



Schweizerische Eidgenossenschaft
Confédération suisse
Confederazione Svizzera
Confederaziun svizra

Eidgenössisches Departement des Innern EDI
Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und
Veterinärwesen BLV
Institut für Virologie und Immunologie IVI



Emerging diseases - eine Herausforderung für die Diagnostik

Emerging Disease Tagung – RGS, 24.09.2025



Barbara Wieland, Institut für Virologie und Immunologie

Standort Uni Bern:

Labore für Diagnostik + Forschung (BSL2)

Tollwutzentrale



Hochsicherheitslabor ABSL4,
inkl. BSL3
und Tierversuchsstallungen



Tierzucht: Schweine, Hühner, Mäuse,
Schafe, Ziegen, Kühe

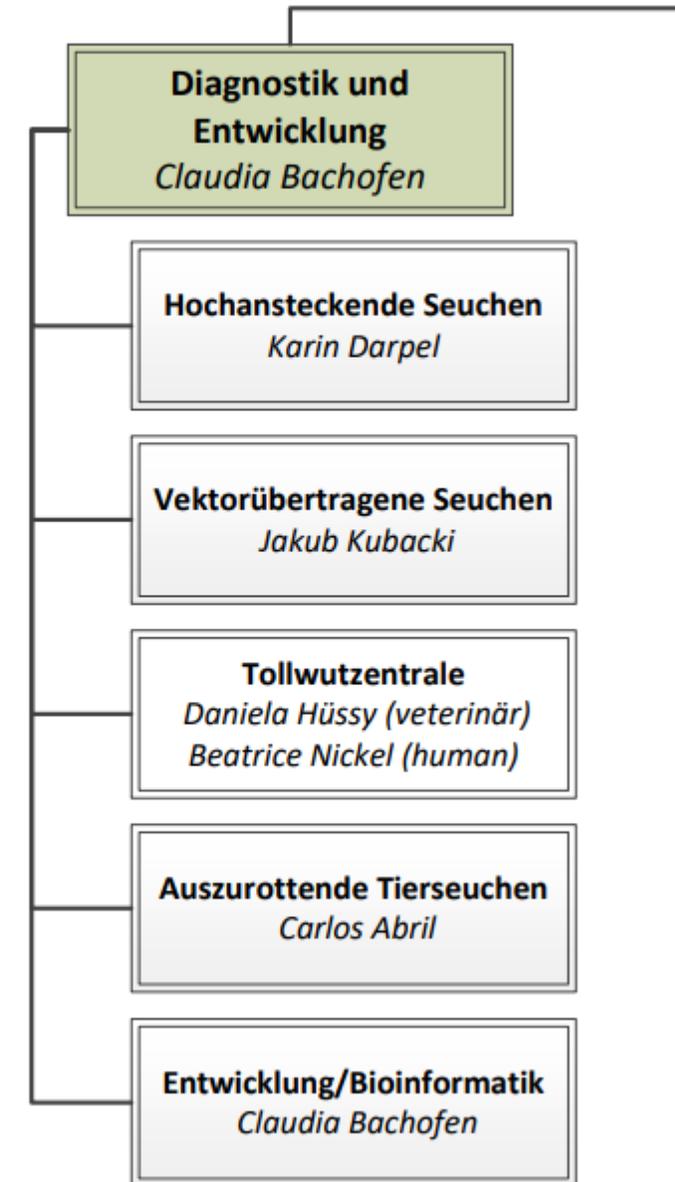
Öffentlicher Bereich



Diagnostik am IVI

Labore in Bern und Mittelhäusern: BSL2, BSL3 und ABSL4

- Referenzlabor für 27 virale Tierseuchen (10 hochansteckende)
- Diverse andere Viren (Schmallenberg, VSV, Corona, etc)
- Primärdiagnostik
- Bestätigungsdiagnostik
- Typisierung und Charakterisierung
- Abklärungen neuauftretende Tierseuchen
- Entwicklung von neuen diagnostischen Ansätzen
- Unterstützung und Beratung von anderen Laboratorien
- Lehre und Ausbildung





Von wie vielen verschiedenen hochansteckenden Tierseuchen gab es im 2025 in Europa Ausbrüche?

Wie viele gemeldete Ausbrüche von hochansteckenden Tierseuchen gab es bisher im 2025 in Europa?

Diagnostik Tierseuchen am IVI

Hochansteckende Seuchen

- **Maul- und Klauenseuche (MKS)**
- Klassische Schweinepest (KSP)
- **Afrikanische Schweinepest (ASP)**
- **Lumpy skin disease (LSD)**
- **Peste des petits ruminants (PPR)**
- **Schaf- und Ziegenpocken (SGP)**
- Rift Valley Fever (RVF)
- **Newcastle Disease (ND)**
- **Aviäre Influenza (AI)**
- Afrikanische Pferdepest (AHS)

Auszurottende Seuchen

- Tollwut
- Bovine Virusdiarrhö (BVD)
- Enzootische Bovine Leukose (EBL)
- Porzines rep. und resp. Syndrom (PRRS)
- Equine Infektiöse Anämie (EIA)

Zu bekämpfende Seuchen

- Pferdeenzephalomyelitiden (EEE, WEE, VEE)
- Caprine Arthritis Enzephalitis (CAE)
- Blauzungenkrankheit (BT)
- Border Disease Virus
- West Nile Fever (WNF)
- Japanische Enzephalitis (JE)
- Epizootische hämorrhagische Krankheit (EHD)

