

Overvågning af Influenza A virus i grise i Danmark

Prøver og resultater 2023

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
Modtaget												
Prøver	169	118										
Indsendelser	50	34										
Besætninger	46	34										
Influenza positiv												
Prøver	84	79										
Indsendelser	32	26										
Besætninger	31	26										
H1pdm09 positiv												
Prøver	36	32										
Indsendelser	15	11										
Besætninger	15	11										

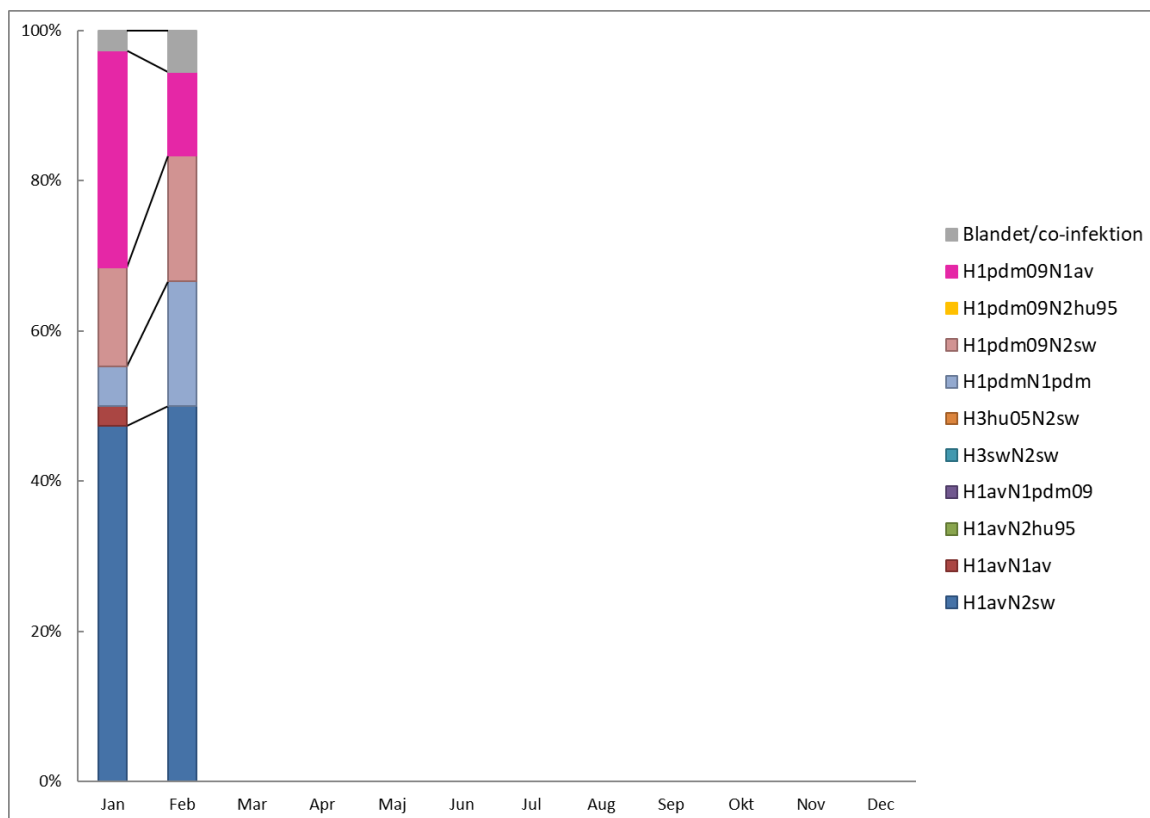
Tabellen viser antallet af prøver, der indgår i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, der indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i februar måned modtaget 34 indsendelser fra 34 besætninger registreret med forskellige CHR numre. I gennemsnit er der modtaget 3,5 prøver per indsendelse. Andelen af positive indsendelser i februar måned ligger på 76 %, hvilket er en del højere end niveauet i januar måned, men på niveau med februar måned sidste år. Alle positive prøver testes for H1pdm09, og der blev påvist H1pdm09 i 42 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er på niveau med januar måned.



