



Stand: Juli 2025

Bericht Influenzaüberwachung bei Mensch und Schwein – Daten 2024

Hintergrund:

2009 löste das Influenza A(H1N1)pdm09 Virus eine weltweite Pandemie aus. Die Sequenzierung des Virus ergab, dass bei dessen Entstehung Schweineinfluenzaviren (SIV) beteiligt waren. Aus diesem Grund wurde im Herbst 2009 die Überwachung der SIV in Schweinehaltungen der Schweiz verstärkt. Es werden gezielt hustende Schweine mittels Nasentupfer untersucht. Da auch der Nachweis der Übertragung von 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 mittels molekularbiologischer Methoden auf Influenzaviren untersucht und nachgewiesene Viren typisiert. Humanproben 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 frühzeitig erkannt werden.

Neben den Proben, welche im Rahmen des nationalen Überwachungsprogramms entnommen werden, werden auch Schweine, die in der Pathologie seziiert werden und Lungenveränderungen aufweisen, sowie Proben von Schweinen mit möglicher Influenzainfektion aus der Routinediagnostik auf Influenza untersucht. Insgesamt erlauben diese Proben, die genetische Diversität der in Schweizer Schweinen zirkulierenden Influenzaviren zu bestimmen und zu verfolgen.

Resultate der Überwachung beim Schwein 2024

1. Betriebe mit hustenden Schweinen

2024 verzeichnete der Schweinegesundheitsdienst der SUISAG (SGD) 76-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 nicht mehr aktiv Husten bei ihren Schweinen melden. Entsprechend dürfte die Dunkelziffer an Hustenfällen hoch sein.

2. Anzahl beprobte Betriebe

Von den 76 registrierten Schweinebetrieben mit hustenden Schweinen wurden 2024 im Rahmen des Überwachungsprogramms Schweine in 42 Betriebsbesuchen (57%) beprobt. Dies liegt über dem Gesamtdurchschnitt der Jahre seit 2010 (31%).

3. Anzahl Influenza-A positive Befunde bei Betriebsbesuchen

Im Jahr 2024 wurde bei 11 der 42 Betriebsbesuche (26%) Influenza A nachgewiesen. Dies liegt unter dem Gesamtdurchschnitt der Jahre seit 2010 (53%). Als positiv galt ein Betrieb, wenn mindestens ein Nasentupfer bzw. das Lungenmaterial 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 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 11 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 zweistufigen RT-PCR typisiert.

Da der Subtyp H1N1 der einzige ist, der bisher in Schweizer Schweinen nachgewiesen wurde, wurden im ersten Schritt spezifische Primer für das Hämagglutinin- 1 (H1) und das Neuraminidasegen 1 (N1) verwendet. In 4 Betrieben konnten so Viren des **Subtyps H1N1** nachgewiesen werden. In je 2 Betrieben wurde nur **H1 bzw. N1** nachgewiesen. Bei 3 Betrieben war die Subtypisierung erfolglos. Bei der Untersuchung mit einer weiteren spezifischen real-time PCR wurde einer der als N1 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, mittels H3 und N2 RT-PCR auf die Subtypen H3N2 und H1N2 untersucht, da diese Stämme bei Schweinen in Europa vorkommen. Es gehörten aber keine der analysierten Proben zu diesen Stämmen.

Alle erhaltenen Hämagglutinin- und Neuraminidasesequenzen konnten dem bei Schweinen in Europa weitverbreiteten Eurasisch avian-like (AE) Typ (Lineage C) und innerhalb von diesem den Clades 1C.2.2 oder 1C.2.1 zugeordnet werden (**Grafik 5; Tabelle 3**).

Überwachung via Routine-Diagnostik

Zusätzlich zu den 42 Betriebsbesuchen, die im Rahmen des SIV-Überwachungsprogramms erfolgten, wurden auch Nasentupfer von 4 Betrieben aufgrund Influenzaverdachts in der Routinediagnostik untersucht. Davon war einer Influenza A positiv (H1N1).

Aus der Pathologie wurde von einem Betrieb ebenfalls Proben via Routinediagnostik eingeschickt, welcher Influenza negativ war.

