



Karakteristika af besætninger med B-streptokokker

AP2 – Sikker diagnostik i B-streptokokbesætninger
Line Svennesen

STØTTET AF

Mælkeafgiftsfonden

Indhold

INDLEDNING	3
Læsevejledning.....	3
Baggrund	3
MATERIALE OG METODE	4
Datahåndtering	4
Dataanalyse	5
RESULTATER.....	5
Status på CHR niveau	5
Endeligt datasæt	5
Karakteristika af driftsenheder som er positive for B-streptokokker sammenlignet med frie.....	6
DISKUSSION OG KONKLUSION	8
LITTERATUR	9

Indledning

Læsevejledning

I denne opsummering vises foreløbige resultater fra et datastudie på 1845 driftsenheder, hvor sammenhæng mellem forskellige KPI'er og B-streptokok status er undersøgt som en del af Arbejdspakke 2 i projektet "Sikker diagnostik i B-streptokok besætninger". Projektet er finansieret af Mælkeafgiftsfonden (Skejby, Danmark).

Resultaterne er anvendt som input til den saneringsguide, der også er udarbejdet i projektet.

Baggrund

Infektion med mastitis-bakterien *Streptococcus agalactiae* også kaldet B-streptokokker hos kvæg kan reducere ydelsen og højne celletallet (Holmøy et al., 2019); i dette norske studie rapporteres at køer med B-streptokokker giver 1,2 kg mindre mælk end tilsvarende køer uden B-streptokokker, mens celletallet hos køer med B-streptokokker er ca. 300.000 celler/ml sammenlignet med 180.000 celler/ml hos køer der ikke er fundet positive for B-streptokokker (Holmøy et al., 2019).

Man har i mange år anset B-streptokokker som værende udelukkende smitsom via inficeret mælk (G. P. Keefe, 1997). Indenfor de senere år er der dog fundet B-streptokokker andre steder end i mælk fra inficerede køer, nemlig i køernes miljø, på slimhinder og i gødning (Cobo-Ángel et al., 2018; Jørgensen et al., 2016). Forskning tyder også på at mennesker og køer kan smitte hinanden, da der er fundet den samme type af bakterien hos både køer og medarbejdere på kvægbedrifter (Manning et al., 2010; Sørensen et al., 2019). Derfor kan der være andre måder at få B-streptokokker ind i besætningen på, end ved indkøb af inficerede dyr (Agger et al., 1994; Mweu et al., 2012, 2014).

Nye risikofaktorer kan måske forklare den stigende andel af smittede besætninger i Danmark, der er set siden år 2000 (Katholm et al., 2012; SEGES, 2024).

Formålet med dette datastudie er at karakterisere smittede besætninger med henblik på at identificere mulige risikofaktorer for at en besætning bliver smittet med B-streptokokker.

Materiale og metode

Datahåndtering

Data fra Kvægdatabasen (Kvægs DataWareHouse) er trukket d. 19. oktober 2023 (SEGES, Skejby, Danmark). Der er ekstraheret relevante KPI'er (key performance indicators) for 12-måneders perioden 1. juni 2022 til 31. maj 2023. Information er udtrukket for ydelseskontrollerede driftsenheder for følgende KPI'er: antal årskøer, antal årskvier (antal), alder levende køer, alder ved første kælvning, celletal ydelseskontrol, dage efter kælvning, goldperiodens længde, indsætterprocent køer, kælvninger pr årsko, levealder køer, leveringprocent, malkeår afgåede køer, malkeår levende køer, udsætterprocent, yverlidelser pr årsko, årsydelse pr ko. Ligeledes er der udtrukket information på bedriftsniveau vedrørende: malkesystem (AMS/konventionel), besætningstype (økologi/konventionel), antal dyr flyttet ind fra besætninger udenfor driftsenheden, antal besætninger udenfor driftsenheden der flyttes dyr ind fra, antal dyr hjemtaget fra dyrskue, fællesgræsning eller lign, antal behandlinger med gold-antibiotika, samt antal behandlinger med intern patteforsegler, der begge er omregnet til en proportion af goldede køer der har fået behandling.

Information om B-streptokokstatus er angivet på CHR niveau og der er trukket data med information om nuværende status samt tidligere status med angivelse af perioder i form af en start og slut dato for status. Salmonella Dublin status er ligeledes trukket på CHR niveau. Gældende for både B-streptokokker og Salmonella Dublin er at hvis besætningen har været positiv på et tidspunkt i 12-måneders perioden angives den som positiv i datasættet.

CHR numre med positiv B-streptokokstatus på mindre end 150 dage indenfor perioden blev ekskluderet fra analysen.

Driftsenheder med mindre end 10 køer eller manglende information om malkesystem som et udtryk for at driftsenheden ikke var malkende, blev ligeledes ekskluderet.

