



# Bericht Influenzaüberwachung bei Mensch und Schwein – Daten 2022

## 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 hustende Schweine mittels Nasentupfer untersucht. Da auch die Übertragung der Grippeviren zwischen Mensch und Schwein von grossem Interesse ist, werden Personen auf den besuchten Betrieben bezüglich des Auftretens grippeähnlicher Symptome befragt. Sind Personen aktuell erkrankt (seit 1–3 Tagen) werden diese gebeten, sich selbst mittels Nasentupfer zu beproben. Die Proben der Tiere werden am Virologischen Institut der Vetsuisse-Fakultät der Universität Zürich mit molekularbiologischen Methoden auf Influenzaviren untersucht und nachgewiesene Viren typisiert. Die Proben der Personen werden am Nationalen Referenzzentrum für Influenza (CNRI) in Genf 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, sowie Proben aus der Routine-Diagnostik, die von Schweinen mit möglicher Influenzainfektion stammen, auf Influenza untersucht. Dadurch kann die genetische Diversität der in Schweizer Schweinen zirkulierenden Influenzaviren bestimmt werden.

## Resultate der Überwachung beim Schwein 2022

### 1. Betriebe mit hustenden Schweinen

2022 verzeichnete der Schweinegesundheitsdienst der SUISAG (SGD) 105-mal hustende Schweine auf Schweinebetrieben, wobei bei einigen Tierhaltungen mehrmals Husten auftrat. Am häufigsten werden hustende Schweine in den Wintermonaten verzeichnet. Die Anzahl der dokumentierten Hustenfälle ist seit Jahren tief (**Grafik 1**). Aufgrund der beobachteten Entwicklung wird vermutet, dass viele Schweinehaltende dem SGD Husten bei ihren Schweinen nicht mehr aktiv melden. Entsprechend dürfte die Dunkelziffer (nicht gemeldeter Husten-Fälle) hoch sein.

### 2. Anzahl beprobte Betriebe

Von den 105 registrierten Schweinebetrieben mit hustenden Schweinen wurden 2022 im Rahmen des Projektes 28 (27%) beprobt. Dies liegt unterhalb des Gesamtdurchschnitts der Jahre seit 2010 (29%).

### 3. Anzahl Influenza-A positive Betriebe

Im 2022 waren 16 der 28 beprobten Betriebe (57%) Influenza A positiv. Dies entspricht dem Gesamtdurchschnitt der Jahre seit 2010 (57%). Als positiv galt ein Betrieb, wenn mindestens ein Nasentupfer positiv auf Influenza A Viren getestet wurde.<sup>1</sup>

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

---

<sup>1</sup> Bis 2014 wurden 3 Nasentupfer pro Betrieb untersucht, ab 2015 nur 2 Nasentupfer (Ausnahme: bei Betrieben mit Humantupfern werden nach wie vor 3 Nasentupfer untersucht)



#### 4. Typisierung der Influenza A Viren

In allen 16 Betrieben wurden die **Influenza A Viren** mittels einer auf dem Matrixprotein-Gen basierenden, Pan-Influenza A real-time PCR nachgewiesen. Nachfolgend wurden die Influenza A Viren in einer 2-stufigen RT-PCR typisiert.

Im ersten Schritt wurden spezifische Primer für Hämagglutinin 1(H1) und Neuraminidase 1 (N1) verwendet. In 8 Betrieben konnten so Viren des **Subtyps H1N1** nachgewiesen werden. In 1 Betrieb konnte nur **H1** und in weiteren 2 Betrieben nur **N1** identifiziert werden. Bei 6 Proben gelang keine Typisierung. Bei der Untersuchung mit einer weiteren spezifischen real-time PCR wurde keiner der als H1N1 identifizierten Stämme dem Influenza **A(H1N1)pdm09** Virus zugeordnet.

In einem zweiten Schritt wurden alle Proben, die in der H1- bzw. N1-RT-PCR negativ waren, auf die Subtypen H3N2 und H1N2 untersucht, da auch diese Stämme bei Schweinen in Europa vorkommen. Es gehörten aber keine der analysierten Proben zu diesen Stämmen.