Zu überwachende Seuchen

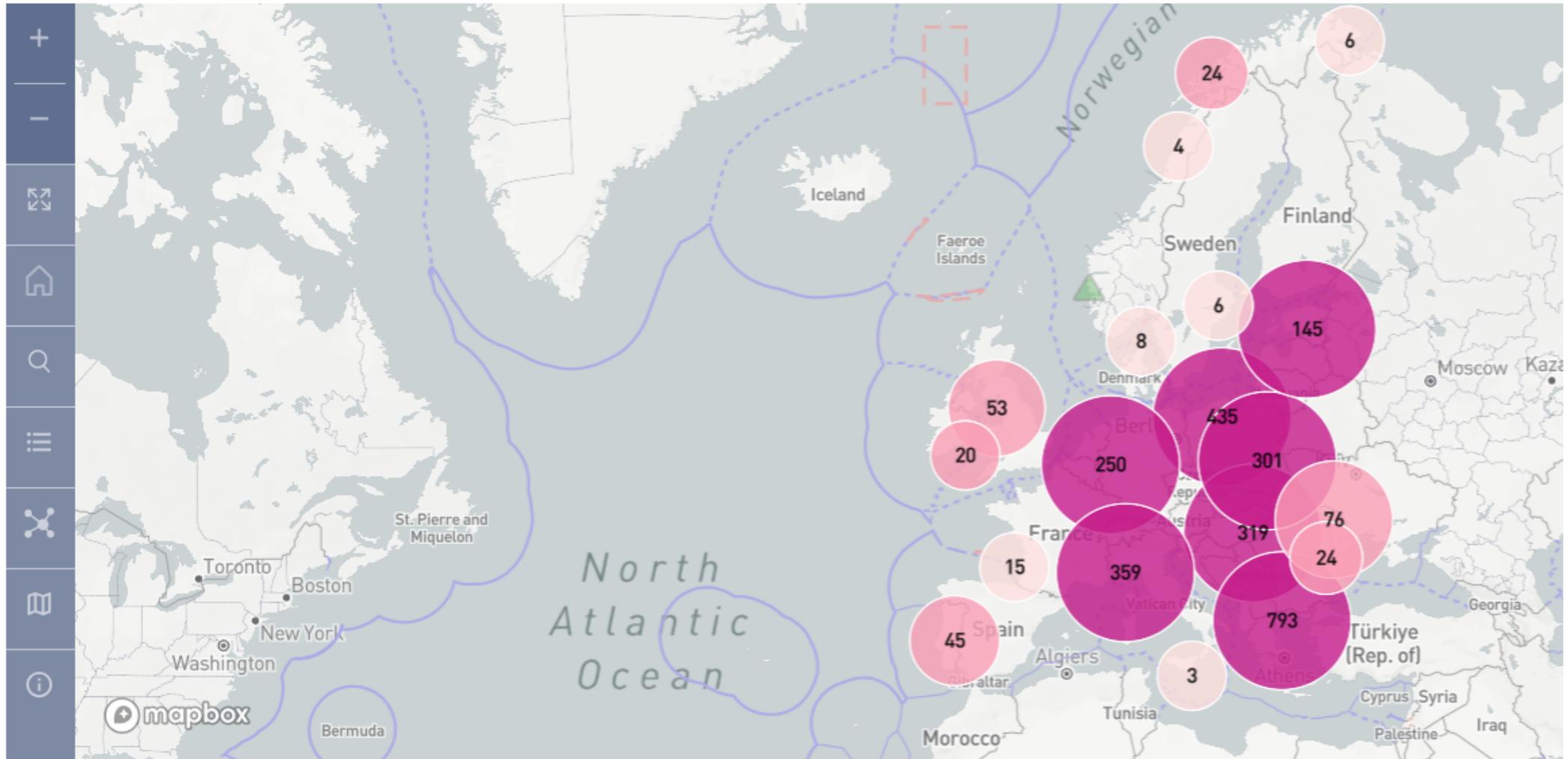
- Equine Arteritis (AE)
- Maedi Visna (MV)
- Lungenadenomatose

Andere Viren

- Vesikuläre Stomatitis (VS)
- Vesikuläre Schweinkrankheit (SVD)
- Rotaviren
- Schmallenberg
- Corona Viren