Resultate der Überwachung beim Menschen 2024

Auf zwei Betrieben hatten insgesamt **drei** Personen in den letzten 1 – 3 Tagen grippeähnliche Symptome. Bei einer dieser drei Personen wurde ein Nasentupfer selbst entnommen. Die Probe war Influenza A negativ.

Angestrebt wird, dass alle Personen, die seit maximal 3 Tagen krank sind, untersucht werden.

Auf fünf Betrieben hatten insgesamt **neun** Personen in den letzten 4 – 10 Tagen grippeähnliche Symptome. Es wurden bei keinen Personen Proben entnommen. (**Grafik 4**).

Bei 25 von 42 Betriebsbesuchen (60%) wurden in den letzten 10 Tagen keine Grippe-symptome bei Menschen gemeldet.



Gesamtbeurteilung

Schweineinflenzaviren werden das ganze Jahr über nachgewiesen, vornehmlich in den Wintermonaten. Die Überwachung ergab bislang keinen Hinweis auf die Entstehung/Einschleppung neuer Subtypen. 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 innerschweizerische Infektionsketten deutet. Bei der Typisierung des Hämagglutinins zeigt sich seit 2015 ein allmählicher Shift von Clade 1C.2.1 zu 1C.2.2. Sowohl 1C.2.1 wie auch 1C.2.2 gehören zum Eurasisch avian-like H1 Typ und sind in europäischen Schweinen weitverbreitet.

Schweineinflenzaviren können gelegentlich zwischen Schweinen und Menschen übertragen werden. In Bezug auf den pandemischen Stamm A(H1N1)pdm09 ist von einer Übertragung vom Menschen auf Schweine auszugehen, da dieser Stamm seit 2009 endemisch im Menschen zirkuliert und bei Schweizer Schweinen letztmals 2013 nachgewiesen wurde.

Zwischen 2010 und 2024 gab es insgesamt 9 Nachweise von **Influenza A Viren** beim Menschen, wovon 6 (66%) positiv für Schweineinflenzaviren waren (**Tabelle 2**). Bisher wurde eine Weiterverbreitung der Schweineinflenzaviren durch Übertragung von Mensch zu Mensch nicht beobachtet. Es sehr wichtig, die allgemeinen Hygieneregeln stets einzuhalten, um ein Ansteckungsrisiko zu minimieren.