Um allfällige Genom-Rekombinationen in den 6 Segmenten zu untersuchen, die nicht für Hämagglutinin und Neuraminidase codieren, wurden bei 5 Proben aus dem Jahr 2020 und 7 aus dem Jahr 2021 mittels NGS alle 8 Genom-Segmente sequenziert. Obwohl nicht in allen Fällen alle Segmente vollständig sequenziert werden konnten, gab es keine Hinweise auf Rekombinationen. Alle Segmente waren dem bei Schweinen in Europa weitverbreiteten Eurasisch avian-like (AE) Typ (lineage C) zuzuordnen (**Grafik 5**). Wie in den Vorjahren, konnten alle mittels NGS gewonnenen Sequenzen der Clade 1C.2.2 oder 1C.2.1 zugeordnet werden (**Tabelle 3**).

#### **Überwachung in der Pathologie sowie in der Routine-Diagnostik**

Zusätzlich zu den 28 Betrieben, die im Rahmen des Projektes mittels Nasentupfer untersucht wurden, wurden auch Nasentupfer von 3 Betrieben aufgrund Influenza-Verdachts in der Routine-Diagnostik untersucht. Diese waren alle Influenza negativ.

Aus der Pathologie wurden von 9 Betrieben ebenfalls Proben eingeschickt, von denen zwei Influenza positiv waren. Bei einer der positiven Proben wurde mittels Subtypisierung H1N1 nachgewiesen, bei der zweiten Probe war die Subtypisierung erfolglos.

#### **Resultate der Überwachung beim Menschen 2022**

2022 gab es auf 24 der 28 beprobten Betriebe (85%) keine Personen, die seit höchstens 10 Tagen an grippeähnlichen Symptomen erkrankt waren. Auf 3 Betrieben hatten insgesamt 4 Personen in den letzten 10 Tagen und auf 3 Betrieben insgesamt 5 Personen in den letzten 1-3 Tagen grippeähnliche Symptome. Angestrebt wird, dass alle Personen, die seit weniger als 3 Tagen krank sind, untersucht werden. Bei 3 von 5 frisch erkrankten Personen wurden Nasentupfer selbst entnommen (**Tabelle 2**, **Grafik 4**). Alle Untersuchungen bei erkrankten Personen waren Influenza A negativ.



## **Gesamtbeurteilung**

Schweineinfluenzaviren 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. Die Schweizer H1N1 Stämme gruppieren sich dabei in zwei Cluster, innerhalb derer eine vergleichsweise geringe genetische Diversität herrscht, was auf primär inner-schweizerische Infektionsketten deutet. Bei der Typisierung des Hämagglutinins zeigt sich seit 2015 ein allmählicher Shift von Clade 1C.2.1 zu 1C.2.2. Allerdings konnten 2021 auch wieder zwei 1C.2.1 Sequenzen nachgewiesen werden. Diese Viren zirkulieren also weiterhin in Schweizer Schweinen. Sowohl 1C.2.1 wie auch 1C.2.2 gehören zum Eurasisch avian-like H1 Typ und sind in europäischen Schweinen weitverbreitet.

Schweineinfluenzaviren können gelegentlich zwischen Schweinen und Menschen übertragen werden – ohne nachfolgende Mensch-zu-Mensch Übertragung. Eine solche sporadische Übertragung kann bei den beiden zeitgleich mit den Schweinen erkrankten Personen im 2021 nicht ausgeschlossen 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 Schweineinfluenzaviren durch Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bisher nicht beobachtet.



