

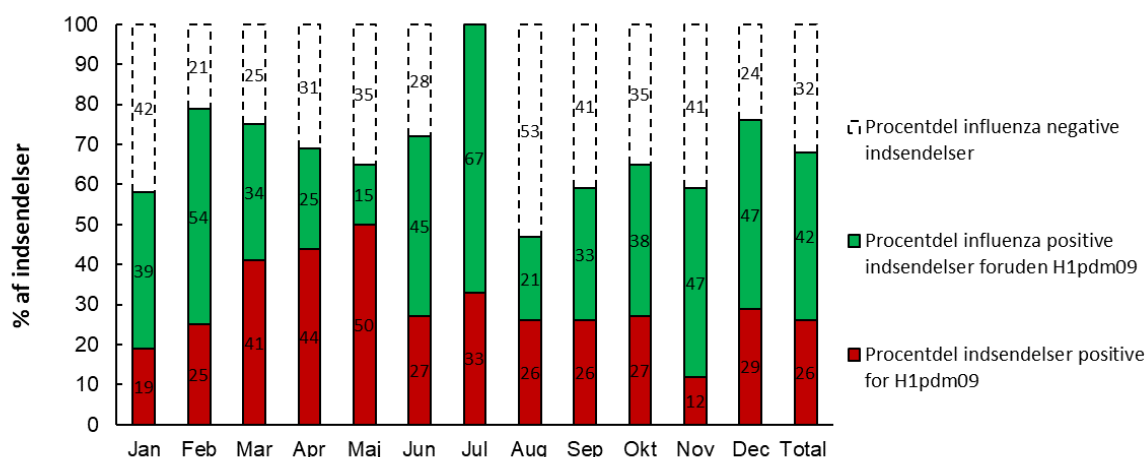
Overvågning af Influenza A virus i grise i Danmark

Prøver og resultater 2022

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec	Total
Modtaget													
Prøver	137	204	235	146	73	63	16	48	139	119	206	92	1478
Indsendelser	41	52	75	39	20	18	6	19	42	40	64	34	450
Besætninger	39	51	72	38	20	18	6	19	42	37	63	34	439
Influenza positiv													
Prøver	67	124	133	65	45	32	13	21	69	60	104	62	795
Indsendelser	24	41	56	27	13	13	6	9	25	26	38	26	304
Besætninger	22	40	55	27	13	13	6	9	25	26	38	26	300
H1pdm09 positiv													
Prøver	14	39	57	23	29	15	5	10	27	11	26	20	276
Indsendelser	8	13	26	10	10	5	2	5	11	7	8	10	115
Besætninger	8	13	25	10	10	5	2	5	11	7	8	10	114

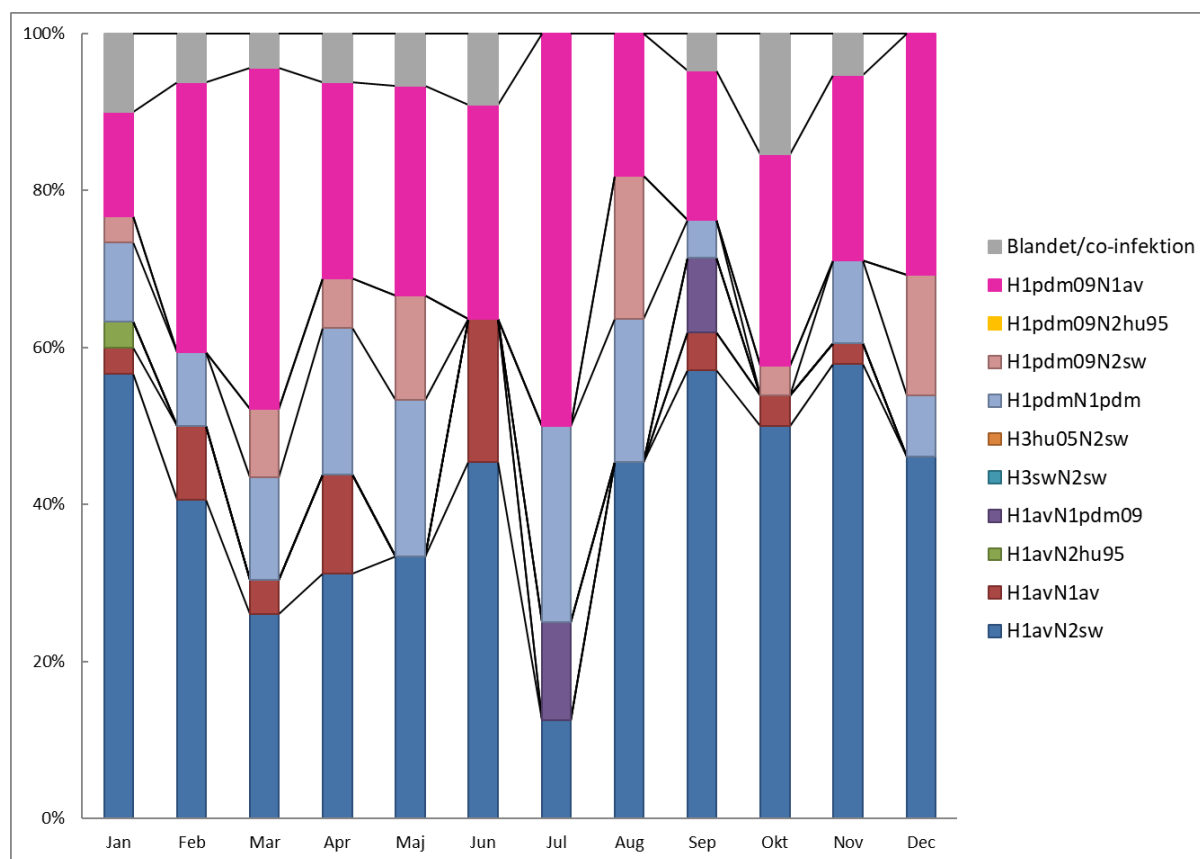
Tabellen viser antallet af prøver, der indgår i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, der indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i december måned modtaget 34 indsendelser fra 34 besætninger registreret med forskellige CHR numre. I gennemsnit er der modtaget 2,7 prøver per indsendelse. I forhold til sidste måned er der sket en markant stigning i andelen af positive indsendelser, da 76 % af indsendelserne havde mindst én prøve, der var positiv for influenza virus. Denne høje andel af positive indsendelser ligner niveauet fra februar, marts og juni måned. Alle positive prøver testes for H1pdm09, og der blev påvist H1pdm09 i 38 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket minder om niveauet fra oktober måned.



