

Technical University of Denmark



Danske metoder kan hjælpe med at bremse alt fra ebola til fugleinfluenza

Kirkeby, Carsten Thure

Published in:
Videnskab.dk

Publication date:
2017

Document Version
Publisher's PDF, also known as Version of record

[Link back to DTU Orbit](#)

Citation (APA):
Kirkeby, C. T. (2017). Danske metoder kan hjælpe med at bremse alt fra ebola til fugleinfluenza. Videnskab.dk, oktober.

DTU Library

Technical Information Center of Denmark

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

ForskerZonen

Danske metoder kan hjælpe med at bremse alt fra ebola til fugleinfluenza

DTU-forskere har skabt to metoder, der præcist viser spredningen af smitsomme sygdomme, og som kan bruges i kampen mod epidemier.



Hos dyr findes mange sygdomme, som smitter ved kontakt, og mange af disse findes i Danmark. (Foto: Shutterstock)

Carsten Kirkeby

Postdoc, Sektion for Epidemiologi, Veterinærinstituttet

04 oktober 2017 FORSKERZONEN

Smitsomme sygdomme er et stort problem. Ikke kun for mennesker, men også for dyr. Køer og grise i Danmark bliver ofte syge af smitsomme sygdomme som yverbetændelse eller diarre.

Det koster landbruget og samfundet mindst 280 millioner kroner hvert år og giver selvsagt også dårligere dyrevelfærd. Derfor forskes der i, hvordan det bedst undgås.

Sammen med kolleger fra DTU Veterinærinstituttet har jeg nu [bygget og publiceret](#) to nye metoder til at fortælle, hvor smitsom en sygdom er.

Metoderne kan bruges som værktøj til at bekæmpe smitsomme sygdomme hos dyr og mennesker verden over.

LÆS OGSÅ: [Menneskets smitsomme sygdomme har måske udryddet neandertalerne](#)

Forudsiger smitte mere præcist

Historien kort

- Forskere fra DTU har skabt to nye metoder, der med

Rundt omkring i verden forskes der i, hvordan sygdomme spredes. Hos mennesker kan det for eksempel være ebola, malaria eller HIV, som smitter gennem menneskelig kontakt. Hos dyr findes der også mange sygdomme, som smitter ved kontakt, og mange af disse findes i Danmark.

For eksempel kan grise få PRRS-virus, høns kan få fugleinfluenza, og køer kan få yverbetændelse. Netop yverbetændelse hos køer er et stort problem i dagens Danmark, hvor tusindvis af køer har sygdommen enten latent eller i udbrud.

Yverbetændelse skyldes ofte bakterier, som findes i mælk eller gødning og finder vej ind i køernes mælkekirtler. Når køerne har et udbrud af betændelse, må deres mælk kasseres, og de skal behandles med antibiotika. For at afhjælpe problemet forskes der på DTU Veterinærinstituttet i, hvordan man kan undgå, at dyrene smitter hinanden.

I et nyt studie har vi udviklet og undersøgt to nye metoder til at beskrive, hvor hurtigt sygdomme overføres mellem individer. Det viste sig, at de to nye metoder var bedre end den eksisterende, specielt hvis der er tale om en meget smitsom sygdom.

De nye metoder var desuden bedre, hvis man ikke tester for sygdommen hver dag, hvilket ofte er tilfældet. Ved at bruge de to nye metoder vil forskere verden over kunne forudsige mere præcist, hvordan sygdomme kan sprede sig hos mennesker og dyr.

LÆS OGSÅ: Dødelig kogalskab-beslægtet sygdom er fundet hos rensdyr i Norge

En veritabel krystalkugle

For at kunne forudsige, hvordan en given sygdom spreder sig, bruger man epidemiologiske modeller. Det er computermodeller, som kan simulere virkeligheden med rigtig mange detaljer.

Modellerne er udviklet på baggrund af den nyeste viden og kan bruges til at vise, hvad der vil ske i fremtiden. Det er lidt som at kigge i en krystalkugle – eller som de modeller, DMI bruger til at forudsige vejret.

En epidemiologisk model er et stort system af komplicerede regnestykker, som genskaber virkeligheden så realistisk som muligt.

Hvis en landmand for eksempel ændrer behandlingsmetode for en sygdom, kan modellerne bruges til at vise, hvad han kan forvente – for eksempel om sygdommen udryddes efter noget tid, eller om problemet ligefrem bliver værre.

LÆS OGSÅ: Disse pattedyr overfører de værste sygdomme til mennesker

stor præcision kan vise smittespredning af sygdomme i landbrugsbesætninger.

- Metoderne er især effektive til at bekæmpe meget smitsomme sygdomme som diarre.
- Disse nye metoder kan også bruges i kampen mod smitsomme sygdomme hos mennesker som for eksempel HIV.



