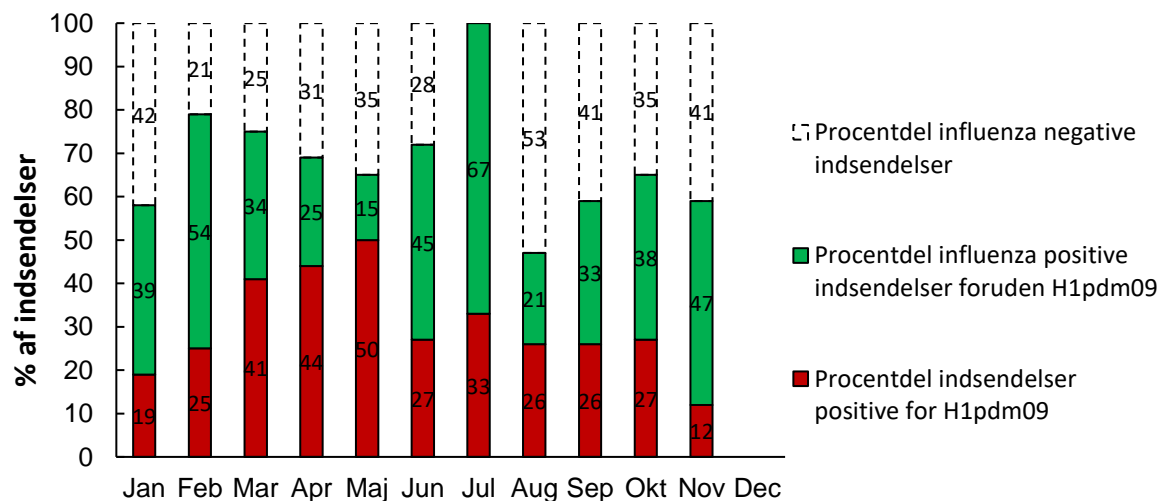


Prøver og resultater 2022

	Jan	Feb	Mar	Apr	Maj	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dec
Modtaget												
Prøver, n	137	204	235	146	73	63	16	48	139	119	206	
Indsendelser, n	41	52	75	39	20	18	6	19	42	40	64	
Besætninger, n	39	51	72	38	20	18	6	19	42	37	63	
Influenza positiv												
Prøver, n	67	124	133	65	45	32	13	21	69	60	104	
Indsendelser, n	24	41	56	27	13	13	6	9	25	26	38	
Besætninger, n	22	40	55	27	13	13	6	9	25	26	38	
H1pdm09 positiv												
Prøver, n	14	39	57	23	29	15	5	10	27	11	26	
Indsendelser, n	8	13	26	10	10	5	2	5	11	7	8	
Besætninger, n	8	13	25	10	10	5	2	5	11	7	8	

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.

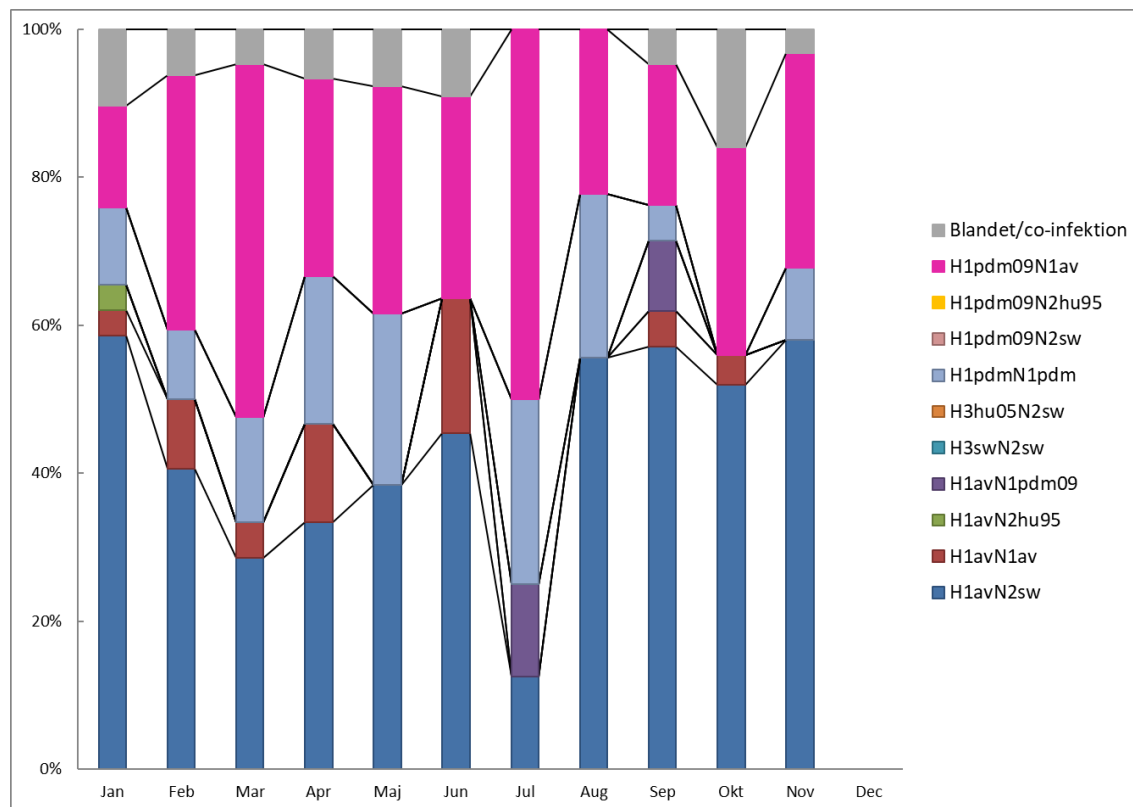
Der er i november måned modtaget 64 indsendelser fra 63 besætninger registreret med forskellige CHR numre. I gennemsnit er der modtaget 3,2 prøver per indsendelse. I alt har 59 % af indsendelserne mindst én prøve, der er positiv for influenza, hvilket er på niveau med september måned. Der er påvist H1pdm09 i 21 % af de influenzavirus positive indsendelser, hvilket er det laveste niveau set hidtil i årets overvågning.



