

Riikliku programmi “Põllumajanduslikud
rakendusuringud ja arendustegevus
aastatel 2009–2014” lisa 4

Eesti Maaülikool
Veterinaarmeditsiini ja loomakasvatuse instituut

Ohtlike loomataudide ja zoonooside riskihinnangud Eestis

Projekti juht: Arvo Viltrop
veterinaarepidemioloogia professor
Projekti täitjad: Lasse Nuotio DVM, PhD

Tartu 2015

PROJEKTI LÕPPARUANNE⁵

1. PROJEKTI NIMETUS: Ohtlike loomataudide ja zoonooside riskihinnangud Eestis

2. PROJEKTI NIMETUS INGLISE KEELES: Assessment of risks related to notifiable animal diseases and zoonosis in Estonia

3. PROJEKTI KESTUS

Algus: 2011

Lõpp: 2014

4. PROJEKTI LÕPPARUANDE LÜHIKOKKUVÕTE: Projekti raames koostati riskiprofiil ja viidi läbi kvalitatiivne riskihindamine seitsme ohtliku loomataudi kohta: sigade Aafrika katk, sigade klassikalise katk, suu- ja sõrataud, kõrge patogeensusega lindude gripp, Newcastle'i haigus, Lääne-Niiluse palavik ja hobuste nakkav kehvveresus. Lisaks anti hinnang sigade ennetava tapmise meetme rakendamise mõjudele sigade Aafrika katku leviku tõkestamisel ning koostati matemaatiline mudel veiste tuberkuloosi Euroopa Liidust ostetavate veistega Eestisse toomise riski kvantitatiivseks hindamiseks. Kõik riskiprofiilid on avaldatud Põllumajandusministeeriumi kodulehel ning on ka trükitud ja kättesaadavad brošüüridena autoritelt.

5. LÜHIKOKKUVÕTE INGLISE KEELES : Compilation of risk profiles and qualitative risk assessment of seven important infectious animal diseases was conducted during the project period. Diseases addressed were: African swine fever, classical swine fever, foot and mouth disease, highly pathogenic avian influenza, Newcastle disease, West Nile fever, and equine infectious anaemia. In addition, an assessment of impact of pre-emptive slaughter of domestic pigs as a preventive action to avoid the spread of African swine fever was conducted, and a mathematical model for quantitative assessment of the risk of introduction of bovine tuberculosis to Estonia with cattle bought from the European Union was composed. All risk profiles are published on the website of the Ministry of Agriculture and are printed and available as separate booklets from authors.

6. TEEMA RAAMES ILMUNUD PUBLIKATSIOONID:

Sigade Aafrika katku riskiprofiil Eestis, EMÜ, Tartu 2012

Sigade klassikalise katku riskiprofiil Eestis, EMÜ, Tartu 2012

Suu- ja sõrataudi riskiprofiil Eestis, EMÜ, Tartu, 2012

Kõrge patogeensusega lindude gripi riskiprofiil Eestis, EMÜ, Tartu, 2013

Newcastle'i haiguse riskiprofiil Eestis, EMÜ, Tartu, 2013

Lääne-Niiluse Palaviku riskiprofiil Eestis, EMÜ. Tartu, 2014

Projekti juht (ees- ja perekonnanimi): Arvo Viltrop	Allkiri:/ALLKIRJASTATUD DIGITAALSELT/	Kuupäev: 23.03.15
Taotleja esindaja kinnitus aruande õigsuse kohta (ees- ja perekonnanimi): Andres Aland	Allkiri:/ALLKIRJASTATUD DIGITAALSELT/	Kuupäev: 23.03.15

Projekti lõpparuande täitmise juhend on kättesaadav Põllumajandusministeeriumi koduleheküljel

<http://www.agri.ee>

Ohtlike loomataudide ja zoonooside riskihinnangud Eestis

1. Projekti eesmärgid

Projekti esmaseks eesmärgiks oli eriti ohtlike ja zoonootiliste loomataudide riskiprofiilide koostamine ja Eestisse jõudmise riskide hindamine. Loomataudid, mille kohta riskiprofiilid ja riskihinnangud koostati, kooskõlastati Veterinaar- ja Toiduameti loomatervise ja heaolu osakonnaga. Sellest lähtuvalt koostati riskiprofiil ja kvalitatiivne riskihinnang seitsmele olulisele loomahaigusele (sigade Aafrika katk, sigade klassikaline katk, suu ja sõrataud, lindude gripp, Newcastle'i haigus, Lääne-Niiluse viirus, hobuste nakkav kehvvveresus) ning kvantitatiivne riskihindamise mudel veiste tuberkuloosi maale riiki toomise riski hindamiseks veiste toomisel Eestisse. Lisaks hinnati sigade ennetava tapmise meetme rakendamise mõjusid sigade Aafrika katku leviku tõkestamisel.

Projekti raames koostatud riskiprofiilid ja hinnangud on avaldatud elektrooniliste ja pabertrükitena ning need on Veterinaar- ja Toiduameti ja Põllumajandusministeeriumi ametnike käsutuses. Samuti on need avalikustatud põllumajandusministeeriumi kodulehel. Käesolevas aruandes on esitatud tööde kokkuvõtted (vt allpool). Koostatud riskihinnanguid saab kasutada loomatauditõrje meetmete planeerimisel ja kriisi olukordades tegevuste prioritseerimisel.

Projekti teiseks eesmärgiks oli loomatervisealase riskihindamise kompetentsi arendamine ning eelduste loomine riskihindamise üksuse loomiseks, mis oleks võimeline rahuldama Eesti veterinaar- ja toidujärelevalve vajadusi riskihinnangute järele. Selle eesmärgi saavutamiseks oluks vajalik rahastuse järkjärguline suurendamine. Et see ei osutunud võimalikuks, siis täiel määral püstitatud eesmärki ei saavutatud. Siiski omandas projekti raames riskihindamise alased teadmised ja oskused lisaks projekti juhile veel kaks VLI töötajat, kes on edaspidi võimelised vastavaid projekte ellu viima.

Projekti raames tehti koostööd Soome Toiduohutuse Ametiga (EVIRA). Peamiselt seisnes see konsultatsioonides ja koostatud riskihinnangutest teavitamises. Tihedam koostöö oli seotud veiste tuberkuloosi maale toomise kvantitatiivse riskihindamise mudeli koostamisega. Mudel koostati koostöös Lasse Nuotioga EVIRA-st.

2. Tulemused

2.1 Sigade Aafrika katk

2.1.1 Sigade Aafrika katku riskiprofiil

Sigade Aafrika katku riskiprofiil koostati 2011. aastal, mil nakkuse lähim kolle Eestile asus 600 km kaugusel.

Kokkuvõte

Sigade Aafrika katk (SAK) on väga kontagioosne ägedalt kulgev eriti ohtlik ja teatamiskohustuslik sigade viirushaigus. Sigade Aafrika katku põhjustab *Asfaviiridae* sugukonna *Asfivirus* perekonda kuuluv DNA-viirus. Viirus on bioloogilistelt omadustelt väga labiilne. Geenijärjestuste alusel eristatakse 22 viiruse genotüüpi. Viirusele on vastuvõtlikud

kõik sugukonna *Suidae* liigid Euraasias, Aafrikas ja Ameerikas. Teised loomaliigid ja inimene ei ole haigusele vastuvõtlikud.

SAK viiruse (SAKV) replikatsioon looduses toimub pehmetes puukides, enamasti *Ornithodoros moubata* ja *O. erraticus*, keda võib lugeda nii SAKV vektoriks kui looduslikuks reservuaariks. Nimetatud pehmed puugid on levinud Põhja- ja Ida-Aafrikas ning Aafrika keskosas, Lähis-Ida riikides (Türgi põhjaosast Lääne-Iraanini) ning Euroopas Hispaanias. Teised verd imevad putukad (kärbised, sääsed jt) võivad olla viiruse mehhaanilised siiratajad. Tänapäeval on haigus levinud peamiselt Aafrikas. Viimase viie aasta jooksul on seda diagnoositud Euroopas: Itaalias (Sardiinia saar), Gruusias, Armeenias, Aserbaidžaanis ja Venemaal. 2007. a Taga-Kaukaasiast alguse saanud epideemia jõudis 2009. a Venemaale, kus haigus on käesoleval ajal levimas nii mets- kui kodusigade populatsioonis. Venemaal on haiguspuhanguid esinenud kõikjal selle Euroopa osa läänepoolsetes piirkondades lõunapiirist kuni Arhangelski ja Murmanskini põhjarannikul. Mitu puhangut on tekkinud Eestiga piirnevas Leningradi oblastis. Käesoleval ajal (30.06.2011) on puhangukeste Tveri oblastis, umbes 600 km kaugusel Eesti läänepiirist. Võib eeldada, et SAK olukord jääb Venemaal lähemas perspektiivis muutumatuks. See tähendab arvestatavat ohtu nakkuse levimiseks Eestisse.

Vallandumise analüüs näitab, et arvestatavateks nakkuse Eestisse sissetoomise moodusteks on:

- nakatunud sea ebaseaduslik import;
- nakatunud metssea migreerumine Venemaalt Eestisse;
- SAK viirusega saastunud loomaveoki saabumine Eestisse;
- SAK viirust sisaldava sealihaga või sealihatoote illegaalne import.

Kõikide loetletud tegurite puhul on vallandumise tõenäosus väga väike järgmistel eeldustel: (1) et järgitakse seadusandlusega ette nähtud piiranguid loomade ja toiduainete impordile Venemaalt jt ohupiirkondadest, (2) et kontrollitakse isiklikuks tarbimiseks toidu Venemaalt jm ohupiirkondadest Eestisse toomist, (3) et piiril kontrollitakse riiki saabuvate loomaveokite tegelikku sanitaarset seisundit, (4) et SAK ei levi lähipiirkondade metssigadel.

Eksponeeringu analüüs näitab, et kõikide eelloetletud vallandumistegurite puhul on Eesti sigade eksponeering viirusele võimalik. Eksponeeringu tõenäosus on suur või väga suur, välja arvatud nakkuse maale toomisel toiduga, mille puhul eksponeeringu tõenäosus on väike. Eksponeeringu iseloom on erinevate vallandumistegurite puhul erinev. Kui loomade ja toiduainete illegaalse impordi ja nakkuse metssigadega riiki levimise korral on ilmselt eelkõige eksponeeritud väikemajapidamiste (tagahoovi) sead, siis loomaveokite puhul on eksponeeritud suuremad seakarjad, mille sigu Venemaale eksporditakse. Tagajärgede analüüs näitab, et mis tahes mastaabiga SAK puhangul on Eesti majandusele olulised või väga olulised tagajärjed, kuna see pärsiks Eesti ettevõtete elussigade ja seakasvatustasaaduste eksporti. Laiaulatuslikum puhang tähendaks olulisi kulutusi tõrjemeetmetele ja tooks kaasa olulisi mõjusid keskkonnale. Taudi levik Eesti metsseapopulatsioonis vähendaks oluliselt nende arvukust ja rikuks ökoloogilist tasakaalu looduses.

Tulenevalt SAK puhangu suurest või väga suurest mõjust loomatervisele, majandusele ja keskkonnale on SAK riskitase Eesti jaoks keskmine, vaatamata sellele, et puhangu tekkimise risk on kõikide vallandumistegurite puhul väga väike. Samas suurendab vallandumise riski vallandumistegurite rohkus.

Seega oli SAK peamiseks riskiallikaks 2011. aastal Venemaa. Kõikide loetletud ohustenaariumide realiseerumise tõenäosus loeti suuremaks kui minimaalne, mis tähendab, et ennetusmeetmete rakendamist nende ohjamiseks peeti põhjendatuks ja vajalikuks.

2.1.2 Hinnang sigade ennetava tapmise meetme rakendamise mõjudele sigade Aafrika katku leviku tõkestamisel

2014. aastal, pärast SAK jõudmist Eesti metssea populatsiooni koostati PM tellimusel mõjuhinnang kodusigade ennetava tapmise rakendamisele Eestis.