Hos mennesker kan en smitsom sygdom for eksempel være ebola eller influenza, som kan spredes både gennem luften og ved fysisk kontakt. (Foto: Carsten Kirkeby)

Overførselsrate viser forskel mellem liv og død

Modellerne bygger på eksisterende viden, som for eksempel hvordan bakterier smitter ved kontakt mellem dyr, hvor hurtigt sygdommen udvikler sig i dyrene, hvordan dyrenes immunsystem tackler infektioner, og hvor hurtigt de bliver raske igen.

Specielt er overførselsraten mellem dyr vigtig, da den definerer, hvor effektiv en sygdom er til at smitte nye dyr.

Raten i sig selv er et tal mellem 0 og 1, og ofte er tallet ret lille – for eksempel mellem 0,005 og 0,045. Det er meget små tal, men en lille forskel kan bogstaveligt talt være forskellen mellem liv og død.

For eksempel kan en sygdom være sjælden, hvis overførselsraten er 0,005, mens den vil skabe en epidemi, hvis overførselsraten er 0,045.

Netop denne rate er svær at bestemme, da den kræver store forsøg med mange dyr for at estimere den præcist. Kort fortalt skal man følge et antal dyr over tid og mange gange teste alle dyr for, om de er syge.

Denne slags forsøg er tidskrævende og dyre, og mange faktorer spiller desuden ind på resultatet – blandt andet følsomheden af den test, man bruger til at teste, om et dyr er smittet eller ej.

LÆS OGSÅ: [Afføring fra fly kan afsløre spredningen af smitsomme sygdomme](#)

Simuleret virkelighed med avancerede computerdata

Men der er gjort enkelte forsøg for at bestemme overførselsraten for yverbetændelse. Disse forsøg har alle brugt en metode, der kaldes Poisson-regression. Poisson-regression er kort fortalt en metode, som finder sammenhængen mellem én variabel og en eller flere andre variable.

For eksempel kan overførselsraten estimeres ud fra antallet af smittede og raske dyr, hvis der er flere målinger over en periode. Metoden er besværlig at benytte, da den kræver en masse mellemregninger. Desuden var det ikke blevet undersøgt, hvor præcis denne metode egentlig var.



Nuttede ser de ud, men desværre er det almindeligt, at grislinger smitter hinanden med behandlingskrævende diarre. (Foto: Shutterstock)

Derfor besluttede vi os for at undersøge præcisionen af den mest brugte metode. Vi ville også forsøge at formulere en simplere metode til at bestemme overførselsraten.

Faktisk udviklede vi to nye metoder, som kunne bruges, og gik i gang med at teste dem mod den eksisterende metode. Da der er meget få datasæt, som kan bruges til at bestemme overførselsrater, brugte vi simulerede data.

Det smarte ved at bruge simuleringer til at skabe vores egne data er, at vi ved præcist, hvilken overførselsrate der er brugt. På den måde kunne vi teste, hvilken af de tre metoder som bedst kunne genfinde den brugte overførselsrate.

På den anden side vil man med computerskabte data aldrig præcist kunne genskabe den naturlige variation, som findes i naturen. Men den komplicerede computermodel, vi brugte til at skabe data, efterligner virkeligheden med høj detaljegråd.

LÆS OGSÅ: [Kan jeg smitte mit kæledyr med sygdomme?](#)

En simpel og en kompliceret model

Vi brugte to modeller til at skabe vores egne data og på den måde teste de to nye metoder: En simpel model og en kompliceret model.

Den simple model var for en kvægbesætning, der havde en sygdom med to stadier, rask eller syg, og hvor kørerne blev kureret efter et stykke tid.

Til den komplicerede model brugte vi en tidligere udviklet model for en malkekvægbesætning med yverbetændelse og skabte vores eget datasæt. Ved at bruge to modeller til at teste de to nye metoder kunne vi bedre vurdere metodernes præcision.

Vi ville desuden undersøge, om der var en effekt af testinterval. Testinterval er den tid, ofte målt i dage, som går mellem, at man tester for en given sygdom.

For at kunne beregne overførselsraten skal man måle de samme dyr eller mennesker flere gange over tid for at kunne følge dem og se, hvor hurtigt sygdommen spreder sig gennem populationen.

Det er ikke altid praktisk at teste for en sygdom dagligt, og vi besluttede os for at se, om der var en forskel på, om man målte med intervaller af 1, 3, 7, 14, 21 eller 30 dage, hvilket er realistisk i epidemiologiske studier.

LÆS OGSÅ: Danske forsøgsdyr skal erstattes af computermødelles

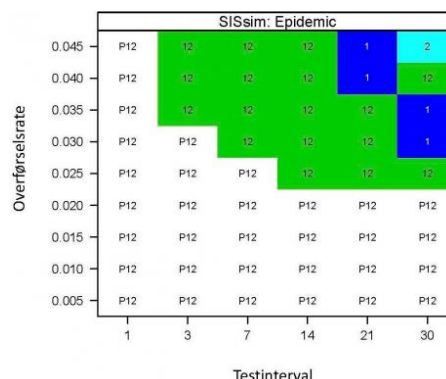
Nye og bedre metoder

Det viste sig, at de to nye metoder var bedre end den eksisterende i mange tilfælde. De hvide felter i figuren er de tilfælde, hvor alle tre metoder er lige gode.

