

# 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
<b>Modtaget</b>												
Prøver	169											
Indsendelser	50											
Besætninger	46											
<b>Influenza positiv</b>												
Prøver	84											
Indsendelser	32											
Besætninger	31											
<b>H1pdm09 positiv</b>												
Prøver	36											
Indsendelser	15											
Besætninger	15											

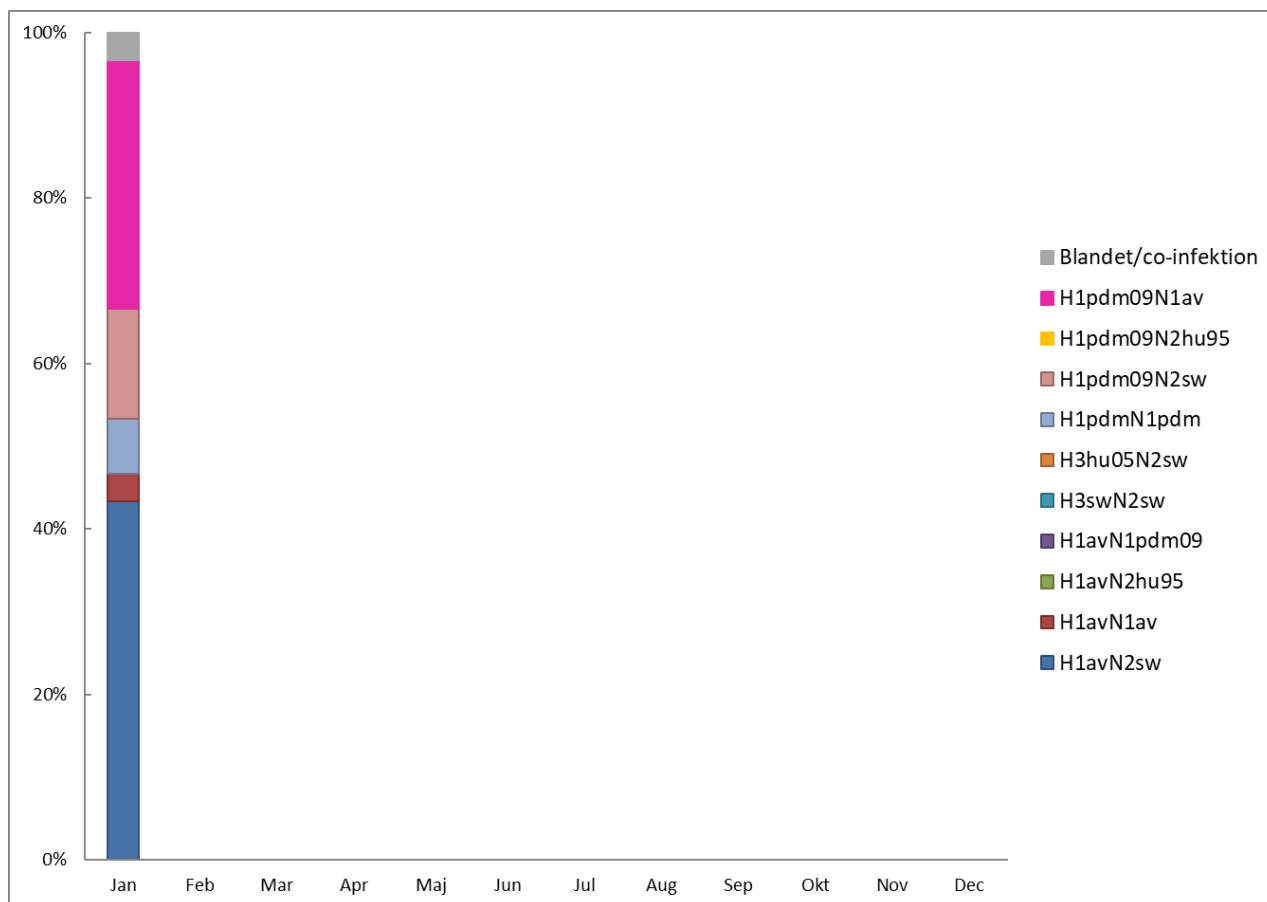
Tabellen viser antallet af prøver, der indgår i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, der indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i januar måned modtaget 50 indsendelser fra 46 besætninger registreret med forskellige CHR numre. I gennemsnit er der modtaget 3,4 prøver per indsendelse. Andelen af positive indsendelser i januar måned ligger på 64 %, hvilket er på niveau med den totale andel af positive indsendelser registreret i 2022 (68 %). Alle positive prøver testes for H1pdm09, og der blev påvist H1pdm09 i 47 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er en markant højere end den totale andel af H1pdm09 positive indsendelser i 2022 (38%).