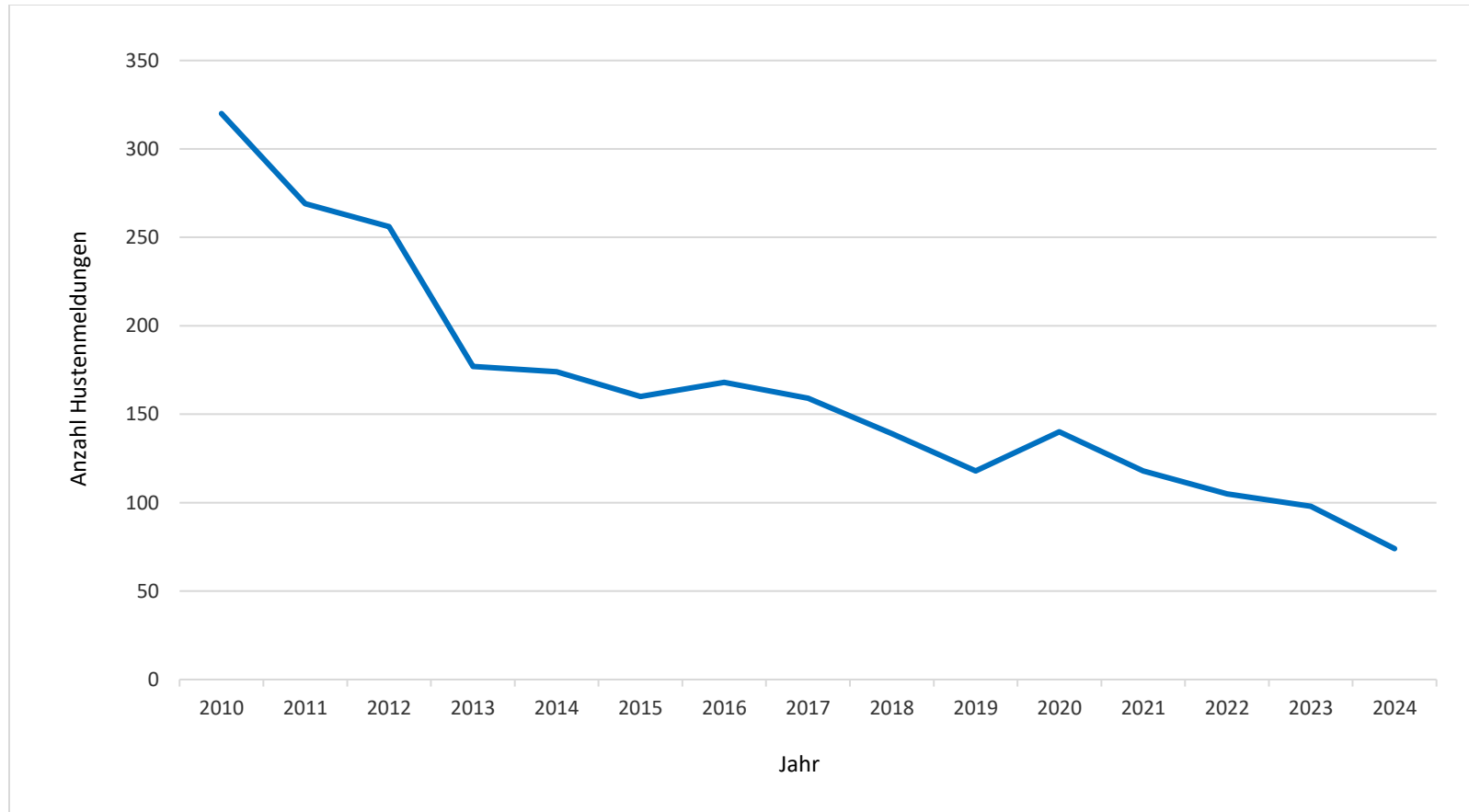
Anhang Grafiken und Tabellen

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

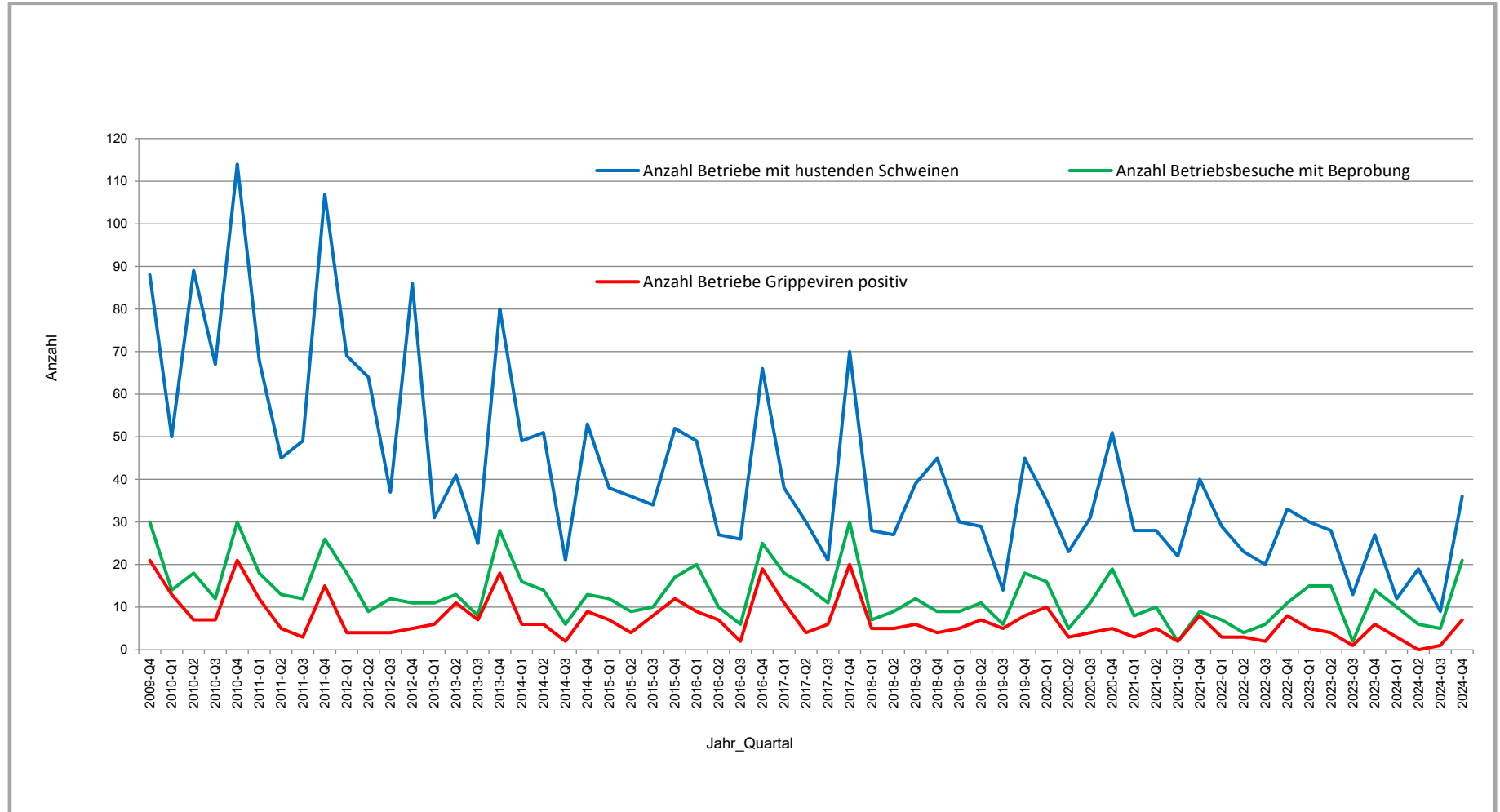
Periode (Jahr- Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte Betriebe	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% A-pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2009-Q4	88	30	34%	21	70%	10	0
Q4 2009	88	30	34%	21	70%	10	0
2010-Q1	50	14	28%	13	93%	7	0
2010-Q2	89	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%	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
2012	256	50	20%	17	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%	12	76%	6	0
2015	160	48	30%	31	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%	19	84%	12	0
2016	168	61	36%	37	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