I de grønne felter er de nye metoder (1 og 2) betydeligt bedre end den hidtil mest brugte. I de mørkeblå felter er metode 1 bedre end de andre to, og i det lyseblå felt er metode 2 bedre end de to andre.

Vi undersøgte datasæt, som havde brugt forskellige overførselsrater og testintervaller og nåede frem til følgende:

- Hvis testintervallet og overførselsraten er lav, som den vil være for sygdomme, der kun er lidt smitsomme, gør det ikke nogen forskel, om man bruger den 'gamle' metode eller en af de to nye.
- For meget smitsomme sygdomme, som overføres hurtigt mellem individer, er de to nye metoder betydeligt bedre end den gamle.
- Usikkerheden er generelt højere, når der testes med store intervaller, og når sygdommen er meget smitsom.



Ud fra et testinterval og en overførselsrate kan vi se, hvilken metode som er bedst til at bestemme overførselsraten. 'P' betyder Poisson-regression, '1' betyder ny metode 1, og '2' betyder ny metode 2.
(Illustration: Kirkeby et al.)

Det sidste betyder, at de to nye metoder er endnu mere vigtige, fordi de er mere præcise. Der vil dog altid være usikkerhed omkring en estimeret overførselsrate, og det skal der tages højde for i epidemiologiske studier.

LÆS OGSÅ: Computermødelles skal finde folkesygdomme

Brede anvendelsesmuligheder for både to- og firbenede

De to nye metoder er nemmere at bruge end den tidligere og kan derfor bruges af endnu flere forskere. Metoderne er [netop publiceret](#) i det videnskabelige tidsskrift Scientific Reports, som er tilgængeligt for alle og er klar til brug for forskere verden over.

Dette vil forhåbentlig medvirke til, at vi får estimeret overførselsrater fra flere forsøg – ikke kun i kvægbesætninger, men for både mennesker og dyr.

De nye metoder kan nemlig bruges til at undersøge alle slags sygdomme – for eksempel influenza eller ebola.

Desuden er de nye metoder mere præcise end tidligere, og det gør, at størrelsen af fremtidige epidemier kan bestemmes med større sikkerhed.

Derfor bliver det også nemmere at bestemme, hvordan vi undgår epidemierne ved for eksempel at indføre restriktionszoner for handel med dyr eller karantæne for mennesker, der smittes med en given sygdom.

ForskerZonen

Denne artikel er en del af [ForskerZonen](#), som er stedet, hvor forskerne selv kommer direkte til orde. Her skriver de om deres forskning og forskningsfelt, bringer relevant viden ind i den offentlige debat og formidler til et bredt publikum.

ForskerZonen er støttet af Lundbeckfonden.

Virtuelle køer i computermodel

DTU Veterinærinstituttet har bygget en simuleringsmodel, iCull-modellen, for en dansk malkekvægsbesætning.

Det er egentlig et computerprogram, der efterligner det, som sker i en virkelig besætning. Lidt ligesom et computerspil med virtuelle køer, bare med rigtig mange detaljer fra virkeligheden.

I modellen har hver ko sit eget ID-nummer, sin egen mælkeproduktion, sit eget livsforløb og så videre. Køerne kan blive syge af forskellige sygdomme som for eksempel paratuberkulose eller yverbetændelse. Dyrene følger så at sige et realistisk forløb som en ganske almindelig dansk malkekvægsbesætning.

Der er også en landmand i modellen, som hele tiden fodrer dyrene og tager stilling til, hvilke dyr der skal behandles for sygdomme, og om de skal slagtes. Landmandens arbejde påvirker køernes hverdag, for eksempel om stalden holdes ordentlig ren.

Modellen bruges til at simulere forskellige scenarier i stalden, hvor landmanden prøver forskellige strategier med hensyn til at bekæmpe sygdomme.

På den måde kan de forskellige scenarier vejes op mod hinanden, og man kan afgøre, hvilken strategi der er bedst for dyrene. Desuden kan der sættes tal på udgifter og indtægter undervejs, så landmandens økonomi kan optimeres samtidig.

Kilder

- 'Methods for estimating disease transmission rates: Evaluating the precision of Poisson regression and two novel methods', Scientific Reports (2017), doi: 10.1038/s41598-017-09209-x
- Carsten Kirkebys profil (DTU)

Lyt på Videnskab.dk!



Hver uge laver vi digital radio, der udkommer i form af en podcast, hvor vi går i dybden med aktuelle emner fra forskningens verden. Du kan lytte til den nyeste podcast i afspilleren herunder eller via en podcast-app på din smartphone.

Har du en iPhone eller iPad, kan du finde vores podcasts i [iTunes](#) og afspille dem i Apples [podcast app](#).
Bruger du Android, kan du med fordel bruge [SoundClouds app](#).

Du kan se alle vores podcast-artikler [her](#) eller se hele playlisten [på SoundCloud](#)



Videnskab.dk

Rumfartens vildeste højdepunkter

SOUND CLOUD

Share



Se kommentarer