



Bericht Influenzaüberwachung bei Mensch und Schwein – Daten 2019

Hintergrund:

2009 löste das Influenza A(H1N1)pdm09 Virus eine weltweite Pandemie aus. Die Sequenzierung des Virus ergab, dass bei dessen Entstehung Schweine-Influenzaviren (SIV) beteiligt waren. Aus diesem Grunde wurde im Herbst 2009 die Überwachung der SIV in Schweinehaltungen der Schweiz verstärkt. Es werden gezielt hustenden Schweine mittels Nasentupfern untersucht. Da auch die Übertragung der Grippeviren zwischen Mensch und Schwein von grossem Interesse ist, werden Personen auf den besuchten Betrieben nach dem Auftreten von grippeähnlicher Symptome befragt. Sind Personen aktuell erkrankt (1-3 Tage) werden diese gebeten, sich selbst mittels Nasentupfer zu beproben. Die Proben der Tiere werden am Virologischen Institut der Vetsuisse-Fakultät Universität Zürich mit molekularbiologischen Methoden auf Influenzaviren untersucht und isolierte Viren typisiert. Die Proben der Personen werden am Centre National de Référence de l'Influenza in Genf (CNRI) untersucht. Sollten auf demselben Betrieb sowohl beim Schwein als auch beim Menschen Grippeviren nachgewiesen werden, können durch Vergleich der genetischen Information der Viren mögliche Übertragungswege sowie Veränderungen der Viren rechtzeitig erkannt werden.

Zudem werden Schweine, die in der Pathologie seziiert werden und Lungenveränderungen aufweisen, die auf eine Influenzainfektion hindeuten, auf Influenza untersucht, um die genetische Diversität der in Schweizer Schweinen zirkulierenden Viren zu beobachten.

Resultate der Überwachung beim Schwein 2019

1. Betriebe mit hustenden Schweinen

2019 verzeichnete der SGD 118 mal hustende Schweine auf Schweinebetrieben. Am häufigsten werden hustende Schweine in den Wintermonaten verzeichnet. Grundsätzlich nehmen die Hustenmeldungen von Schweinehaltenden in den letzten Jahren weiterhin stetig ab (**Grafik 1**).

2. Anzahl beprobte Betriebe

Von den registrierten Schweinebetrieben mit hustenden Schweinen wurden 2019 37% beprobt.

3. Anzahl Influenza-A positive Betriebe

Im 2019 waren 57% der beprobten Betriebe Influenza A positiv. Als positiv galt ein Betrieb, wenn mindestens ein Nasentupfer positiv auf Influenza A Viren getestet wurde.¹

Schweineinfluenzaviren wurden das ganze Jahr über nachgewiesen. Eine Gesamtübersicht geben **Tabelle 1**, **Grafik 2** und **Grafik 3**.

¹ Bis 2014 wurden 3 Nasentupfer pro Schwein untersucht, ab 2015 2 Nasentupfer (Ausnahme: bei Betrieben mit Humantupfern werden nach wie vor 3 Nasentupfer untersucht)



4. Typisierung der Influenza A Viren

Bei 25 von 44 Betriebsbesuchen konnten mittels einer auf dem Matrixprotein-Gen basierenden, Pan-Influenza A real-time PCR **Influenza A Viren** nachgewiesen werden. Alle Influenza A Virus positiven Proben wurden einer 2-stufigen Typisierungs-RT-PCR unterzogen: Zuerst wurden spezifische Primer für H1 und N1 verwendet. Bei 17 Betrieben konnte so die Anwesenheit von Viren des **Subtyps H1N1** gezeigt werden. Die RT-PCR Produkte wurden, sofern ausreichend Virusmaterial vorhanden war, mittels klassischer Sequenzierung noch detaillierter beschrieben und konnten alle den üblichen, in Europa und der Schweiz in Schweinen kursierenden H1N1 Subtypen zugeordnet werden.

Proben mit zu tiefer Konzentration viraler RNA konnten nicht weiter typisiert werden. Bei 2 Betrieben konnte nur **H1** und bei weiteren 5 nur **N1** identifiziert werden. Bei 1 Probe gelang die Sequenzierung gar nicht. Da die einzelnen H1 und N1 Sequenzen auch zu den normalen europäischen SIV zählten und da H1 Subtypen aktuell in Kombination mit N1 zirkulieren, gehören diese Stämme wahrscheinlich auch zu solchen des H1N1 Subtyps.

