

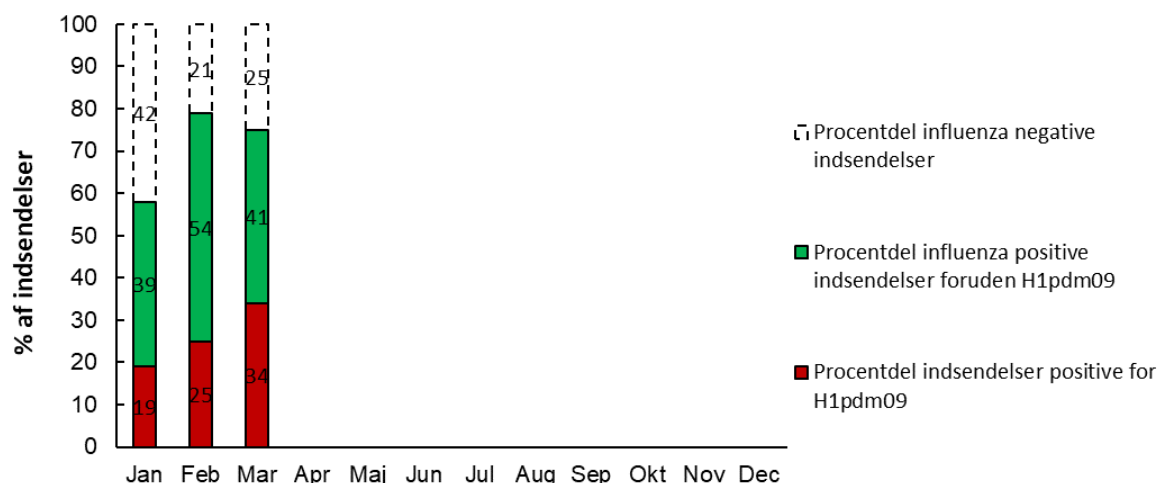
Overvågning af Influenza A virus i svin i Danmark

Prøver og resultater 2022

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

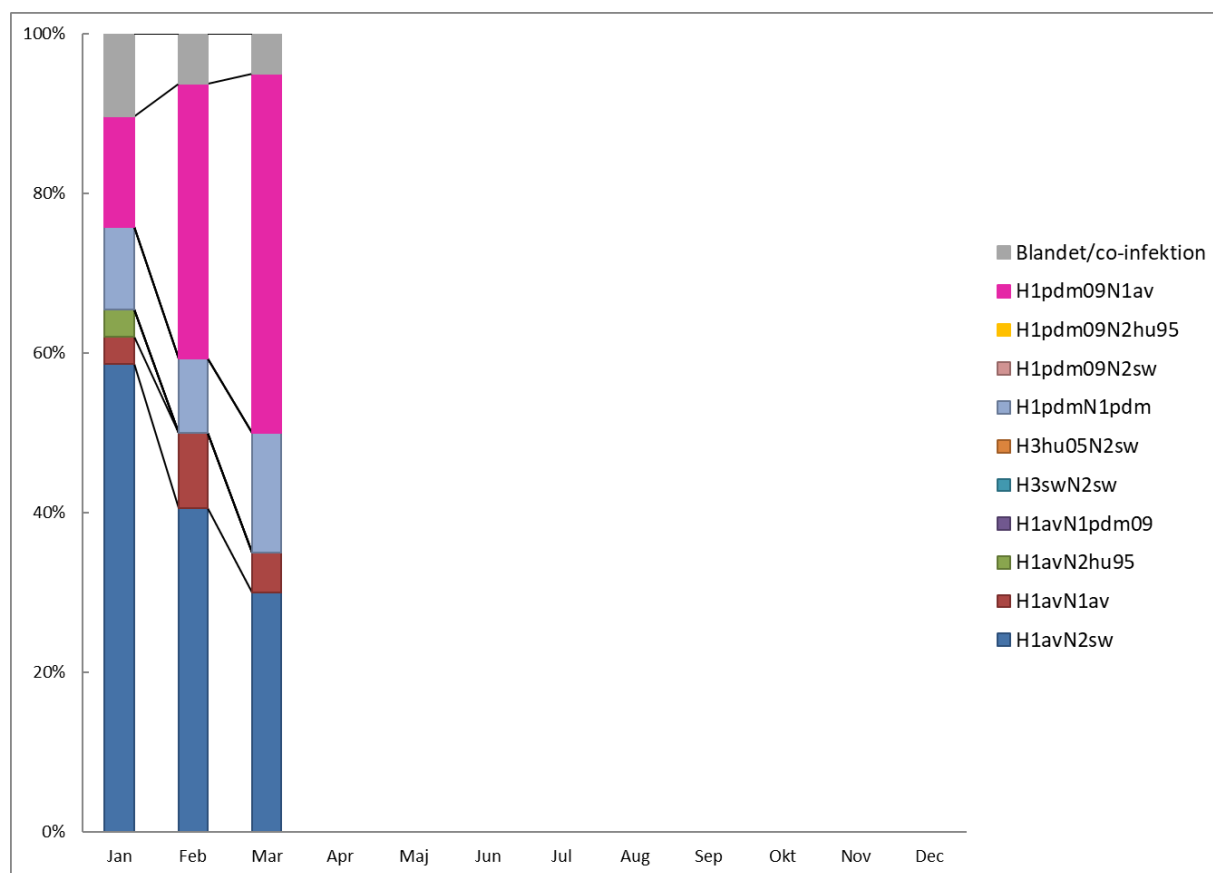
Tabellen viser antallet af prøver, der er indgået i overvågningen og resultaterne for influenza A virus påvisning og H1pdm09 (pandemisk influenza) subtypning fordelt på hhv. det samlede antal prøver, antallet af indsendelser og antallet af besætninger, det indgår i overvågningen den pågældende måned.

