



RUOKAVIRASTO
Livsmedelsverket • Finnish Food Authority

Yhdellä mallilla kaikkien eläintautien maahantuloriski selville? Tapaus: G-RAID

Leena Seppä-Lassila

erikoistutkija, ELT

Riskinarvioinnin yksikkö

RISKINARVIOINTIPÄIVÄ 28.5.2020



G-RAID

- G-RAID - **G**eneric approaches for **R**isk **A**ssessment of **I**nfectious Animal **D**iseases introduction
- geneeristen eläintautien maahantulomallien vertailu
- seitsemän eri yhteistyötahoa kuudesta maasta

- rahoitus osittain EFSA:ta
(EFSA Partnering Grant GP/EFSA/AFSCO/2017/01 – GA01)



Responsibility for the information provided
is with the G-RAID consortium.
Results do not express EFSA's view.



TAUSTAA

- Geneerinen malli voi:
 - priorisoida eläintautien välillä
 - vertailla maahantuloreittejä
 - kartoittaa lähestyvien eläintautien varalta (horizon scanner)
- erilaisia geneerisiä RA-malleja oli kehitetty →

Roberts et al. 2011 Vet Rec

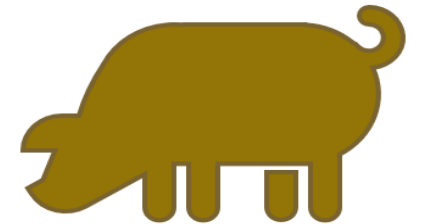
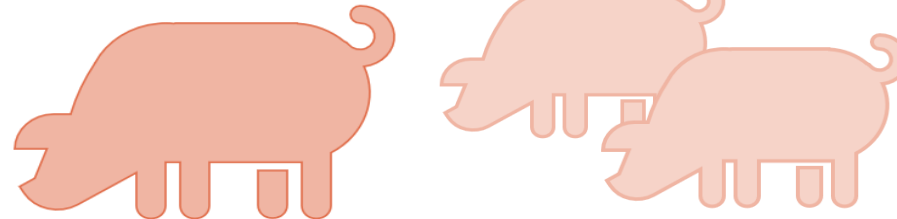
*De Koeijer et al. 2014
EPIZONE meeting*

*Kyyrö et al 2017
Transboundary Emerging Dis*



TAVOITTEET

1. Tiedon ja kokemusten vaihto
 2. Mallien inputin ja algoritmien vertailu
 3. Geneeristen mallien validointi?
- Eri mallien yhteneväisyyksien ja erojen tunnistaminen
 - Maahantuloreittien tunnistaminen eri työkaluilla
 - Maahantuloreittien välisten painoarvojen/ todennäköisyyksien vertailu