Bei der Untersuchung mit einer weiteren spezifischen real-time PCR wurde keiner der als H1N1 identifizierten Stämme dem Influenza **A(H1N1)pdm09** Virus zugeordnet werden.

Alle Proben, die in der H1- bzw. N1-RT-PCR negativ waren, wurden in einem zweiten Schritt auf H3N2 und H1N2 untersucht, da auch diese Stämme in Schweinen in Europa vorkommen. Es waren aber keine der Schweizer-Proben positiv für diese Stämme.

Um allfällige Genom-Rekombinationen in anderen Segmenten als HA und NA zu untersuchen, wurden bei 12 Proben aus dem Jahre 2018 mittels next generation sequencing (NGS) alle 8 Genom-Segmente sequenziert. Obwohl nicht in allen Fällen alle Segmente vollständig sequenziert werden konnten, gab es keine Hinweise auf Rekombinationen und alle Segmente waren den üblichen in Schweinen zirkulierenden Viren des H1N1-Typs nahe verwandt (**Grafik 5**). Von den 12 analysierten Stämmen gehörten 11 zum Typ CH-2 und einer zum Typ CH-1.

Resultate der Überwachung beim Menschen

2019 waren auf 79.5% der beprobten Betriebe keine Personen erkrankt, auf 8.9% der Betriebe waren Personen maximal in den letzten 10 Tage erkrankt. Bei 4.5% fehlten die Angaben.

Auf insgesamt 4 Schweinebetrieben waren 5 Personen bereit, sich einen Nasentupfer zu entnehmen (**Tabelle 2, Grafik 4**). In einem Fall konnten Influenza A Viren nachgewiesen werden (Influenza A(H1N1)pdm09). Das Schwein von diesem Betrieb war aber auf SIV A negativ getestet worden.

Überwachung in der Pathologie

Zusätzlich zu den 44 Betrieben, die projekt-assoziiert untersucht wurden, wurden auch 6 Betriebe aus der Routine-Diagnostik mittels Nasentupfer untersucht, von denen einer Influenza positiv war. Aus der Pathologie wurden von 4 Betrieben ebenfalls Nasentupfer eingeschickt, von denen keiner Influenza positiv war. Von weiteren 13 Betrieben schickten die Pathologien Lungenmaterial ein. In 4 der 13 Fälle war Influenza nachweisbar. Von den insgesamt 5 positiven Proben konnten 4 (teil-)typisiert werden: 2x H1N1, 1x H1, 1x N1.



Gesamtbeurteilung

Schweineinfluzaviren werden das ganze Jahr über nachgewiesen, vornehmlich in den Wintermonaten. Die Überwachung ergab bislang keinen Hinweis auf die Entstehung neuer Subtypen oder neuer Virenstämme. H1N1 ist der einzige Subtyp, der bisher in der Schweizer Schweinepopulation nachgewiesen wurde. Im Gegensatz zu anderen Ländern zeigen die Schweizer H1N1 Viren auch untereinander eine relativ geringe Diversität, was auf primär inner-schweizerische Infektionsketten deutet.

Schweineinfluzaviren können gelegentlich zwischen Schweinen und Menschen übertragen werden. In Bezug auf den pandemischen Stamm A(H1N1)pdm09, der zuletzt 2013 bei Schweizer Schweinen nachgewiesen wurde, ist von einer Übertragung vom Menschen auf Schweine auszugehen, da dieser Stamm einige Zeit vor der Entdeckung bei den Schweinen in der Bevölkerung bereits zirkulierte. Eine Weiterverbreitung der Schweineinfluzaviren durch Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bisher nicht beobachtet.