Der er i marts måned modtaget 75 indsendelser fra 72 besætninger registreret med forskelligt CHR nummer. I gennemsnit er der modtaget 3,1 prøver per indsendelse. I alt har 75 % af indsendelserne mindst én prøve, der er positiv for influenza, hvilket er på niveau med den høje andel af positive sager der blev registreret i februar måned. Der er påvist H1pdm09 i 46 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er markant højere end de tidligere måneder i 2022, men dog sammenligneligt med andelen fundet i 1. kvartal 2021.



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

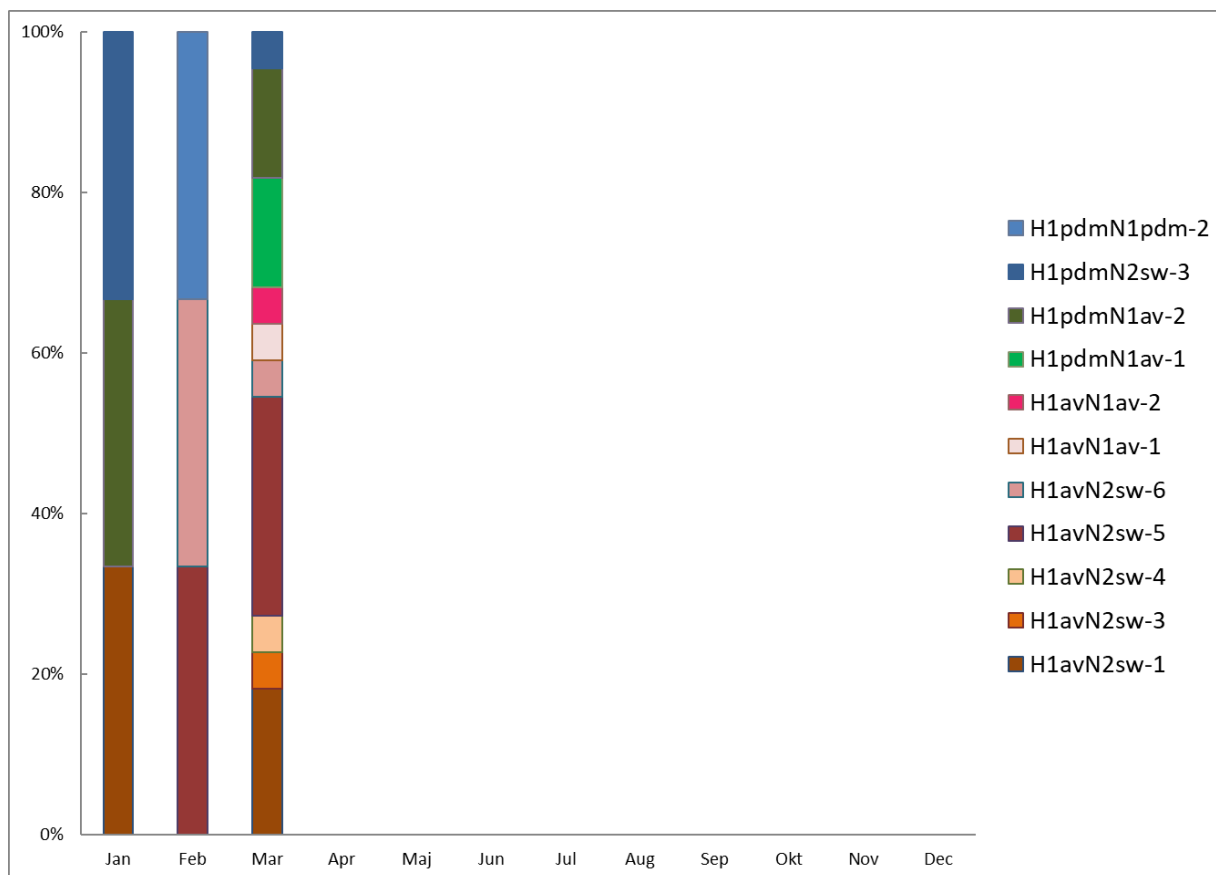
Fordeling af subtyper



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 marts er subtypen blevet bestemt for 22 indsendelser. I denne måned er H1pdmN1av den mest dominerende subtype og udgør 41 % af de subtypede indsendelser. H1avN2sw, som ellers plejer at være den mest dominerende subtype, udgør kun 27 % af de subtypede indsendelser. Dette understreger igen at H1pdmN1av er ekstrem god til at sprede sig i de danske svinebesætninger, og at den kan udkonkurrere H1avN2sw, som eller har været dominant siden 2012. 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 prøve, og derfor kunne genotypen ikke bestemmes.