Ved sammenkædning af data på CHR-, bedrifts- og driftsenhed-niveau blev duplikater af CHR numre fjernet så data reduceredes til 1 række pr unik CHR nummer koblet til en unik driftsenhed som også indeholdt information om mindst en KPI.

Dataanalyse

Univariable analyser er udført på alle KPI'er. Variable med $P < 0,2$ og biologisk meningsfulde 2-vejs interaktioner mellem disse er testet i en multivariabel model (logistisk analyse) med status som dikotom outcome. Modellen er reduceret ved "backwards elimination" baseret på AIC.

Resultater

Status på CHR niveau

Information om B-streptokok status var tilgængelig for 2.233 CHR numre for perioden 1. juni 2022 til 31. maj 2023 (12 måneder). Heraf var 322 (14,4%) CHR numre registreret som positive på et tidspunkt indenfor perioden. Antallet af dage med positiv status var mellem 9 og 11.388 dage med en median på 1.008 dage. For 98 CHR numre var der statusskift indenfor 12 måneders perioden. 48 CHR numre havde positiv status i mindre end 150 dage indenfor perioden (Tabel 1).

Tabel 1. Fordelingen af CHR numre på status-typer samt periode på hhv. over eller under 150 dage for CHR numre med statusskift i perioden

Status	Total CHR numre		
B-strep fri i hele perioden	1.903	-	-
B-strep positive i hele perioden	232	-	-
Statusskift i perioden		Positiv status i mindst 150 dage indenfor 12-måneders perioden	Positiv status i mindre end 150 dage indenfor 12-måneders perioden
Skift fra fri til positiv status i perioden (ny-inficeret)	47	22	25
Skift fra positiv til fri status i perioden (ny-fri)	32	23	9
Skift fra fri til positiv og tilbage til fri	19	5	14
Total	2.233	50	48

Endeligt datasæt

Det endelige datasæt bestod af 1.845 CHR numre med tilknyttet status og information om KPI'er på driftsenhedsniveau. Heraf var 216 (11,7%) B-streptokok positive i mindst 150 dage indenfor 12-måneders perioden. Ved den valgte modelbygningsstrategi forblev variablene antal årskøer, malkeår ved afgang, goldbehandlingsproportion og celletal ved ydelseskontrol i modellen. Grundet

manglende information, særligt om goldbehandling, er den multivariable analyse baseret på 1.485 observationer.

Karakteristika af driftsenheder som er positive for B-streptokokker sammenlignet med frie

Output af den multivariable analyse er vist i Tabel 2.

Tabel 2. Output af multivariabel analyse

Variabel	Estimat	Odds ratio	95% KI Odds ratio	P-værdi
Årskøer	0,0016	1,0016	[1,0009;1,0023]	<0,005
Malkeår ved afgang	-0,63	0,53	[0,37;0,75]	<0,005
Goldbehandling*	0,024	1,02	[1,017;1,032]	<0,005
SCC ydelseskontrol**	0,0018	1,0018	[0,999;1,004]	>0,1

*Proportion af goldede køer som har fået gold-antibiotika

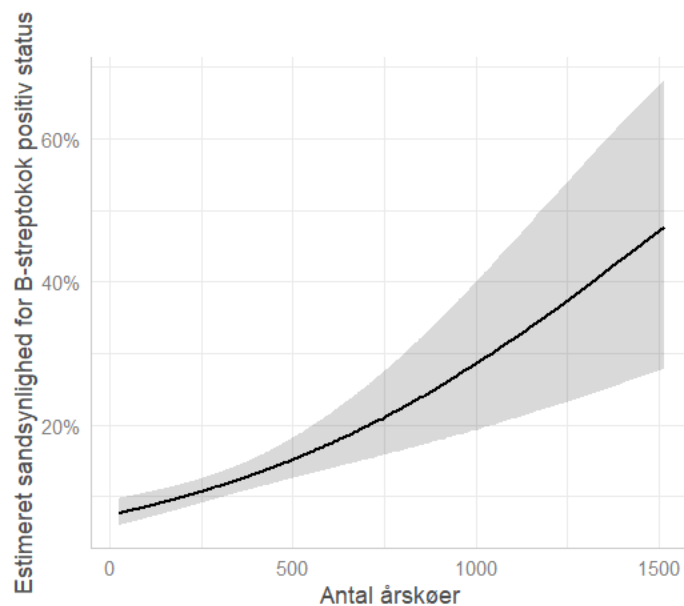
** x 1000 celler/ml

Ved status smittet fandtes at driftsenhederne var større, med et gennemsnit på 344 (SE=20,3) årskøer, sammenlignet med 233 (SE=4,3) årskøer i driftsenheder med status fri (univariabel). Besætningsstørrelsen var positivt korreleret med EKM pr årsko, celletal ved ydelseskontrol, og antal besætninger der indgår i driftsenheden, hvorved disse faktorer også kan anses som til dels forklarende. Celletal ved ydelseskontrol var dog ikke en signifikant faktor i den multivariable model.