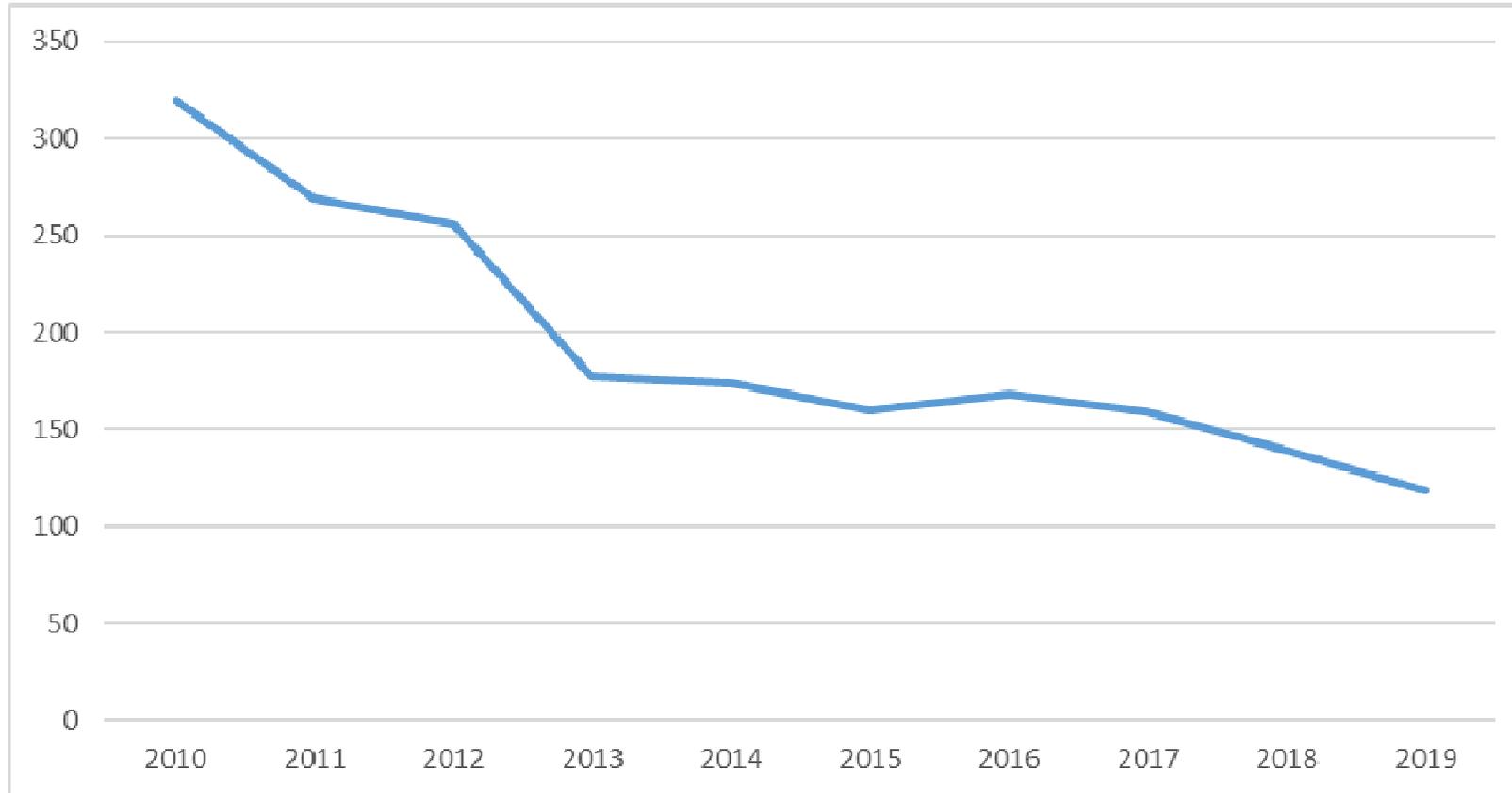
Anhang Grafiken und Tabellen

Periode (Jahr_ Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2009-Q4	88	30	34%	21	70%	10	0
Q4 2009	88	30	34%	21	70%	10	0
2010-Q1	50	14	28%	13	93%	7	0
2010-Q2	89	18	20%	7	39%	3	0
2010-Q3	67	12	18%	7	58%	2	0
2010-Q4	114	30	26%	21	70%	6	0
2010	320	74	23%	48	65%	18	0
2011-Q1	68	18	26%	12	67%	4	3
2011-Q2	45	13	29%	5	38%	4	0
2011-Q3	49	12	24%	3	25%	2	1
2011-Q4	107	26	24%	15	58%	6	0
2011	269	69	26%	35	51%	16	4
2012-Q1	69	18	26%	3	17%	1	0
2012-Q2	64	9	14%	4	44%	1	0
2012-Q3	37	12	32%	4	33%	0	0
2012-Q4	86	11	13%	5	45%	4	0
2012	256	50	20%	16	32%	6	0
2013-Q1	31	11	35%	6	55%	4	1
2013-Q2	41	13	32%	11	85%	5	1
2013-Q3	25	8	32%	7	88%	4	1
2013-Q4	80	28	35%	18	64%	9	0
2013	177	60	34%	42	70%	22	3
2014-Q1	49	16	33%	6	38%	6	0
2014-Q2	51	14	27%	6	43%	3	0
2014-Q3	21	6	29%	2	33%	2	0
2014-Q4	53	13	25%	9	69%	5	0
2014	174	49	28%	23	47%	16	0
2015-Q1	38	12	32%	7	58%	5	0
2015-Q2	36	9	25%	4	44%	3	0
2015-Q3	34	10	29%	8	80%	5	0
2015-Q4	52	17	33%	13	76%	6	0
2015	160	48	30%	32	67%	19	0
2016-Q1	49	20	41%	9	45%	5	0
2016-Q2	27	10	37%	7	70%	3	0
2016-Q3	26	6	23%	2	33%	1	0
2016-Q4	66	25	38%	21	84%	12	0
2016	168	61	36%	39	64%	21	0
2017-Q1	38	18	47%	11	61%	9	0
2017-Q2	30	15	50%	4	27%	3	0
2017-Q3	21	11	52%	6	55%	2	0
2017-Q4	70	30	43%	20	67%	11	0
2017	159	74	47%	41	55%	25	0

