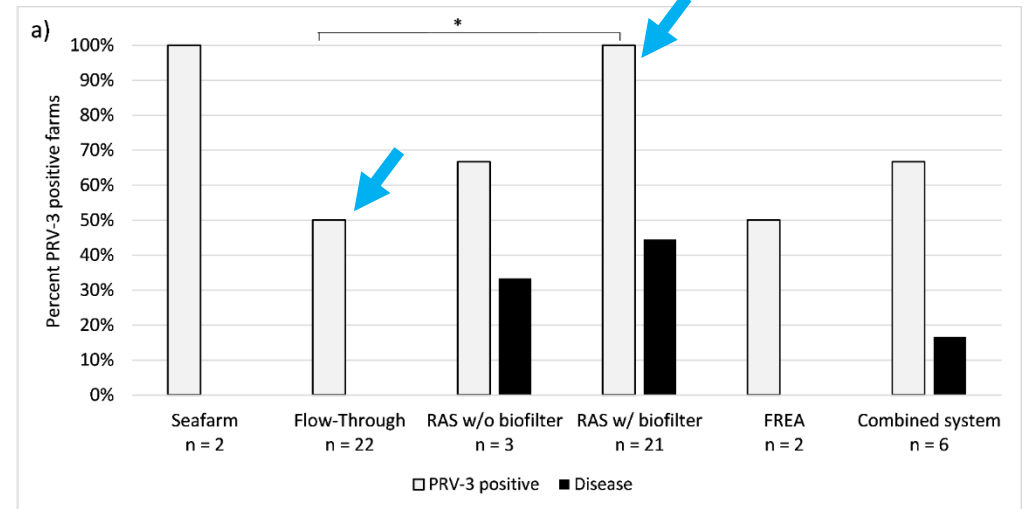
Article

Emergence and Spread of *Piscine orthoreovirus* Genotype 3

Juliane Sørensen ^{1,†}, Niccolò Vendramin ^{1,†}, Camilla Priess ¹, Dhamotharan Kannimuthu ²,
Niels Henrik Henriksen ³, Tine Moesgaard Iburg ¹, Niels Jørgen Olesen ¹
and Argelia Cuenca ^{1,*}

Overvågningsprogram

- PRV-3 påvist i 38 dambrug (71,7%).
Højest prævalens i RAS.
- Sygdom relateret til påvisning af PRV-3 blev observeret hos 10 dambrug (26%).
Blev kun observeret i RAS og i regnbueørred.
- Arkiveret materiale fra 1995 blev testet positiv for PRV-3.
38% af prøverne var positive (11 ud af 29 prøver, repræsenterer 25 dambrug)