Sissejuhatus

Käesolev hinnang on antud seoses vastavasisulise päringuga Põllumajandusministeeriumi toiduohutuse osakonna loomatervise büroost (Enno Piisang, 12. nov e-kiri) projekti: „Ohtlike loomataudide ja zoonooside riskihinnangud Eestis,“ raames.

Hinnangu koostamisel on lähtutud järgmistest seadusandlikest ja korralduslikest aktides, mis reguleerivad sigade Aafrika katku tõrjet Eestis ja Euroopa Liidus:

- 1) Põllumajandusministri määrus nr 179 23.11.2004: „Sigade klassikalise katku ja sigade aafrika katku tõrje eeskiri“
- 2) Põllumajandusministri määrus nr 55 13.05.2005: „Loomsete saaduste ja nende käitlemise, sealhulgas nendega kauplemise, veterinaarnõuded“
- 3) Sigade aafrika katku tõrje tegevusjuhend, kinnitatud Veterinaar- ja Toiduameti peadirektori 09.09.2014 a käskkirjaga nr 144:
- 4) Euroopa Komisjoni rakendusotsus, 09.10.2014, milles käsitletakse loomatervishoiualaseid tõrjemeetmeid seoses sigade Aafrika katkuga teatavates liikmesriikides ja tunnistatakse kehtetuks rakendusotsus 2014/178/EL (teatavaks tehtud numbri C(2014) 7222 all),
- 5) Keskkonnaameti peadirektori 30.09.2014.a käskkiri nr 1-4.1/14/438 Tauditõrjemeetmete rakendamine sigade aafrika katku tõkestamiseks metssigade populatsioonis Eesti Vabariigi territooriumil
- 6) Nõukogu direktiiv 2002/60/EÜ, millega kehtestatakse erisätted sigade aafrika katku tõrjeks ja muudetakse direktiivi 92/119/EMÜ seoses Tescheni haiguse ja sigade aafrika katkuga
- 7) Nõukogu direktiiv 2002/99/EÜ, milles sätestatakse inimtoiduks ettenähtud loomsete saaduste tootmist, töötlemist, turustamist ja ühendusse toomist reguleerivad loomatervishoiu eeskirjad

Analüüsil on kasutatud PRIA loomade registri andmeid seapidajate kohta, Veterinaar- ja Toiduameti (VTA) poolt 2014. aasta augustis järelevalve visiidi käigus kogutud andmeid seakasvatusega tegelevate loomapidajate, sigade arvu ja sigu pidavate majapidamiste ja ettevõtete kohta ning VTA andmeid lihakäitlemisettevõtete kohta.

Arvestades ette seatud ajaraamistikku hinnangu koostamiseks, oli võimalik anda päringus küsitud näitajatele (meetme tõhusus ja tasuvus) vaid kvalitatiivne hinnang.

Põllumajandusministeeriumi poolt antud taustainformatsioon ja küsimuse asetuse

Sigade Aafrika katku (SAK) levik Balti piirkonnas sai alguse 2014. aasta veebruaris, kui SAK tuvastati Poolas, Leedus ja Lätis Valgevene piiril. Taud levis nendes riikides nii mets- kui kodusigadele. Eestisse jõudis taud septembri alguses. Siiani on Eestis leiud vaid metssigadel. Vajalikke meetmeid taudi leviku edukaks tõkestamiseks arutati Balti riikide ja Poola peaveterinaararstide ja EL ekspertide kohtumisel Vilniuses oktoobri alguses, kus lepiti ka kokku ühtsed põhimõtted tõrjeprogrammide koostamisel. Sigade ennetav tapmine on üks kokkulepitud põhimõtetest, mille rakendamise vajalikkust hindab iga riik ise. Ennetava tapmise eesmärgiks on vähendada riske võimaliku nakkuse levikul metssigadelt kodusigadele ning minimeerida SAK esinemisest tekkivad kulud seakasvatusektorile.

2014. aastal kasutasid ennetava tapmise meetet erinevas mahus ja ulatuses nii Läti, Leedu kui Poola. Kõikidel juhtudel oli taud juba jõudnud farmidesse. Ennetav tapmine viidi läbi kas kõrge riskiga piirkondades (SAK-i juhtumid piirialadel kolmandate riikidega, suurte ettevõtete või taudikolde ümbruses) või muust kõrgendatud riskist tulenevalt (madal bioohutuse tase).

Meetme Eestis rakendamise asjakohasuse üle otsustamiseks soovime vastuseid järgmistele küsimustele:

- 1) Millised farmid moodustavad kõrgendatud riski grupi lähtuvalt tootmise suurusest, struktuurist, pidamise viisist ja muudest asjakohastest teguritest?
- 2) Kuidas mõjutab meetme tõhusust ja tasuvust selle rakendamise alguse aeg (taud metssigade populatsioonis versus taud kodusigadel) ja kestus (pidamise keelu pikkus)?
- 3) Kuidas mõjutab meetme tõhusust ja tasuvust selle rakendamise ulatus:
 - taudistunud alal (taud on leitud metssigadel),
 - ohustatud- ja järelevalve tsoonis (taud on leitud kodusigadel),
 - komisjoni otsusega 2014/178/EL kehtestatud tsoonides;
 - mõnes kindlas geograafilises piirkonnas (piirialad) ja/või suurtootmist ümbritseval 3km ja 10 km raadiusega alal?

Vastused esitatud küsimustele

1. Millised farmid moodustavad kõrgendatud riski grupi lähtuvalt tootmise suurusest, struktuurist, pidamise viisist ja muudest asjakohastest teguritest?

Farmi SAK nakatumise tõenäosus ei ole otseselt sõltuv farmi suurusest ega struktuurist (st tootmistüübist – täistsükliga tootmine, pörsaste tootmine või nuumafarm).

Nakatumise risk sõltub eelkõige sigala paiknemisest (metssigade taudistunud alal või mitte) ja sigade pidamise viisist, mis suurel määral määrab ära farmi bioturvalisuse taseme.

Eestis võib sigade pidamise viisid jaotada järgmiselt:

- a) täielik sees pidamine või väljapääsuga isoleeritud jalutusaeda (nn industriaalsed farmid);
- b) pidamine väljas käimise võimalusega piiratud jalutusaed (koplis) (nn mitteindustriaalne pidamine);
- c) sigade vabalt karjatamine hoones viibimise võimalusega.

Erineva pidamisviisiga farmide suurus on erinev, seeläbi on karja suurus surrogaattunnuseks pidamisviisile. Nii on nn industriaalsed farmid suuremad ja mitteindustriaalsed peamiselt väikefarmid.

Suuremate farmide puhul võib nakatumise riski suurendada suurem kontaktide sagedus väliskeskkonnaga (loomade, inimeste, söötade, inventari ja veokite liikumise sagedus).

Peamiselt määrab farmi nakatumise riski selle bioturvalisuse tase, mis sõltub rakendatavatest nakkuse vältimise üldmeetmetest.

Farmi nakatumise risk sõltub ka farmi asukohast, eelkõige lähedusest metsale ja metssigade asualale.

Täiendavaks ohuallikaks on loomapidaja seotus jahipidamisega (kas tegeleb ise või on mingil moel sellega seotud).

Bioturvalisuse taseme antud kontekstis määravad peamiselt järgmised tegurid:

- 1) Farmi isoleeritus – otsekontaktide võimalus teiste loomadega:
 - loomade toomine teistest farmidest (sõltub farmi tootmistüübist);
 - karjamaa/jalutusala kontaktid (otsese kontakti võimalikkus metssigadega);
 - teised koduloomad (koerad, kassid, lambad, kanad jne);
 - (kütitud) jahiloomade (eelkõige metssigade) või nende kehaosade toomine farmi territooriumile või loomapidaja kodusesse majapidamisse;
 - jms.
- 2) Söötade ja allapanu hankimine, säilitamine ja kasutamine:
 - oma või ostusööt;
 - teravili, kõrrelised, rohumaa sööt;
 - kuumtöödeldud või töötlemata sööt;
 - allapanu liik, säilitamine väljas või hoones;
 - jms.
- 3) Inimeste ja transpordi liikumise kontroll farmis:
 - inimeste ja sõidukite sissepääs farmi territooriumile;
 - veokite liikumise kontroll sõltuvalt kasutuse eesmärgist;
 - inimeste sissepääs hoonesse ja loomaruumidesse;
 - jms.
- 4) Desinfektsiooni meetmed:
 - desobarjäärid sissepääsudel (veokitele, inimestele);
 - eesruumi olemasolu enne loomaruumidesse sisenemist;
 - rõivaste vahetus enne loomaruumidesse sisenemist ja kaitserõivastuse kandmine farmis;
 - jms.

Farmi bioturvalisuse tase sõltub olulisel määral sigade pidamise viisist. Seega saab farmi suurst käsitleda teataval määral ka farmi bioturvalisuse taseme surrogaattunnusena, kuna pidamise viis ja farmi suurus on samuti teineteisest sõltuvad.

Toodud eeldustest lähtuvalt võib öelda, et suurema nakatumise riskiga on peamiselt farmid:

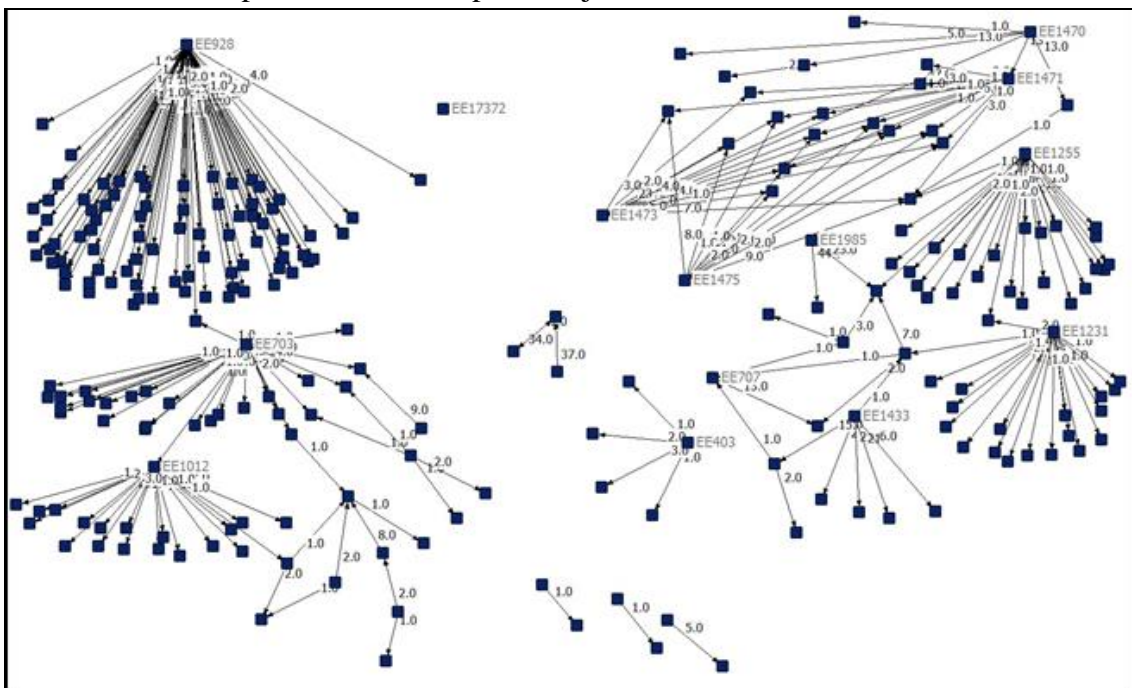
- 1) mis paiknevad metssigade SAK taudistunud alas metsaalal või selle lähedal;
- 2) kus sigu peetakse väljas vabalt või koplis;

mis on eeldatavalt väikesed ja kus sigu peetakse peamiselt omatarbeks.

2. Kuidas mõjutab meetme tõhusust ja tasuvust selle rakendamise alguse aeg (taud metssigade populatsioonis versus taud kodusigadel) ja kestus (pidamise keelu pikkus)?