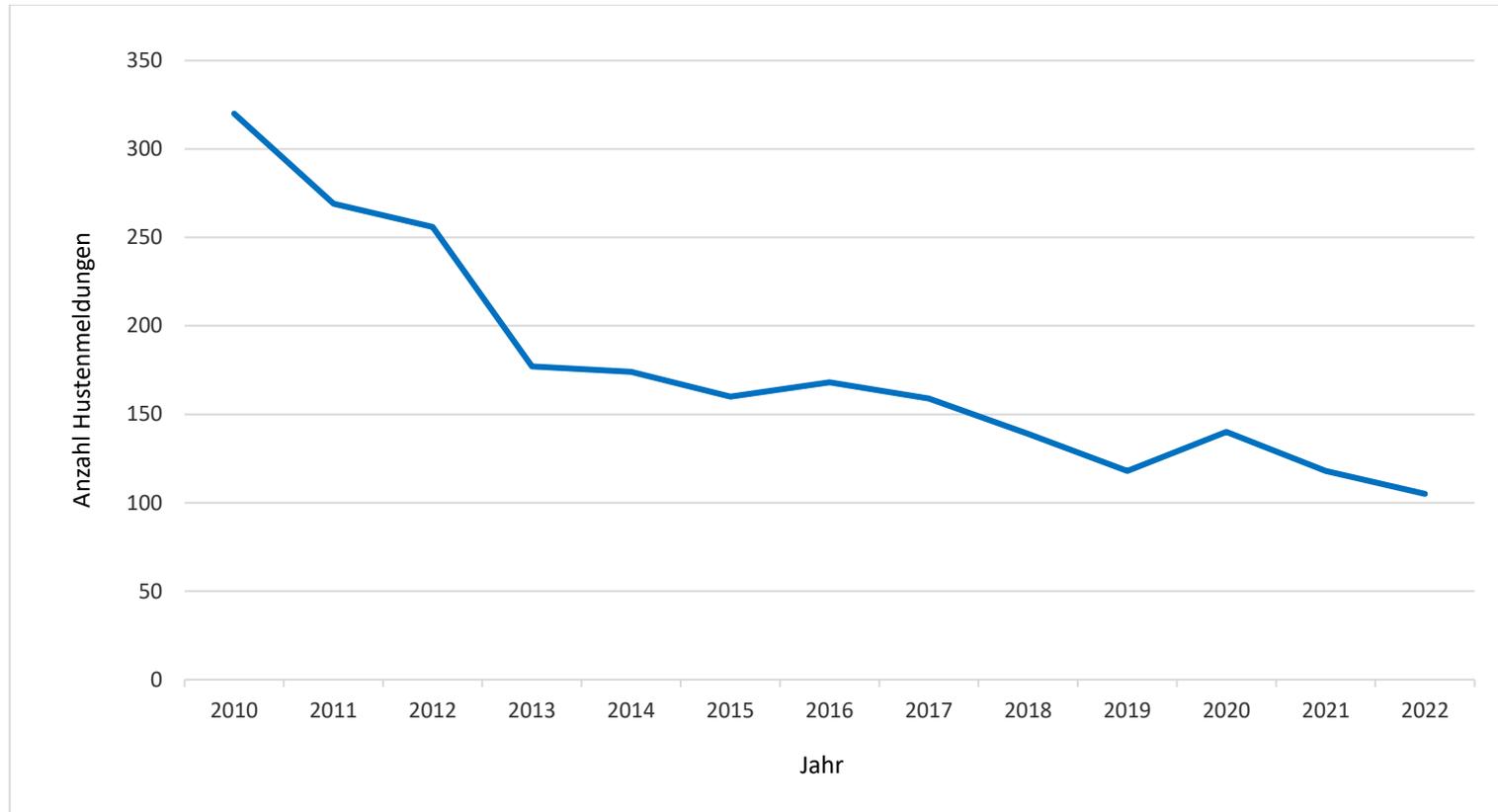
## Anhang Grafiken und Tabellen

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

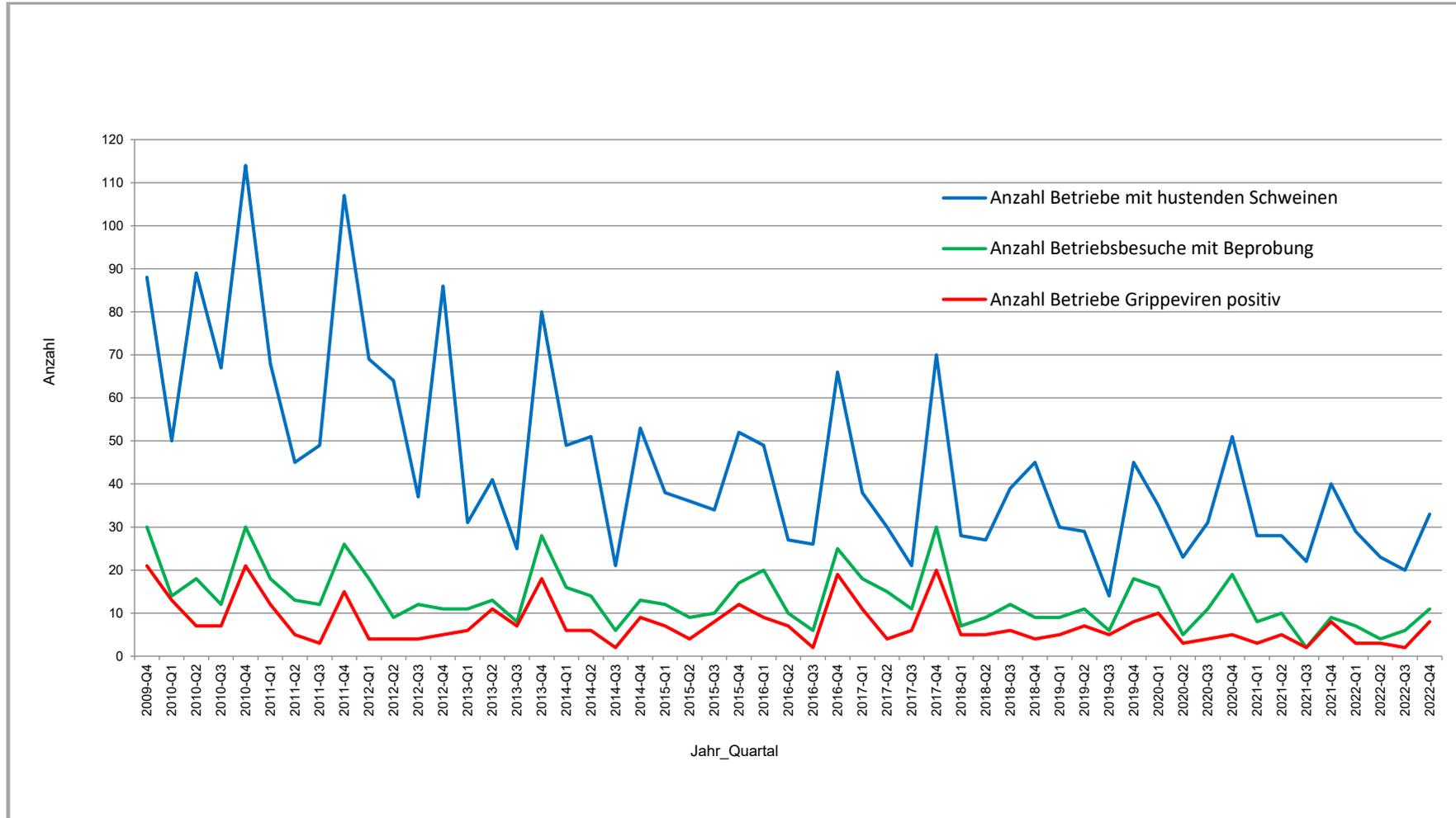
Periode (Jahr- Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte Betriebe	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% A-pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2009-Q4	88	30	34%	21	70%	10	0
<b>Q4 2009</b>	<b>88</b>	<b>30</b>	<b>34%</b>	<b>21</b>	<b>70%</b>	<b>10</b>	<b>0</b>
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
<b>2010</b>	<b>320</b>	<b>74</b>	<b>23%</b>	<b>48</b>	<b>65%</b>	<b>18</b>	<b>0</b>
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
<b>2011</b>	<b>269</b>	<b>69</b>	<b>26%</b>	<b>35</b>	<b>51%</b>	<b>16</b>	<b>4</b>
2012-Q1	69	18	26%	4	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
<b>2012</b>	<b>256</b>	<b>50</b>	<b>20%</b>	<b>17</b>	<b>32%</b>	<b>6</b>	<b>0</b>
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
<b>2013</b>	<b>177</b>	<b>60</b>	<b>34%</b>	<b>42</b>	<b>70%</b>	<b>22</b>	<b>3</b>
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
<b>2014</b>	<b>174</b>	<b>49</b>	<b>28%</b>	<b>23</b>	<b>47%</b>	<b>16</b>	<b>0</b>
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%	12	76%	6	0
<b>2015</b>	<b>160</b>	<b>48</b>	<b>30%</b>	<b>31</b>	<b>67%</b>	<b>19</b>	<b>0</b>
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%	19	84%	12	0
<b>2016</b>	<b>168</b>	<b>61</b>	<b>36%</b>	<b>37</b>	<b>64%</b>	<b>21</b>	<b>0</b>
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
<b>2017</b>	<b>159</b>	<b>74</b>	<b>47%</b>	<b>41</b>	<b>55%</b>	<b>25</b>	<b>0</b>