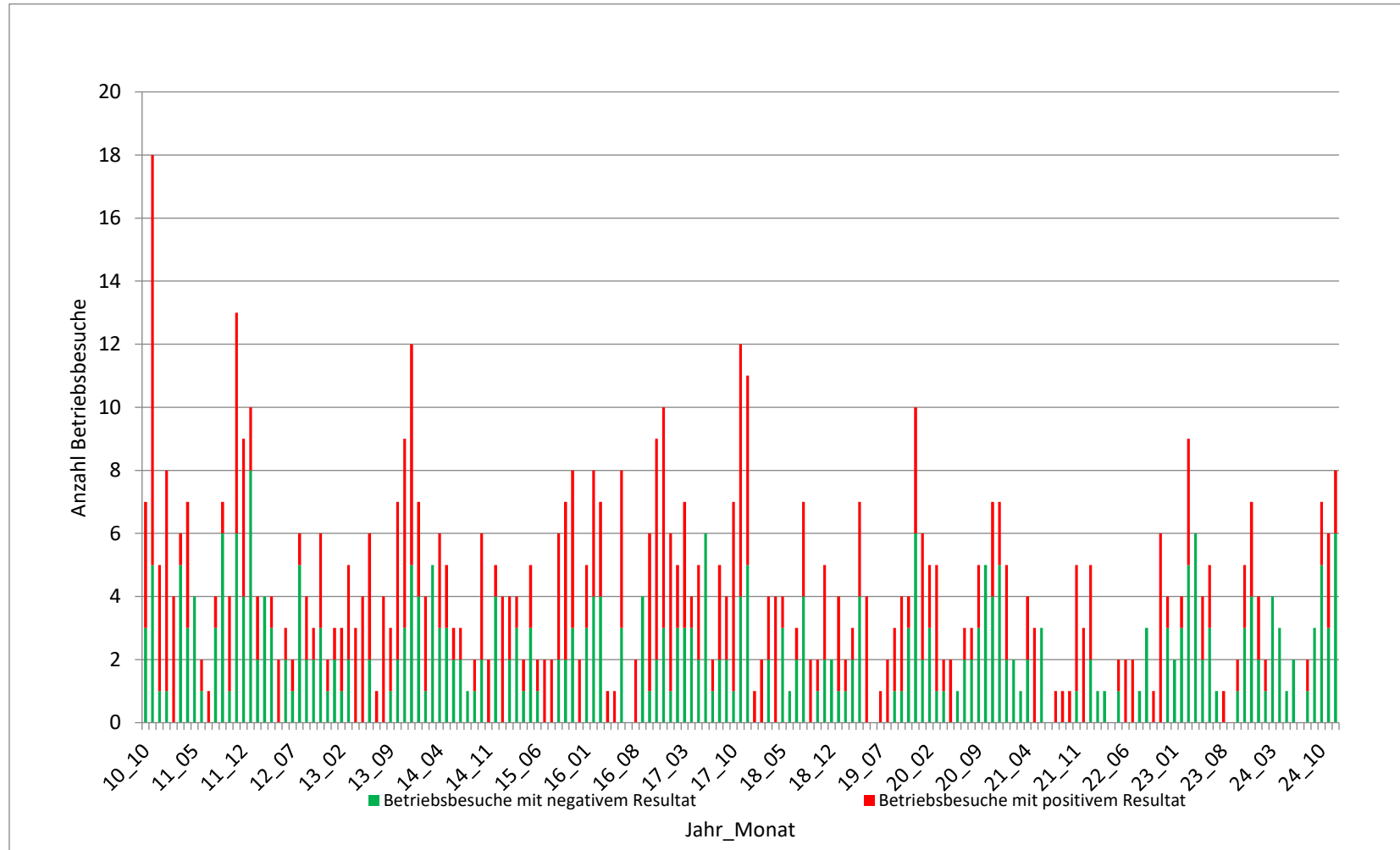
Periode (Jahr- Quartal)	Anzahl Betriebe mit hustenden Schweinen	Anzahl Betriebs- besuche mit Beprobung	% beprobte Betriebe	Betriebsbesuche mit positivem Resultat			
				A	% A-pos	H1N1 SIV	A(H1N1)pdm09
2018-Q1	28	7	25%	5	71%	1	0
2018-Q2	27	9	33%	5	56%	2	0
2018-Q3	39	12	31%	6	50%	5	0
2018-Q4	45	9	20%	4	44%	3	0
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
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
2020	140	51	36%	22	43%	10	0
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
2021	118	29	25%	18	62%	7	0
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
2022	105	28	27%	16	57%	8	0
2023-Q1	30	15	50%	5	33%	1	0
2023-Q2	28	15	54%	4	27%	1	0
2023-Q3	13	2	15%	1	50%	0	0
2023-Q4	27	14	52%	6	43%	4	0
2023	98	46	47%	16	35%	6	0
2024-Q1	12	10	83%	3	30%	1	0
2024-Q2	19	6	32%	0	0%	0	0
2024-Q3	9	5	56%	1	20%	0	0
2024-Q4	36	21	62%	7	33%	3	1
2024	76	42	57%	11	26%	4	1
Gesamttotal	2563	792	31%	425	54%	216	8