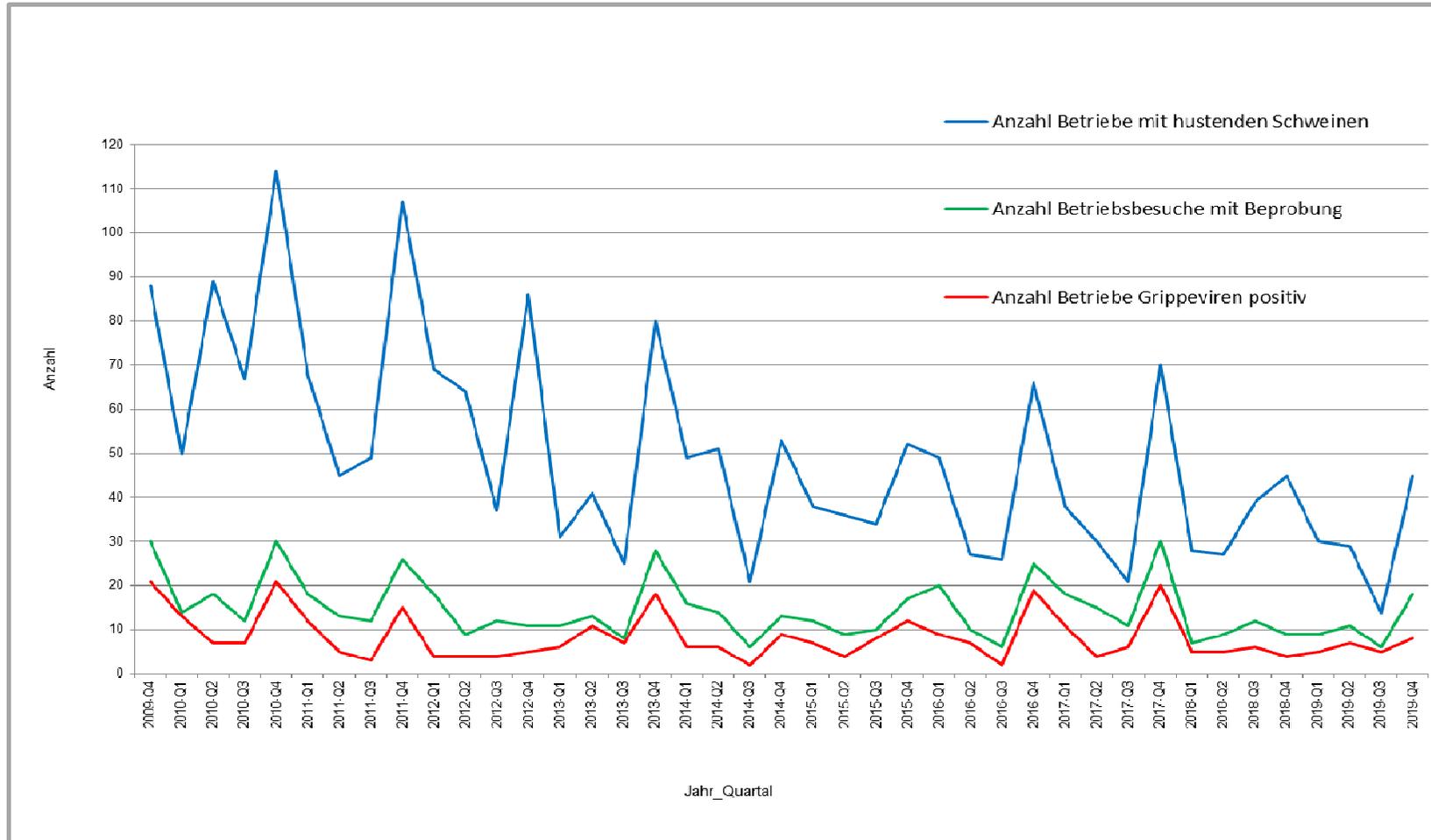


Periode (Jahr_ Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2018-Q1	28	7	25%	5	71%	1	0
2018-Q2	27	9	33%	5	56%	2	0
2018-Q3	39	12	31%	6	50%	5	0
2018-Q4	45	9	20%	4	44%	3	0
2018	139	37	27%	20	54%	11	0
2019-Q1	30	9	30%	5	56%	6	0
2019-Q2	29	11	38%	7	64%	4	0
2019-Q3	14	6	43%	5	83%	2	0