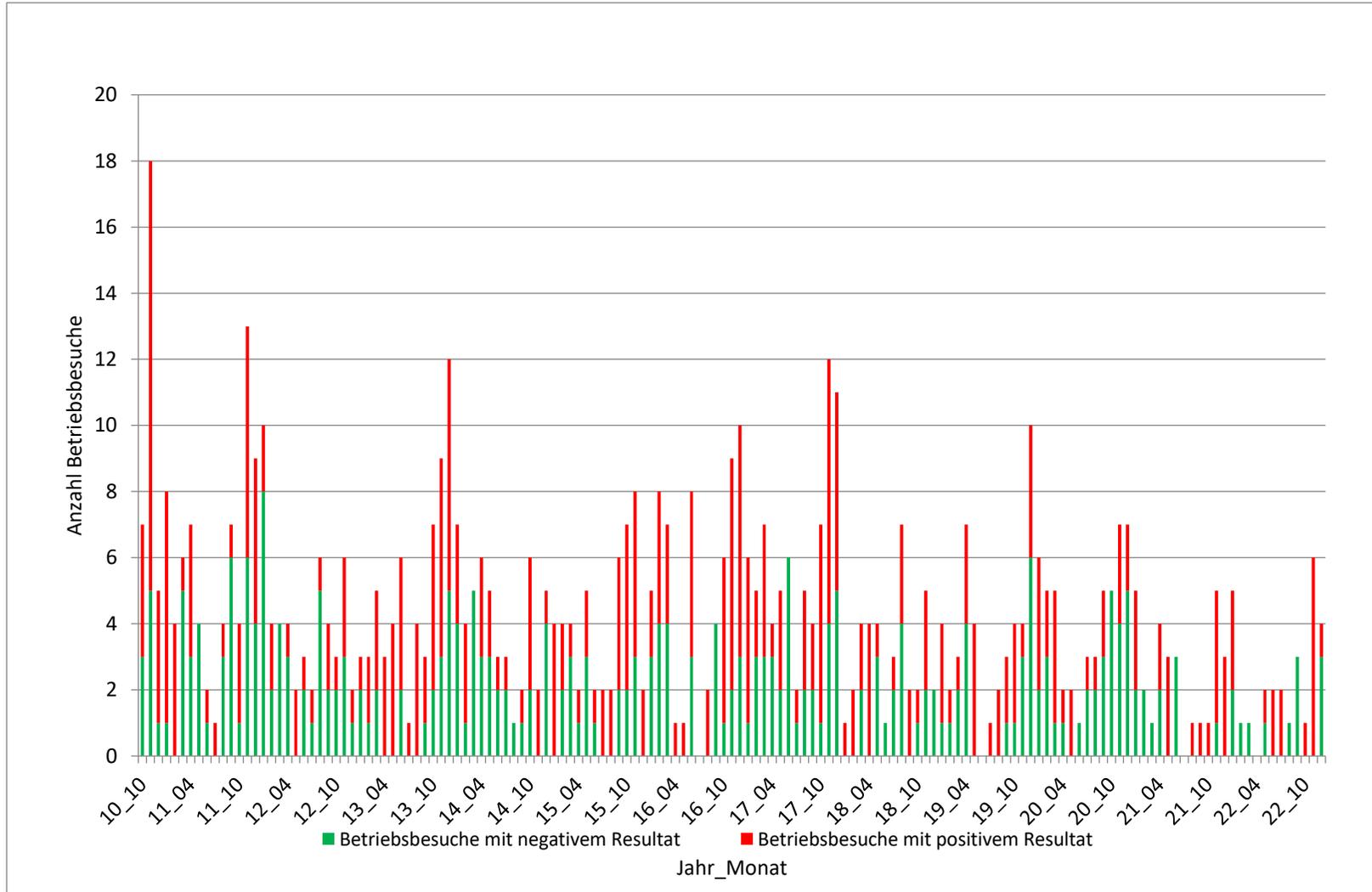
Periode (Jahr- Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte Betriebe	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% A-pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2018-Q1	28	7	25%	5	71%	1	0
2018-Q2	27	9	33%	5	56%	2	0
2018-Q3	39	12	31%	6	50%	5	0
2018-Q4	45	9	20%	4	44%	3	0
<b>2018</b>	<b>139</b>	<b>37</b>	<b>27%</b>	<b>20</b>	<b>54%</b>	<b>11</b>	<b>0</b>
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
<b>2019</b>	<b>118</b>	<b>44</b>	<b>37%</b>	<b>25</b>	<b>57%</b>	<b>17</b>	<b>0</b>
2020-Q1	35	16	46%	10	63%	4	0
2020-Q2	23	5	22%	3	60%	3	0
2020-Q3	31	11	35%	4	36%	1	0
2020-Q4	51	19	37%	5	26%	2	0
<b>2020</b>	<b>140</b>	<b>51</b>	<b>36%</b>	<b>22</b>	<b>43%</b>	<b>10</b>	<b>0</b>
2021-Q1	28	8	29%	3	38%	2	0
2021-Q2	28	10	36%	5	50%	3	0
2021-Q3	22	2	9%	2	100%	1	0
2021-Q4	40	9	23%	8	89%	1	0
<b>2021</b>	<b>118</b>	<b>29</b>	<b>25%</b>	<b>18</b>	<b>62%</b>	<b>7</b>	<b>0</b>
2022-Q1	29	7	24%	3	43%	2	0
2022-Q2	23	4	17%	3	75%	1	0
2022-Q3	20	6	30%	2	33%	1	0
2022-Q4	33	11	33%	8	73%	4	0
<b>2022</b>	<b>105</b>	<b>28</b>	<b>27%</b>	<b>16</b>	<b>57%</b>	<b>8</b>	<b>0</b>
<b>Gesamttotal</b>	<b>2391</b>	<b>704</b>	<b>29%</b>	<b>398</b>	<b>57%</b>	<b>206</b>	<b>7</b>