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



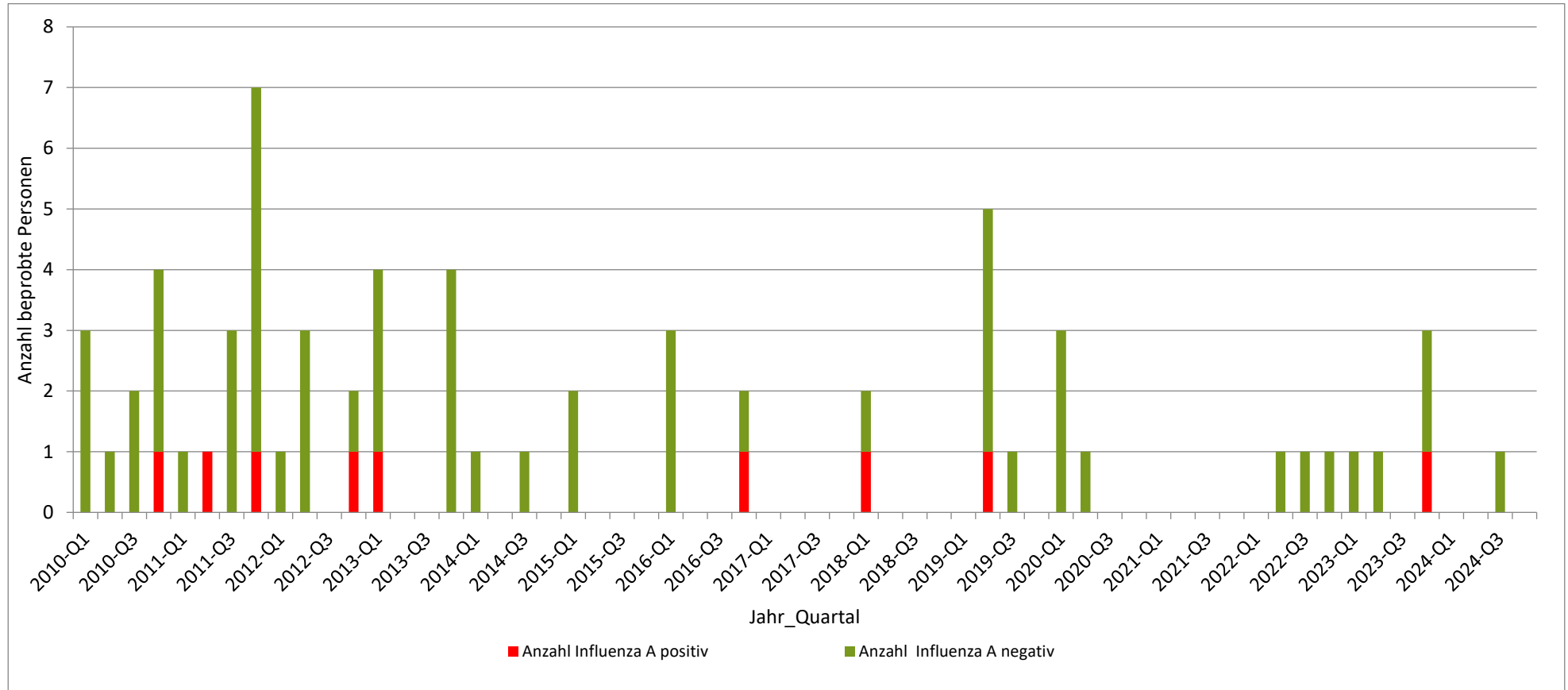
Grafik 3: Anzahl Betriebsbesuche mit negativem (grüne Balken) und positivem (rote Balken) Resultat pro Monat