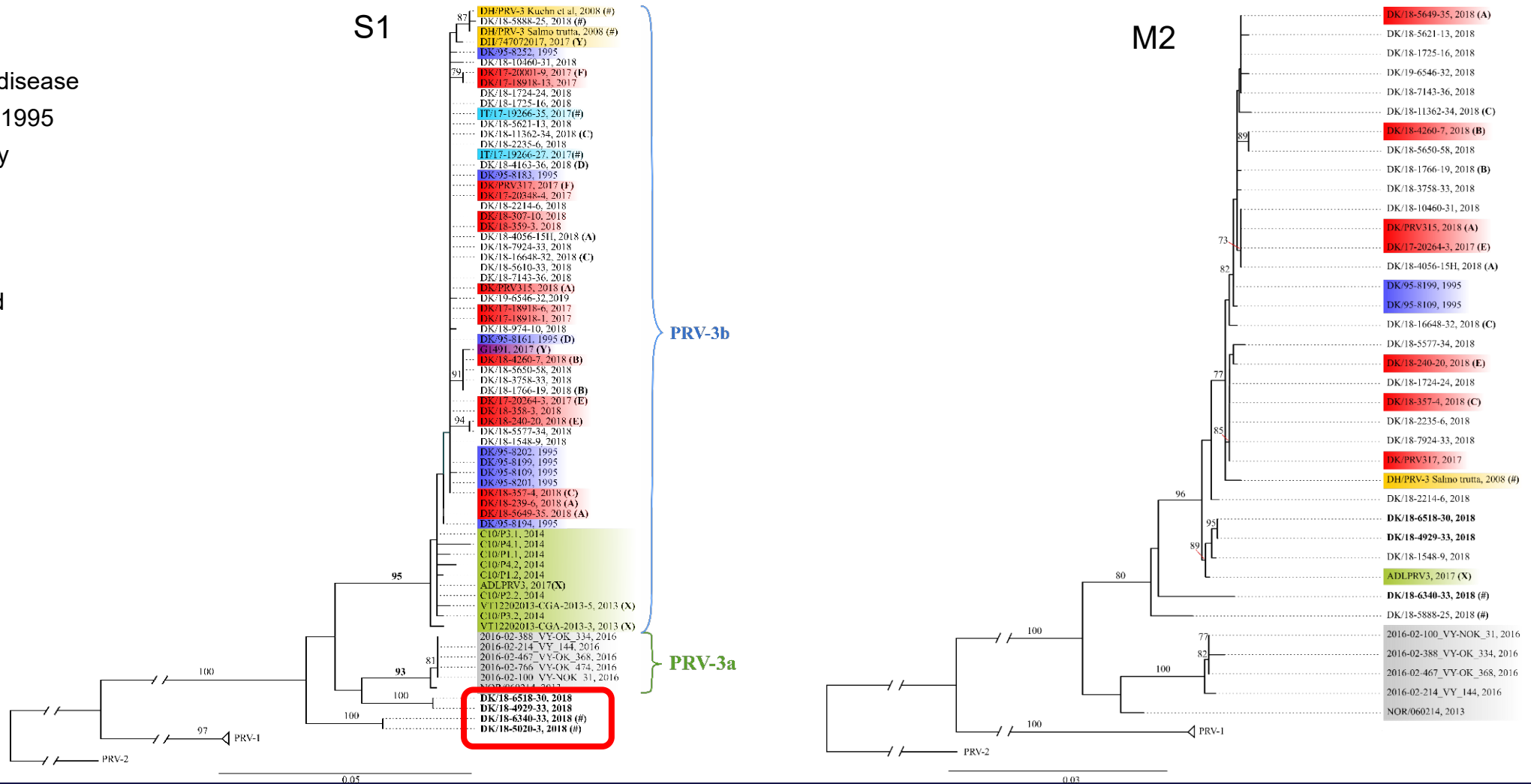


Overvågningsprogram

- Sekvens analyse for at undersøge virulens-markører.
- PRV-3 genomet består af 10 segmenter. Segment S1 og M2 blev valgt på baggrund af et studie med PRV-1, der viste en gruppering af sygdoms-fremkaldende isolater i disse to segmenter (Dhamotharan et al., 2019: Evolution of the *Piscine orthoreovirus* Genome Linked to Emergence of Heart and Skeletal Muscle Inflammation in Farmed Atlantic Salmon (*Salmo salar*))
- Fylogenetiske analyser baseret på 51 og 34 overvågningsprøver for hhv. S1 og M2.

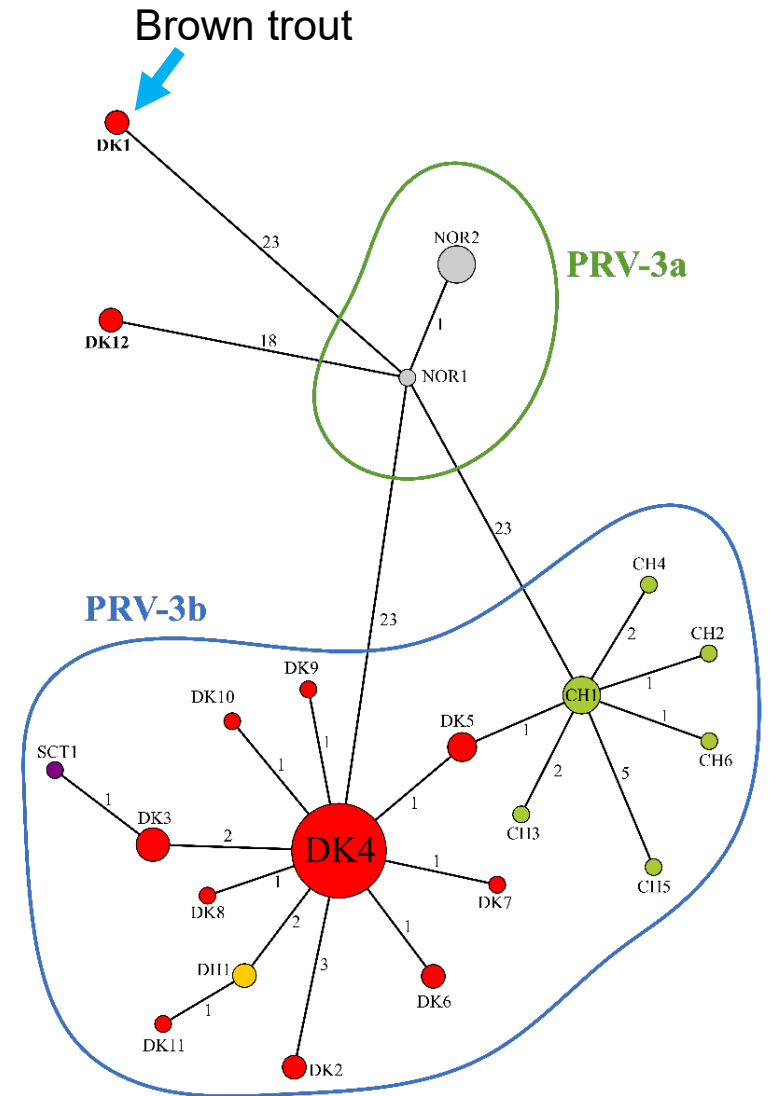
Emergence and Spread of PRV-3

- Red: Denmark, disease
- Blue: Denmark, 1995
- Yellow: Germany
- Green: Chile
- Light blue: Italy
- Grey: Norway
- Purple: Scotland