**Grafik 1:** Anzahl beim Schweinegesundheitsdienst der SUISAG (SGD) dokumentierter Betriebe mit hustenden Schweinen pro Jahr



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



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



**Tabelle 2:** Angaben zum „Grippestatus“ von Personen auf dem Schweinegesundheitsdienst der SUISAG (SGD) bekannten Betrieben mit hustenden Schweinen pro Quartal

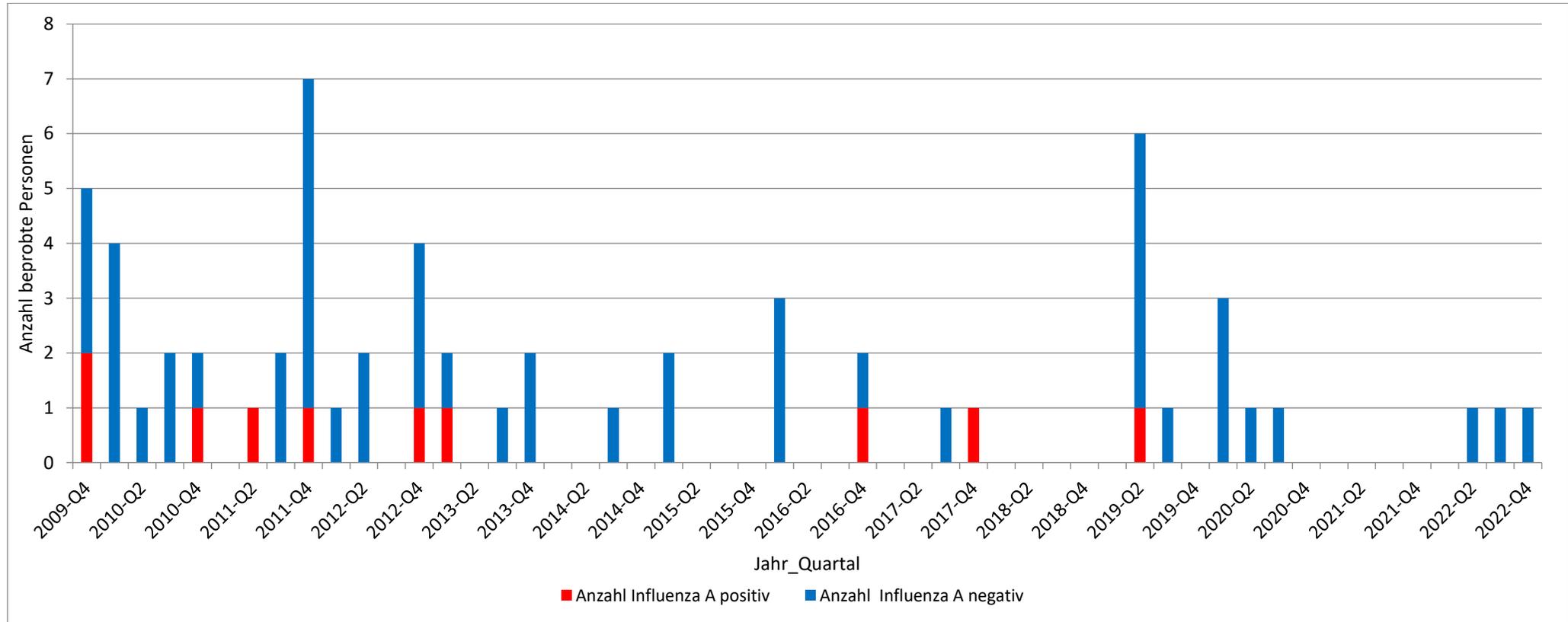
Periode (Jahr- Quartal)	Krankheitsbeginn vor 1–3d					Krankheitsbeginn vor 4–10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe
2009-Q4	5	5	5	5	2	2	2	0	0	0	16	0	0	0	7
<b>Zwischentotal</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>5</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>16</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>7</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>11</b>	<b>11</b>	<b>7</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>11</b>	<b>11</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>51</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>1</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>14</b>	<b>14</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>2</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>47</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>9</b>	<b>15</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>33</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>4</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>8</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>40</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>6</b>