Kodusigade ennetava tapmise meetme eesmärk on:

- 1) vältida SAK viiruse (SAKV) ülekannet metssigadelt kodusigadele ja sellega kaasnevatest kitsendustest tulenevaid kahjusid seakasvatusektorile;
 - 2) vältida SAKV levikut kodusigade hulgas pärast kodusigade nakatumist ning sellest tulenevaid otseseid taudikahjusid ning kitsenduste pikemast kestusest tulenevaid kahjusid.
- Võttes arvesse seafarmide arvu, struktuuri ja paiknemist, samuti seakasvatuse tootmisahela toimimist Eestis ning arvestades SAKV omadusi ja levimise mooduseid, siis suurema tõenäosusega võib SAKV kanduda metssigadelt üle väikemajapidamistesse. Kui SAKV jõuab väikemajapidamisse, siis selle leviku tõenäosus ühest seafarmist teise on väike. Kui SAKV jõuab mõnda suuremasse farmi, siis viiruse edasi levimise tõenäosus on suur, sest nakkuse avastamine karjas toimub alati teatud viivitusega. Joonisel 1 toodud seakarjade vahelisi kontakte kirjeldav võrgustik loomade ühest karjast teise viimise alusel 2010. a andmetel näitab, et Eestis on üksikud seafarmid eriti suure kontaktide arvuga, mis muudavad nad nakatumise korral potentsiaalseks superlevitajaks.



Joonis 1. Seakarjade võrgustik loomade ühest karjast teise viimise alusel 2010. a andmetel. Noole suund tähistab loomade liikumise suunda, arv noole kohal kontaktide (liikumiste) arvu aasta jooksul.

Eeldades, et suurim kahju Eesti seakasvatusektorile seoses SAKV levimisega kodusigadele tekib mitte otsestest taudikahjustest, vaid pigem ohustatud ja järelevalve tsoonis kehtestatavatest piirangutest sigade liikumisele ning sealiha jm saaduste turustamisele, siis **on olulisem vältida kodusigade nakatumist (meetme eesmärk 1)**. Seega võib eeldada, et kui

meetet rakendatakse enne, kui SAK on levinud kodusigadele, on selle tõhusus kahjude vältimise mõttes suurem.

Meetme rakendamisel **eeldatavalt välditavad kulud**:

1) **Otsene taudikahju**, mis tuleneb SAK kolde likvideerimisest:

- a. hukatud sigade rahalise väärtuse kompensatsioon;
- b. kompensatsioon hävitatud materjalide eest;
- c. puhastuse ja desinfektsiooni (pinnad, inventar) kulud;
- d. korjuste ja materjalide hävitamise ja kahjutustamise kulud.

2) Ohustatud ja järelevalve tsoonis kehtestatavate **kitsendustega seotud kulud**

Nimetatud tsoonides kehtestatavatest kitsendustest on olulisema majandusliku mõjuga järgmised 3:

- **Kitsendus 1:** Sigu ei tohi tsoonides asuvatest **nakatumata** majapidamistest välja viia ohustatud tsoonis 40 päeva jooksul ja järelevalve tsoonis 30 päeva jooksul pärast taudikolde likvideerimist ning esmase puhastuse ja desinfektsiooni lõpule viimist nakatunud majapidamises.

Võimalikud otsesed kulud: osa tsoonides asuvate majapidamiste sigadest võib olla vaja hukata sigade heaolu kaalutlusel, sest kitsenduste perioodi vältel sünnib põrsaid, keda ei saa ümber paigutada teistesse sigalatesse (näiteks asuvad väljaspool tsoone). Lisaks kasvavad nuumsead sedavõrd suureks, et ei mahu enam olemasolevatesse ruumidesse. Probleeme võib tekkida ka sööda hankimisega, sest sööt on varutud, arvestades teatud hulga sigade pidamisega teatud aja vältel ning eeldades raha laekumist müüdü sigade eest uue sööda ostmiseks.

- heaolu kaalutlusel hukatud sigade rahalise väärtuse kompensatsioon;
 - sigade hukkamise ja korjuste hävitamise kulud.
- **Kitsendus 2:** Pärast 40 päeva möödumist ohustatud tsoonis ja 30 päeva möödumist järelevalvetsoonis võib pädev asutus lubada sigade välja viimist nimetatud majapidamisest, et vedada nad otse:
 - a. eelistatult ohustatud või järelevalvetsooni territooriumil asuvasse pädeva asutuse poolt määratud tapamajja koheseks tapmiseks;
 - b. töötlemisettevõttesse või sobivasse kohta, kus sead kohe hukatakse ja nende korjused töödeldakse ametliku järelevalve all;
 - c. erandjuhtudel teise majapidamisega, mis paikneb ohustatud tsoonis (järelevalve tsooni puhul – ohustatud või järelevalve tsoonis).Sellisel juhul, kui tsoonidest pärinevad sead viiakse tapamajja:
 - d. tapamajja saabudes peetakse neid sigu ja tapetakse eraldi teistest sigadest;
 - e. värske liha nendelt sigadelt kas töödeldakse või märgistatakse spetsiaalse märgisega /.../ ja töödeldakse eraldi vastavuses direktiivi 80/215/EEC Artikkel 4(1)(a)(i) nõuetega, mis sätestavad järgmist:

- a) kuumtöötlemine hermeetiliselt suletud mahutis režiimil, mis tagab Fc väärtuse 300 või enam;
- i) punktis a osutatust erinev kuumtöötlemine, mille käigus sisetemperatuur tõuseb vähemalt 70 °C-ni.

Märkus: Praegu kehtiv kord näeb ette, et lihakäitlemisettevõtted peavad taotlema loa tsoonidest pärit sigade ja sealihaga käitlemiseks. VTA-1 ei ole andmeid, millised ettevõtted oleks valmis sellist luba taotlema. Seetõttu puudub ülevaade, millised oleksid selliste ettevõtete tapavõimsused ning kehtivatele nõuetele vastavad töötlemisvõimsused.

Võimalikud otsesed kulud: arvestades kitsendustega tsoonidest pärit sealihaga töötlemisele ja toodete turustamisele seatavate piirangutega (vt kitsendus 3) võivad tapamajad keelduda tsoonidest pärit sigade tapmisest, mistõttu on vaja osa sigu hukata sigade heaolu kaalutlustel (vt eespool):

- heaolu kaalutlusel hukatud sigade rahalise väärtuse kompensatsioon;
- sigade hukkamise ja korjuste hävitamise kulud.

Seapidajatele tekkiv tõenäoline kahju:

- sigade realiseerimine turuhinnast madalama hinnaga (tingimusel, et tapamaja nõustub sead vastu võtma);
- tootmistsükli tõrgetest või tootmise peatamisest tingitud saamata jäänud tulu.

Kitsendus 3: Tsoonidest pärinevat tingimustele vastavat liha ja –tooteid võib turustada:

Eestis:

- a. kui tooted on läbinud **spetsiaalse töötlemise** vastavalt loomsete saaduste ja nende käitlemise määruse lisas 3 toodud nõuetele;
- b. tooted ei ole läbinud spetsiaalset töötlemist, kuid on **erimärgistatud** – tavapärase ovaalse identifitseerimismärgi asemel on kasutatud kolmnurkset märki;

Euroopa Liidus ja eksportida kolmandatesse riikidesse:

- a. kui tooted on läbinud spetsiaalse töötlemise vastavalt loomsete saaduste ja nende käitlemise määruse (Põllumajandusministri määrus 13.05.2005 nr 55) lisas 3 toodud nõuetele ning
- b. Eestist välja viies on tootega kaasas määruse (EÜ) nr 599/2004 lisas sätestatud veterinaarsertifikaat, mille II osa täiendatakse viitega rakendusotsusele 2014/709/EL (art 13 punkt c).

Käitlejatele tekkiv tõenäoline kahju:

- saaduste turustamispiirangute tõttu on toodetel omahinnast madalam turuhind;
- nn tarbijahirmudest tulenev tarbimise vähenemine.

Ennetava tapmisega kaasnevad kulud

Ennetava tapmise kulud tulenevad meetme rakendamise otsestest kuludest ja sellega paralleelselt rakendatava sigade pidamise keeluga (peaks kehtima kuni SAK leviku lõppemiseni metssigade hulgas) kaasnevatest kuludest. Seega tasuvuse hindamisel tuleb arvestada järgmiste võimalike kuludega:

1) Ennetava tapmisega seotud kulud:

- a. võimalik kompensatsioon tapetud sea rümba hinna ja sea tegeliku rahalise väärtuse vahe katmiseks (sugusead, põrsad);
- b. meetme administreerimise kulud (sh selgitustöö ja suhtekorraldus).

2) Sigade pidamise keelu rakendamisega seotud kulud:

- a. uuele majandustegevusele ülemineku toetamise kulud (koolitus, hoonete ümberehitus);
- b. selgitustöö ja suhtekorraldus;
- c. järelevalve kulud.

Meetme rakendamisega kaasnevad kulud ja sellega eeldatavalt välditav kahju on esitatud kokkuvõtvalt tabelis 1.

Tabel 1. Ennetava tapmise meetme rakendamisega eeldatavalt välditavad kulud võrreldes meetme rakendamisega kaasnevate kuludega

Ennetava tapmise rakendamisega kaasnevad kulud	Meetme rakendamisel eeldatavalt välditavad kulud
<p>1) Otsesed kulud:</p> <ul style="list-style-type: none"> • võimalik kompensatsioon tapetud sea rümba hinna ja sea tegeliku rahalise väärtuse vahe katmiseks (sugusead, põrsad); • meetme administreerimise kulud (sh selgitustöö ja suhtekorraldus). 	<p>1) Otsene taudikahju:</p> <ul style="list-style-type: none"> • hukatud sigade rahalise väärtuse kompensatsioon; • kompensatsioon hävitatud materjalide eest; • puhastuse ja desinfektsiooni (pinnad, inventar) kulud; • korjaste ja materjalide hävitamise ja kahjutustamise kulud.
<p>2) Sigade pidamise keelu rakendamisega seotud kulud:</p> <ul style="list-style-type: none"> • uuele majandustegevusele ülemineku toetamise kulud (koolitus, hoonete ümberehitus); 	<p>2) Ohustatud ja järelevalve tsoonis kehtestatavate kitsendustega seotud otsesed kulud:</p> <ul style="list-style-type: none"> • heaolu kaalutlusel hukatud sigade rahalise väärtuse kompensatsioon;

<ul style="list-style-type: none"> • selgitustöö ja suhtekorraldus; • järelevalve kulud. 	<ul style="list-style-type: none"> • sigade hukkamise ja korjuste hävitamise kulud.
	<p>3) Kaudsed kulud:</p> <p>Seapidajatele tõenäoliselt tekkiv kahju:</p> <ul style="list-style-type: none"> • sigade realiseerimine turuhinnast madalama hinnaga (tingimusel, et tapamaja nõustub sead vastu võtma); • tootmistsükli tõrgetest või tootmise peatamisest tingitud saamata jäänud tulu. <p>Käitlejatele tekkiv tõenäoline kahju:</p> <ul style="list-style-type: none"> • saaduste turustamispiirangutest tingitud toodete omahinnast madalam turuhind; • nn tarbijahirmudest tulenev tarbimise vähenemine (10-20%).

Eeltoodust võib järeldada, et ennetava tapmisega kaasnevad kulud on oluliselt väiksemad, kui sellega eeldatavalt välditavad kulud seakasvatusektorile. Samas tuleb arvestada, et ennetav tapmine ei välista täielikult SAKV kodusigadele levimise riski, mis tähendab, et negatiivse stsenaariumi korral tuleb kanda mõlemad kulud. Siiski võib eeldada, et madala bioturvalisusega seakarjade ennetava tapmisega väheneb kodusigade nakatumise risk olulisel määral.

Eeltoodust võib järeldada, et ennetava tapmisega kaasnevad kulud on oluliselt väiksemad, kui sellega eeldatavalt välditavad kulud seakasvatusektorile. Samas tuleb arvestada, et ennetav tapmine ei välista täielikult SAKV kodusigadele levimise riski, mis tähendab, et negatiivse stsenaariumi korral tuleb kanda mõlemad kulud. Siiski võib eeldada, et madala bioturvalisusega seakarjade ennetava tapmisega väheneb kodusigade nakatumise risk olulisel määral.

