

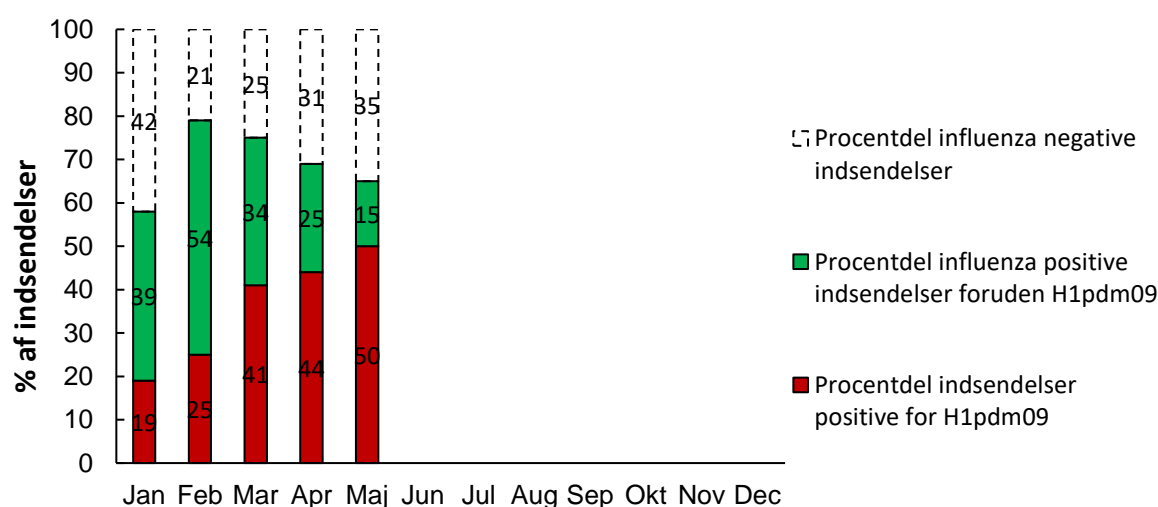
Overvågning af Influenza A virus i svin i Danmark

Prøver og resultater 2022

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
Modtaget												
Prøver, n	137	204	235	146	73							
Indsendelser, n	41	52	75	39	20							
Besætninger, n	39	51	72	38	20							
Influenza positiv												
Prøver, n	67	124	133	65	45							
Indsendelser, n	24	41	56	27	13							
Besætninger, n	22	40	55	27	13							
H1pdm09 positiv												
Prøver, n	14	39	57	23	29							
Indsendelser, n	8	13	26	10	10							
Besætninger, n	8	13	25	10	10							

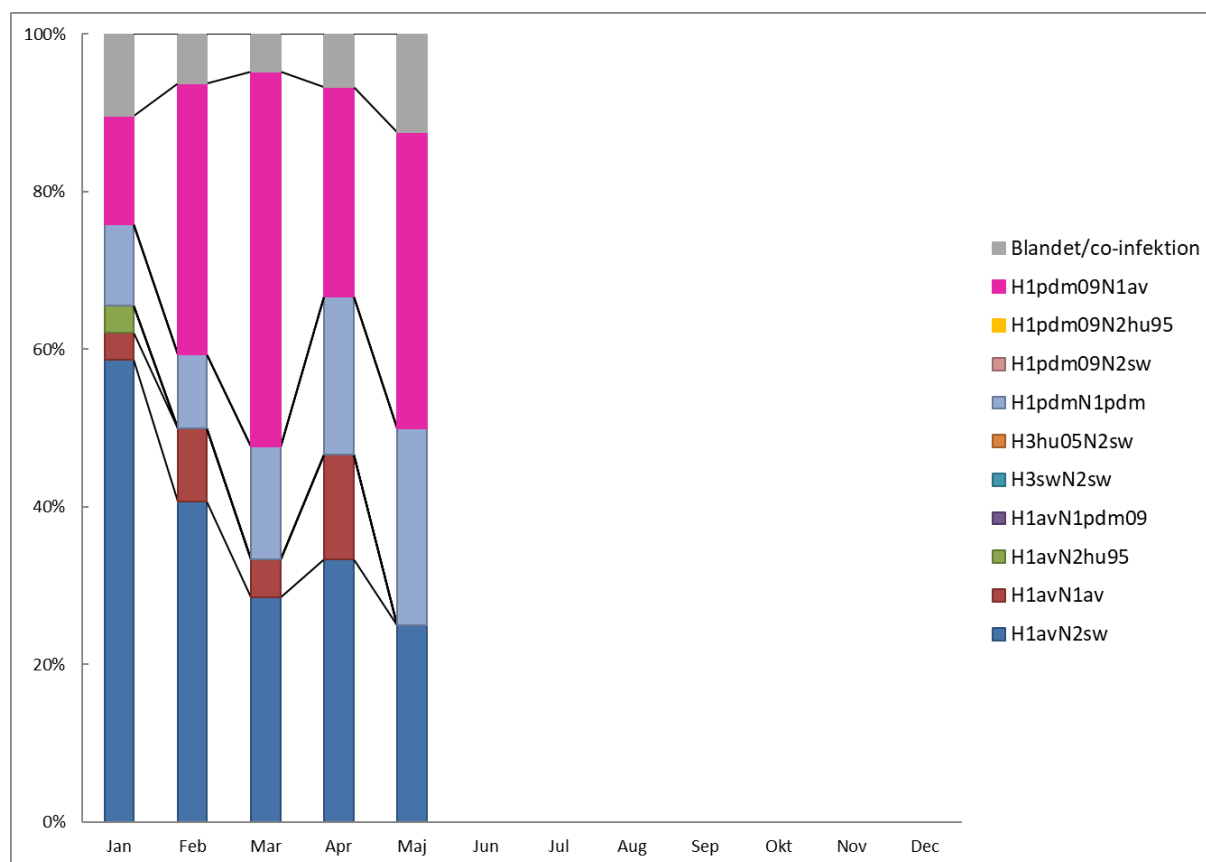
Tabellen viser antallet af prøver, der indgår i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, der indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i maj måned modtaget 20 indsendelser fra 20 besætninger registreret med forskellige CHR numre. I gennemsnit er der modtaget 3,7 prøver per indsendelse. I alt har 65 % af indsendelserne mindst én prøve, der er positiv for influenza, hvilket er på niveau med den høje andel af positive sager, der er registreret i de seneste måneder. Der er påvist H1pdm09 i 77 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er en markant højere andel end hvad der tidligere registreret i overvågningen. Der skal dog tages højde for at denne procentdel er udregnet på baggrund af et meget lavt antal indsendelser i maj måned.