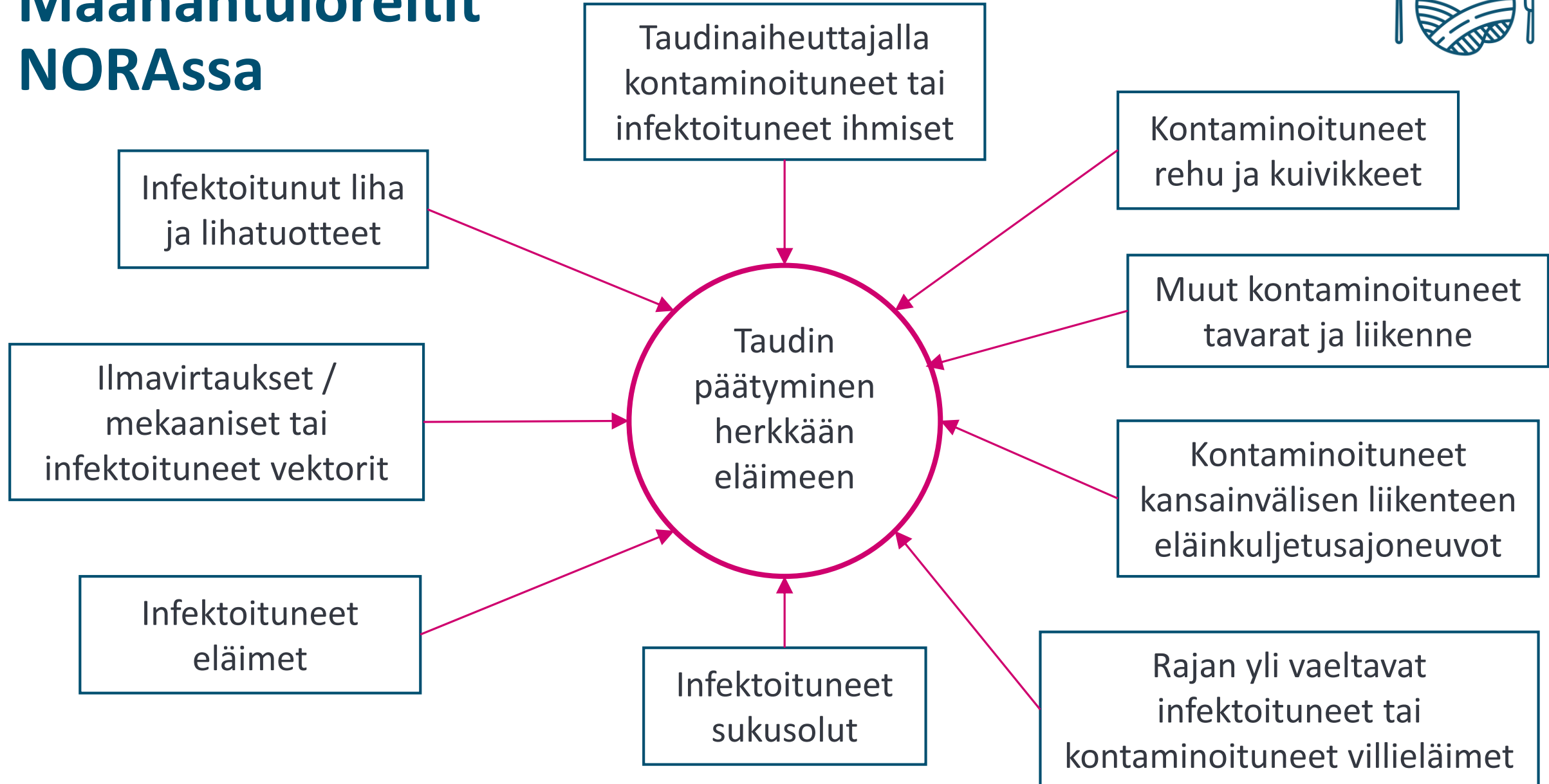
NORA

= Nopea eläintautien maahantulon riskinarviointityökalu

- NORAA käytetään eläintautien maahantulon arvioinnissa, kun uusi tauti tai uusi tautitapaus on havaittu jollakin merkittävällä alueella
- Kahden tai useamman asiantuntijan vastaukset kysymyksiin; vastausten painotus + kertoimet
 - Nopea ja karkea arvio riskistä
- Excel-pohjainen työkalu

Kyyrö et al. 2017, Transboundary Emerging Dis. [Assessment of the risk of African swine fever introduction into Finland using NORA — a rapid tool for semiquantitative assessment of the risk](#)

Maahantuloireitit NORAssa





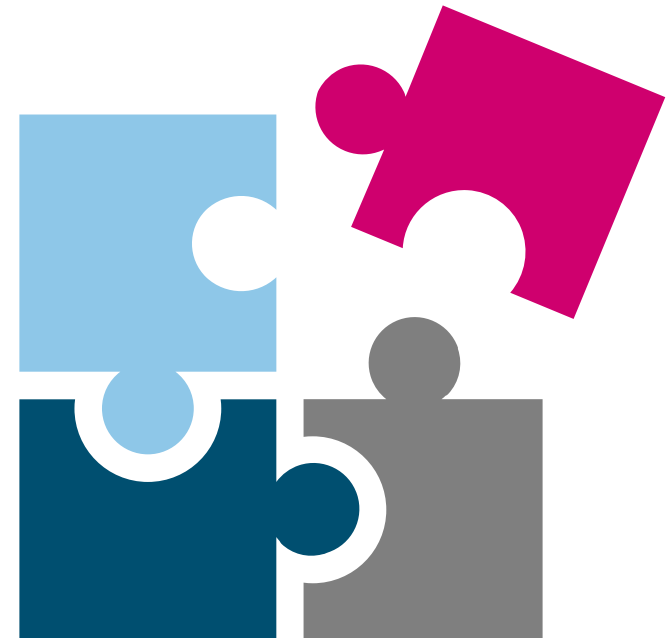
NORAn rakenne

- Reittien ja niiden todennäköisyyksien kartoittaminen
 - 9 reittiä, yht. 63 kysymystä
- Riskin vaikuttavuuden määrittäminen
 - 26 kysymystä: sektorin elintarvikearvo, taudin luokitus, kerrannaisvaikutukset, pelottavuus, zoonoottisuus