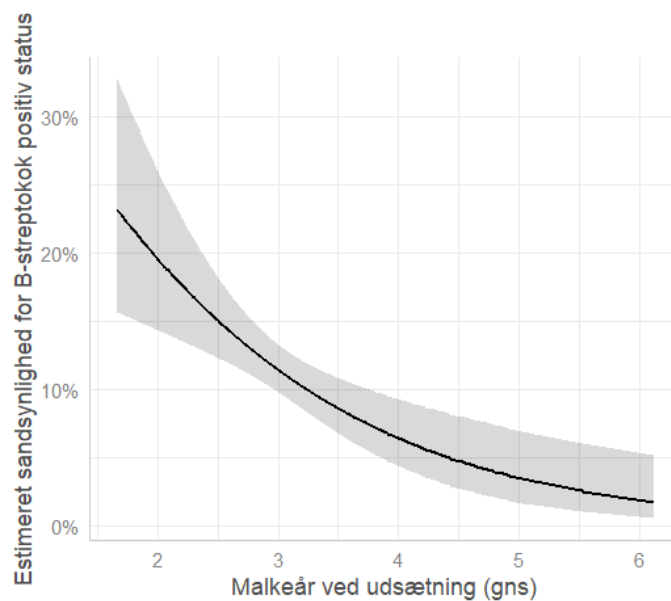
Malkeår ved afgang var lavere i smittede besætninger (2,93, SE=0.03) sammenlignet med frie (3,09, SE=0,01) (univariabel). I den univariable analyse sås også en højere udsætter % i smittede besætninger med gennemsnitligt 0,37 (SE=0,01) for smittede besætninger og 0,36 (SE=0,00) for frie.

For goldbehandling, fandtes en positiv sammenhæng mellem B-streptokokstatus og andelen af køer der goldes med antibiotika. Fra den univariable analyse var andelen af køer der goldes med antibiotika 31,2 % i smittede besætninger og 22,4 % i frie besætninger.

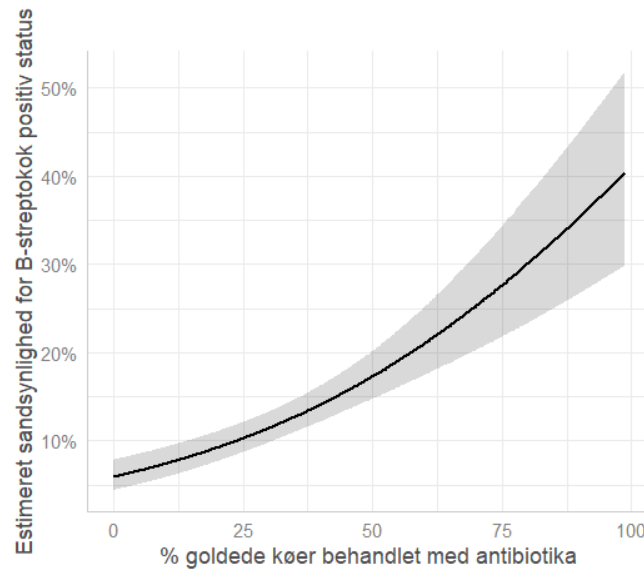
Estimerede sammenhænge mellem de signifikante faktorer i den multivariable model og sandsynligheden for at en driftsenhed er B-streptokok positiv, er vist i Figur 1-3.



Figur 1. Estimeret sandsynlighed for B-streptokok positiv status afhængig af antal årskøer i driftsenheden. Sandsynligheden er beregnet ud fra det multivariable model output. 95% konfidensinterval er vist med gråt.



Figur 2. Estimeret sandsynlighed for B-streptokok positiv status afhængig af gennemsnitligt antal malkeår ved afgang for køer i driftsenheden. Sandsynligheden er beregnet ud fra det multivariable model output. 95% konfidensinterval er vist med gråt.



Figur 3. Estimeret sandsynlighed for B-streptokok positiv status afhængig af proportion af goldbehandling i driftsenheden. Sandsynligheden er beregnet ud fra det multivariable model output. 95% konfidensinterval er vist med gråt.

Diskussion og konklusion

For alle resultater i dette studier gælder at det er med forbehold for den valgte analysemetode, herunder valg og tilgængelighed af variable, samt valg af modelselektion.