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

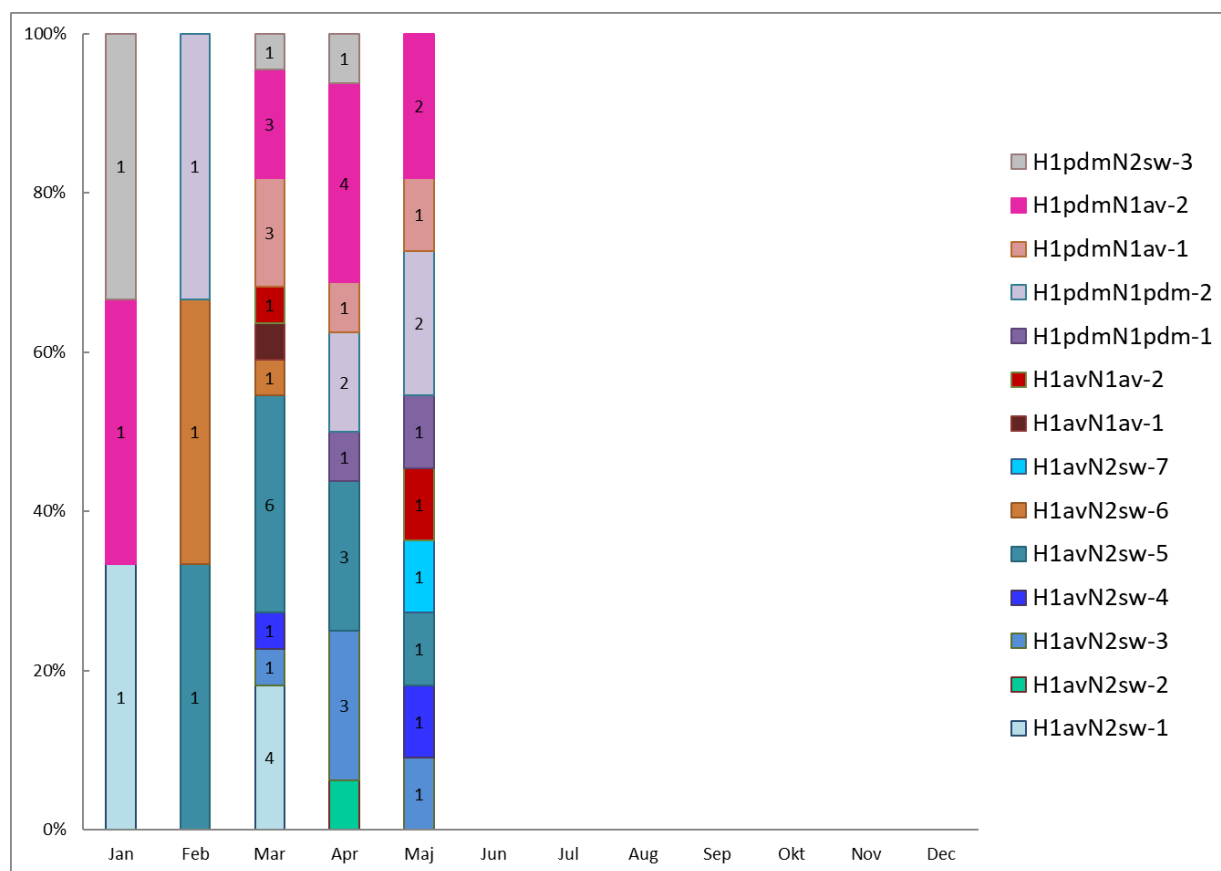
Fordeling af subtyper



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 maj er subtypen blevet bestemt for 10 indsendelser. I denne måned er H1pdmN1av den mest dominerende subtype og udgør 30 % af de subtypede indsendelser. H1avN2sw udgør nu 20 % af de subtypede indsendelser. Dette bekræfter at H1pdmN1av spreder sig i de danske svinebesætninger, og at den lader til at udkonkurrere H1avN2sw, som ellers har været dominant siden 2012. I 10 % 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 prøve, og derfor kunne genotypen ikke bestemmes.

Fylogenetisk analyse

Fylogenetisk træ - influenza A virus overvågning i Danske svin - Maj 2022

FIND DIN PRØVE: Tryk "ctrl + f" og søg på dit sagsnummer.
 Fx "2022-7479-1"
 Vær opmærksom på at prøver indsendt til SSI starter med "SI" og er navngivet med SSI's sagsnummer, mens prøver indsendt til Veterinært laboratorium, Kjellerup starter med "LF" og er navngivet med Kjellerups sagsnummer.