Geneeristen mallien input - rautalankaversio

- Mitä reittejä käytössä lähtöalueelta kohdealueelle?
- Mikä on taudin prevalenssi lähtöalueella?
- Onko kohdealueella taudille herkkiä eläimiä?
- Tautikohtaiset parametrit



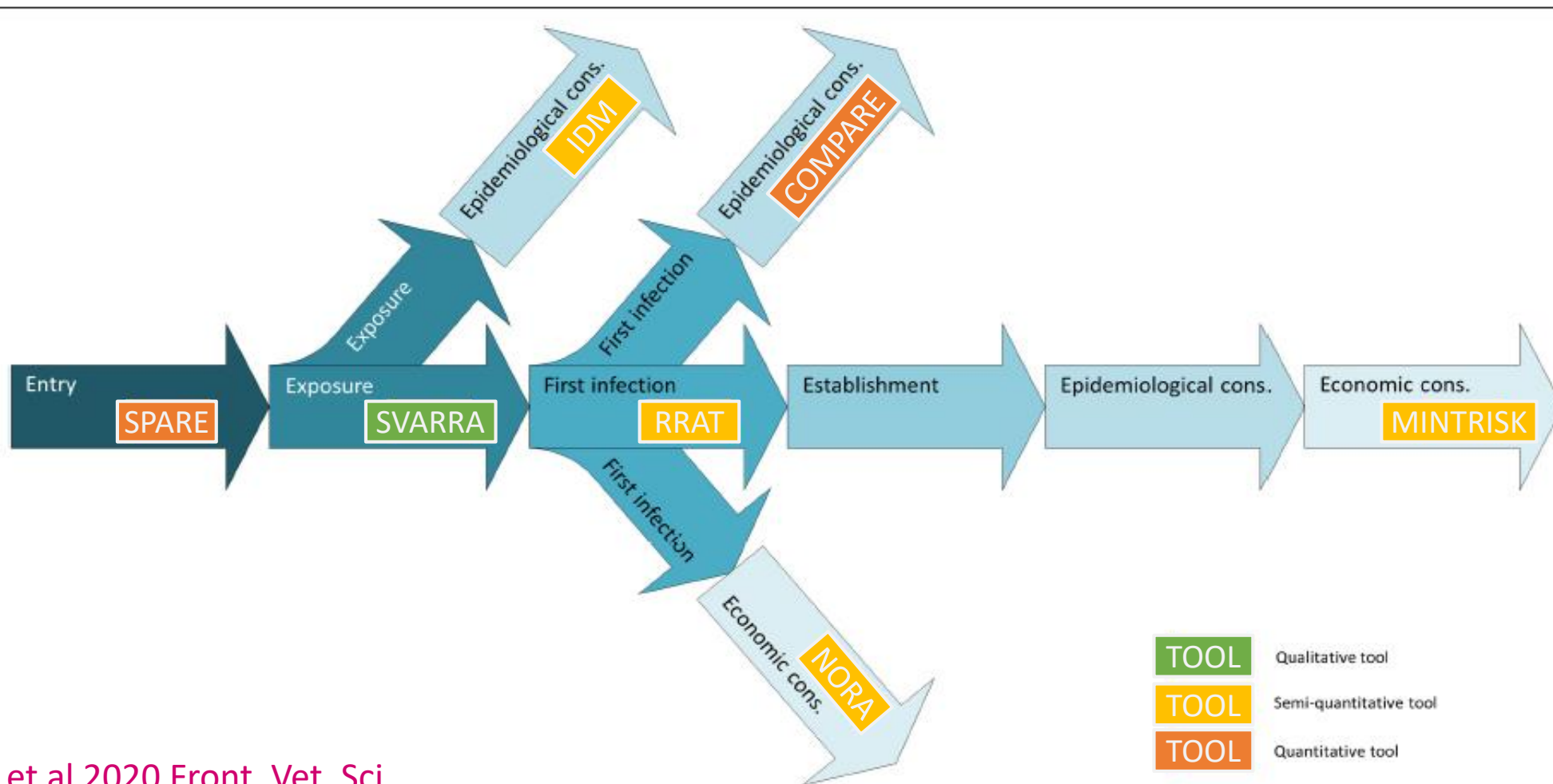


Mallien esittelyä 1/2

	COMPARE (UK)	IDM (UK)	MINTRISK (NL)	NORA (FI)	RRAT (NL)	SPARE (UK)	SVARRA (SE)
Jatkuva arviointi	X	X	X		X	X	
Reagoi tautitilanteen muutokseen				X			X
Priorisoi maahantuloreitit	X		(X)	X	X		X
Priorisoi taudit		X	X		X		
Priorisoi lähtöalueet	X		X			X	
RA:n muoto	kvant.	semi- kvant.	semi- kvant.	semi- kvant.	semi- kvant.	kvant.	kvalit.
Riskinarvioinnin kesto	>1 vko	<3 vrk	<1 vko – >1 vko	>1 vko	<1 vko – >1 vko	>1 vko	<3 vrk – >1 vko



Mallien esittelyä 2/2



[De Vos et al 2020 Front. Vet. Sci.](#)

FIGURE 1 | Outline of the steps involved in assessing disease incursion risks indicating the entirety of the generic RA tools.

G-RAID:n testattavat skenaariot



Tuleeko ASF Suomeen tai Hollantiin?

Lähtötilanne

- Euroopan tilanne 2017 lopussa
 - villisioilla todettu tartuntoja Baltian maissa ja Puolassa
 - kotisikatapauksia: Venäjä, Ukraina, Puola, Romania
- Suomi ja Hollanti
 - ei tartuntoja
 - lähimmät villisikatapaukset
Suomi: Viro, Venäjä?
Hollanti: Puolan itäraja

Hypoteettinen skenaario 1 (HSken1)

- Saksassa todettu 10 erillistä ASF-tapausta villisioilla
- Etäisyys 50 km Hollannin rajasta

Hypoteettinen skenaario 2 (HSken2)

- Skenaario 1 + yhdessä yhdistelmä-sikalassa todettu tartunta;
2500 sikaa, 18 infektoitunutta



Mallien tulokset – making of

- Riski perusskenaariossa: R_{Baseijk} ,
i = käytetty malli (n=7), j = reitti (n=3), k = kohdemaata (n=2)
- Riskit hyp. skenaarioissa: R_{HS1ijk} , R_{HS2ijk}
- Mallien tulosten vertailu: **suhteellinen riski**