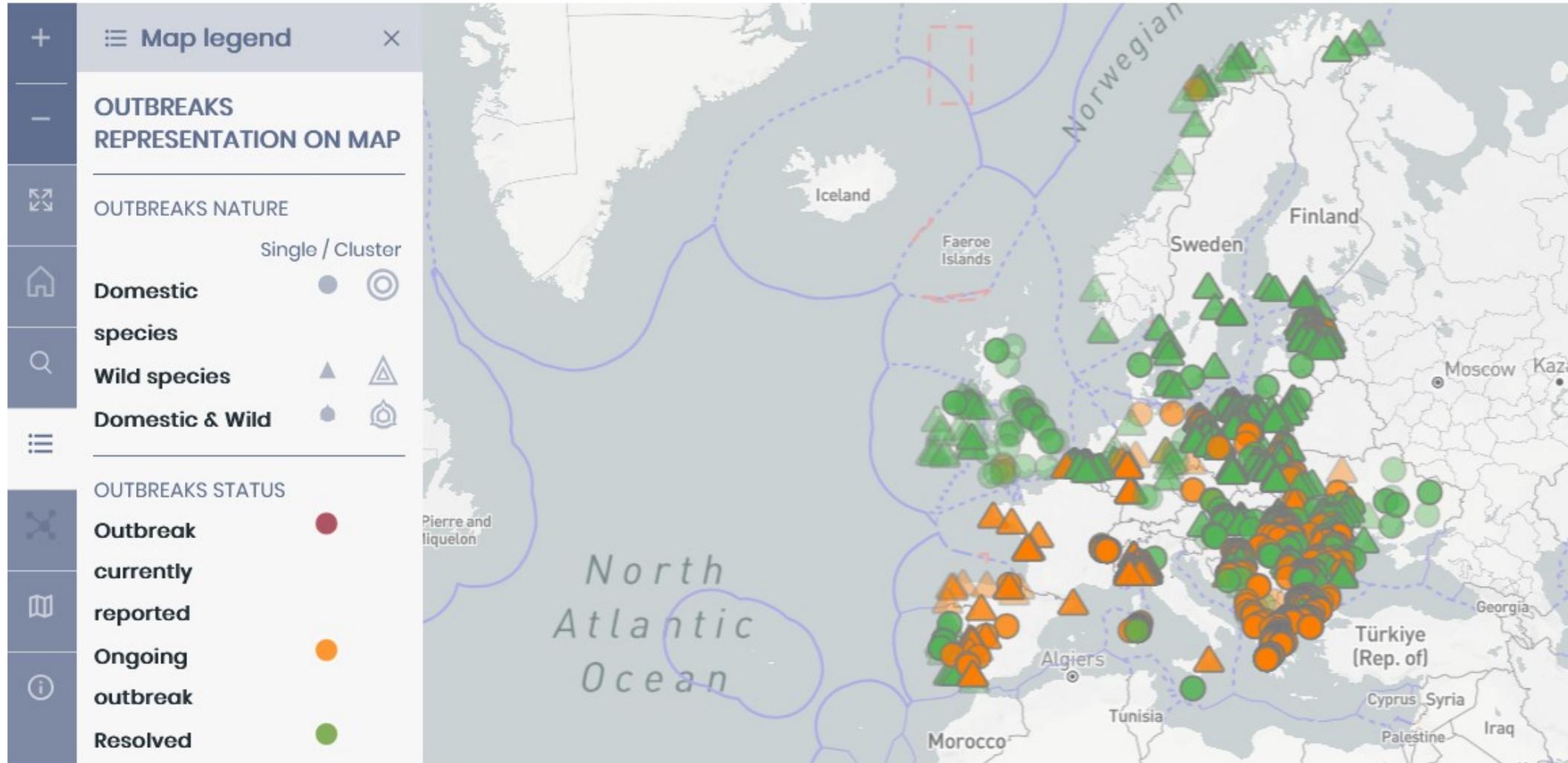
Hochansteckende Tierseuchen in Europa

1.1.-20.9.2025



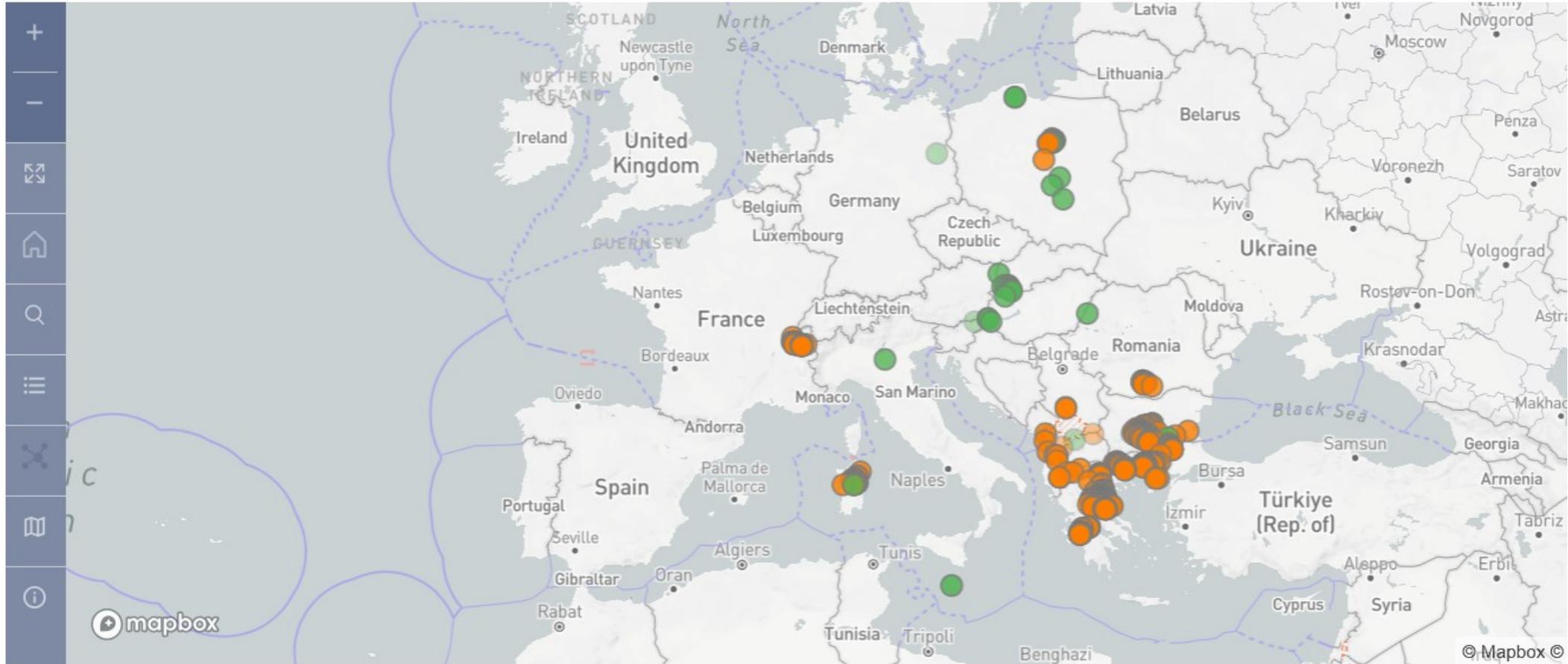
Hochansteckende Tierseuchen in Europa

1.1.-20.9.2025



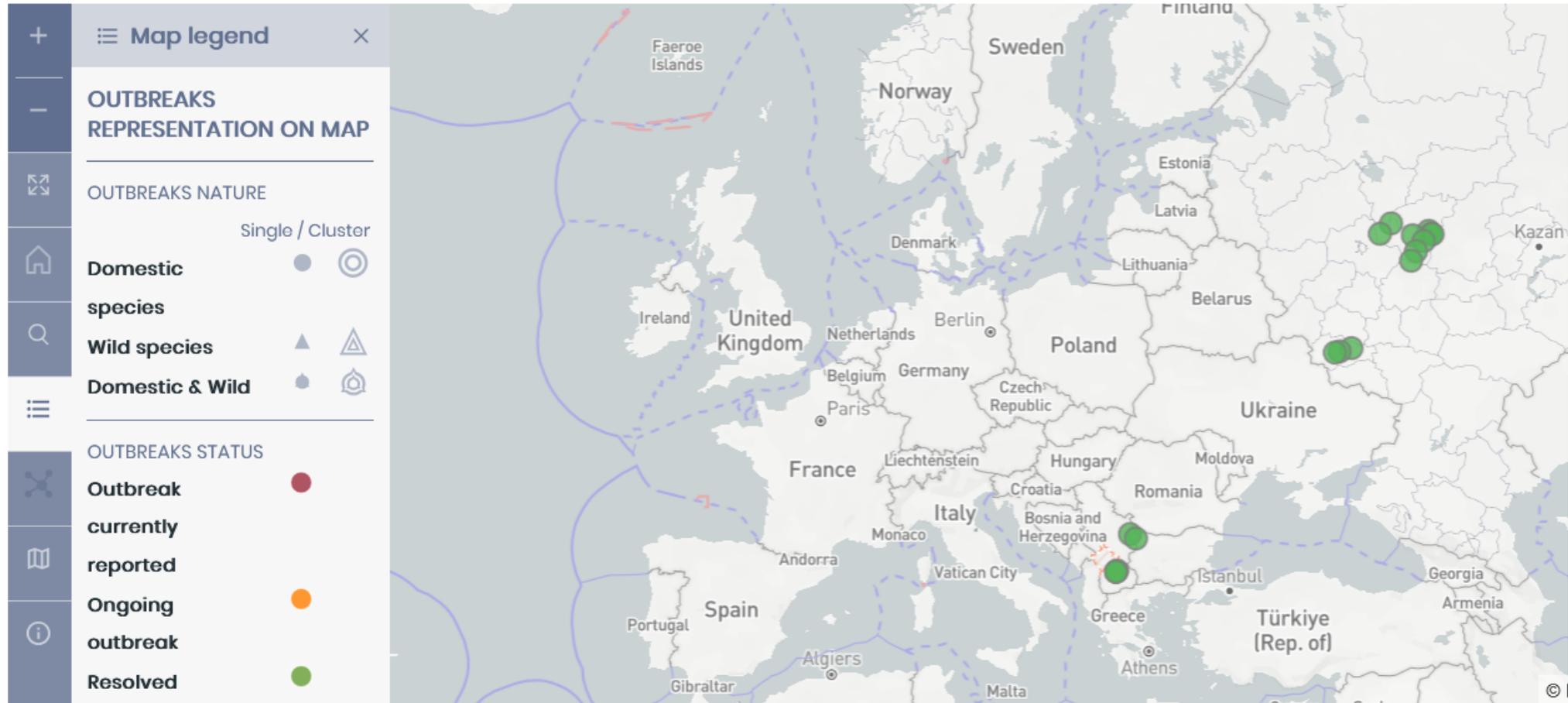
Hochansteckende Tierseuchen 1.1.-20.9.2025