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

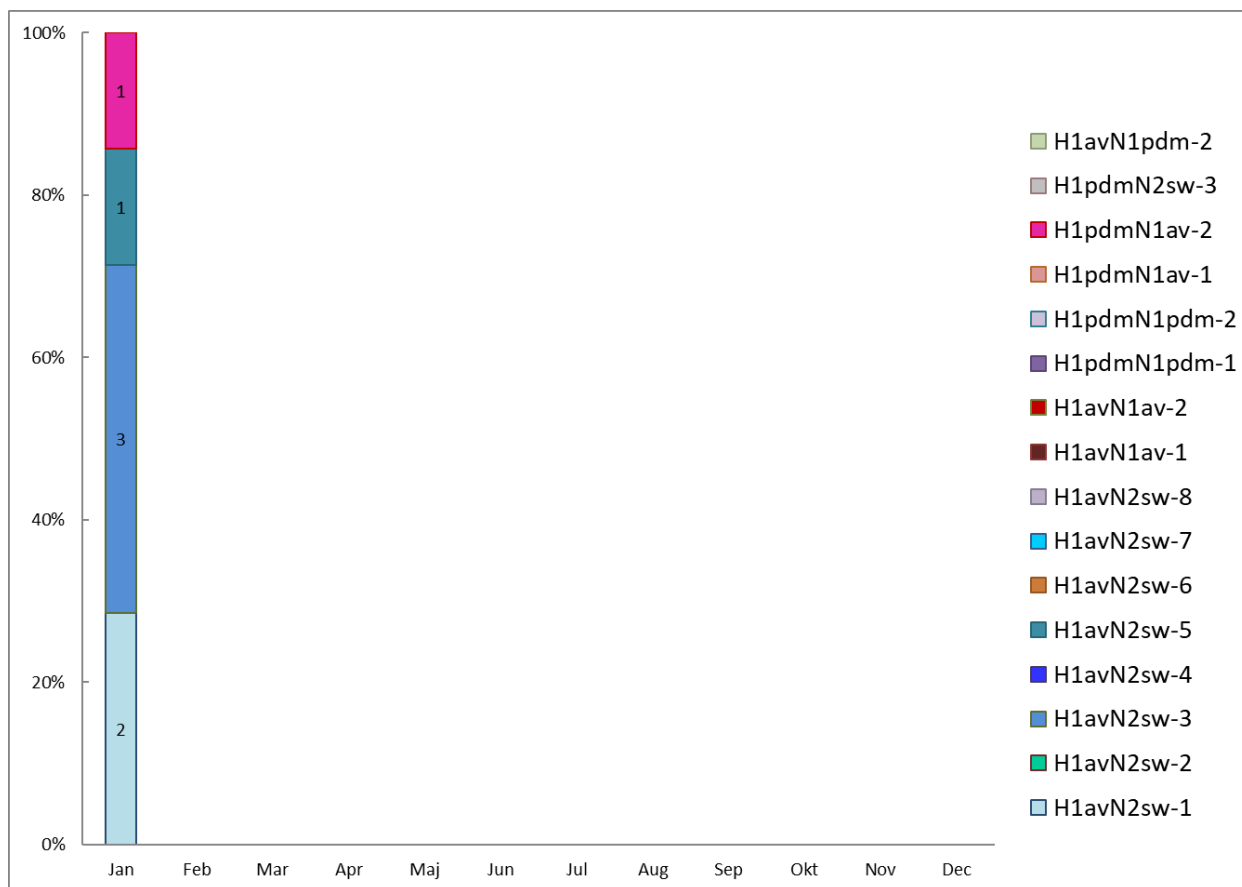
## Fordeling af subtyper



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 januar er den fulde subtype (dvs. både HA og NA) bestemt for 30 indsendelser. Som i den foregående periode, er det H1avN2sw og H1pdmN1av der dominerer andelen af subtyper. Der er også i denne måned påvist H1pdmN2sw i fire indsendelser. I januar måned er den fulde genotype blevet bestemt for 7 indsendelser, flere er under undersøgelse. Der ses en tendens til at genotyper med et NS gen af aviær oprindelse dominerer.

## 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 og Januar 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.