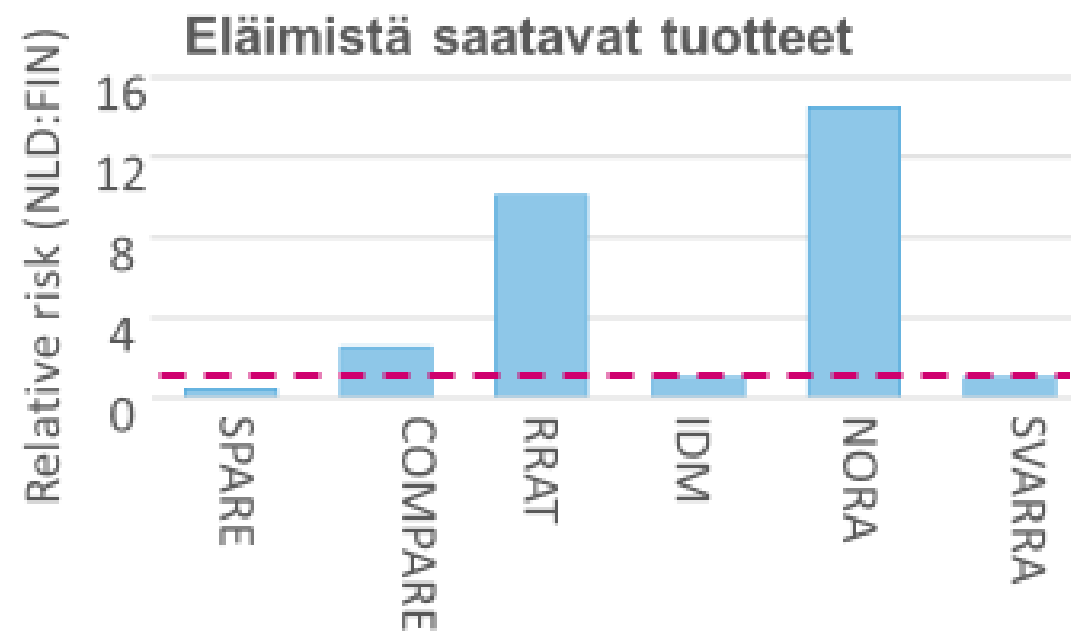
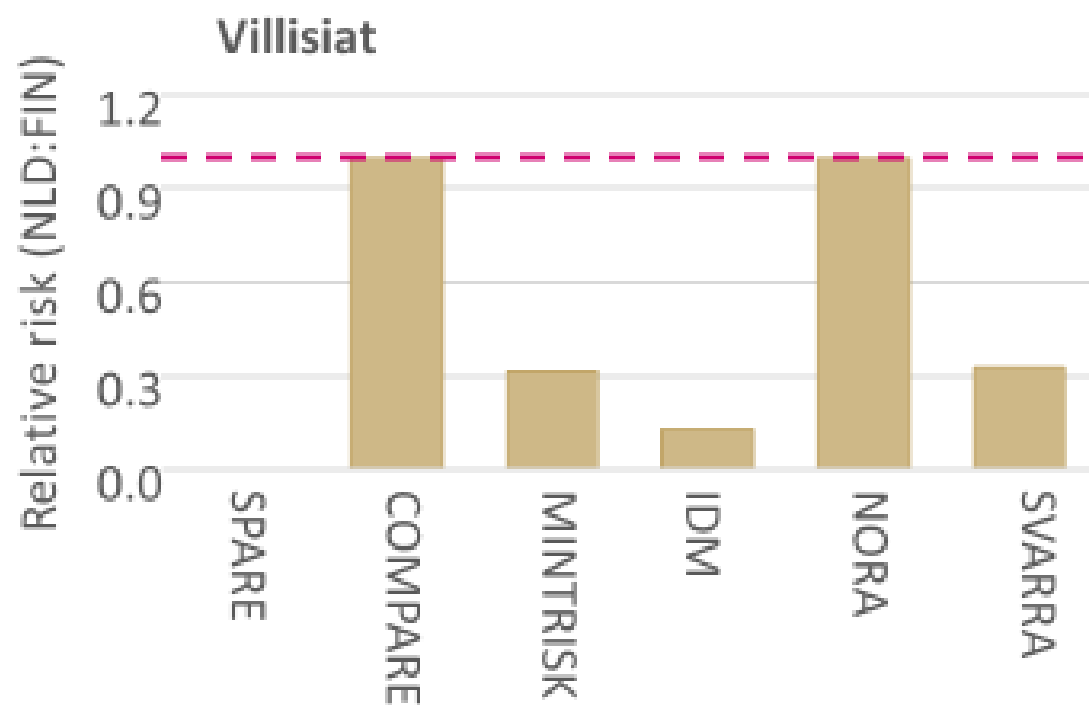
$$RR_{\text{Countryij}} = R_{\text{NLDij}} / R_{\text{FINij}}$$

$$RR_{\text{HS1ijk}} = R_{\text{HS1ijk}} / R_{\text{Baseijk}}, \quad RR_{\text{HS2ijk}} = R_{\text{HS2ijk}} / R_{\text{Baseijk}}$$