2019-Q4	45	18	40%	8	44%	5	0
2019	118	44	37%	25	57%	17	0
Gesamttotal	1910	552	29%	317	57%	164	7

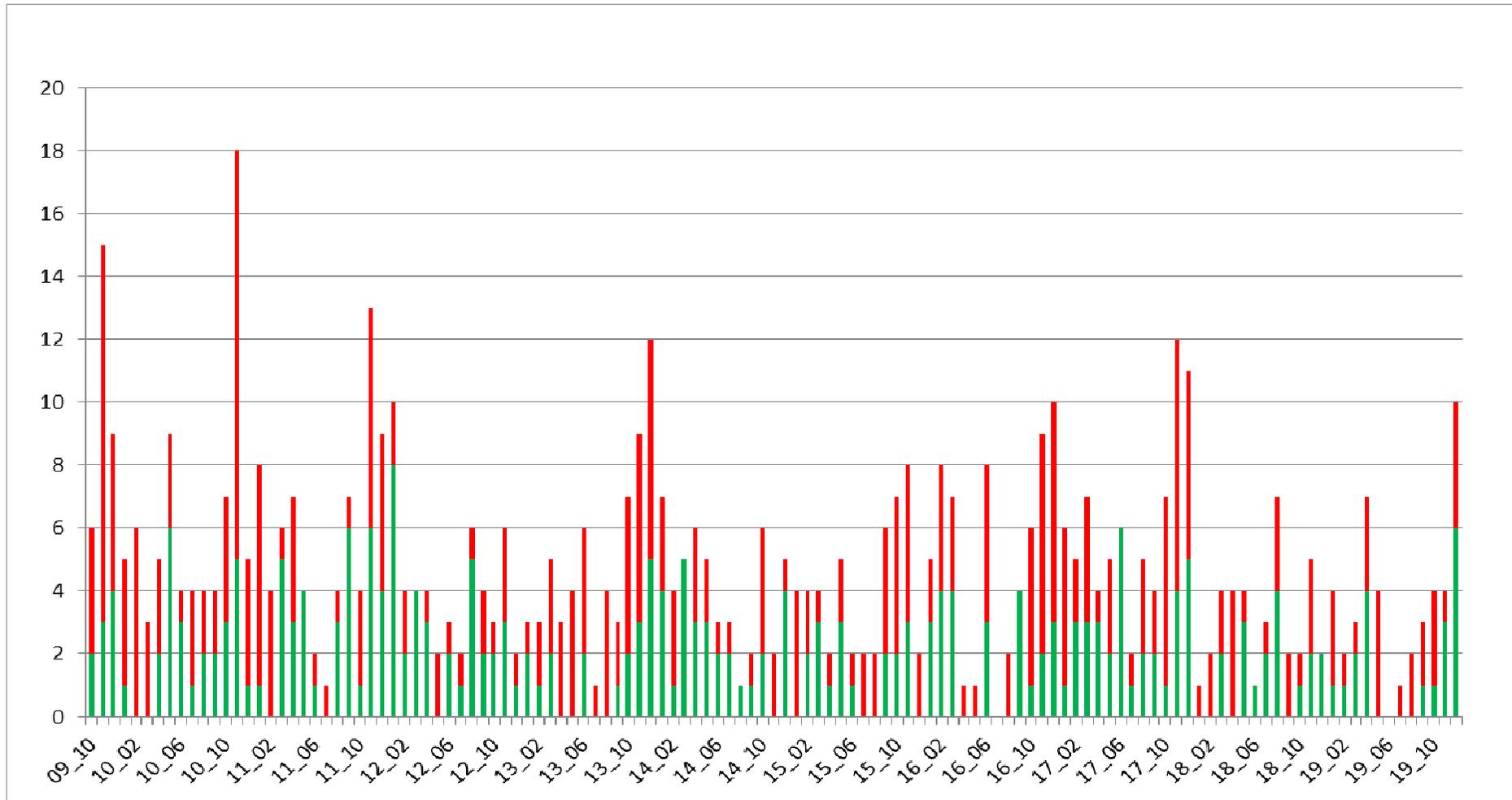
Tabelle 1: Übersicht über die Anzahl dem SGD bekannten Betriebe mit hustenden Schweinen, Anzahl und Anteil Betriebsbesuche mit Beprobung und deren Untersuchungsergebnis pro Quartal