ohne Vogelgrippe und ASP



Hochansteckende Tierseuchen 1.1.-20.9.2020

ohne Vogelgrippe und ASP



Hochansteckende Tierseuchen in Europa

1.1.-20.9.2025



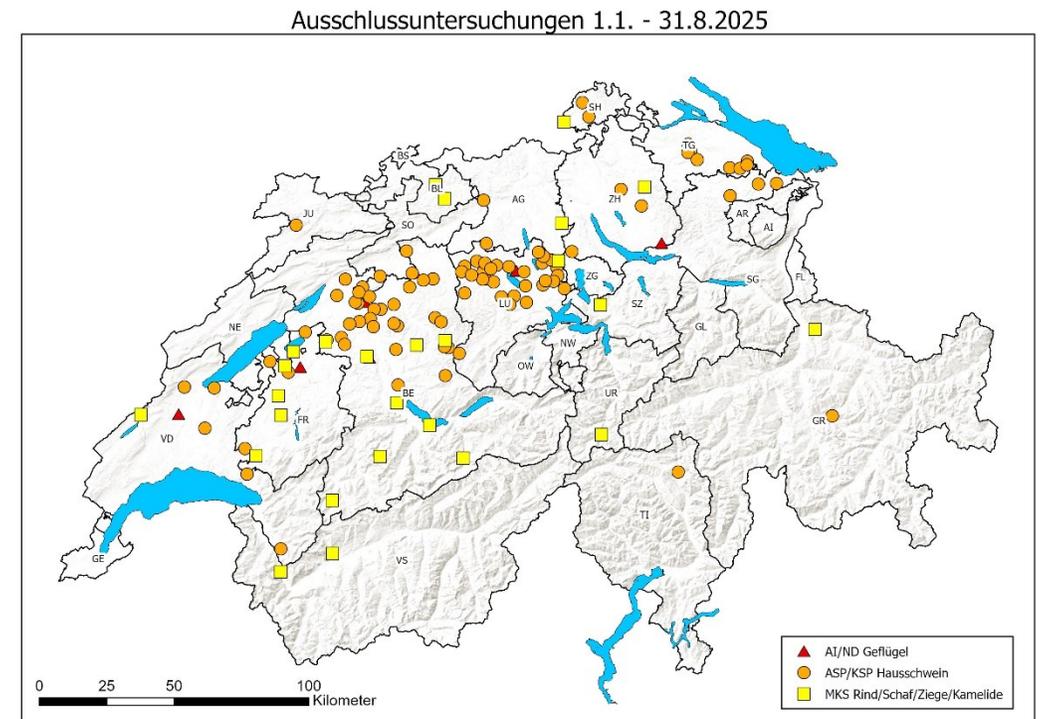
Ausschluss vs. Verdacht

Verdachtsuntersuchung

Koordination durch kantonale Veterinärdienste, Verordnung von Sperren, Diagnostik innert 8 Std (inkl. Wochenenden)

Ausschlussuntersuchung

Bei unklaren Symptomen
Wichtiger Teil der Früherkennung
Können durch Betriebstierarzt gemacht werden
Keine vorsorglichen Kontrollmassnahmen
Diagnostik innert 2 Arbeitstagen
Kosten werden vom Bund übernommen



Herausforderung neuauftretende Seuchen

- Neue Erreger
- Neue Serotypen / Varianten
- Zeitnahe Diagnostik nötig



Klassische
Diagnostikansätze
ungenügend

Next generation sequencing NGS eröffnet viele Möglichkeiten
(=Hochdurchsatzsequenzierung)

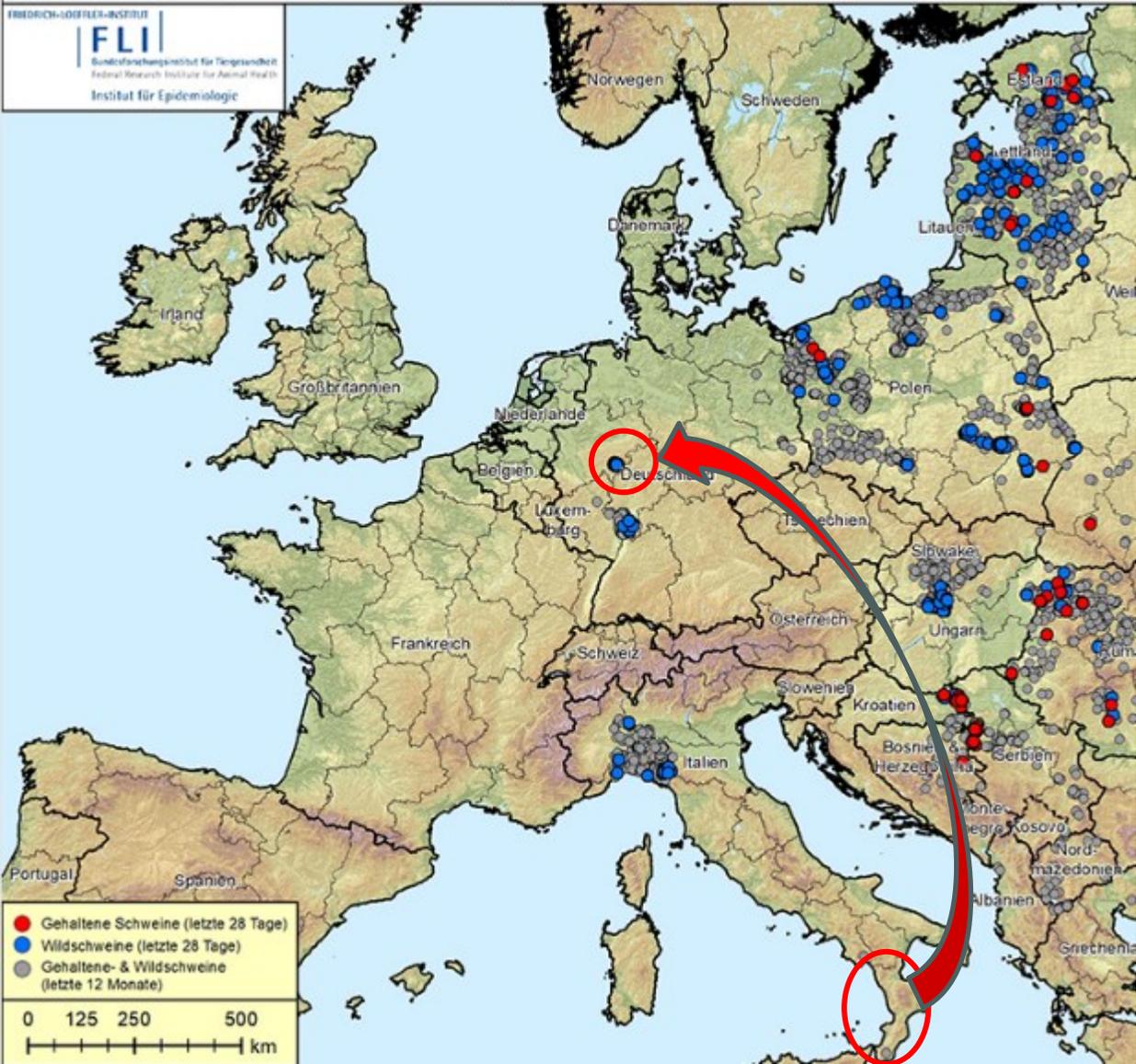
Massive Parallelität: Millionen von Genom-Abschnitten gleichzeitig sequenziert
Hohe Abdeckungstiefe: wiederholtes lesen der Sequenzen
Fehlerreduktion: wiederholte Messungen ergeben genauere Ergebnisse

