



Folkhälsomyndigheten

# Epidemiologisk typning av campylobacterisolat insamlade vecka 11 2017



## Förord

Denna kortfattade rapport redovisar utfallet av den epidemiologiska typning som utförts av campylobacter isolerade från människa under vecka 11 2017 vid landets kliniska mikrobiologiska laboratorier. Rapporten visar fördelningen av campylobactertyper från personer smittade i Sverige samt en jämförelse med campylobacterisolat från kycklingkött från en kartlägningsstudie genomförd av Livsmedelsverket vecka 12, 13 och 14.

Rapporten är sammanställd av Cecilia Jernberg och Anna Pääjärvi vid enheten för laborativ bakterieövervakning.

En uppdatering av rapporten har skett 3 juli 2017 med kompletterande analysresultat från fem livsmedelsisolat från Livsmedelsverkets provtagningsomgång under vecka 19-21.

Folkhälsomyndigheten

Sara Byfors  
Enhetschef



Folkhälsomyndigheten

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

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

# Innehåll

Sammanfattning .....	4
Summary .....	4
Bakgrund .....	4
Metodik .....	4
Resultat .....	5
ST-typer .....	5
Klusteranalys .....	5
Kommentar .....	6

## Sammanfattning

Resultatet från insamlingen av campylobacterisolat från landets kliniska mikrobiologiska laboratorier under vecka 11 visar att majoriteten av alla typade isolat (67 av 83) från fall smittade i Sverige är genetiskt mycket lika/oskiljbara och har därmed ett i tiden nära gemensamt ursprung. Det visar den detaljerade analysen av data från helgenomsekvensering.

## Summary

The results of the analysis of the collection of Campylobacter isolates from the Swedish local clinical microbiological laboratories during week 11 show that the majority of all isolates typed (67 out of 83) from cases infected in Sweden are genetically very similar / inseparable and thus have a common origin. This is shown by the detailed analysis of the data from whole genome sequencing.

## Bakgrund

Campylobacter ingår sedan 2017 i Folkhälsomyndighetens mikrobiella övervakningsprogram. Under 2017 genomförs programmet som en pilot med insamling av isolat från landets kliniska mikrobiologiska laboratorier under vecka 11 och vecka 34. Isolat från personer som rapporterats som smittade i Sverige ingår i insamlingen. Vecka 11 är normalt lågsäsong för campylobacterinfektion och denna insamlingsomgång avsåg att spegla den diversitet av typer som finns i Sverige när det normalt också är mycket låg prevalens av campylobacter hos svensk kyckling. Antalet rapporterade sjukdomsfall under vecka 11 2017 låg dock fem gånger högre än normalt<sup>1</sup>, därav kommer denna vecka inte att spegla en genomsnittlig lågsäsongsvariation i Sverige. Vecka 34 är normalt högsäsong för campylobacterinfektion hos människa och prevalensen hos kyckling går också upp under sommarmånaderna. Den planerade insamlingen för vecka 34 avser därmed spegla en normal högsäsong.

## Metodik

Campylobacterisolat typas med helgenomsekvensering, den metod som har den mest detaljerade upplösningen av tillgängliga typningstekniker. I det första steget i



Folkhälsomyndigheten

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

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

analysen definieras och indelas isolaten i så kallade sekvenstyper (ST-typer). Detta är en uppdelning enligt en sedan tidigare internationellt etablerad teknik, multi locus sequence typing (MLST) som inte så högupplösande. I den analysen identifieras skillnader i sju gener och utifrån detta erhålls en ST-typ som består av ett löpnummer. 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 erhöles campylobacterisolat från 15 av Sveriges 21 landsting. Totalt typades 83 isolat som var rapporterade med smittland Sverige med helgenomsekvensering vilket motsvarar 50 % av det totala antalet fall anmälda med smittland Sverige (n=167) samma vecka.

### ST-typer

Totalt identifierades nio olika ST-typer (tabell). Majoriteten av isolaten (83 %) tillhör samma ST-typ (ST918) och denna typ återfinns i isolat från 14 av 15 landsting. Sju isolat tillhör ST19. Denna typ identifieras i isolat från fyra landsting. Resterande isolat (n=7) utgör enskilda ST-typer (tabell). Ett isolat (ST2100) är anmält med smittland Sverige men här utesluts inte att smittan kan ha skett utomlands.

Enbart en av ST-typerna (ST257) har tidigare identifierats vid analys hos Folkhälsomyndigheten. ST257 var den typ som orsakade vinterutbrottet 2015<sup>2</sup>.

I jämförelse med isolat från Livsmedelsverkets kartläggning av campylobacter på kycklingkött i butik under vecka 12, 13 och 14 återfinns tre gemensamma ST-typer, ST918, ST45 och ST19. Från Livsmedelsverkets andra provtagningsomgång vecka 19, 20 och 21 gjordes ett urval av fem isolat från det slakteri som tidigare varit positiv för ST918. Urvalet baserades på att täcka in både olika produktionsdatum under provtagningsperioden samt olika uppfödare. Alla fem isolat tillhörde typen ST918.

