

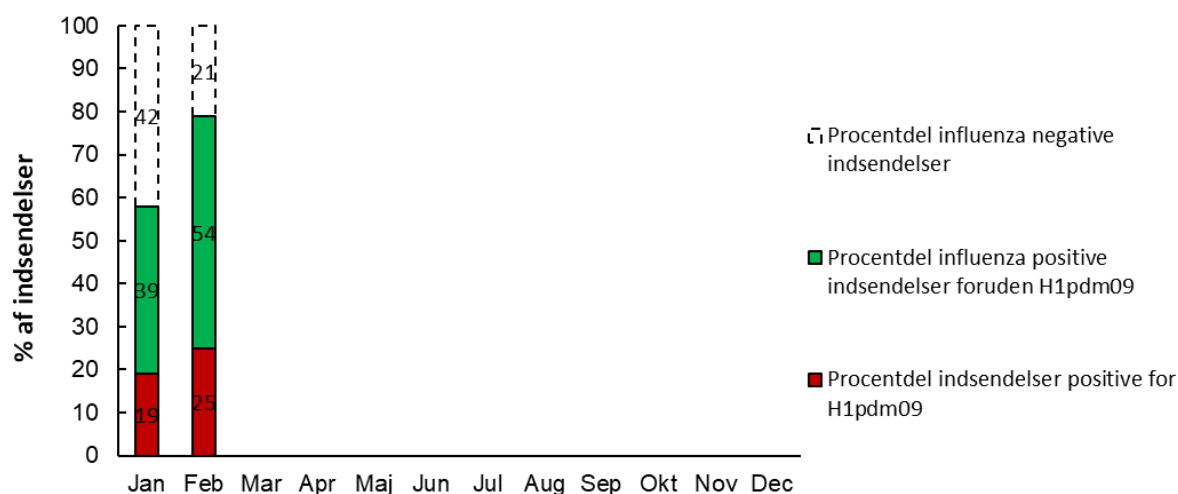
# Overvågning af Influenza A virus i svin i Danmark

## Prøver og resultater 2022

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
<b>Modtaget</b>												
Prøver	137	204										
Indsendelser	41	52										
Besætninger	39	51										
<b>Influenza positiv</b>												
Prøver	67	124										
Indsendelser	24	41										
Besætninger	22	40										
<b>H1pdm09 positiv</b>												
Prøver	14	39										
Indsendelser	8	13										
Besætninger	8	13										

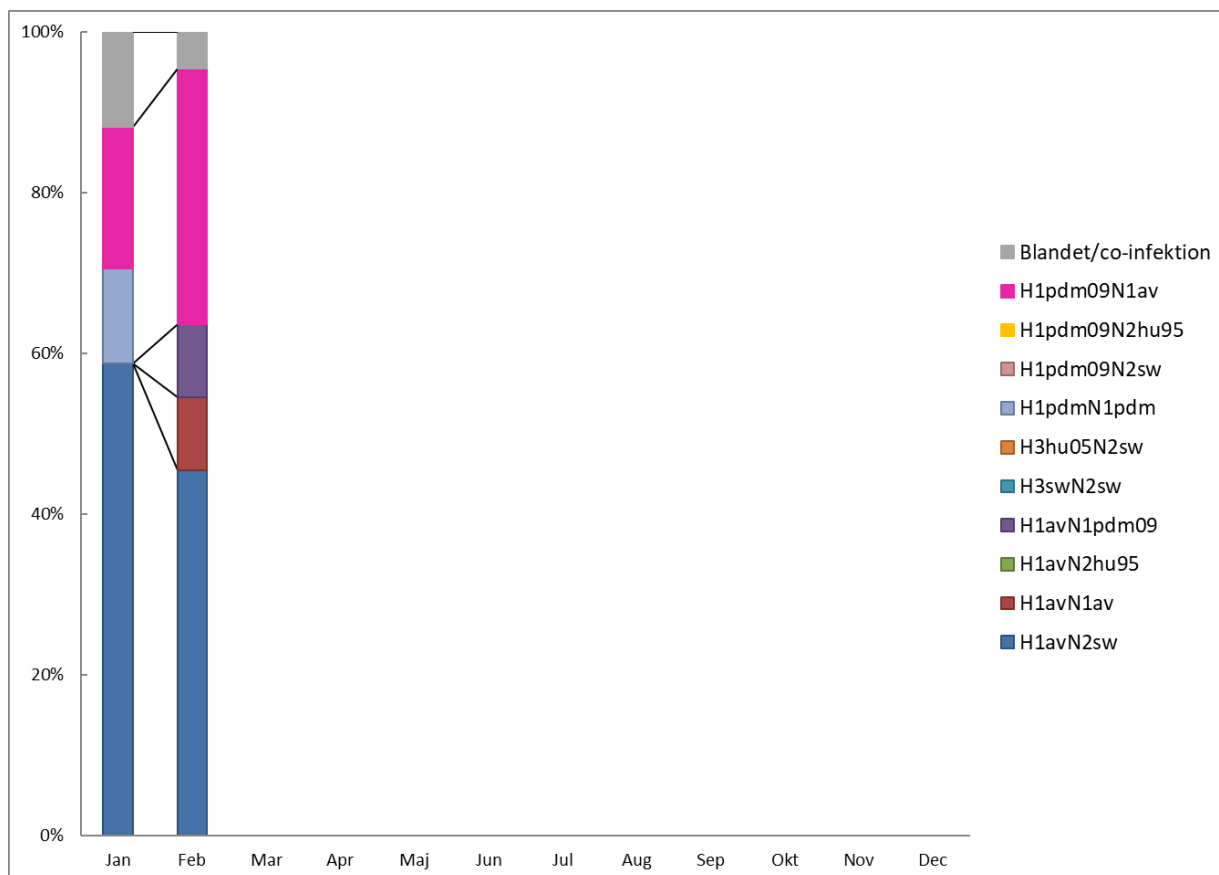
Tabellen viser antallet af prøver, der er indgået i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, der indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i februar måned modtaget 52 indsendelser fra 51 besætninger registreret med forskelligt CHR nummer. I gennemsnit er der modtaget 3,9 prøver per indsendelse. I alt har 79 % af indsendelserne mindst én prøve, der er positiv for influenza, hvilket er markant højere end i januar måned, hvor niveauet lå på 58 %. Der er påvist H1pdm09 i 32 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er på niveau med resultaterne fra tidligere år og lig andelen af H1pdm09 positive indsendelser i januar måned.