Vollgenomsequenzierung

Nicht zielgerichtete metagenomische
Sequenzierung für die Viromanalyse

Genomsequenzierung zur Charakterisierung

Afrikanische Schweinepest (Genotyp II) in Albanien, Baltikum, Bosnien und Herzegowina, Bulgarien, Deutschland, Griechenland, Nordmazedonien, Polen, Rumänien, Schweden, Serbien, Slowakei, Tschechien, Ukraine und Ungarn vom 20.08.2024 - 20.08.2025



African swine fever in North Rhine-Westphalia: The closest related viruses originate from southern Italy

06/24/2025 ASP Press Releases

As part of the virological investigation into the outbreak of African swine fever (ASF) in North Rhine-Westphalia, the Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) determined the complete genome sequence of blood and tissue samples taken from wild boars. A direct comparison with ASF viruses that have previously been sequenced in Germany shows that the North Rhine-Westphalian variant differs significantly from the West German variants previously identified in Hesse, Rhineland-Palatinate and Baden-Württemberg, as well as the variants from the eastern federal states of Saxony, Brandenburg and Mecklenburg-



DNA (© pixabay)

NEWS
ASP in Nordrhein-Westfalen: Viren stammen aus Süditalien!

Nach Ausbruch der Afrikanischen Schweinepest in Nordrhein-Westfalen konnte nun die Genomsequenz ermittelt werden – mit überraschendem Ergebnis.

KATHRIN FÜHRES | 25. JUNI 2025 - 12:00 UHR



Genotypisierung und Charakterisierung von H5-Vogelgrippeviren

→ Amplikonsequenzierung mit ONP MinION



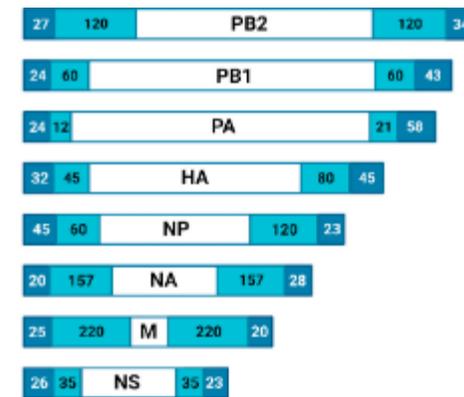
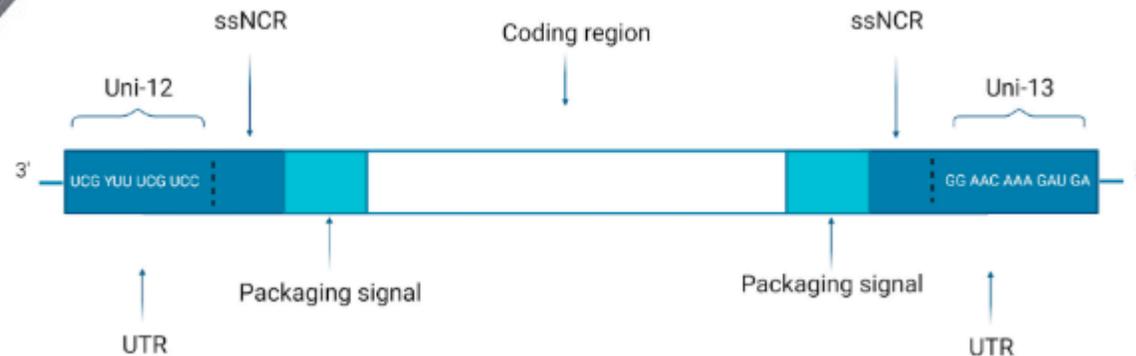
Special Issue



Nanopore sequencing as a rapid tool for identification and pathotyping of avian influenza A viruses

Journal of Veterinary Diagnostic Investigation
2021, Vol. 33(2) 253–260
© 2021 The Author(s)
Article reuse guidelines:
sagepub.com/journals-permissions
DOI: 10.1177/1040638720984114
jvdi.sagepub.com

Beate M. Crossley,¹ Daniel Rejmanek, John Baroch, James B. Stanton, Kelsey T. Young, Mary Lea Killian, Mia K. Torchetti, Sharon K. Hietala



Typisierung H5-Vogelgrippeviren (gemäss EURL)

MinION Amplikonsequenzierung



ML-Baum für jedes Segment, einschließlich GISAID-Referenzen und festgelegten, nummerierten Referenzen (EURL)



Bestimmen der nummerierten Referenz des Sequenzcluster



Jeder Genotyp besteht aus einer spezifischen Kombination von Segmentnummern.

