

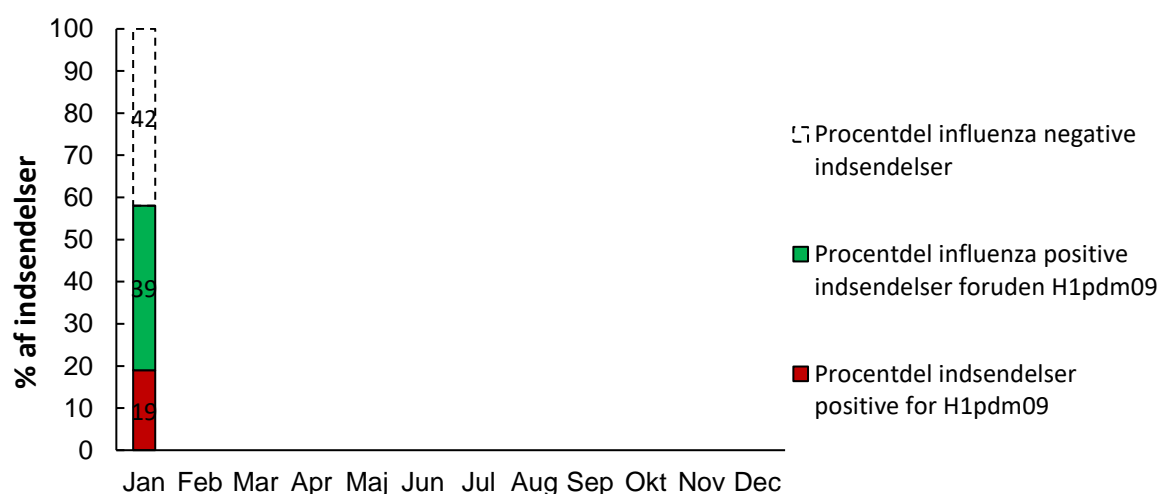
Overvågning af Influenza A virus i svin i Danmark

Prøver og resultater 2022

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
Modtaget:												
Prøver	137											
Indsendelser	41											
Besætninger	39											
Influenza A virus påvist:												
Prøver	67											
Indsendelser	24											
Besætninger	22											
H1pdm09 påvist:												
Prøver	14											
Indsendelser	8											
Besætninger	8											

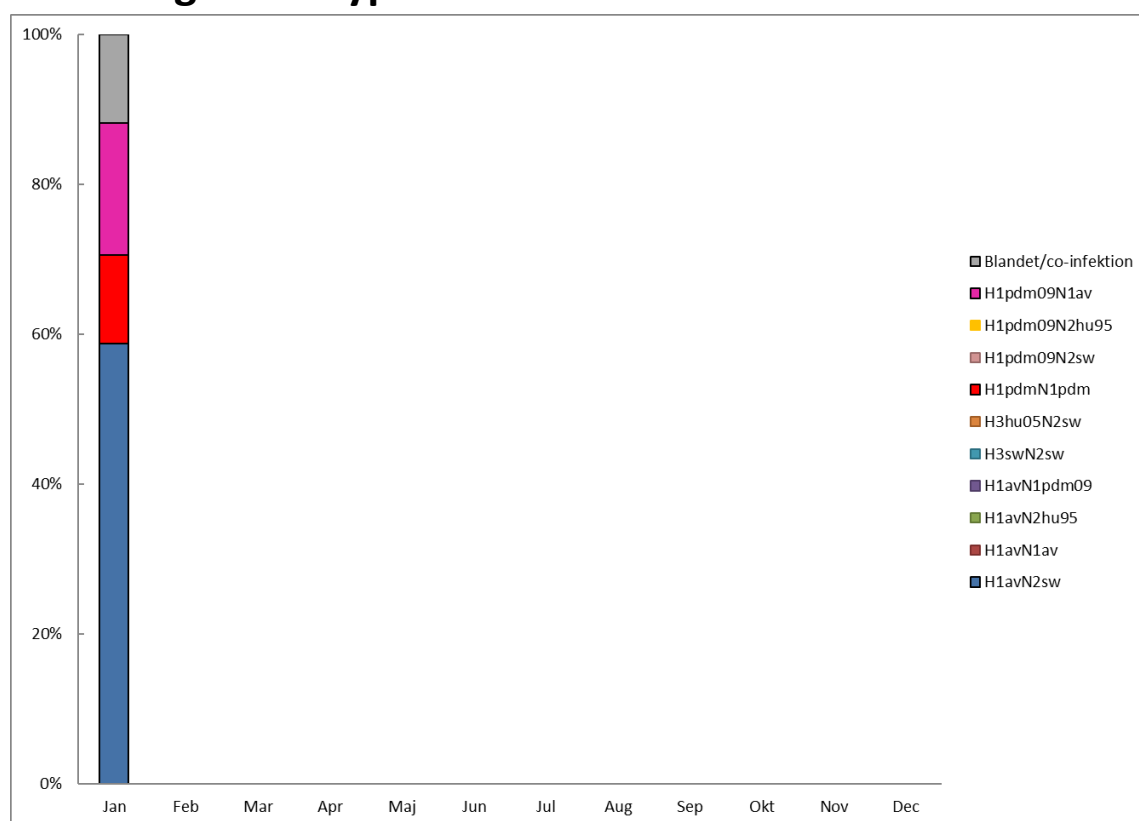
Tabellen viser antallet af prøver, der er indgået i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, det indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i januar måned blevet indsendt 41 indsendelser fra 39 besætninger registreret med forskelligt CHR nummer. I gennemsnit er der modtaget 3,3 prøver per indsendelse. I alt har 58 % af indsendelserne mindst én prøve, der er positiv for influenza, hvilket er på niveau med andelen af positive indsendelser i den tidligere årlige overvågning. Der er påvist H1pdm09 i 33 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er på niveau med resultaterne fra tidligere år.