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

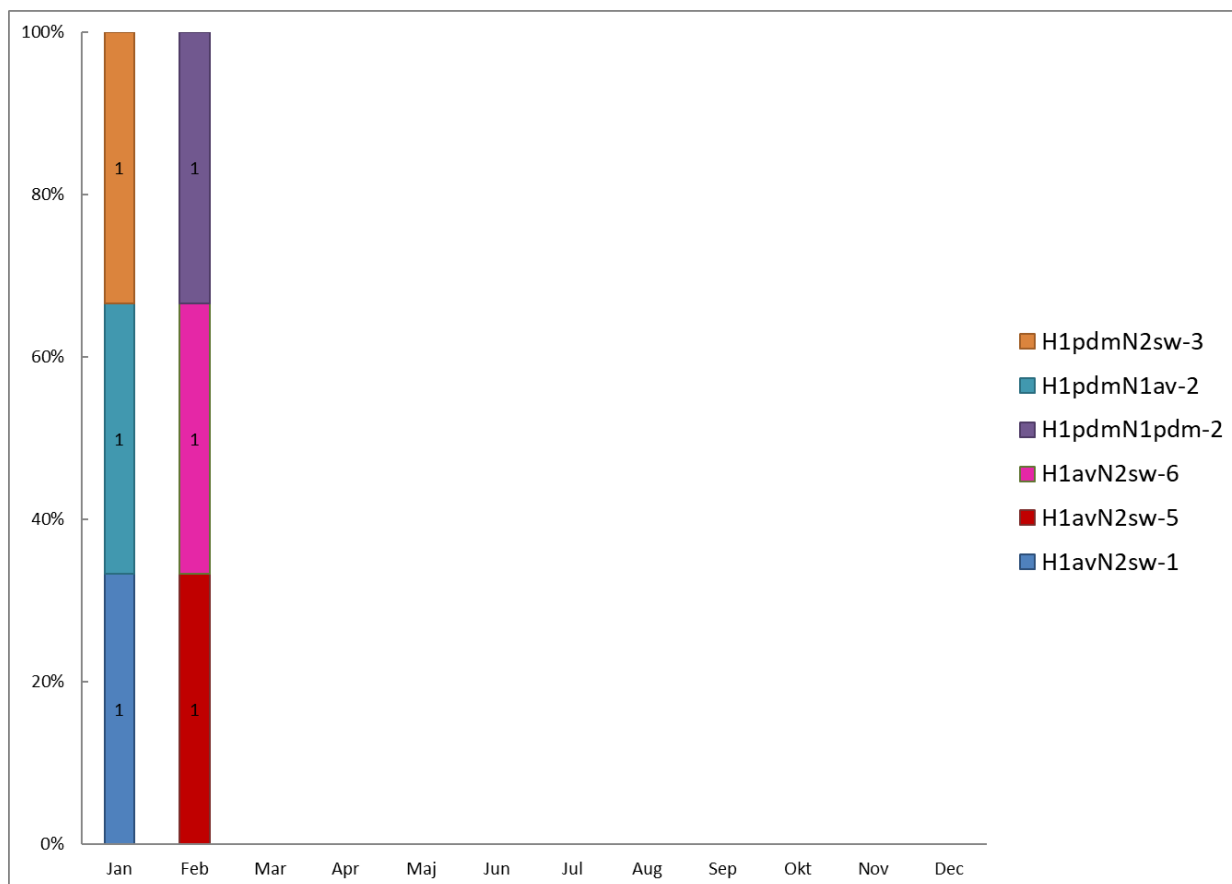
## Fordeling af subtyper



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 februar er subtypen blevet bestemt for 22 indsendelser. H1avN2sw er den mest dominerende subtype og udgør 45 % af de subtypede indsendelser. Samtidig ses en høj andel af H1pdm09N1av, der udgør 32 % af de subtypede indsendelser, mens H1pdmN1pdm kun udgør 9 % 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 blev første gang observeret i 2018, og har været årsag til én human infektion i 2021. I 4 % 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 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 - Februar 2022

### Farveforklaring:

Sort: Sekvenser fra influenza overvågningen i Danmark 2022  
**FIND DIN PRØVE:** Tryk "ctrl + F" og søg på dit sagsnummer

### Reference sekvenser:

- Green: sekvenser i H1av cluster
- Orange: sekvenser i H1fu cluster
- Blå/Lilla: sekvenser i H1pdm cluster
  - Mørk blå: sekvenser i human-like H1pdm cluster
  - Lilla: sekvenser i swine-like H1pdm cluster
- Lilla: sekvenser i H1pdmN1av cluster
- Red: sekvenser fra vaccinen i det respektive cluster