Genotype	Genotype name Representative European viruses	Gene segments								N. viruses	% W2
		PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	M	NS		
EA-2020-C	H5N1 A/Eurasian_Wigeon/Netherlands/1/2020-like	1	1	1	20	1	1	20	1	576	53,2
EA-2021-AB	H5N1 A/duck/Saratov/29-02/2021-like	31	1	3	20	38	1	20	1	320	29,6
EA-2022-BB	H5N1 A/Herring_gull/France/22P015977/2022-like	31	1	43	20	43	1	20	43	43	4,0
EA-2021-AD	H5N1 A/mute_swan/Czech_Republic/22380/2021-like	4	1	1	20	31	1	20	1	34	3,1
EA-2021-AF	H5N1 A/chicken/Italy/IZSLT122448_21VIR9218-1/2021-like	12	6	1	20	50	1	20	29	25	2,3
EA-2021-AI	H5N1 A/grey_heron/Czech_Republic/23608/2021-like	7	1	8	20	37	1	20	29	10	0,9

Genotypisierung und Charakterisierung von H5-Vogelgrippeviren

Welche Genotypen kommen in die Schweiz?

Halten sich gewisse Genotypen?

Treten gefährliche Mutationen auf?

collection date	species	Fundort	Genotype (ISZVe method)
16.11.2022	Pfau, Pavo cristatus	Seuzach, ZH	AB
22.11.2022	Höckerschwan, Cygnus olor	Lido San Nazzaro, TI	AB
17.01.2023	Graureiher, Ardea cinerea	Basel, BS	AB
25.01.2023	Mittelmeermöwe, Larus michahellis	Luzern, LU	AB
27.01.2023	Wanderfalke, Falco peregrinus	Zürich, ZH	AB
03.02.2023	Trauerschwan, Cygnus atratus	Trülliko, ZH	CH
13.02.2023	Mäusebussard, Buteo buteo	Zürich, ZH	BB
13.02.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Zürich, ZH	BB
21.02.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Luzern, LU	BB
26.02.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Zug, ZU	BB
01.03.2023	Zwergtaucher, Tachybaptus ruficollis	Thurgau, TG	AB
02.03.2023	Mäusebussard, Buteo buteo	Stein am Rhein, SH	AB
03.03.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Yverdon-les-Bains, VD	BB
06.03.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Stein am Rhein, SH	BB
06.03.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Käiligen, BE	BB
06.03.2023	Lachmöwe, Chroicocephalus ridibundus	Vevey, VD	BB
20.03.2023	Huhn, Gallus gallus	Fehraltorf, ZH	AF
25.12.2023	Höckerschwan, Cygnus olor	Kleinandelfingen, ZH	DG



→ Seltener Genotyp

Genotypisierung und Charakterisierung von H5-Vogelgrippeviren

Welche Genotypen kommen in die Schweiz?

Halten sich gewisse Genotypen?

Treten gefährliche Mutationen auf?

collection date	species	Fundort	Genotype (ISZVe method)
16.11.2022	Pfau, <i>Pavo cristatus</i>	Seuzach, ZH	AB
22.11.2022	Höckerschwan, <i>Cygnus olor</i>	Lido San Nazzaro, TI	AB
17.01.2023	Graureiher, <i>Ardea cinerea</i>	Basel, BS	AB
25.01.2023	Mittelmeermöwe, <i>Larus michahellis</i>	Luzern, LU	AB
27.01.2023	Wanderfalke, <i>Falco peregrinus</i>	Zürich, ZH	AB
03.02.2023	Trauerschwan, <i>Cygnus atratus</i>	Trülliko, ZH	CH
13.02.2023	Mäusebussard, <i>Buteo buteo</i>	Zürich, ZH	BB
13.02.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Zürich, ZH	BB
21.02.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Luzern, LU	BB
26.02.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Zug, ZU	BB
01.03.2023	Zwergtaucher, <i>Tachybaptus ruficollis</i>	Thurgau, TG	AB
02.03.2023	Mäusebussard, <i>Buteo buteo</i>	Stein am Rhein, SH	AB
03.03.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Yverdon-les-Bains, VD	BB
06.03.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Stein am Rhein, SH	BB
06.03.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Källigen, BE	BB
06.03.2023	Lachmöwe, <i>Chroicocephalus ridibundus</i>	Vevey, VD	BB
20.03.2023	Huhn, <i>Gallus gallus</i>	Fehraltorf, ZH	AF
25.12.2023	Höckerschwan, <i>Cygnus olor</i>	Kleinandelfingen, ZH	DG

Saison 22/23



Saison 23/24



→ Neuer Genotyp

NGS bei neuen Erregern

Novel Orthobunyavirus in Cattle, Europe, 2011

Bernd Hoffmann,¹ Matthias Scheuch,¹ Dirk Höper, Ralf Jungblut, Mark Holsteg, Horst Schirrmeier, Michael Eschbaumer, Katja V. Goller, Kerstin Wernike, Melina Fischer, Anke Breithaupt, Thomas C. Mettenleiter, and Martin Beer

In 2011, an unidentified disease in cattle was reported in Germany and the Netherlands. Clinical signs included fever, decreased milk production, and diarrhea. Metagenomic analysis identified a novel orthobunyavirus, which subsequently was isolated from blood of affected animals. Surveillance was initiated to test malformed newborn animals in the affected region.

In summer and autumn 2011, farmers and veterinarians in North Rhine-Westphalia, Germany, and in the Netherlands reported to the animal health services, local diagnostic laboratories, and national research institutes an unidentified disease in dairy cattle with a short period



Schmallenberg-Virus

Journal of General Virology (2016), 97, 1771–1784

DOI 10.1099/jgv.0.00049

Metagenomic characterization of the virome associated with bovine respiratory disease in feedlot cattle identified novel viruses and suggests an etiologic role for influenza D virus

Namita Mitra,¹ Natalia Cernicchiaro,² Siddhartha Torres,³ Feng Li⁴ and Ben M. Hause^{1,2}

PLOS ONE

RESEARCH ARTICLE

Metagenomic analysis of fecal and tissue samples from 18 endemic bat species in Switzerland revealed a diverse virus composition including potentially zoonotic viruses

Isabelle Hardmeier¹, Nadja Aeberhard¹, Weihong Qi², Katja Schoenbaechler³, Hubert Kraettli³, Jean-Michel Hatt⁴, Cornel Fraefel^{1*}, Jakub Kubacki^{1*}

¹ Institute of Virology, University of Zurich, Zurich, Switzerland, ² Functional Genomics Center Zurich, Zurich, Switzerland, ³ Bat Foundation Switzerland, Zurich, Switzerland, ⁴ Clinic for Zoo Animals, Exotic Pets and Wildlife, University of Zurich, Zurich, Switzerland

* cornel.fraefel@uzh.ch (CF); jakub.kubacki@uzh.ch (JK)



Genome Sequence of Alongshan Virus from *Ixodes ricinus* Ticks Collected in Switzerland

Stefanie Stegmüller,³  Cornel Fraefel,²  Jakub Kubacki³

¹Institute of Virology, Vetsuisse Faculty, University of Zurich, Zurich, Switzerland

ABSTRACT Here, we report the detection of an Alongshan virus (ALSV) strain in Switzerland. Next-generation sequencing of homogenates from *Ixodes ricinus* ticks collected in Canton Grisons, Switzerland, in 2022 yielded a coding-complete ALSV genome.