3. Kuidas mõjutab meetme tõhusust ja tasuvust selle rakendamise ulatus:

- taudistunud alal (taud on leitud metssigadel);
- ohustatud- ja järelevalve tsoonis (taud on leitud kodusigadel);
- komisjoni otsusega 2014/178/EL kehtestatud tsoonides;
- mõnes kindlas geograafilises piirkonnas (piirialad) ja/või suurtootmist ümbritseval 3 km ja 10 km raadiusega alal?

Võttes arvesse kahe esimese küsimuse vastustes toodud asjaolusid võib eeldada, et mida ulatuslikumalt meetet rakendatakse, seda tõhusam see kodusigade nakatumise vältimisel on.

Samas, mida laiemas piirkonnas meedet rakendatakse, seda suuremad on selle rakendamisega kaasnevad kulud. Nimetatud kulude hindamisel saab lähtuda olemasolevatest andmetest karjade paiknemise ja loomade arvu kohta.

Euroopa Komisjoni 9. oktoobri 2014 rakendusotsusega kehtestatud II kitsenduste tsooni jäävad maakonnad ja vallad on järgmised:

- 1) Ida-Virumaa: kogu maakond
- 2) Valgamaa: kogu maakond
- 3) Viljandimaa:
 - Abja vald
 - Halliste vald
 - Kõpu vald
 - Tarvastu vald
 - Mõisaküla linn
 - Viljandi vald (endise Paistu valla ala)

Keskkonnaameti peadirektori 30.09.2014.a käskkirja nr 1-4.1/14/438 Tauditõrjemeetmete rakendamine sigade aafrika katku tõkestamiseks metssigade populatsioonis Eesti Vabariigi territooriumil alusel on 1. detsembrist 2014 loetud II tsooni kuluva järgmised vallad:

4) Võrumaa

- Rõuge
- Varstu
- Mõniste
- Antsla

Pessimistliku hinnangu saamiseks potentsiaalsetele kuludele on tabelis 2 summeeritud andmed kogu kitsendustega hõlmatud maakonna seakarjade kohta.

Tabel 2. Seakarjade (ehitiste arvu alusel) ja sigade arv Euroopa Komisjoni 9. oktoobri rakendusotsuse alusel kehtestatud II kitsenduste tsoonist hõlmatud maakondades (Ida-Viru, Valga, Viljandi, Võru)

Karja suurusklass	Karjade arv	Sigade arv	Karjade arv, kus peetakse metssigu või ristandeid	Metssigade ja ristandite arv	Karjade arv, millele tehtud ettekirjutus*	Sigade arv, millele tehtud ettekirjutus*
1-10	211	689	3	9	5	17
11-25	33	492	0	0	4	66
26-50	9	333	2	79	1	28
51-100	9	665	1	67	0	0
>100	31	119811	1	115	3	3427
Kokku	293	121990	7	270	13	3538

* Bioturvalisuse probleemidega seotud ettekirjutus

Tabeli andmetest selgub, et eelduste kohaselt on rohkem bioturvalisusega seotud probleeme väiksemates karjades. Kui meedet rakendada kolmes väikseima kategooria karjades, millele lisanduksid väljaspidamisega karjad (peamiselt metssigu ja ristandeid pidavad farmid) oleks tapetavate sigade arv ca 1500 ja majapidamiste arv, millele rakenduks pidamise keeld, ca 250. Euroopa Komisjoni 9. oktoobri 2014 rakendusotsusega kehtestatud I kitsenduste tsooni jäävad maakonnad ja vallad on järgmised:

- 1) Jõgevamaa
 - Kasepää vald
 - Saare vald
 - Torma vald
- 2) Lääne-Virumaa
 - Laekvere vald
 - Rägavere vald
 - Sõmeru vald
 - Vinni vald
 - Viru-Nigula vald
 - Kunda linn
- 3) Pärnumaa
 - Häädemeeste vald
 - Paikuse vald
 - Saarde vald
 - Surju vald
 - Tahkuranna vald
- 4) Tartumaa
 - Kambja vald
 - Konguta vald
 - Nõo vald
 - Puhja vald
 - Rannu vald
 - Rõngu vald
- 5) Viljandimaa
 - Kolga-Jaani vald
 - Kõo vald
 - Kõpu vald
 - Suure-Jaani vald
 - Viljandi vald (v.a endise Paistu valla ala)
 - Viljandi linn
- 6) Põlvamaa kogu maakond
- 7) Võrumaa kogu maakond

Tabelis kolm on summeeritud seakarjade ja sigade arv kogu maakonnas, mis on hõlmatud I tsooni kitsendustega kas tervikuna või osaliselt, jättes välja maakonnad, mis on hõlmatud II tsooni kitsendustega.

Tabel 3. Seakarjade (ehitiste arvu alusel) ja sigade arv Euroopa Komisjoni 9. oktoobri rakendusotsuse alusel kehtestatud I kitsenduste tsoonist hõlmatud maakondades v.a II tsooniga hõlmatud maakonnad (Jõgeva, Lääne-Viru, Põlva, Pärnu, Tartu)

Karja suurusklass	Karjade arv	Sigade arv	Karjade arv, kus peetakse metssigu või ristandeid	Metssigade ja ristandite arv	Seakarjade arv, millele tehtud ettekirjutus*	Sigade arv karjades, millele tehtud ettekirjutus*
1-10	274	1015	3	8	5	22
11-25	37	581	2	32	2	29
26-50	16	588			1	33
51-100	3	201				
>100	68	199431			7	16913
Kokku	590	201816	5	40	15	16997

* Bioturvalisuse probleemidega seotud ettekirjutus

Laiendades meetme rakendamist I tsooni kitsendustega hõlmatud maakondadele lisandub kolme väikseima suuruskategooria seakarju ca 325 ja seal peetavaid sigu ca 2150.

Eeltoodud arvutused põhinevad karja suurusel kui peamisel kriteeriumil ennetava tapmise rakendamiseks. Ennetavalt tapetavate karjade arvu on võimalik vähendada meetme tõhusust oluliselt vähendamata, kui lisaks loomade arvule võtta arvesse ka majapidamise paiknemine ja selle bioturvalisuse tase.

Küsimusele, kas meedet tasuks rakendada mõnes kindlas geograafilises piirkonnas (piirialad) ja/või suurtootmist ümbritseval 3 km ja 10 km raadiusega alal, saab vastata, et praegu kehtivad kitsendustega tsoonid hõlmavad Eesti maismaa piiridel asuvaid maakondi, siis meetme rakendamisel kitsendustega tsoonides saavad piirialad kaetud.

Kui rakendada meedet ümber suurettevõtete, siis tuleb arvestada, et kitsendused 3 km ja 10 km tsoonides ei erine oluliselt, mistõttu on mõtet meedet rakendada vähemalt 10 km raadiuses suurettevõtetest. Küsimuseks jääb, kuidas määratletakse, millised ettevõtted on suurettevõtted ja kui võrd muudab see keerulisemaks meetme administreerimise.

2.2 Sigade klassikalise katku riskiprofiil Eestis

Sigade klassikalise katku riskiprofiil koostati 2011. aastal, mil lähim leviala asus Venemaal ning lähim EL-i liikmesriik, kus nakkus oli tuvastatud oli Leedu

Kokkuvõte

Sigade klassikaline katk (SKK) on väga kontagioosne ägedalt kulgev eriti ohtlik ja teatamiskohustuslik sigade pestiviroos. Sigade klassikaline katk ohustab nii kodu- kui metssigu. Viiruse suure virulentsuse korral tekib ägedalt kulgev haigus, mis enamikul juhtudel lõppeb letaalselt. Tavaliselt kulgeb SKK mõõduka infektsioonina ja sekundaarsete infektsioonide tõttu võib see olla raskesti diagnoositav.

Viiruse ülekande toimub enamasti otsese kontakti tulemusena, kuid on võimalik ka kaudne ülekande ja nakatumine toidujäätmete vahendusel. Looduskeskkonnas on viiruse stabiilsus mõõdukas. Nii püsib viirus mõõdukatel temperatuuridel nakkusvõimelisena mõnest tunnist mõne päevani. Madalad temperatuurid konserveerivad viiruse. Eriti kaua säilib SKK viirus (SKKV) nakkusvõimelisena proteiinirikas keskkonnas, nt suitsutatud, soolatud või külmutatud lihas.

Tänapäeval levib haigus endeemilisena metssigadel mitmes Euroopa riigis (sh Saksamaa, Prantsusmaa jt). Venemaal esineb haigust nii kodu- kui metssigadel. Käesoleval aastal olid SKK puhangud Leedus Kaunase piirkonna seakasvatustevõtetes. Eestis registreeriti viimane SKK puhang 1994. a jaanuaris Viljandimaal.

Vallandumise analüüs näitas, et arvestatavateks nakkuse Eestisse jõudmise moodusteks on:

- nakatunud sea või seasperma maale toomine;
- nakatunud metssea migreerumine Eestisse;
- SKKVga saastunud veoki saabumine Eestisse;
- SKKVD sisaldava sealiha või sealiha toote maale toomine.

Kõikide loetletud tegurite puhul on vallandumise tõenäosus väike eeldusel, et:

- 1) kontrollitakse Euroopa Liidu riikidest toodud loomade tervislikku seisundit ja lihatoodete päritolu;
- 2) järgitakse seadusandlusega ette nähtud piiranguid loomade ja toiduainete impordile ohupiirkondadest;
- 3) kontrollitakse isiklikuks tarbimiseks toidu toomist ohupiirkondadest Eestisse;
- 4) piiril kontrollitakse riiki saabuvate loomaveokite tegelikku sanitaarset seisundit;
- 5) SKK ei levi lähipiirkondades metssigadel.

Võrreldes sigade Aafrika katkuga (SAK) on vallandumise tõenäosus eeldatavalt mõnevõrra suurem. Esiteks põhjusel, et haigus levib püsivalt Euroopa Liidu territooriumil metsseapopulatsioonides ning aeg-ajalt esineb puhanguid ka kodusigadel, kusjuures Euroopa liidust tuuakse Eestisse nii sigu, seaspermat kui sealiha. Teiseks, haigus on endeemiline Venemaal, kus paljud nakkusjuhud jäävad tuvastamata tänu laialt kasutatavale vaktsineerimisele, mis võib välistada haigestumise, kuid ei välista viiruse levikut karjas, mille tõttu viiruse leidumine tapasigade lihas on tõenäolisem.

Eksponeeringu analüüs näitas, et kõikide eelloetletud vallandumistegurite puhul on Eesti sigade eksponeering viirusele võimalik. Eksponeeringu tõenäosus on keskmine kuni väga suur, välja arvatud nakkuse maale toomisel toiduga, mille puhul eksponeeringu tõenäosus on väike. Eksponeeringu tõenäosus saastunud veoki vahendusel on eeldatavalt väiksem kui SAK puhul, kuna SKKV stabiilsus väliskeskkonnas on väiksem kui SAK viirusel.

Eksponeeringu iseloom on erinevate vallandumistegurite puhul erinev. Kui loomade legaalse impordi ja loomaveokite puhul on eksponeeritud eeskätt suuremad seakarjad, kust toimub sigade eksport Venemaale ning kuhu võidakse tuua sigu või spermat ELi maadest, siis loomade illegaalse impordi,

nakatunud toiduainete sisseveo ja nakkuse metssigadega riiki saabumise korral on eksponeeritud eelkõige väikemajapidamiste sead.

Tagajärgede analüüs näitas, et mistahes ulatusega SKK puhangul oleksid Eesti majandusele olulised või väga olulised tagajärjed, kuna see pärsiks elussigade ja seakasvatussaaduste eksporti. Ulatuslikum puhang nõuaks ka oluliste kulutuste tegemist tõrjemeetmete rakendamiseks ning tooks kaasa olulisi keskkonna mõjusid.

Tulenevalt SKK puhangu suurest või väga suurest mõjust loomatervisele, majandusele ja keskkonnale, on SKK riskitase Eesti jaoks keskmine, vaatamata sellele, et puhangu tekkimise tõenäosus on väike kõikide vallandumistegurite puhul. Samas suurendab vallandumise riski vallandumistegurite rohkus.