Grafik 1: Anzahl beim SGD dokumentierter Betriebe mit hustenden Schweinen pro Jahr



Grafik 2: Anzahl dem SGD bekannter Betriebe mit hustenden Schweinen (blaue Linie), Anzahl Betriebsbesuche mit Probenahme (grüne Linie) und mit positivem Resultat (rote Linie) pro Quartal



Grafik 3: Anzahl Betriebsbesuche mit negativem (grüne Balken) und positivem (rote Balken) Resultat pro Monat



Periode (Jahr_ Quartal)	krank vor 1-3d					krank vor 4-10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen bepröbt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen bepröbt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen bepröbt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe
2009-Q4	5	5	5	5	2	2	2	0	0	0	16	0	0	0	7
Zwischentotal	5	5	5	5	2	2	2	0	0	0	16	0	0	0	7
2010-Q1	3	3	3	3	0	2	2	0	0	0	8	1	1	0	1
2010-Q2	1	1	1	1	0	4	4	0	0	0	13	0	0	0	0
2010-Q3	2	2	1	1	0	0	0	0	0	0	10	1	1	0	0
2010-Q4	5	5	2	2	1	5	5	0	0	0	20	0	0	0	0
Zwischentotal	11	11	7	7	1	11	11	0	0	0	51	2	2	0	1
2011-Q1	3	3	0	0	0	3	3	0	0	0	10	0	0	0	2
2011-Q2	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	11	0	0	0	0
2011-Q3	2	2	2	2	0	1	1	0	0	0	9	0	0	0	0
2011-Q4	8	8	6	7	1	1	1	0	0	0	17	0	0	0	0
Zwischentotal	14	14	9	10	2	6	6	0	0	0	47	0	0	0	2
2012-Q1	0	0	0	0	0	5	5	0	0	0	11	1	1	0	2
2012-Q2	2	2	2	2	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	0
2012-Q3	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	10	0	0	0	0
2012-Q4	1	1	1	1	1	3	9	1	2	0	5	0	0	0	2
Zwischentotal	4	4	3	3	1	9	15	1	2	0	33	1	1	0	4
2013-Q1	2	2	0	0	0	4	5	3	3	1*	4	0	0	0	1
2013-Q2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13	0	0	0	0
2013-Q3	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	1
2013-Q4	3	4	2	2	0	4	5	0	0	0	17	0	0	0	4
Zwischentotal	6	7	3	3	0	8	10	3	3	1	40	0	0	0	6