NGS und Früherkennung

Nicht zielgerichtete metagenomische Sequenzierung für die Viromanalyse

Vermehrte Nutzung in Diagnostik:



Benchmark of
for metagenomi
from clinical san

Jutte J.C. de Vries ^{1,2,3,4}, Julianne R. Bro
Jiabin Huang ⁵, Bas B. Oude Munnink
Guillaume Gricourt ^{6,7,8}, Els Keyaerts ⁹,
¹⁰, Florian Laubscher ¹¹, Dennis Schmitz

Journal of Clinical Virology

Volume 10

Special Issue

Implementation of next-generation sequencing for virus identification in veterinary diagnostic laboratories

Jakub Kubacki, ¹  Cornel Fraefel, Claudia Bachofen

Viral Metagenomics in the Clinical Realm: Lessons Learned from a Swiss-Wide Ring Trial

Thomas Junier ^{1,*}, Michael Huber ^{2,*} , Stefan Schmutz ² , Verena Kufner ^{2,†},
Osvaldo Zagordi ^{2,†}, Stefan Neuenschwander ^{3,†}, Alban Ramette ^{3,†} , Jakub Kubacki ^{4,†} ,
Claudia Bachofen ^{4,†}, Weihong Qi ^{5,†}, Florian Laubscher ^{6,†}, Samuel Cordey ^{6,†} ,
Laurent Kaiser ^{6,†}, Christian Beuret ^{7,†}, Valérie Barbié ⁸, Jacques Fellay ^{1,9} and Aitana Lebrand ^{8,*}



Journal of Veterinary Diagnostic Investigation
2021, Vol. 33(2) 235–247
© 2020 The Author(s)
Article reuse guidelines:
sagepub.com/journals-permissions
DOI: 10.1177/1040638720982630
jvdi.sagepub.com



ous virus

agency, South Mimms,
and Control, Medicines and Healthcare Products



Jakub Kubacki

Virom von Wildvögeln und ihren Zecken im Tessin

Rolle von Wildvögeln und ihren Zecken in der Einführung von neuen Pathogenen

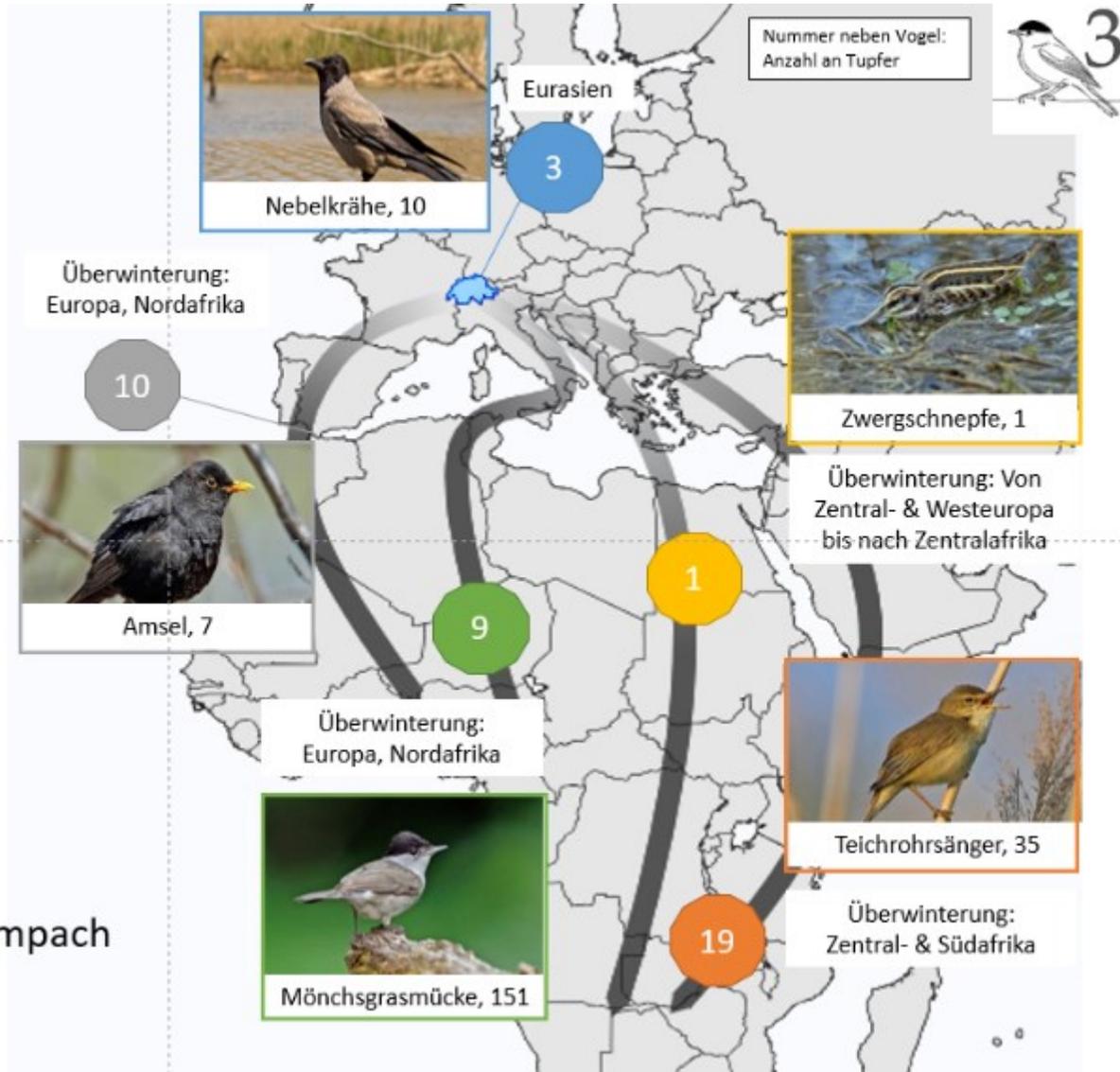


Doktorarbeit IVI
Corinne Gerber



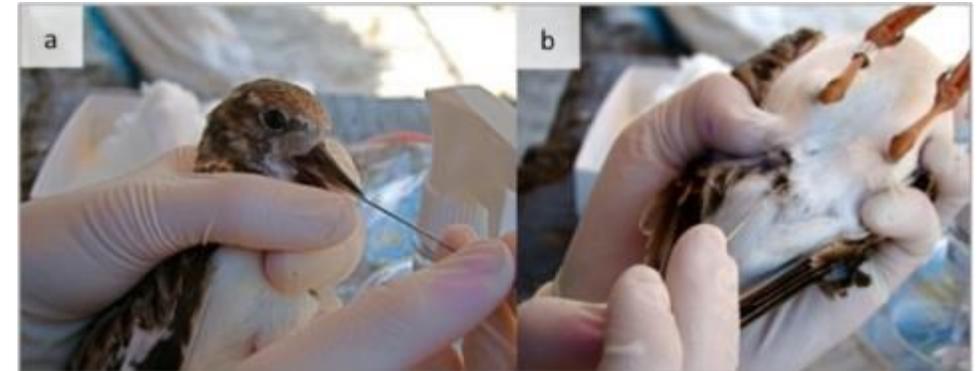
- Zusammenarbeit IVI & SUPSI
- April – Oktober 2023
- Naturschutzgebiet Bolle di Magadino & Piano di Magadino (TI)
- 492 Vögel beprobt
- 22 Zecken (14 von Vögeln)