SKK peamised ohupiirkonnad olid 2011. aastal EL-i Kesk-Euroopa liikmesriigid ja Venemaa. Kõikide loetletud ohustsenaariumide realiseerumise tõenäosus on suurem kui minimaalne, mis tähendab, et ennetusmeetmete rakendamine nende ohjamiseks on põhjendatud ja vajalik.

2.3 Suu- ja sõrataudi riskiprofiil Eestis

Suu- ja Sõrataudi riskiprofiil koostati 2012. aastal

Kokkuvõte

Suu- ja sõrataud (SST) on teatamiskohustuslik väga kontagioosne pikornaviroos, mis ohustab nii kodu- kui uluksõralisi. Haigestunud loomal tekivad haavanduvad villid suuõõne ja keele limaskestale, ninapeeglil, sõrapiirkonnas ning udaral. Noorloomadel võib haigus põhjustada südamelihase ja skeletilihaste düstroofiat ning suurt suremust. Täiskasvanud loomad enamasti paranevad, kuid haiguse läbipõdenutel võib tekkida püsiv toodangulangus, sõrgade kahjustus ja krooniline mastiit. SST põhjustab haigestunud loomadel suurt stressi ja valu. Haigestumus on kõikides vanusegruppides väga suur. SST levimine riigis toob endaga kaasa piirangud kauplemisel loomade ja loomsete saadustega ning suured kulutused taudi likvideerimiseks.

SST viirus (SSTV) levib nii otsese kui kaudse kontakti teel kokkupuutes infitseeritud loomade, nende sekreetide ja ekskreetidega, samuti viirusega saastunud sööda ja esemetega ning mehhaaniliste ülekandetegurite abil (veokid, loomad, inimesed jms). Soodsates ilmastikutingimustes on võimalik viiruse levik tuulega. Viiruse ülekandumine on võimalik ka spermaga.

SST levib endeemilisena paljudes Aasia ja Aafrika riikides. Erinevates piirkondades levivad erinevad SSTV serotüübid. Serotüüpe A ja O on esinenud kõikides maailmajagudes. Serotüübi Asia 1 levik on seni piirdunud peamiselt Aasiaga ning SAT 1-3 levik Aafrika mandriga. Kõige haruldasem on serotüüp C, mille puhanguid on esinenud vaid Lõuna-Ameerikas ning üksikutes Aasia ja Aafrika riikides.

Vallandumise analüüs näitab, et arvestatavad nakkuse Eestisse jõudmise moodused on:

- nakatunud põllumajanduslooma, avalikuks näitamiseks mõeldud looma või lemmiklooma sissevedu;
- SSTV-ga saastunud veoki saabumine Eestisse;
- SSTV-d sisaldava toidu või toidujäätmete sissevedu.

Kõikide loetletud tegurite puhul on vallandumise tõenäosus kas väike või väga väike eeldusel, et:

- 1) SST ei levi Eesti lähipiirkondades;
- 2) kontrollitakse Euroopa Liidu riikidest toodud loomade tervislikku seisundit ja lihatoodete päritolu;

- 3) järgitakse seadusandlusega ette nähtud piiranguid loomade ja toiduainete impordile ohupiirkondadest;
- 4) kontrollitakse isiklikuks tarbimiseks toidu toomist ohupiirkondadest Eestisse;
- 5) piiril kontrollitakse riiki saabuvate loomaveokite tegelikku sanitaarset seisundit.

SST vallandumise tõenäosust suurendavad vastuvõtlike loomaliikide suur arv, suhteliselt tihedad kaubandus- jm sidemed SST riskiriikidega ning viiruse pikaajaline säilimine nakkusvõimelisena lihasaadustes. Vallandumist takistab SST levimine Eestist kaugetes riikides või piirkondades.

Eksponeeringu analüüs näitab, et kõikide elloetletud vallandumistegurite puhul on Eesti vastuvõtlike loomade eksponeering viirusele võimalik. Eksponeeringu tõenäosus on erinevate tegurite puhul erinev. Nakatunud loomade riiki toomisel on eksponeeringu tõenäosus suur või väga suur, v.a lemmikloomad, kelle puhul on eksponeeringu tõenäosus väga väike. Nakkuse Eestisse levimisel saastunud transpordivahendiga on eksponeeringu tõenäosus keskmine ning viirusega saastunud toidu ja toidujäätmete puhul väga väike.

Eksponeeringu iseloom on erinevate vallandumistegurite korral erinev. Kui loomade legaalse impordi ja loomaveokite puhul on eksponeeritud eeskätt suuremad ettevõtted, kust toimub loomade eksport kolmandatesse riikidesse ning kuhu võidakse tuua loomi teistest riikidest, siis loomade illegaalse impordi ja saastunud toiduainete sisseveo korral on eksponeeritud eelkõige väikemajapidamiste loomad.

Tagajärgede analüüs näitab, et mistahes ulatusega SST puhangul oleksid Eesti majandusele olulised või väga olulised tagajärjed, kuna see pärsiks elusloomade ja loomakasvatussaaduste ekspordi. Ulatuslikum puhang nõuaks ka oluliste kulutuste tegemist tõrjemeetmete rakendamiseks ning tooks kaasa olulisi keskkonnamõjusid.

Tulenevalt SST puhangu suurest või väga suurest mõjust loomatervisele, majandusele ja keskkonnale on SST riskitase Eesti jaoks keskmine, vaatamata sellele, et puhangu tekkimise tõenäosus on väike kõikide vallandumistegurite puhul.

Kõikide loetletud ohustsenaariumide realiseerumise tõenäosus on suurem kui minimaalne, mis tähendab, et ennetusmeetmete rakendamine nende ohjamiseks on põhjendatud ja vajalik.

2.4. Kõrge patogeensusega lindude gripi riskiprofiil Eestis

Kõrge patogeensusega lindude gripi riskiprofiil koostati 2012. aastal, kui puhanguid Euroopa Liidus ei esinenud.

Kokkuvõte

(LG) on väga kontagioosne eriti ohtlik ja teatamiskohustuslik lindude ortomüksoviroos, mis ohustab nii mets- kui kodulinde. Madala patogeensusega lindude gripi (MPLG) viirusnakkus kulgeb metslindudel enamasti subkliiniliselt. Kodulindudel põhjustab see mõõduka raskusastmega haigestumist. Kõrge patogeensusega lindude gripi (KPLG) viirusnakkuse tagajärjel võib hukkuda 90-100% kodulindude populatsioonist. Lindude gripp võib levida epideemiana, mille tulemuseks on lindude ja linnukasvatussaaduste ekspordi keeld ja tõsine majanduslik kahju. LG viirused on ohtlikud ka imetajatele, k.a inimene. Käesolevas riskiprofiili kirjelduses käsitletakse peamiselt KPLG Eestisse jõudmise ja kodulindude populatsiooni sattumise ning seal levimise riske.

Käesoleval ajal on MPLG viirused levinud metslindudel kogu maailmas. Ka Eestis on MPLG viiruste esinemine metslindudel kinnitust leidnud.

KPLG viiruse erinevaid alatüüpe on 2012. aastal diagnoositud kodulindudel mitmes Lõuna-Aasia riigis, Mehhikos ja Lõuna-Aafrika Vabariigis. KPLG-d ei ole Eestis kunagi diagnoositud.

Vallandumise analüüs näitab, et arvestatavateks KPLG nakkuse Eestisse jõudmise moodusteks on:

- KPLGV-ga nakatunud metslindude sisenemine riiki,
- Eestis leviva MPLGV muteerumine KPLG viiruseks.
- KPLGV-ga nakatunud kodulindude maale toomine (k.a haudemunad),
- KPLGV-ga nakatunud imetajate maale jõudmine
- KPLGV-ga saastunud toidu ja toidujäätmete maale toomine,

Vallandumise tõenäosus on enamus tegurite puhul väga väike. Kõige suurem on tõenäosus, et viirus jõuab Eestisse metslindudega või tekib metslinnupopulatsioonis MPLGV muteerumise tagajärjel KPLGV-ks.

Eksponeeringu analüüs näitab, et põllumajanduslindude eksponeeringu tõenäosus KPLG viirusele on väga suur nakatunud põllumajanduslindude toomisel Eestisse ja metslindude puhul infitseeritud metslindude migreerumisel Eestisse, samuti MPLGV muteerumisel KPLGV-ks põllumajanduslindude või metslindude populatsioonis. Suur on eksponeeringu tõenäosus infitseeritud lindude toomisel loomaaeda või turismitalusse. Põllumajanduslindude eksponeeringu tõenäosus infitseeritud metslindudele on keskmine.

Tagajärgede analüüsi alusel võib öelda, et mis tahes viisil Eestisse jõudnud ja mis tahes ulatusega KPLG puhang põllumajanduslindude populatsioonis on riigi jaoks oluliste majanduslike tagajärgedega. Olenemata haiguse leviku ulatusest kaasnevad sellega piirangud rahvusvahelisele kaubandusele lindude ja linnukasvatussaadustega. Laiaulatuslikum puhang tähendaks olulisi kulutusi tõrjemeetmetele ja tooks kaasa olulisi keskkonnamõjusid. Haiguse levimine vaid metslindude populatsioonis ei põhjustaks väga olulisi mõjusid majandusele.

Tulenevalt KPLG puhangu suurest mõjust majandusele on KPLG riskitase Eesti jaoks keskmine, mis tähendab, et ennetusmeetmete rakendamine eelnimetatud vallandumistegurite ohjamiseks on põhjendatud ja vajalik.

2.5 Newcastle'i haiguse riskiprofiil Eestis

Newcastle'i haiguse riskiprofiil koostati 2013. aastal.

Kokkuvõte

Newcastle'i haigus (NH) on ägedalt kulgev lindude paramüksoviroos. Haigus iseloomustub kanadel pneumoonia, entsefaliidi, hemorraagilise diateesi ja suure suremusega. NH tekitaja kuulub *Paramyxoviridae* sugukonna *Avulavirus* perekonda, milles on kokku 10 lindude paramüksoviiruse (APMV) serotüüpi. APMV-1 tüved klassifitseeritakse virulentsuse alusel kanadel kolme patotüüpi. Lentogeensed tüved on madala, mesogeensed mõõduka ja velogeensed kõrge virulentsusega.

Kodulindudest on haigusele eriti vastuvõtlikud kanalised. Velogeensed NH tekitajad põhjustavad vaktsineerimata kanadel kuni 100% haigestumise ja suremuse. Vaktsineeritud linnud põevad NH-d tavaliselt kergemini. Tuvid on haigusele väga vastuvõtlikud. Metslinnud, eriti veelinnud põevad APMV-1 infektsiooni enamasti asümptomaatiliselt. Inimesed võivad haigestuda otsesel kokkupuutel APMV-1 velogeensete tüvedega.

NH võib levida epideemiana, mille tulemuseks on taudipiirkonnast pärit lindude ja linnukasvatussaadustega kauplemise piirang ning tõsine majanduslik kahju. Käesolevas riskiprofiili kirjelduses käsitletakse NHV kodulindude populatsiooni sattumise ning seal levimise riske Eestis. Eksponeeringu, infitseerumise ja tagajärgede hindamisel on arvestatud ka kodulinnukarjade vaktsineerimisega. Eestis on üle 50 linnuga kodulinnukarjade NH vastane vaktsineerimine alates 2008. aastast kohustuslik.

NH-d on registreeritud kodulindudel kõikides maailmajagudes. Eestis diagnoositi kõrge virulentsusega APMV-1 tuvidel 2006. aastal ja kodulindudel 2007. aastal, mil ametlik diagnoos pandi kahes kanakarjas – üks Viljandi- ja teine Harjumaal. Ka järgnevatel aastatel on viirust tuvastatud üksikutel juhtudel nii mets- kui kodulindudel.

Vallandumise analüüs näitab, et arvestatavateks kodulindudega seotud NHV nakkuse vallandumise teguriteks Eestis on:

- NHV-ga nakatunud kodulindude riiki toomine;
- NHV-ga saastunud toidu ja toidujäätmete sissevedu;
- NHV-ga saastunud transpordivahendi saabumine riiki.

Vallandumise tõenäosus on kõigi nimetatud tegurite puhul **väga väike** eeldusel, et Eesti lähiriikides ei ole NH puhanguid.