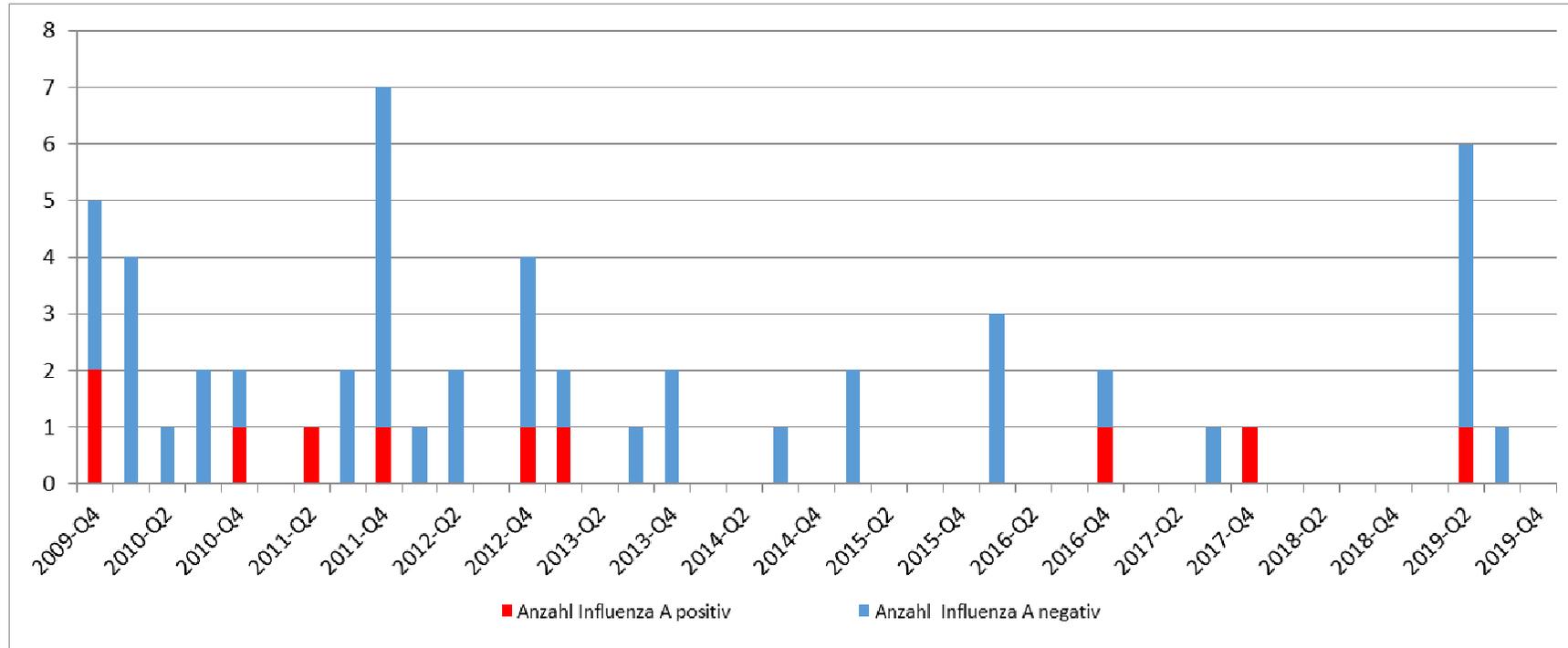
Periode (Jahr_Quartal)	krank vor 1-3d					krank vor 4-10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human-tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human-tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe Human-tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe
2014-Q1	1	1	0	0	0	5	8	0	0	0	8	0	0	0	2
2014-Q2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	6
2014-Q3	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	4	0	0	0	1
2014-Q4	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	6	0	0	0	5
Zwischentotal	1	1	0	0	0	8	9	1	1	0	26	0	0	0	14
2015-Q1	0	2	1	2	0	2	4	0	0	0	4	0	0	0	6
2015-Q2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	3
2015-Q3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	5
2015-Q4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	9	0	0	0	7
Zwischentotal	0	2	1	2	0	3	4	0	0	0	24	0	0	0	21
2016-Q1	1	2	1	2	0	0	0	0	0	0	9	1	1	0	10
2016-Q2	0	0	0	0	0	2	4	0	0	0	5	0	0	0	3
2016-Q3	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	4
2016-Q4	3	3	2	2	1	2	2	0	0	0	17	0	0	0	3
Zwischentotal	4	5	3	4	1	5	7	0	0	0	32	1	1	0	20
2017-Q1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	12	0	0	0	5
2017-Q2	0	0	0	0	0	1	2	0	0	0	11	0	0	0	3
2017-Q3	1	2	1	1	0	0	0	0	0	0	6	0	0	0	4
2017-Q4	0	0	0	0	0	2	4	1	1	1	20	0	0	0	8
Zwischentotal	1	2	1	1	0	4	7	1	1	1	49	0	0	0	20
2018-Q1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	4	0	0	0	2
2018-Q2	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	5	0	0	0	3
2018-Q3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	5
2018-Q4	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	7	0	0	0	1
Zwischentotal	0	0	0	0	0	3	3	0	0	0	23	0	0	0	11