Figuren viser den procentvise andel af influenza negative og positive indsendelser, samt andelen af H1pdm09 indsendelser.

Fordeling af subtyper



Svineinflenzavirus kan opdeles i forskellige undertyper også kaldet subtyper og genotyper, baseret på sekvensen af deres arvemateriale. Viden om cirkulerende subtyper er vigtig i forhold til valg af vaccine, optimering af diagnostikken og vurdering af den zoonotiske risiko.

I januar er subtypen blevet bestemt for 17 indsendelser. H1avN2sw er den mest dominerende subtype og udgør 59 % af de subtypede indsendelser, mens H1pdm09N1av og H1pdmN1pdm udgør henholdsvis 18 % og 11 % af de subtypede indsendelser. Denne fordeling af subtyper ligner den der generelt har været observeret i de seneste år. Bemærkelsesværdigt er at subtypen H1pdm09N1av lader til at vinde fortsat indpas i de danske svinebesætninger. H1pdm09N1av er første gang observeret i 2018. I 12 % af de subtypede indsendelser var der tegn på tilstedeværelse af flere subtyper, hvilket kan betyde at den indsendende besætning har flere subtyper cirkulerende.

Fordeling af genotyper



Figuren angiver fordelingen af forskellige genotyper påvist i den angivne måned og tallet der fremgår på hver blok i søjlen angiver antallet af prøver karakteriseret som den angivne genotype. Se "oversigt over genotyper" for at finde oprindelsen af hvert gensegment i den angivne genotype. Du finder ud af hvilken genotype din prøve er ved at indtaste dit "Sagsnr." fra laboratoriesvaret fra SSI i søgefunktionen i det fylogenetiske træ. Alle sekvenser fra overvågningen i det fylogenetiske træ er mærket med "_" og så genotypen i enden af deres navn. Fx "2022-00033-8_H1avN2sw-2". Hvis en sekvens er mærket med "-0" i slutningen af genotypen er det fordi at kun HA og NA sekvenserne har været tilgængelige for den enkelte prøver, og derfor kunne genotypen ikke bestemmes.

Fylogenetisk analyse

Farveforklaring

Sort: sekvenser fra influenza overvågningen i Danske svin

Grøn: sekvenser i H1av cluster

Orange: sekvenser i H1hu cluster

Blå/lilla: sekvenser i H1pdm cluster

• **Mørk blå:** sekvenser i human-like H1pdm cluster

• **Turkis blå:** sekvenser i swine-like H1pdm cluster

• **Lilla:** sekvenser i H1pdmN1av cluster

Red: sekvens fra vaccinen i det respektive cluster