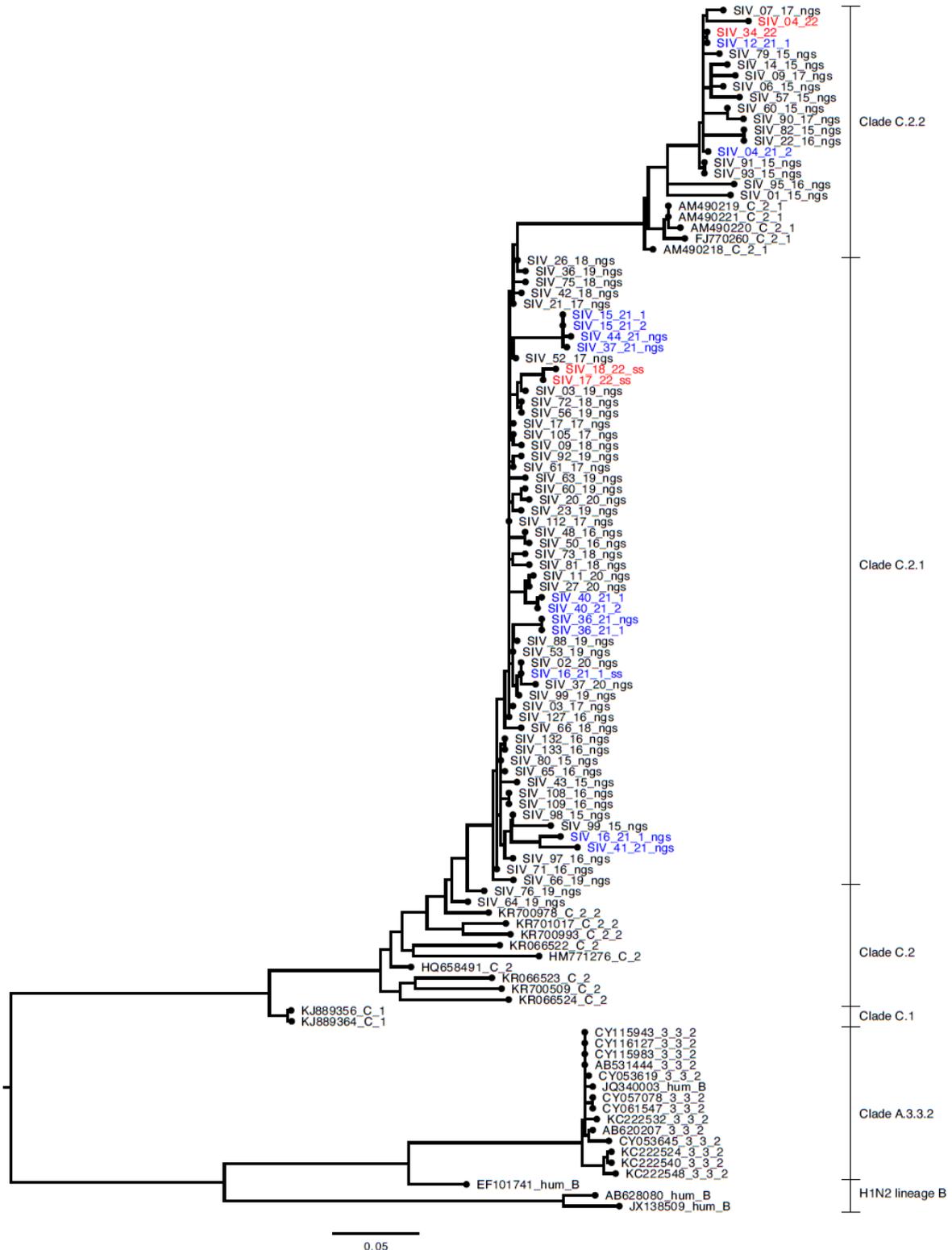
Periode (Jahr- Quartal)	Krankheitsbeginn vor 1–3d					Krankheitsbeginn vor 4–10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza 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
<b>Zwischentotal</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>26</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>14</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>24</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>21</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>5</b>	<b>7</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>32</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>20</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>4</b>	<b>7</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>49</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>20</b>
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
<b>Zwischentotal</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>23</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>11</b>