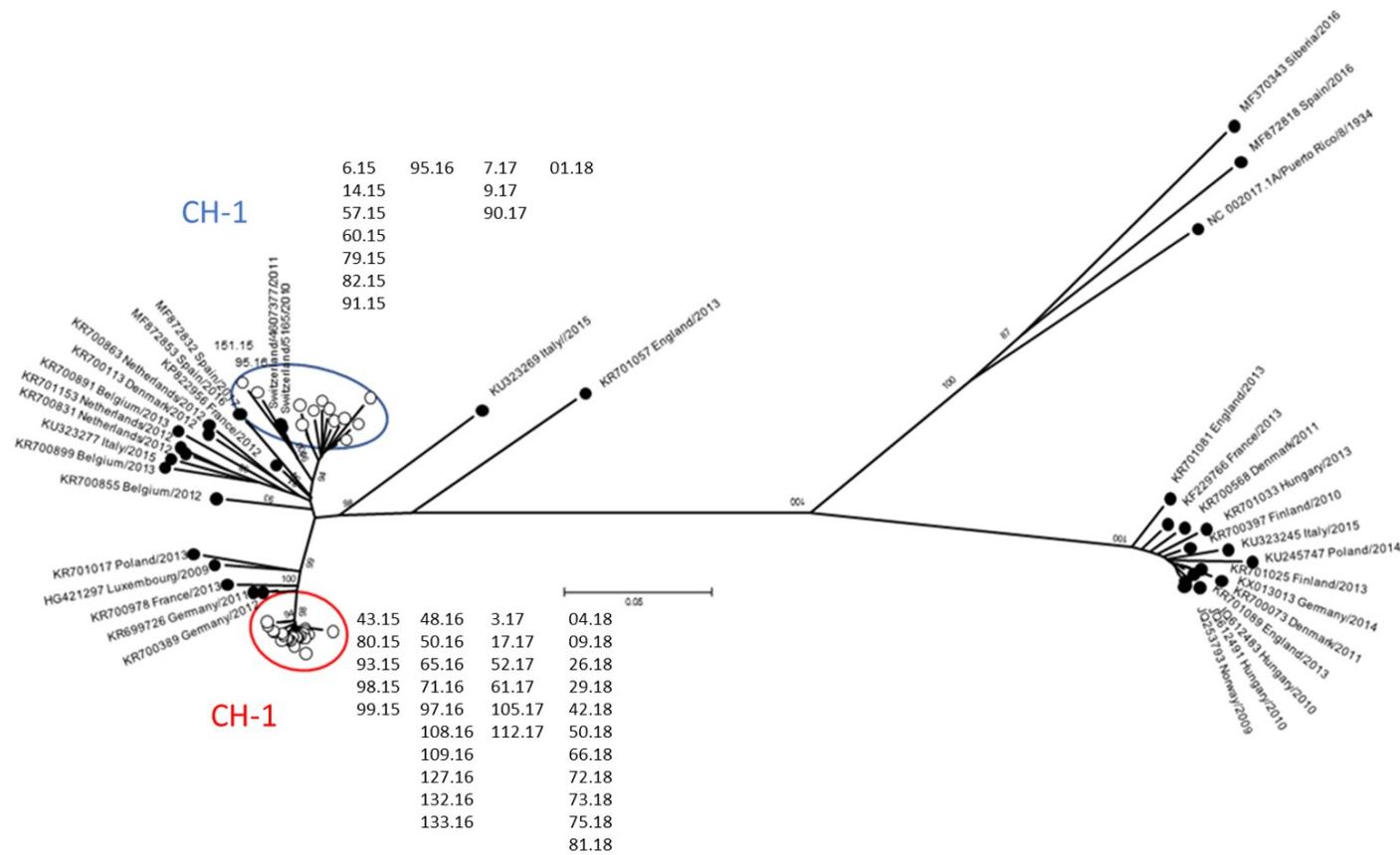
Periode (Jahr_ Quartal)	krank vor 1-3d					krank vor 4-10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Personen krank	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe Human- tupfer	Anzahl Personen beprobt	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe
2019-Q1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0	0	1
2019-Q2	2	4	2	5	0	1	1	1	1	1	8	0	0	0	0
2019-Q3	0	0	0	0	0	2	5	1	1	0	4	0	0	0	0
2019-Q4	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0	0	2
Zwischentotal	4	6	5	0	0	3	6	2	2	1	34	0	0	0	3
Total	50	57	34	40	7	62	69	8	9	3	375	4	4	0	106

* Person war innerhalb der letzten 10 Tage erkrankt, sprich sie könnte auch innerhalb der letzten 1-3 Tage krank gewesen sein

Tabelle 2: Angaben zum „Grippestatus“ von Personen auf dem SGD bekannten Betrieben mit hustenden Schweinen pro Quartal



Grafik 4: Anzahl beprobter Personen auf dem SGD bekannten Betrieben mit hustenden Schweinen pro Quartal



Grafik 5: Neighbor-joining tree der gesamten coding region für das Hämagglutinin (1704 nt).

Schweizer Stämme = weisse Punkte

Europäische Referenzstämme für porcines H1N1 der Jahre 2007-2018 = schwarze Punkte