Lisaks tuleb arvestada APMV-1 nakkuse võimaliku endeemilise esinemisega Eesti metslindude (eelkõige tuvid) populatsioonis, kust nakkus võib üle kanduda kodulindudele.

Eksponeeringu ja infitseerumise tõenäosus on NHV puhul kõige suurem (väga suur) nakatunud põllumajanduslindude toomisel Eestisse ja nakatunud metslindude kontakteerumisel vaktsineerimata kodulindudega. Teiste karjade esmasele koldele eksponeeringu ja sellele järgneva infitseerumise summaarne tõenäosus on vaktsineerimata lindude puhul suurem kui vaktsineeritud karjades.

Tagajärgede analüüsi alusel võib öelda, et mis tahes viisil Eesti linnukarjadesse jõudnud ja regionaalsel või riigi tasandil levinud NH puhang põllumajanduslindude populatsioonis on riigi jaoks oluliste majanduslike tagajärgedega, kuna sellega võivad kaasned piirangud rahvusvahelisele kaubandusele lindude ja linnukasvatussaadustega. Laiaulatuslikum puhang tähendaks olulisi kulutusi tõrjemeetmetele ja tooks kaasa olulisi keskkonnamõjusid. Sellest tulenevalt on NH **riskitase** Eesti jaoks **keskmise**.

2.6 Lääne-Niiluse palaviku riskiprofiil Eestis

Lääne-Niiluse palaviku riskiprofiil koostati 2013. aastal

Kokkuvõte

Lääne-Niiluse palavik (LNP) on sääskede poolt levitatav zoonoos, mille peamiseks reservuaarperemeesteks on linnud ning millesse võivad haigestuda inimesed, hobuslased ja mitmed linnuliigid. Enamasti kulgeb haigus kergete sümptomitega, kuid mõnel juhul võib tekkida raskekujuline neuroloogiline surmaga lõppev haigus.

LNP tekitajaks on *Flaviviridae* sugukonna *Flavivirus* perekonda kuuluv arboviirus, kellel on väga lai peremeeste ring. LNP viirus (LNPV) on võimeline paljunema lindude, roomajate, kahepaiksete, imetajate, sääskede ja puukide organismis.

Kuni 1994. aastani esines LNP inimestel ja hobustel ainult sporaadiliselt või piiratud epideemiadena. Rasked närvinähtudega haigestumised olid haruldased. Alates 1990. aastate teisest poolest registreeriti inimestel tõsisemat neuroloogilise kuluga LNP-d ja sellest põhjustatud surmajuhtumeid ning haigus levis Alžeerias, Marokos, Tuneesias, Sudaanis, Iisraelis Rumeenias, Itaalias ja Venemaal. Alates 1999. aastast levis LNP kiiresti ja laialdaselt Põhja-Ameerikas, tekitades raskete tagajärgedega epideemiaid inimestel ja hobustel. Euroopa riikidest on LNP-d 2013. aastal loomadel registreeritud endeemilisena Austrias, Hispaanias ja Itaalias ning üksikjuhtudena Bosnia-Hertsegoviinas, Horvaatias ja Kreekas.

LNP-le on vastuvõtlikud nii linnud, imetajad kui inimesed. Imetajatest on kõige vastuvõtlikumad hobused, kellel LNP lõpeb sageli surmaga. Enamasti saavad imetajad nakkuse infitseeritud sääskede vahendusel. Karnivoorid ja reptiilid võivad nakatuda ka viirust sisaldavat liha süües. Inimeste nakatumine LNPV-ga toimub samuti peamiselt verdimevate sääskede vahendusel, kuid see võib toimuda ka nakatunud lindude käsitlemisel. Viiruse levikuks soodsates keskkonnatingimustes infitseerub suve lõpuks suur hulk viirust siirutavaid sääski, kes võivad levitada LNPV-d inimestele, hobustele ja teistele vastuvõtlikele liikidele. Viirust ei kannu edasi kõik sääseliigid. Eriti olulisteks LNPV siirutajateks on pistesääsklaste (*Culicidae*) sugukonna laulusääskede (*Culex*) perekonna esindajad harilik laulusääsk (*Culex pipiens*), *Cx. quinquefasciatus*, *Cx. restuans*, *Cx. salinarius* ja *Cx. tarsalis*. Olulist rolli viiruse ülekandmises võivad mängida laulusääskedest ka *Culex nigripalpus*, metsasääskedest *Aedes albopictus* ja *Aedes vexans* ning metsasääskede perekonna alamperekonna *Ochlerotatus* liigid. Eestis leidub oluliste LNP siirutajatena käsitletud *Culicidae* sugukonna *Culex* perekonna sääskedest ainult harilikku laulusääske ja *Aedes* perekonnast liiki *Aedes vexans*.

Alamperekonna *Ochlerotatus* sääskedest on Eestis registreeritud 16 liiki. Euroopas peetakse peamiseks LNPV siirutajateks laulusääske, kes on toitumisviisilt peamiselt ornitofiilne ja talvitub valmikuna.

LNPV peamiseks reservuaarperemeesteks on linnud. Endeemilistes regioonides tsirkuleerib viirus pidevalt lindude ja sääskede populatsioonis. LNPV levitamisel olulist rolli omavatest linnuliikidest esinevad Eestis paljud värvuliste, haukaliste, pistrikuliste, kurvitsaliste, kakuliste jt seltside liigid.

Kokkuvõttes saab järeldada, et Eestis on olemas LNPV levimist võimaldavad tingimused vastuvõtlike linnuliikide ja siirutava potentsiaaliga sääseliikide näol. Viiruse Eestisse jõudmist rändlindudega ei ole võimalik vältida. Nakatunud hobustega viiruse maaletoomise riski loetakse minimaalseks. Viiruse maaletoomist nakatunud kodulindudega saab vältida profülaktilise karantiini meetmete rakendamisega.

2.7 Hobuste nakkava kehvvveresuse riskiprofiil Eestis

Hobuste nakkava kehvvveresuse riskiprofiil koostati 2014. aastal

Kokkuvõte

Hobuste nakkav kehvvveresus (EIA) on kogu maailmas levinud hobuslaste retroviirus, millele on iseloomulikud perioodiliselt taastekkivad kliinilised tunnused nagu palavik, aneemia, trombotsütopeenia, kiire kaalulangus ja alumiste kehaosade turse. Ägedad haigussööstud üle elanud hobusel järgneb enamasti haiguse krooniline järk ja nakkus kulgeb edasi varjatult. Nakatunud loomad jäävad kogu eluks viirusekandjaks.

Hobuste nakkava kehvvveresus viirusele (EIAV) on vastuvõtlikud kõik hobuslased. Kliiniliselt haigestuvad hobused ja ponid (*Equus caballus*), haigestumise tunnuseid on täheldatud ka muuladel. Haigus ei ole inimesele ohtlik.

EIAV-d siirutavad verdimevad putukad, peamiselt parmud. EIAV potentsiaalseteks siirutajateks olevatest parmlastest leidub Eestis vähemalt kümne liigi esindajaid.

EIA on levinud kõikides maailmajagudes. Haigust on viimastel aastatel esinenud mitmes Euroopa riigis. Eestis registreeriti EIA viimati 1996. aastal.

Vallandumise analüüs näitab, et arvestatavateks EIA vallandumise (riiki toomise) teedeks on:

- 1) EIAV-ga nakatunud hobuslase maale toomine;
- 2) EIAV-ga saastunud sperma maale toomine.

Nimetatud tegurite puhul on vallandumise tõenäosus väike eeldusel, et hobuste ja sperma maale toomisel järgitakse kehtivaid veterinaarnõudeid.

Eksponeeringu hindamine näitab, et EIA jõudmisel Eestisse on nakkuse edasi levimine suhteliselt tõenäoline. Siin on olemas kompetentsed siirutajad ning käesoleval ajal puudub kohustuslik seiresüsteem, mis võimaldaks nakkuse kiiret avastamist. Et nakkus kulgeb enamasti subkliinilisena, siis võib kuluda kuid enne kui see avastatakse, mis loob soodsa olukorra nakkuse levimiseks.

2.8. Veiste tuberkuloosi Eestisse toomise riski kvantitatiivse hindamise matemaatiline mudel

Sissejuhatus

Veiste tuberkuloos kui oluline zoonoos ja loomatervist mõjutav haigus on Euroopa Liidus teatamiskohustuslik ning kuulub haiguste nimekirja, mille suhtes liikmesriikidel on kohustus rakendada tõrjemeetmeid. Eesti tuberkuloosivaba staatus sai Euroopa komisjoni ametliku tunnustuse 2012. aastal, ehkki viimast korda diagnoositi haigust Eestis 1978. aastal. 2013. aasta seisuga oli 28-st EL liikmesriigist direktiivi 64/432/EEC mõistes ametlikult veiste tuberkuloosi (VTB) vaba 15. Lisaks omasid vaba staatust mitmed piirkonnad Itaalias, üks piirkond Portugalis ja Šotimaa Ühendkuningriikides ning EL välistest riikidest Norra ja Šveits. Ametlikult vaba staatus direktiivi 64/432/EEC mõistes tähendab, et vähemalt 99,8% veisekarjadest riigis või piirkonnas on ametlikult VTB vabad.

Eelnimetatud 17 ametlikult VTB vabast riigist seitsmes esineb endiselt VTB veisekarjades (3-112 nakatunud karja; karjalevimus 0,003 – 0,114). Kuigi nimetatud karjade suhtes kehtivad kitsendused, mis peaksid välistama nakkuse levimise teistesse karjadesse, tekib sageli ka uusi nakatumisi, mistõttu ei saa välistada, et neis riikides esineb avastamata nakkusega karju. Et ametlikult VTB vabast karjast, mis asub ametlikult VTB vabas liikmesriigis, loomade müümisel teise liikmesriiki ei ole kohustust neid uurida VTB suhtes, siis eksisteerib risk nakkuse levikuks VTB vabast riigist teistesse riikidesse ka legaalse kaubavahetuse korras. Lisaks on lubatud osta veiseid ka VTB mittevaba maa ametlikult vabast karjast pärast VTB diagnoosimiseks tehtud uuringuid. Et tuberkuliini nahatesti tundlikkus ei ole absoluutne, siis eksisteerib ka siinjuures risk nakatunud looma Eestisse jõudmiseks seaduslikul teel.

01.01.2011- 31.10.2014 toodi teistest riikidest Eestisse 3960 veist. Andmed veiste päritolu ja riikide VTB-alase staatuse kohta on esitatud tabelis 1.

Tabel 1. Eestisse 01.01.2011- 31.10.2014 ostetud veiste päritolu ja päritoluriikide VTB alane olukord 2013. aastal

Riik	VTB staatus	VTB karjalevimus 2013 (%)	Ostetud loomade arv
Belgia	Ametlikult vaba	0,03	4
Holland	Ametlikult vaba	0,01	307
Leedu	Ametlikult mitte vaba	0	67
Läti	Ametlikult vaba	0	82
Prantsusmaa	Ametlikult vaba	0,05	123
Rootsi	Ametlikult vaba	0	225
Saksamaa	Ametlikult vaba	0,114	601
Soome	Ametlikult vaba	0	503
Suurbritannia (Šotimaa)	Ametlikult vaba	0,02	263
Šveits	Ametlikult vaba	-	75
Taani	Ametlikult vaba	0	1380
Tšehhi	Ametlikult vaba	0	317
Ungari	Ametlikult mitte vaba	0,03	13
Kokku	X	X	3960

Lähtuvalt eeltoodust koostati matemaatilised mudelid VTB Eestisse EL liikmesriikidest toomise riski kvantitatiivseks hindamiseks.

Mudelite koostamise üldised alused

Mudelid põhinevad OIE kvantitatiivse riskihindamise käsiraamatu: Murray N., *Handbook on Import Risk Analysis for Animals and Animal Products, Vol 2, Quantitative risk assessment*, peatükis 5: „*Probability processes and calculations*”, osas: “*The probability of including at least one infected animal in a consignment*”, alalõigus: “*Sanitary measures are applied, a) Test positive animals are rejected, b) Test positive groups are rejected*, toodud printsiipidel ja võrranditel.