### Klusteranalys

Den efterföljande klusteranalysen (SNP-analys) av den dominerande typen ST918 visar att alla isolat från människa utom två sammanfaller i ett gemensamt kluster med noll eller några enstaka SNP-skillnader sinsemellan. Vid klusteranalys av ST19 sammanfaller sex av de sju isolaten i ett gemensamt kluster (figur 1).

I jämförelse med helgenomdata från Livsmedelsverkets kycklingisolat från båda analysomgångarna visar alla isolat av typen ST918 på ett tydligt genetiskt samband med humanisolaten med noll eller några enstaka nukleotidskillnader emellan (figur 2). Vid motsvarande jämförelse inom grupperna ST19 respektive ST45 sammanföll dessa inte i klusteranalysen, utan skiljde sig genetisk från varandra (figur 1).

## Kommentar

Majoriteten av alla isolat som typades från insamlingen vecka 11 är genetiskt mycket lika och i vissa fall oskiljaktiga i klusteranalysen vilket pekar på att de har ett i tiden nära gemensamt ursprung. Fallen i detta kluster är geografiskt spridda över Sverige vilket tyder på en gemensam smittkälla som distribuerats över större delen av landet. I Livsmedelsverkets kartläggning av campylobacter från kycklingkött i butik från vecka 12, 13 och 14 samt vecka 10, 20 och 21 2017<sup>3</sup> identifierades också ST918. Isolat från kyckling från det svenska slakteri som haft problem med burtvätt är av typen ST918<sup>3</sup>. En jämförande klusteranalys mellan Livsmedelsverkets kycklingisolat och humanisolaten visar att de är genetiskt mycket lika och i vissa fall oskiljaktiga i klusteranalysen, vilket bekräftar att de humana fallen av campylobacterinfektion från vecka 11 orsakade av ST918 har sitt ursprung från campylobactersmittat kycklingkött.

Vid en lokal smittspårning under februari 2017 hade en person som insjuknat i campylobacterinfektion sparat kyckling i frysen varifrån campylobacter kunde isoleras. Analys visade att patientisolatet respektive kycklingisolatet båda tillhörde ST918. Helgenomsekvensering visar att dessa isolat är genetiskt mycket lika de ST918-isolat som ingått i denna insamling. Kycklingisolatet härrörde från kyckling från samma slakteri som haft problem med burtvätt.

Sammanfattningsvis visar resultaten från analysen av isolat från människa att majoriteten av isolaten är genetiskt mycket lika/oskiljaktiga och härrör därmed från en i tiden närliggande gemensam smittkälla. Vid jämförelser med helgenomsekvenser från campylobacterisolat av typen ST918 från kycklingkött (stickprov från butik utförd vecka 12-14 14, samt vecka 19-21), visar att även dessa är genetiskt mycket lika/oskiljaktiga från humanisolaten. Dessa prov kom från det slakteri som rapporterat problem med hygienrutiner i produktionen. Denna utbrottsstam inom ST918 har alltså identifierats från februari till och med maj i Sverige och visar vid klusteranalyser tydligt att kycklingkött är smittkällan.



Folkhälsomyndigheten

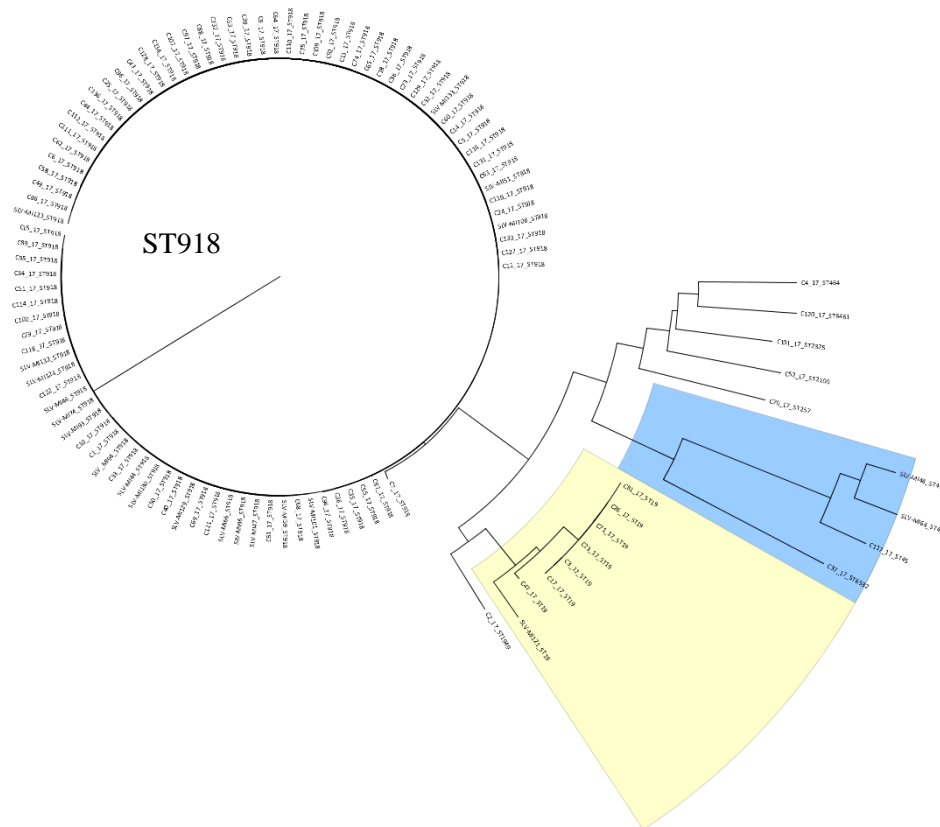
Solna Nobels väg 18, SE-171 82 Solna Östersund Forskarens väg 3, SE-831 40 Östersund.