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

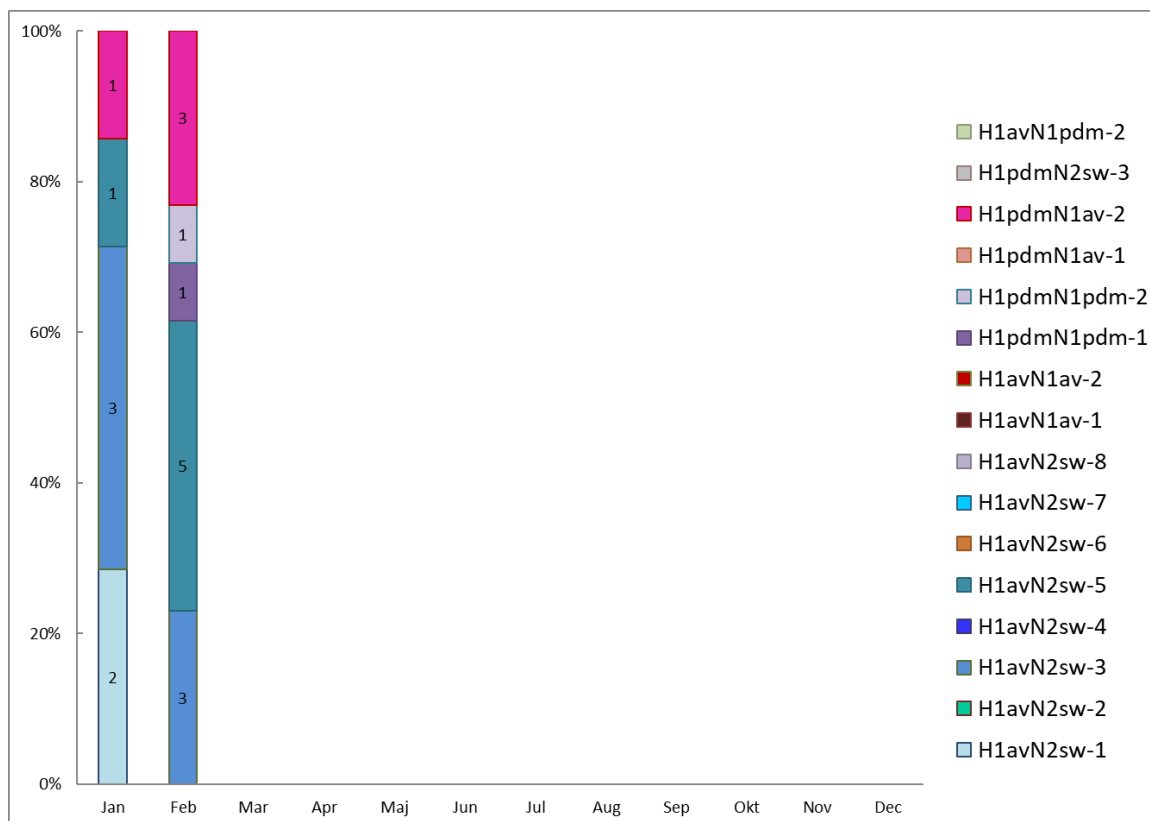
Fordeling af subtyper



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 februar er den fulde subtype (dvs. både HA og NA) bestemt for 18 indsendelser. I denne måned er det igen H1avN2sw, der dominerer men andelen af H1pdmN2sw og H1pdmN1pdm er i denne måned højere end andelen af H1pdmN1av.

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.

I februar måned er den fulde genotype blevet bestemt for 13 indsendelser, flere er under undersøgelse. Der er i løbet af januar og februar kun påvist H1pdmN1av virus med et aviært NS gen (H1pdmN1av-2). Derudover er der også set en del H1avN2sw virus med aviært NS gen (H1avN2sw-5), hvilket kan tyde på at virus med et aviært NS gen generelt spreder sig.

Fylogenetisk analyse

Fylogenetisk træ - Influenza A virus overvågning i Danske svin
Februar 2023

FIND DIN PRØVE: Tryk "ctrl + f" og søg på dit sagsnummer: fx "23-00510-1"
Vær opmærksom på at prøver indsendt til SSI starter med "SI" og er navngivet med SSI's sagsnummer, mens prøver indsendt til Veterinært laboratorium, Kjellerup starter med "LF" og er navngivet med Kjellerups sagsnummer.