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

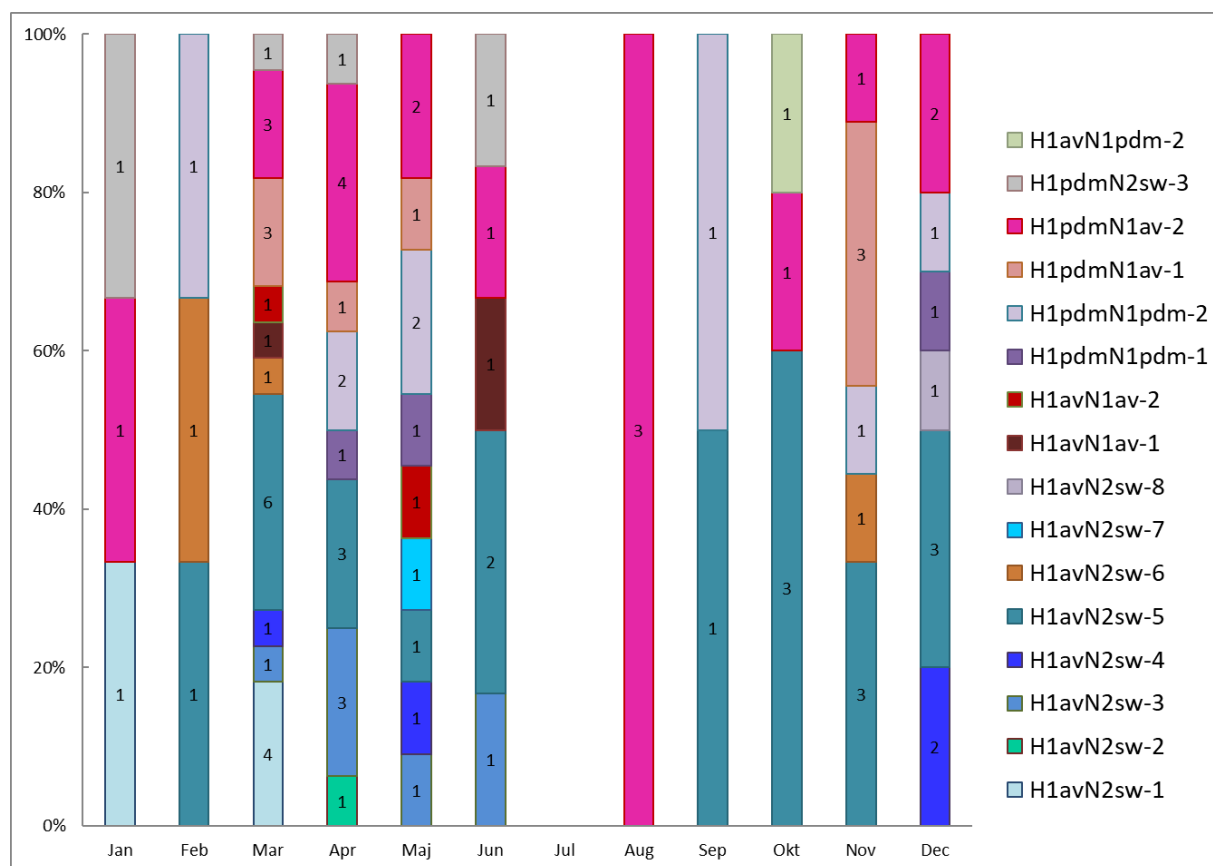
Fordeling af subtyper



Svineinfluenzavirus 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 december er den fulde subtype (dvs både HA og NA) bestemt for 13 indsendelser. I lighed med resten af 2021 er H1avN2sw og H1pdmN1av, de mest prævalente subtyper. Der er påvist H1pdmN2sw i to indsendelser og H1pdmN1pdm i en indsendelse. Analysen af genotyper på de resterende positive prøver pågår og afrapporteres i den endelige rapport for 2022.

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 af 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 trykke Ctrl + f og indtaste dit "Sagsnr." fra laboratoriesvaret fra SSI 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

Fylogenetisk træ - Influenza A virus overvågning i Danske svin December 2022

FIND DIN PRØVE: Tryk "ctrl + F" og søg på dit sagsnummer. fx "22-7479-1"
 Vær opmærksom på at prøver indsendt til SSI starter med "SI" og er navngivet med SSI's sagsnummer, mens prøver indsendt til Veterinært laboratoriet, Kjellerup starter med "LF" og er navngivet med Kjellerups sagsnummer.