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

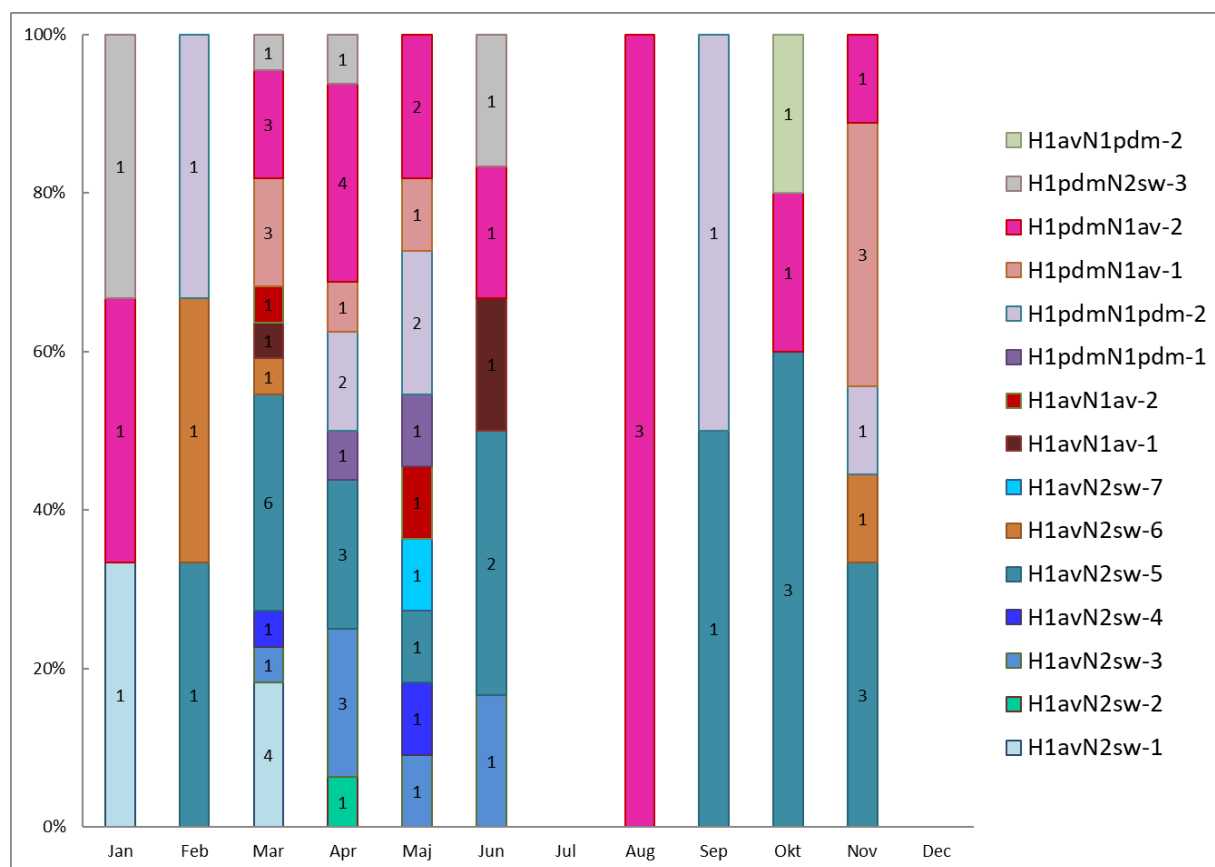
Fordeling af subtyper

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 november er subtypen blevet bestemt for 31 indsendelser. I denne måned udgør H1avN2sw over halvdelen af alle de subtypede indsendelser, hvorimod H1pdmN1av udgør 29 %. Denne måned er der igen registreret en indsendelse, hvor der er tegn på co-infektion med forskellige influenza subtyper. Genotypen er i alt blevet bestemt for ni indsendelser i november måned. Her ses det at H1avN2sw-5 genotypen generelt dominerer blandt virus af H1avN2sw subtypen, mens der denne måned er set en større andel H1pdmN1av-1 end H1pdmN1av-2.

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 November 2022

FIND DIN PRØVE: Tryk "ctrl + f" og søg på dit sagsnummer. fx "22-7479-1"
 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.