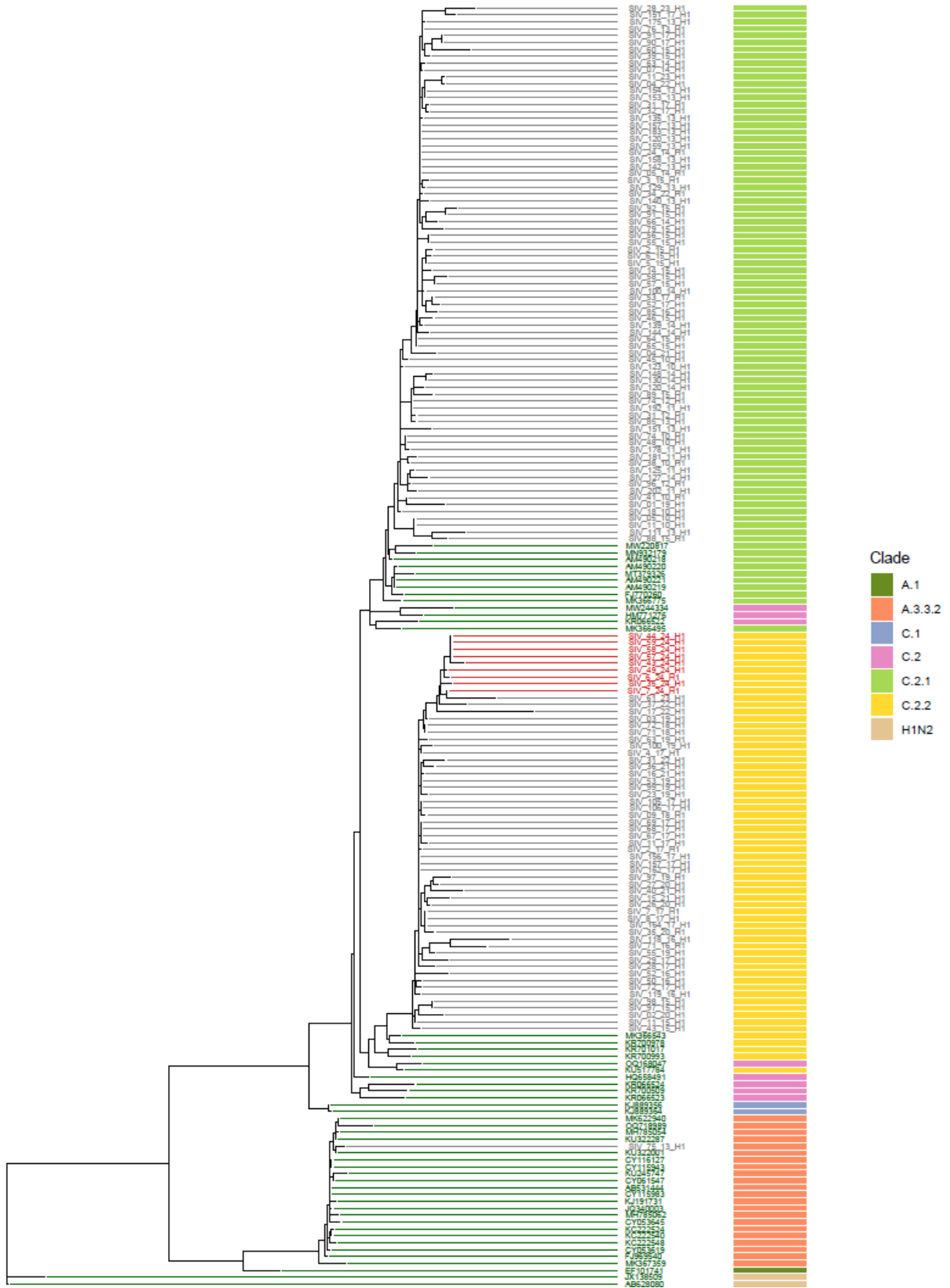
Tabelle 2*: Anzahl beprobte Menschen pro Jahr mit positiven Resultaten zu Influenza A (Schweine und Humane), sowie Humane Influenza B. Negative Influenza A Resultate sind nicht enthalten, dazu siehe Grafik 4.

* neu aufbereitet mit Human-Daten seit 2010 ab dem Jahresbericht 2024.

Jahr	Anzahl Betriebe mit Beprobungen an Schweinen pro Jahr	Anzahl Proben bei Menschen pro Jahr	Anzahl Proben mit positivem Influenznanachweis bei Menschen			Influenza A und B Nachweise in Quartal
			Schweine Influenza A (SIV)	Humanes Influenza A	Humanes Influenza B	
2010	74	10	1	0	0	Q4
2011	69	12	2	0	0	Q2, Q4
2012	50	6	0	1	0	Q4
2013	60	8	0	1	1	Q1, Q1
2014	49	2	0	0	0	
2015	48	2	0	0	0	
2016	61	5	1	0	0	Q4
2017	74	1	0	0	0	
2018	37	2	1	0	1	Q1
2019	44	6	0	1	0	Q2
2020	51	4	0	0	1	Q1
2021	29	0	0	0	0	
2022	28	3	0	0	0	
2023	46	5	1	0	0	Q4
2024	42	1	0	0	0	
Total	762	67	6	3	3	Nachweise meistens im Winter: Q1 und Q4



Grafik 4: Anzahl beprobter Personen und Resultaten zu Influenza A Nachweisen auf Betrieben mit hustenden Schweinen pro Quartal seit 2010



Grafik 5: Approximierter Maximum-Likelihood-Baum der PCR-amplifizierten Region des Hämagglutinins (ca. 450 nt), mit H1N2 als Wurzel. Die Sequenznamen sind entsprechend dem



Schema „SampleID_Jahr“ für Sequenzen aus dieser Studie und „GenBank-ID“ für Datenbanksequenzen angegeben. Schwarze Beschriftungen kennzeichnen Sequenzen aus Vorjahren, rote Beschriftungen zeigen Sequenzen aus dem Jahr 2024, und grüne Beschriftungen beziehen sich auf Sequenzen aus der NCBI GenBank. Die zugehörigen Balken gebe die Clade-Zugehörigkeit an.