Virom von Wildvögeln und ihren Zecken im Tessin



42 Vogelarten

- Standvögel
- Standvögel und Kurzzieher
- Kurzzieher
- Kurz- und Langstreckenzieher
- Langstreckenzieher



Picture A: collecting oral swabs; Picture B: collecting cloacal swabs
DOI:10.13140/RG.2.1.1285.8003

2 Zeckenarten

- Ixodes frontalis
- Rhipicephalus turanicus

Das Virom von Schweinen



Gesunde
Tiere

(n=50)

Tiere mit
Durchfall

(n=50)

- Kobuvirus
- Astrovirus
- Bocavirus
- Enterovirus
- Sapelovirus
- Porprismacovirus
- Posavirus
- stool-associated circular ssDNA virus
- Rotavirus A
- Teschovirus
- Sapovirus
- po-circo-like virus
- stool-associated circular virus
- Rotavirus C
- Parvovirus
- Torque teno virus
- Adeno-associated virus
- Torovirus
- Adenovirus
- Gemycircularvirus
- Rotavirus H
- Pasivirus
- Circovirus
- Picobirnavirus
- Polyomavirus
- mammalian Orthoreovirus
- Hepatitis E virus

healthy (407 pos findings)

diarrhoea (296 pos findings)

Detection of Potentially Commensal Viruses and Associated Bacteria in Pigs by Metagenomic Analysis

Inaugural-Dissertation

zur Erlangung der Doktorwürde der
Vetsuisse-Fakultät Universität Zürich

vorgelegt von

Charlotte Isabelle Rickli

→ 27 verschiedene Virusgattungen gefunden

Das Virom von Schweinen



Gesunde Tiere

(n=50)

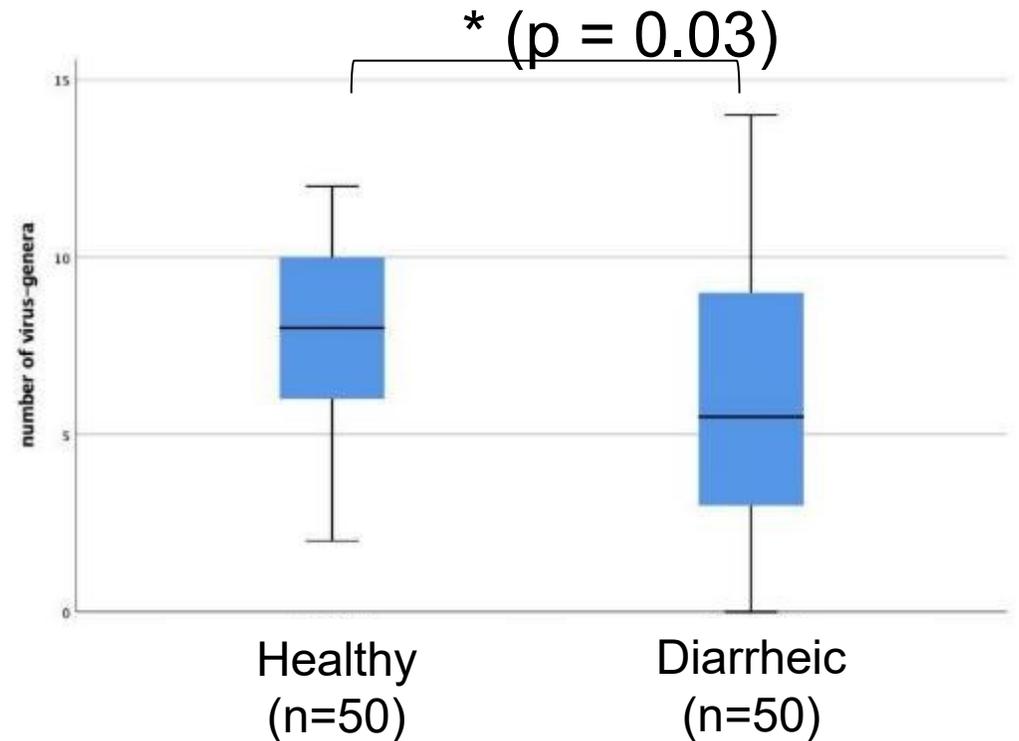
Tiere mit Durchfall

(n=50)

- Kobuvirus
- Astrovirus
- Bocavirus
- Enterovirus
- Sapelovirus
- Porprismacovirus
- Posavirus
- stool-associated circular ssDNA virus
- Rotavirus A
- Teschovirus
- Sapovirus
- po-circo-like virus
- stool-associated circular virus
- Rotavirus C
- Parvovirus
- Torque teno virus
- Adeno-associated virus
- Torovirus
- Adenovirus
- Gemycircularvirus
- Rotavirus H
- Pasivirus
- Circovirus
- Picobirnavirus
- Polyomavirus
- mammalian Orthoreovirus
- Hepatitis E virus

healthy (407 pos findings)

diarrhoea (296 pos findings)



→ Weniger Diversität in Tieren mit Durchfall

→ 27 verschiedene Virusgattungen gefunden

Diskussion

- Zunahme von wiederauftretenden und neuen Tierseuchen
- NGS zunehmend eine wichtige Methode in der Diagnostik und in der Forschung
- Hauptanwendungen am IVI
 - Detaillierte Charakterisierung und molekulare Epidemiologie
 - Molekulare Rückverfolgung durch Vollgenomsequenzierung
 - Wichtige Rolle in der Früherkennung
 - Nachweis „neuer“ oder unerwarteter/mutierter Viren, die die Gesundheit von Tieren und/oder Menschen gefährden können
 - Datenaustausch zur Unterstützung des One-Health-Ansatzes
 - Forschung (co-Infektionen, Mikrobiom- und Viromanalyse)

Besten Dank für Ihre Aufmerksamkeit