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

**Tabell.** Fördelningen av sekvenstyper (ST-typer) hos campylobacterisolat från fall smittade i Sverige insamlade under vecka 11 2017.

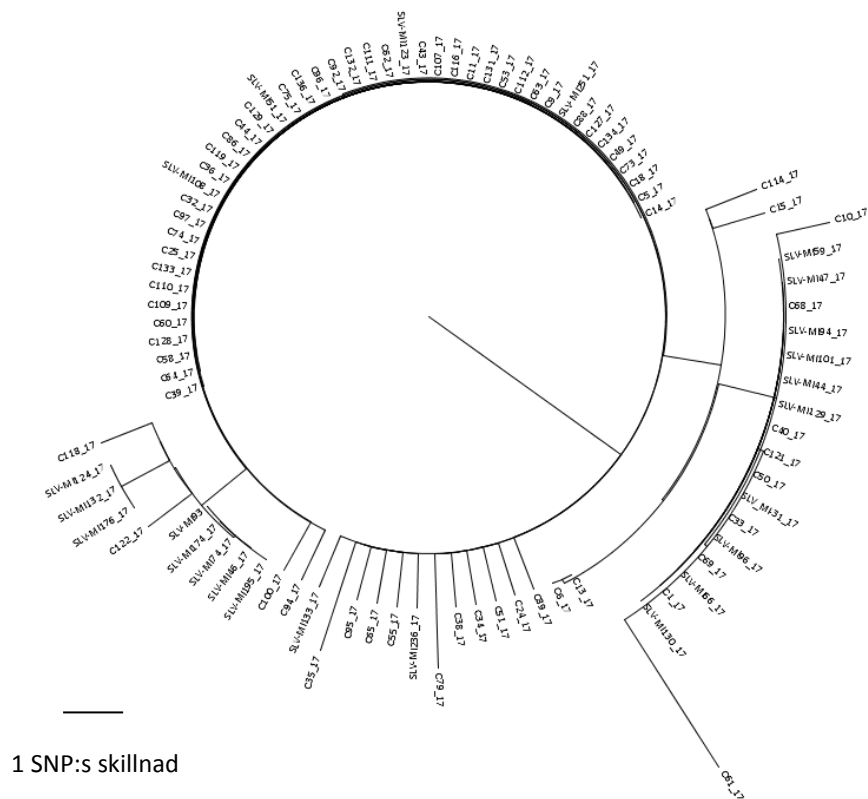
<b>ST-typ</b>	<b>Antal</b>
<b>19</b>	7
<b>45</b>	1
<b>257</b>	1
<b>464</b>	1
<b>918</b>	69
<b>2100</b>	1
<b>2325</b>	1
<b>6461</b>	1
<b>6532</b>	1

**Figur 1.** Klusteranalys av campylobacterisolat (n=83) från fall smittade i Sverige insamlade under vecka 11 2017 samt kycklingsisolat från Livsmedelsverkets kartläggning från vecka 12, 13 och 14. (n=21). Nio olika ST-typer finns representerade där det största klustret utgörs av ST918. Blå markering =ST45, gul markering =ST19. Dessa tre ST-typer (918, 45 och 19) har isolat både från kyckling och människa. Isolat som inleds med C= från människa, SLV = från ycklingkött.





**Figur 2. Högupplöst klusteranalys av ST918 som illustrerar enskilda nukleotidskillnader (SNP:s) med isolat från människa (n=68) och kyckling (n=24). De två humanisolaten som hade en större avvikande genetisk skillnad (outliers) är borttagna ur analysen för att öka upplösningen i bilden. 96,77% av genomet (shared genome) är med i analysen. Isolat som inleds med C= från människa, SLV = från kycklingkött.**



<sup>1</sup> Folkhälsomyndighetens nyhetstext om campylobacterutbrottet november-december 2015

<sup>2</sup> Folkhälsomyndighetens löpande uppdatering av antalet humanfall under utbrottet 2016-

<sup>3</sup> Resultat från Livsmedelsverkets provtagning v 12-14 och 19-21

-----  
*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 hälsorhot.*

*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)