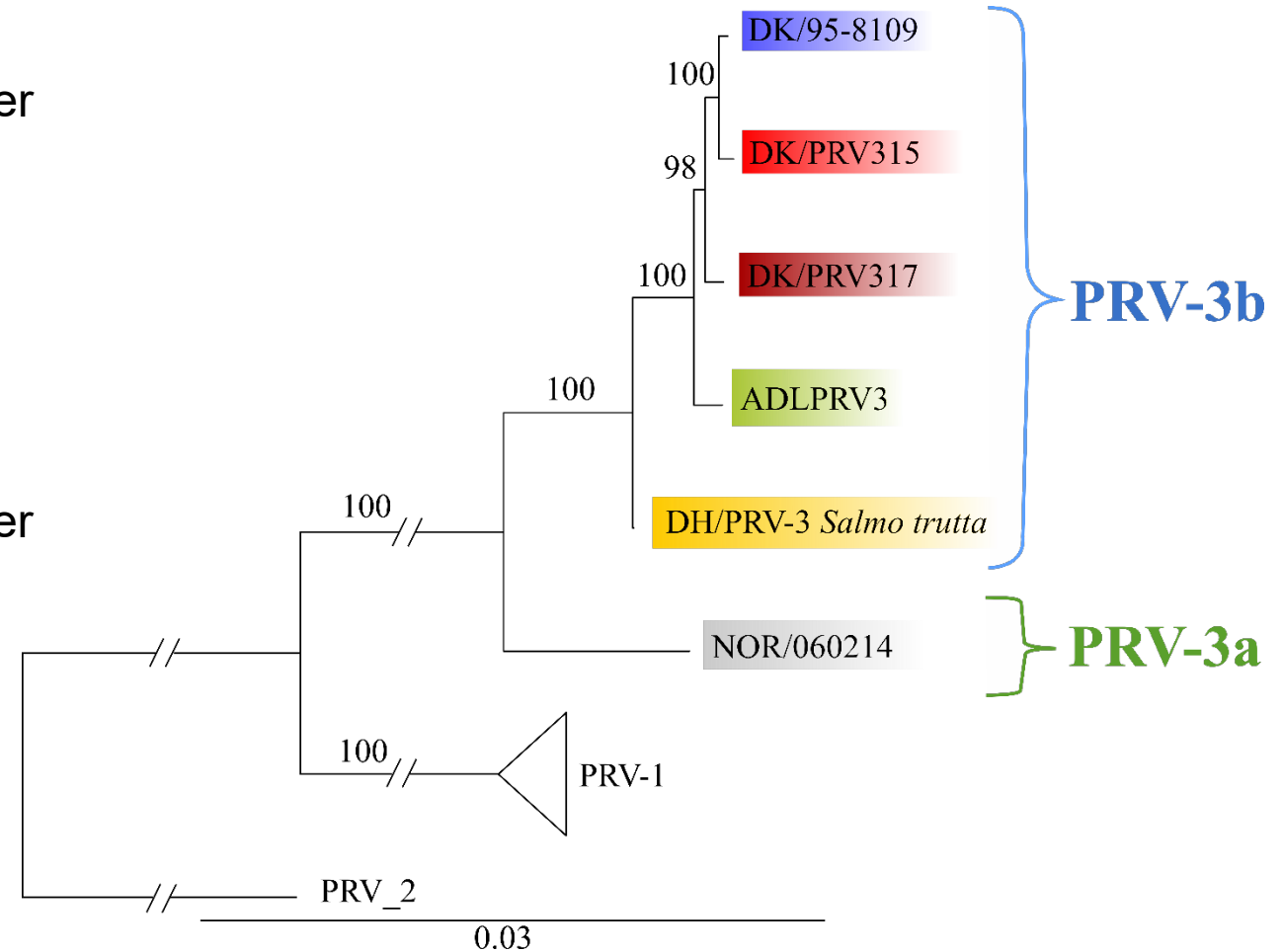
Overvågningsprogram

- To subtyper
- Mest dominante haplotype inkluderer 59% af de danske isolater (fra 1995 til 2018).
- De fire isolater fra før danner to separate haplotyper.



Overvågningsprogram

- Fuld genom analyse af udvalgte isolater
- Virus opformering *in vivo*
 Blodprøve udtaget da virusmængden toppede
 RNA oprenset fra serum
- Analyse af de 10 individuelle segmenter var konsistente med undtagelse af segment S2. Figuren viser alle 10 segmenter kombineret.
- To subtyper.



Overvågningsprogram

Konklusion

- PRV-3 er udbredt i Danmark
- Ingen virulens-faktor fundet endnu
- Sygdom kun observeret i RAS – eksterne faktorer en nødvendighed for sygdomsudbrud?
- To subtyper, 3a og 3b.
- PRV-3 er ikke en ny virus

Spørgsmål?