Det er vigtigt at bemærke, at der i analysen ikke er årsagssammenhæng. Det vil sige at fx udsætning og goldbehandling nærmere bør anses som strategiske beslutninger i forbindelse med kontrol af eksisterende smitte med B-streptokokker i en status positiv besætning, fremfor risikofaktorer.

At besætningsstørrelsen viser sig betydende, kan være et udtryk for at det er sværere eller mere uoverskueligt at sanere for B-streptokokker i en større besætning, sammenlignet med en mindre besætning, men kan også anses som en risikofaktor for smitte, måske korreleret til kompleksitet, herunder risikoen for at være mindre ”lukket” end en mindre besætning.

Historisk set har indkøb været anset som den vigtigste risikofaktor for smitte med B-streptokokker, men dette er ikke eftervist. Dog er der en tendens til, baseret på den univariable analyse, at driftsenheder der indkøber dyr fra 3 eller flere andre ejendomme har en højere sandsynlighed for at være smittede. Dette kan igen forklares af øget kompleksitet af besætninger, men det åbner også op for diskussionen om hvorvidt B-streptokokker flyttes på andre måder, fx via personale, der må antages at være i flertal i større besætninger, særligt med konventionelt malkesystem.

Litteratur

Agger, J., Priou, C., Huda, A., & Aagaard, K. (1994). Risk factors for transmission of *Streptococcus agalactiae* infection between Danish dairy herds: A case control study. In *Veterinary Research* (Vol. 25, Issue 3). <https://hal.science/hal-00902200>

Cobo-Ángel, C., Jaramillo-Jaramillo, A. S., Lasso-Rojas, L. M., Aguilar-Marin, S. B., Sanchez, J., Rodriguez-Lecompte, J. C., Ceballos-Márquez, A., & Zadoks, R. N. (2018). *Streptococcus agalactiae* is not always an obligate intramammary pathogen: Molecular epidemiology of GBS from milk, feces and environment in Colombian dairy herds. *PLOS ONE*, 13(12), e0208990. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208990>

Holmøy, I. H., Toftaker, I., Kirkeby, C., Østerås, O., Jørgensen, H. J., & Nødtvedt, A. (2019). A cohort study of the effect of *Streptococcus agalactiae* on milk yield and somatic cell count in Norwegian dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 102(9), 8385–8399. <https://doi.org/10.3168/JDS.2018-16155>

Jørgensen, H. J., Nordstoga, A. B., Sviland, S., Zadoks, R. N., Søilverød, L., Kvitle, B., & Mørk, T. (2016). *Streptococcus agalactiae* in the environment of bovine dairy herds – rewriting the textbooks? *Veterinary Microbiology*, 184, 64–72. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.12.014>

Katholm, J., Bennedsgaard, T. W., Koskinen, M. T., & Rattenborg, E. (2012). Quality of bulk tank milk samples from Danish dairy herds based on real-time polymerase chain reaction identification of mastitis pathogens. *Journal of Dairy Science*, 95(10), 5702-5708. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-5307>

Keefe, G. P. (1997). *Streptococcus agalactiae* mastitis: A review. *Canadian Veterinary Journal*, 38(7), 429–437. <https://doi.org/1997-008>

Manning, S. D., Springman, A. C., Million, A. D., Milton, N. R., McNamara, S. E., Somsel, P. A., Bartlett, P., & Davies, H. D. (2010). Association of Group B *Streptococcus* Colonization and Bovine Exposure: A Prospective Cross-Sectional Cohort Study. *PLOS ONE*, 5(1), e8795. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0008795>

Mweu, M. M., Nielsen, S. S., Halasa, T., & Toft, N. (2012). Annual incidence, prevalence and transmission characteristics of *Streptococcus agalactiae* in Danish dairy herds. *Preventive Veterinary Medicine*, 106(3–4), 244–250. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2012.04.002>

Mweu, M. M., Nielsen, S. S., Halasa, T., & Toft, N. (2014). Spatiotemporal patterns, annual baseline and movement-related incidence of *Streptococcus agalactiae* infection in Danish dairy herds: 2000–2009. *Preventive Veterinary Medicine*, 113(2), 219–230. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2013.10.020>

SEGES, 2024. B-streptokokker - Hvilken betydning har de, og hvordan sanerer jeg? Præsentation til Kvæggkongres 24. februar 2025. Tilgået online 1. december 2025. <https://projekt.seges.dk/maelkeafgiftsfonden/maelkeafgiftsfonden-2025/105083>

Sørensen, U. B. S., Klaas, I. C., Boes, J., & Farre, M. (2019). The distribution of clones of *Streptococcus agalactiae* (group B streptococci) among herdspersons and dairy cows demonstrates lack of host specificity for some lineages. *Veterinary Microbiology*, 235, 71–79. <https://doi.org/10.1016/J.VETMIC.2019.06.008>