



Folkhälsomyndigheten

# Epidemiologisk typning av campylobacterisolat insamlade vecka 11 2018



# Förord

Denna rapport är en kortfattad redovisning av utfallet av den epidemiologiska typning som utförts av campylobacterisolat isolerade från människa under vecka 11 2018. Campylobacterisolaten är insamlade från landets kliniska mikrobiologiska laboratorier.

Rapporten är sammanställd av Anna Pääjärvi och Cecilia Jernberg vid Enheten för Laborativ Bakterieövervakning vid Avdelningen för Mikrobiologi.

Folkhälsomyndigheten

Sara Byfors  
Enhetschef

# Innehåll

Sammanfattning.....	4
Summary.....	5
Bakgrund.....	6
Metod.....	7
Resultat.....	8
Sekvenstyper (ST).....	8
Klusteranalys.....	8
Kommentar.....	9
Referenser.....	10

## Sammanfattning

Utfallet av den epidemiologiska typningen utförd på campylobacterisolat insamlade under vecka 11 (n=21) är att cirka hälften av alla typade isolat (10 av 21) från fall smittade i Sverige tillhör samma sekvenstyp och är vid mer detaljerad analys genetiskt mycket lika, vilket betyder att dessa isolat har ett i tiden nära gemensamt ursprung. Övriga typade isolat skiljer sig åt både från dessa samt även sinsemellan. Resultaten baseras på den detaljerade analysen av data från helgenomsekvensering. Antalet anmälda fall av inhemsk campylobacterinfektion under vecka 11 låg på en för säsongen normal nivå.

## Summary

The results of the analysis of the collection of *Campylobacter* isolates collected during week 11 show that almost half of the isolates typed (10 of 21) from cases infected in Sweden belongs to the same sequence type and by detailed analysis genetically very similar, indicating that these isolates have an in time closely related common genetic origin. Other isolates differs both from these isolates and from each other. The results are based on data from whole genome sequencing. The reported number of cases of campylobacter infection in humans was during the sampling period normal (n=30).

## Bakgrund

Campylobacter ingår sedan 2017 [1], [2] i Folkhälsomyndighetens övervakningsprogram, med insamlingar under vecka 11 och vecka 34. Provsamlingen består av isolat inskickade från landets kliniska mikrobiologiska laboratorier där fallen är rapporterade som smittade i Sverige. Vecka 11 är normalt lågsäsong för campylobacterinfektion medan vecka 34 normalt är högsäsong för campylobacterinfektion. Veckorna är valda med avseende på att visa på diversiteten hos campylobacter under låg- respektive högsäsong.

Vecka 11 år 2018 låg antalet anmälda campylobacterfall på för säsongen förväntad låg nivå (n=30).

## Metod

Campylobacterisolat typades med helgenomsekvensering (WGS), den metod som möjliggör den mest detaljerade upplösningen av tillgängliga typningstekniker. I det första steget i analysen bestäms art och därefter indelas isolaten i så kallade sekvenstyper (ST). Detta är en uppdelning enligt en sedan tidigare internationellt etablerad karakteriseringsmetod, multi locus sequence typing (MLST). I den analysen identifieras skillnader i sju gener och utifrån detta erhålls en ST som består av ett löpnummer. Denna analys är inte så högupplösande. Utöver MLST-analys har även en klusteranalys, en så kallad Single Nucleotide Polymorphism (SNP)-analys, gjorts där man jämför de ingående isolatens gemensamma arvs massa i detalj och identifierar skillnader mellan enskilda nukleotider.

## Resultat

Under vecka 11 erhöjls campylobacterisolat från 11 av Sveriges 21 landsting. Totalt typades 21 isolat som var rapporterade med smittland Sverige, vilket motsvarar 70 % av det totala antalet anmälda fall under samma vecka (n=30). Samtliga isolat (n=21) identifierades som *C. jejuni*.

### Sekvenstyper (ST)

För de 21 *C. jejuni*-isolaten identifierades 12 olika ST (se tabell). Tio av isolaten (48 %) tillhörde ST-9198, dessa isolat var inskickade från 8 olika län. ST-9198 har vid ett tillfälle tidigare identifierats vid Folkhälsomyndigheten, vid en utbrottsutredning år 2015. Övriga isolat typades till enskilda ST, varav 6 inte identifierats vid Folkhälsomyndigheten tidigare. Av de ST som identifierats vid Folkhälsomyndigheten tidigare inom ramen för nationell mikrobiell övervakning, sågs ST-19, ST-21, ST-45, ST-51 samt ST-918.