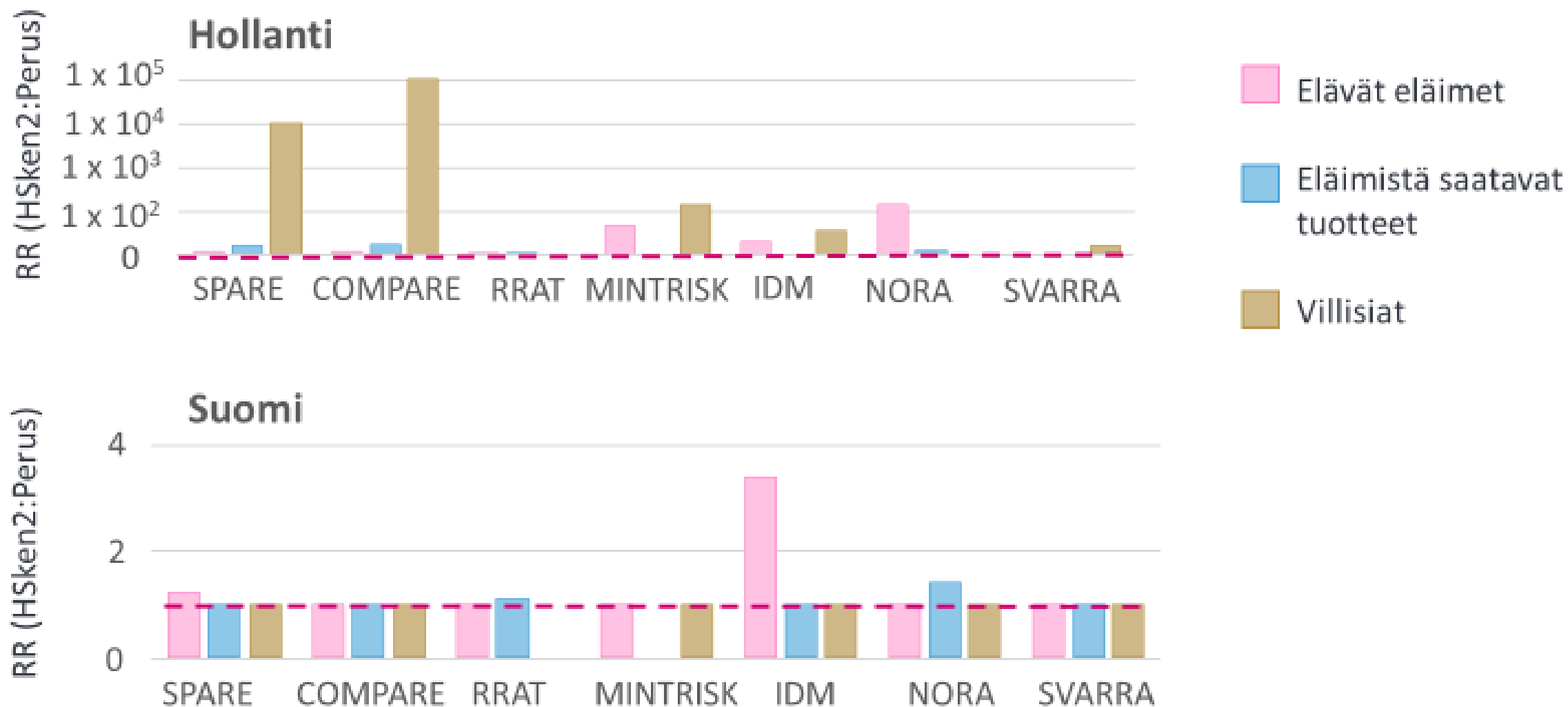
Mallien tulokset – maiden vertailu

Perusskenaario: erot Suomen ja Hollannin välillä / reitti





Mallien tulokset – reittien vertailu





Geneerinen malli – miksi, miksi ei?

Plussat

Nopea käyttää

Käyttäminen ei välttämättä
vaadi mallinnusosaamista

Helposti muokattavissa?

Miinukset

Aidosti geneerisen mallin
kehittäminen haastavaa

Puutteet epävarmuuden
arvioinnissa



Hankkeen toimijat:

- Tapani Lyytikäinen, Heidi Rossow, Leena Seppä-Lassila
- NORA: Jonna Kyyrö, Leena Sahlström, Tapani Lyytikäinen



Clazien J. De Vos, Aline A. De Koeijer, Ronald Petie, Manon Swanenburg, Maria Cabral



Animal & Plant Health Agency

Rachel A. Taylor, Robin R. L. Simons, Emma L. Snary



defra

Department for Environment Food and Rural Affairs

Helen Roberts



Cecilia Hultén, Kaisa Sörén, Arianna Comin



Anette Boklund



Sebastian Napp



doi.org/10.3389/fvets.2020.00056