Periode (Jahr- Quartal)	Krankheitsbeginn vor 1–3d					Krankheitsbeginn vor 4–10d					nicht krank <10d				keine Angaben
	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl kranke Personen	Anzahl Betriebe mit beprobten Personen	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Inf A positiv	Anzahl Betriebe	Anzahl Betriebe mit	Anzahl beprobte Personen	Anzahl Influenza 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
<b>Zwischentotal</b>	<b>4</b>	<b>6</b>	<b>5</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>34</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>3</b>
2020-Q1	1	2	1	1	0	1	1	1	1	0	13	1	1	0	1
2020-Q2	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0
2020-Q3	1	2	1	1	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0
2020-Q4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0	0	0
<b>Zwischentotal</b>	<b>3</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>46</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>1</b>
2021-Q1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0	0	0
2021-Q2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0	0	0
2021-Q3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0
2021-Q4	1	2	0	0	0	2	3	0	0	0	6	0	0	0	0
<b>Zwischentotal</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>26</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
2022-Q1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	6	0	0	0	0
2022-Q2	1	1	1	1	0	1	2	0	0	0	3	0	0	0	0
2022-Q3	1	3	1	1	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0
2022-Q4	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	10	0	0	0	0
<b>Zwischentotal</b>	<b>3</b>	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>24</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Total</b>	<b>57</b>	<b>69</b>	<b>40</b>	<b>46</b>	<b>7</b>	<b>68</b>	<b>88</b>	<b>9</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>471</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>0</b>	<b>110</b>



**Grafik 4:** Anzahl beprobter Personen auf dem Schweinegesundheitsdienst der SUISAG (SGD) bekannten Betrieben mit hustenden Schweinen pro Quartal



**Grafik 5:** Mittelpunkt gewurzelter Maximum Likelihood Baum der PCR-amplifizierten Region des Hämagglutinins (ca. 450nt). Die Sequenzen der letzten Jahre wurden mit 'Isolat\_Jahreszahl' bezeichnet, die im 2022 und 2021 gefundenen Sequenzen zusätzlich rot respektive blau markiert und die in der Genbank deponierten Sequenzen mit der 'Accession-Nummer\_Clade' bezeichnet.



**Tabelle 3:** Liste der mittels NGS sequenzierten und in Clades eingeteilten Proben (gesamte Haemagglutinin coding region). Felder in den Farben   und   sind mittels NGS, Felder in den Farben   und   mittels klassischer Sanger-Sequenzierung (nicht in Grafik 5 dargestellt) typisiert.

2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
1C.2.1	1C.2.1	1C.2.1	1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.1
1C.2.1	1C.2.1	1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.1
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.1	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2
1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	1C.2.2	
1C.2.2	1C.2.2	<i>nb</i>	1C.2.2	1C.2.2		
<i>nb</i>	1C.2.2	<i>nb</i>	1C.2.2	1C.2.2		
<i>nb</i>				1C.2.2		
				1C.2.2		
				<i>nb</i>		