Täpsemini – “ühe karja mudel” kasutab võrrandit 47 leheküljelt 57 (lihtne olukord, kus nakkuse levimus, ostetavate loomade arv ja kasutatava diagnostilise testi parameetrid on kõikide karjade jaoks võrdsed).

Realistlikum “kolme karja mudel” kasutab võrrandit 50 leheküljelt 58 (levimus, ostetavate loomade arv ja testi parameetrid võivad varieeruda karjast karja).

Olukorras, kus testpositiivse rühma loomade maale toomisest keeldutakse (b) *Test positive groups are rejected*) on sobiv valem nr 56 leheküljelt 59, mis võimaldab levimust, loomade arvu ja testi parameetreid varieerida karjades.

Mõlemad võimalused: a) Keeldutakse testpositiivsest loomast ja b) keeldutakse testpositiivset looma sisaldavast rühmast, on rakendatud “kolme karja mudeli” teises versioonis: “BTBmodel_3_rejeither”.

Joonistel 1 ja 2 on esitatud modelleeritud riskistsenaariumide kirjeldus stsenaariumipuu kujul vastavalt veiste toomisel ametlikult VTB vabast liikmesriigist ja ametlikult VTB-mittevabast riigist.

Mudelite koostamiseks kasutati nn BUGS projekti (*Bayesian inference Using Gibbs Sampling*) raames loodud tarkvara OpenBUGS (<http://www.openbugs.net/w/FrontPage>);

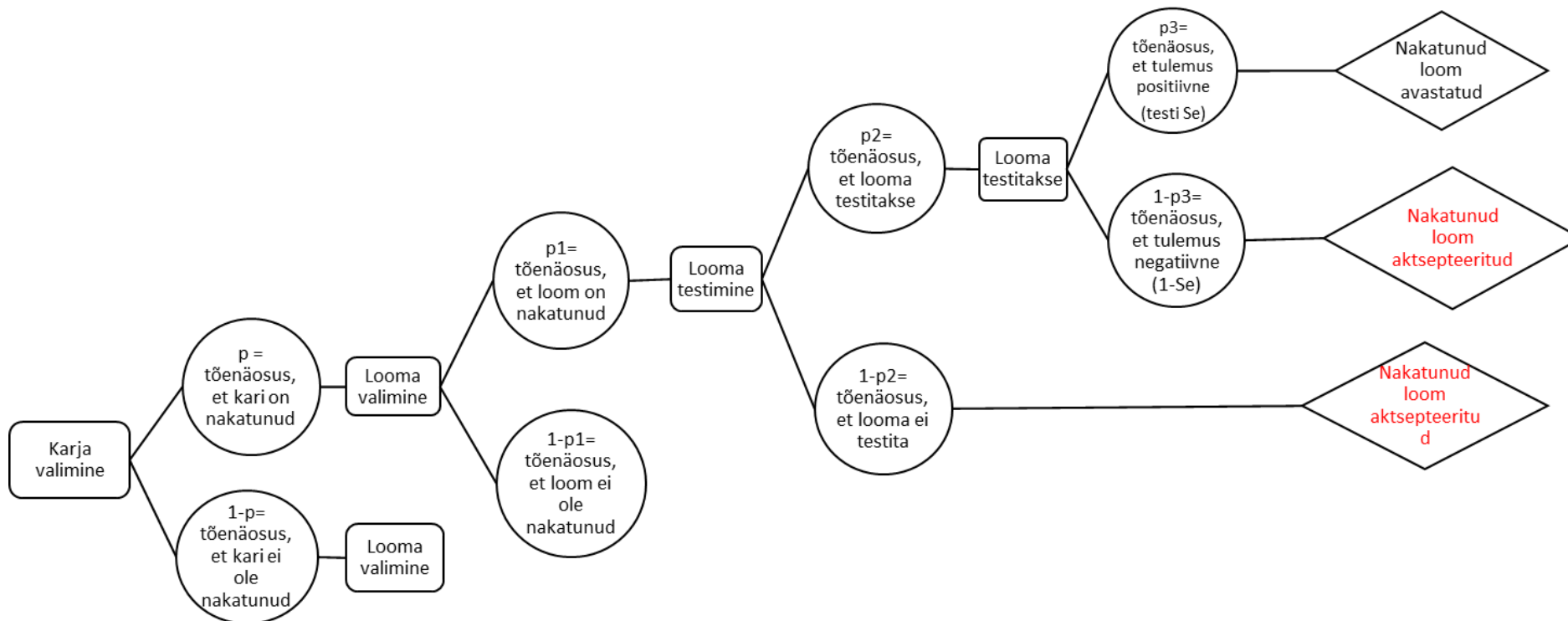
Karjade arvu mudeli sisendina saab lihtsalt suurendada muutes mudeli koodi.

Mudeli kirjeldus

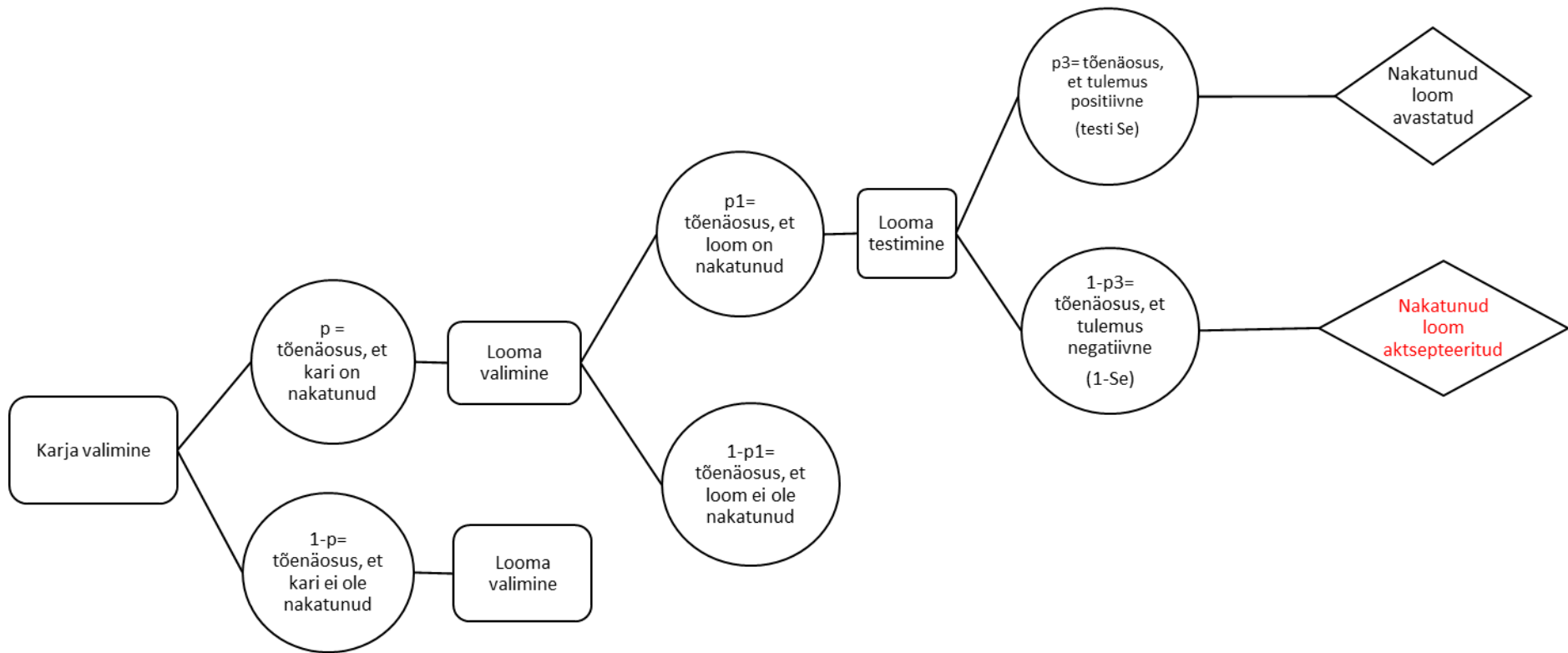
Mudelite kood on esitatud lisas 1.

- Rida 1 ja Rida 17: Määratle tsüklite arv, s.t. karjade arv mudelis.
Nr 3 tuleb asendada vajaliku arvuga mõlemas reas DATA moodul peab siis sisaldama vastava arvu veergusid karjaspetsiifiliste andmetega eraldajaks tab
- Rida 2: lisanduvate karjade indekseeritud tulemused tuleb lisada korrutisse.
Nt 5 karja korral: restot <- 1 - res[1]*res[2]*res[3]*res[4]*res[5]
- Rida 3: karja, kust ost toimub, loomade varasema testimise tulemused
Arv tähistab positiivsete loomade arvu
- Rida 4: varem testitud loomade koguarv
aprioorne nakkuse levimus on ühtlane (beta(1,1)) ja arve ridades 3 ja 4 kasutatakse aposterioorse jaotuse kalkuleerimiseks, mis kirjeldab nakkuse levimust paremini
- Rida 5: nakkuse levimuse alumine piir
- Rida 6: nakkuse levimuse ülemine piir
See aprioorne teave põhineb tegelikel andmetel või ekspertarvamusel

- Rida 7 kuni 10: Sama informatsioon, mis ridades 3 .. 6, kuid karjatasandil
- Rida 11: Ostmisel testitud loomade arv, kes said negatiivse tulemuse
- Rida 12: kasutusel vaid “ühe karja mudelis”
- Rida 13 ja 14: parameetrid beeta-jaotusele kasutatud testi tundlikkuse kirjeldamiseks (Se)
- Rida 15 ja 16: parameetrid testi spetsiifilisusele (Sp).
Testi Se ja Sp on tõenäoliselt (kuid mitte ilmtingimata) iga karja jaoks samad.
Tegelikud väärtused nendele parameetritele võib leida kirjandusest või testi tootjalt.
Beeta-jaotuse α ja β parameetrid saab määrata tarkvara Betabuster abil (University of Davis, California USA <http://www.epi.ucdavis.edu/diagnostictests/betabuster.html>).



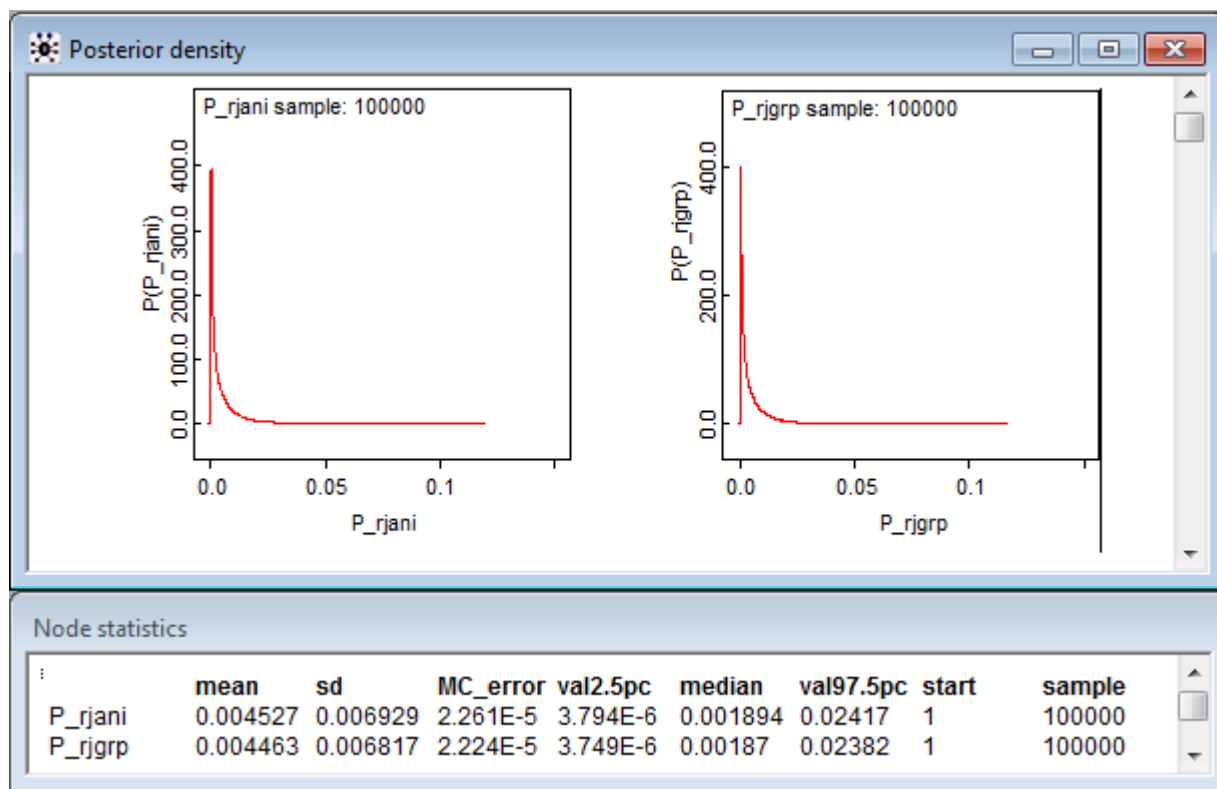
Joonis 1. Stsenariumipuu, mis kirjeldab nakatunud looma maale toomise riskistsenaariumi ametlikult veist tuberkuloosi vabast riigist



Joonis 2. Stsenariumipuu, mis kirjeldab nakatunud looma maale toomise riskistsenaariumi veiste tuberkuloosi vabast karjast ametlikult mittevabas riigis

Mudeli väljundid

Mudeli väljundiks on tõenäosus, millega üks maale toodud loomapartii loomadest on nakatunud, olukorras, kus kõik maale toodud loomad osutusid testimisel negatiivseks. See tõenäosus on esitatud graafiliselt (vt. joonis 1) ja kirjeldatud mitme statistilise parameetriga, nagu keskmine, mediaan ja asjakohased protsentiilid.