Tabell. Sekvenstyper identifierade hos *C. jejuni* isolat

	<b>Antal isolat</b>	<b>Identifierad tidigare inom nationell mikrobiell typning</b>
ST-5	1	Nej
ST-19	1	Ja
ST-21	1	Ja
ST-42	1	Nej
ST-45	1	Ja
ST-51	1	Ja
ST-53	1	Nej
ST-206	1	Nej
ST-262	1	Nej
ST-460	1	Nej
ST-918*	1	Ja
ST-9198	10	Ja

\*Symtomdebut i början av januari 2018

### Klusteranalys

Vid klusteranalysen (SNP-analys) av ST-9198, sågs att alla isolat från vecka 11 2018 sammanföll i ett gemensamt kluster, med noll eller enstaka SNP-skillnader sinsemellan. 2015 identifierades ett isolat med denna ST, men detta isolat skiljer sig mycket från isolaten 2018. Klusteranalys för ST-19, ST-21, ST-45 samt ST-51 med isolat med motsvarande sekvenstyper från 2017, visar på en stor genetisk variation mellan de olika insamlingsperioderna.



## Kommentar

Cirka hälften av alla typade isolat från insamlingsvecka 11 2018 tillhör ST-9198 och är genetiskt mycket lika varandra, vilket tyder på ett i tiden nära gemensamt ursprung. Fallen är geografiskt spridda över Sverige, vilket tyder på en gemensam smittkälla som distribuerats över större delen av landet. För fallen som ingår i ST-9198 klustret har inga epidemiologiska kopplingar rapporterats i SmiNet, eller signalerats på annat sätt till Folkhälsomyndigheten och de har bedömts som sporadiska. Jämförelse med isolat från det frivilliga campylobacterprogrammet för kyckling från februari som analyserades vid Statens Veterinärmedicinska Anstalt (SVA) visade att ST-9198 återfanns hos en storproducent i slutet av februari, vilket tyder på att svenskproducerad kyckling orsakat dessa 10 campylobacterfall. Under vecka 11 år 2018 låg antalet anmälda campylobacterfall på för säsongen förväntad låg nivå (n=30), som jämförelse så anmäldes det under det stora utbrottet 2016-2017 [3] under samma vecka 167 antal fall.

Vid typningsarbetet påvisades ett isolat med ST-918. Detta var den utbrottstam som låg bakom det stora campylobacterutbrottet 2016-2017 [3] orsakat av svenskproducerad kyckling från en storproducent. Patienten hade symptomdebut redan i januari 2018, men provtogs även under v 11 2018. Det finns ingen dokumenterad misstänkt smittväg för detta fall, men då stammen klustrade med isolaten från utbrottet så kan det antas att utbrottsstammen fortsatt finns i liten skala i produkter på marknaden i slutet av 2017. Ett annat alternativ är att infektionen orsakades av en produkt som varit frusen men producerad under utbrottsperioden.

Undantaget ST-9198, visar övriga identifierade ST på förväntat resultat, d.v.s. att diversiteten bland ST är hög vid lågsäsong för campylobacterinfektion.

## Referenser

1. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/globalassets/laboratorieanalys/overvakning/campylobacter/typningsresultat-campylobacter-vecka-11-2017.pdf>
2. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/globalassets/laboratorieanalys/overvakning/campylobacter/campylobacter-typningsrapport-v-34.pdf>
3. <https://www.livsmedelsverket.se/globalassets/rapporter/2018/campylobacter-fran-butik-och-klinik-livsmedelsverkets-rapportserie-nr-10-2018.pdf>

-----  
*Folkhälsomyndigheten är en nationell kunskapsmyndighet som arbetar för en bättre folkhälsa. Det gör myndigheten genom att utveckla och stödja samhällets arbete med att främja hälsa, förebygga ohälsa och skydda mot hälsot.*

*Vår vision är en folkhälsa som stärker samhällets utveckling.*



Folkhälsomyndigheten

**Solna** Nobels väg 18, SE-171 82 Solna **Östersund** Forskarens väg 3, SE-831 40 Östersund.

[www.folkhalsomyndigheten.se](http://www.folkhalsomyndigheten.se)