Joonis 3. Mudeli väljundid 10 000 iteratsiooni järgselt

Mudeli väljundi tõlgendus:

Käesolevaga hinnati VTB tekitajaga nakatunud veise maale toomise riski suurust ametlikult VTB vabast liikmesriigist, kus endiselt esineb lubatud määral VTB-d (kuni 0,2% karjadest nakatunud). Mudeldamisel kasutatud eeldusteks oli, et osteti 100 veist, mis koguti kokku 20 karjast (keskmiselt 5 looma karja kohta). Kõik ostetud loomad pärinevad ametlikult tuberkuloosivabast karjast ja seetõttu ei uurita neid tuberkuliini testiga. Uuringuks on kliiniline ülevaatus, mille tundlikkus tuberkuloosi avastamiseks on väga madal (<5%), spetsiifilisus aga suur (99%).

Mudeli väljunditest selgub, et 100 looma ostmisel on ühe nakatunud looma maale toomise mediaan-risk 0,2% olenemata sellest, kas haige looma avastamisel jäetakse loomad võtmata kogu karjast või loobutakse vaid üksikust loomast. Seega võib üks nakatunud loom olla ühes 500-st 100-pealisest loomapartiist mis ostetakse ametlikult tuberkuloosivabast liikmesriigist, kus esineb VTB-d.

Mudel võimaldab läbi arvutada riske konkreetse liikmesriigi ja looma-partiide moodustamise erinevate skeemide ning loomade erinevate testimismeetodite kohta.

Lisa 1

1. “Ühe karja mudeli” kood:

```
model
{
  wiHI ~ dbeta(1, 1)C(wihl,wihh) # beta posterior for within-herd prev
  wiHP ~ dbin(wiHI,wiHN)        # data to calculate a posterior distr for within-herd prev
  btHI ~ dbeta(1, 1)C(bthl,bthh) # beta posterior for between-herd prev
  btHP ~ dbin(btHI,btHN)        # data to calculate a posterior distr for between-herd prev
  Se ~ dbeta(sea, seb)          # sensitivity of the applied diagnostic test
  Sp ~ dbeta(spa, spb)          # specificity of the applied diagnostic test

  a <- wiHI * (1 - Se)
  b <- (wiHI * (1 - Se)+(1-wiHI)*Sp)
  c <- 1 - (a / b)

  in1 <- pow(c,nra)
  in2 <- 1 - btHI * (1 - in1)
  res <- 1 - pow(in2, nrh)
}
DATA
list(
wiHP=0,                # actual positive (previous) within-herd findings, for calc of
                        # posterior distr
wiHN=20,               # nr of animals tested within-herd, for calc of posterior distr
wihl=0.0,              # a priori lower bound for beta distr of within-herd prev
wihh=0.1,              # a priori upper bound for beta distr of within-herd prev
btHP=1,                # actual positive (previous) between-herd findings, for calc of
                        # posterior distr
btHN=10,               # nr of herds tested, for calc of posterior distr
bthl=0.0,              # a priori lower bound for between-herd prev
bthh=0.2,              # a priori upper bound for between-herd prev
nra = 10,              # nr animals from each herd tested at import
nrh = 3,               # nr herds tested at import
sea=20,                # beta parameter values yield Se mean ~ 0.8
seb=8,
spa=88,                # beta parameter values yield Sp mean ~ 0.98
spb=1.9)
```

2. “Kolme karja mudeli” kood: (BTBmodel_3_rejan):

```
model
{
for( i in 1 : 3) {      # Line 1: start of repeat loop; number of herds in
model defined
wiHI[i] ~ dbeta(1, 1)C(d[3,i],d[4,i]) # beta posterior for within-herd prev
d[1,i] ~ dbin(wiHI[i],d[2,i])        # data to calculate a posterior distr for within-herd prev
btHI[i] ~ dbeta(1, 1)C(d[7,i],d[8,i]) # beta posterior for between-herd prev
d[5,i] ~ dbin(btHI[i],d[6,i])        # data to calculate a posterior distr for between-herd prev
```

```

Se[i] ~ dbeta(d[11,i], d[12,i])      # sensitivity of the applied diagnostic test
Sp[i] ~ dbeta(d[13,i], d[14,i])    # specificity of the applied diagnostic test

a[i] <- wiHI[i] * (1 - Se[i])
b[i] <- (wiHI[i] * (1 - Se[i]) + (1 - wiHI[i]) * Sp[i])
c[i] <- 1 - (a[i] / b[i])
in1[i] <- pow(c[i], d[9,i])
res[i] <- 1 - btHI[i] * (1 - in1[i])
}                                     # repeat loop ends
restot <- 1 - res[1]*res[2]*res[3] # Line 2: place of expansion of the nr of herds, if needed
}                                     # model ends

```

DATA

```

list(
d=structure(
.Data=c(
#   herd1  herd2  herd3
#   0,     1,     2,     # Line 3: wiHP, actual positive (previous) within-herd findings,
#                       # for calc of posterior distr
#   10,    15,    20,    # Line 4: wiHN, nr of animals tested within-herd, for calc of
#                       # posterior distr
#   0.0,   0.0,   0.0,   # Line 5: wihl, a priori lower bound for beta distr of within-herd
#                       # prev
#   0.1,   0.2,   0.2,   # Line 6: wihh, a priori upper bound for beta distr of within-herd
#                       # prev
#   0,     0,     0,     # Line 7: btHP, actual positive (previous) between-herd findings,
#                       # for calc of posterior distr
#   10,    15,    20,    # Line 8: btHN, nr of herds tested, for calc of posterior distr
#   0.0,   0.0,   0.0,   # Line 9: bthl, a priori lower bound for between-herd prev
#   0.1,   0.1,   0.1,   # Line 10: bthh, a priori upper bound for between-herd prev
#   10,    10,    10,    # Line 11: nra, nr animals from the herd tested at import
#   1,     1,     1,     # Line 12: used only in the 'one-herd model'
#   20,    20,    20,    # Line 13: sea, beta parameter values yield Se mean ~ 0.8
#   8,     8,     8,     # Line 14: seb
#   88,    88,    88,    # Line 15: spa, beta parameter values yield Sp mean ~ 0.98
#   1.9,   1.9,   1.9), # Line 16: spb
.Dim=c(14, 3)          # Line 17: number of herds in data for model defined
)
)

```

3. Kood, mis sisaldab valikuid kahe erineva riskiohje meetme jaoks (BTBmodel_3_rejeither)

```

model
{
for( i in 1 : 3 ) { # Line 1: start of repeat loop; number of herds in model defined
#wiHI[i] ~ dbeta(1, 1)C(d[3,i],d[4,i]) # beta posterior for within-herd prev
#d[1,i] ~ dbin(wiHI[i],d[2,i])
wiHI[i] ~ dbeta(2.3,21.3) # within-herd prev according to...
#btHI[i] ~ dbeta(1, 1)C(d[7,i],d[8,i]) # beta posterior for between-herd prev
#d[5,i] ~ dbin(btHI[i],d[6,i]) # data to calculate a posterior distr for between-herd prev
}
}

```

```

btHI[i] ~ dbeta(2.75,34.2)          # between-herd prev according to actual data
  Se[i] ~ dbeta(d[11,i], d[12,i])  # sensitivity of the applied diagnostic test
  Sp[i] ~ dbeta(d[13,i], d[14,i])  # specificity of the applied diagnostic test

# reject only infected animals
  m[i] <- wiHI[i] * (1 - Se[i])
  n[i] <- (wiHI[i] * (1 - Se[i]) + (1 - wiHI[i]) * Sp[i])
  o[i] <- 1 - (m[i] / n[i])
  in1[i] <- pow(o[i], d[9,i])
  resa[i] <- 1 - btHI[i] * (1 - in1[i])

# reject entire groups with >= 1 infected animals
  a[i] <- wiHI[i] * (1 - Se[i]) + (1 - wiHI[i]) * Sp[i]
  aex[i] <- pow(a[i], d[9,i])      # first part of eq 56 numerator
  b[i] <- (1 - wiHI[i]) * Sp[i]

  bex[i] <- pow(b[i], d[9,i])      # second part of eq 56 numerator
  c[i] <- (1 - btHI[i]) * pow(Sp[i], d[9,i]) # second part of eq 56 denominator (first part identical
                                         # with that of numerator)

  num[i] <- btHI[i] * (aex[i] - bex[i]) # entire numerator of eq 56
  den[i] <- btHI[i] * aex[i] + c[i]    # entire denominator of eq 56
  resg[i] <- 1 - num[i] / den[i]      # eq 56 between the square brackets
} # for loop ends
P_rjani <- 1 - resa[1]*resa[2]*resa[3] # 1 - multiple from 1 to nr herds, i.e. P(D+>=1 |
all_animals T-)
P_rjgrp <- 1 - resg[1]*resg[2]*resg[3] # 1 - multiple from 1 to nr herds, i.e. P(D+>=1 |
all_groups T-)
} # model ends

DATA
list(
d=structure(
.Data=c(
# herd1      herd2      herd3
  0,          2,          4,          #1 Line 3: wiHP, actual positive (previous) within-herd
              findings, for calc of posterior distr
  20,         20,         20,         #2 Line 4: wiHN, nr of animals tested within-herd, for calc of
              posterior distr
  0.0,        0.0,        0.0,        #3 Line 5: wiHL, a priori lower bound for beta distr of within-
              herd prev
  0.05,       0.1,        0.2,        #4 Line 6: wiHH, a priori upper bound for beta distr of within-
              herd prev
  0,          0,          1,          #5 Line 7: btHP, actual positive (previous) between-herd
              findings, for calc of posterior distr
  20,         15,         10,         #6 Line 8: btHN, nr of herds tested, for calc of posterior distr
  0.0,        0.0,        0.0,        #7 Line 9: bthL, a priori lower bound for between-herd prev
  0.1,        0.15,       0.2,        #8 Line 10: bthH, a priori upper bound for between-herd prev
  10,         10,         10,         #9 Line 11: nra, nr animals from each herd tested _
  1,          2,          3,          #10 Line 12: nrh, nr herds tested _
  8.36,       8.36,       8.36,       # Line 13: sea, beta parameter values yield Se mean ~ 0.8
  98.78,      98.78,      98.78,      # Line 14: seb
  361,        361,        361,        # Line 15: spa, beta parameter values yield Sp mean ~ 0.98
  4.6,        4.6,        4.6),      # Line 16: spb
  .Dim=c(14, 3)
)
)
)

```