



Bundesamt für Gesundheit (BAG)  
Abteilung Übertragbare Krankheiten  
Epidemiologische Überwachung und Beurteilung  
Schwarzenburgstrasse 157  
3003 Bern

Mirjam Mäusezahl-Feuz  
Marianne Jost

Institut für Lebensmittelsicherheit  
und -hygiene (ILS), NENT  
Universität Zürich  
Winterthurerstrasse 272  
8057 Zürich

Roger Stephan  
Direktor  
Telefon +41 44 635 86 51  
Telefax +41 44 635 89 08  
Stephanr@fsafety.uzh.ch

Zürich, 04.02.2022/AD

## Kurzbericht NENT für das Jahr 2021

---

Sehr geehrte Frau Mäusezahl-Feuz,  
Sehr geehrte Frau Jost,

beiliegend erhalten Sie den Kurzbericht des Nationalen Zentrums für Enteropathogene Bakterien und Listerien (NENT) für das Jahr 2021.

Auch in diesem Jahr finden Sie folgende Unterteilung der Inhalte:

- 2021 in Zahlen (*Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Yersinia* spp., *Vibrio* spp., *Listeria* spp. und *Campylobacter* spp.)
- Häufungsmeldungen/Ausbruchsabklärungen
- Projekte / Forschung / Publikationen
- Tendenzen

Bei dieser Gelegenheit möchten wir uns beim BAG für die Unterstützung und die stets sehr angenehme Zusammenarbeit herzlich bedanken.

Freundliche Grüsse

Prof. Dr. med. vet., Dr. h.c. Roger Stephan, Dipl. ECVPH

PD. Dr. Guido Bloemberg, FAMH

# Inhaltsverzeichnis

---

<b>1</b>	<b><i>Salmonella</i> spp. 2021</b>	<b>4</b>
1.1	Identifikation <i>Salmonella</i> spp. alle Quellen	4
1.1.1	Top 10 <i>Salmonella</i> Serovare 2021: humane Isolate	4
1.1.2	Top 10 <i>Salmonella</i> Serovare 2021: nicht-humane Isolate	5
<b>2</b>	<b><i>Shigella</i> spp. 2021</b>	<b>6</b>
2.1	Identifikation <i>Shigella</i> spp. Isolate	6
2.1.1	Typisierung humane <i>Shigella</i> spp. Isolate	6
<b>3</b>	<b><i>Yersinia</i> spp. 2021</b>	<b>7</b>
3.1	Identifikation <i>Yersinia</i> spp. alle Quellen	7
3.1.1	<i>Yersinia enterocolitica</i> Biovare und Serovare	7
<b>4</b>	<b><i>Vibrionaceae</i> 2021</b>	<b>8</b>
4.1	Identifikation und Typisierung alle Quellen	8
<b>5</b>	<b><i>Listeria</i> spp. 2021</b>	<b>9</b>
5.1	Identifikation <i>Listeria</i> spp. humane Isolate	9
5.1.1	Typisierung der humanen <i>Listeria monocytogenes</i> Isolate	9
5.1.2	Whole-genome Sequencing (WGS) der humanen <i>Listeria monocytogenes</i> Isolate	9
5.2	Identifikation <i>Listeria</i> spp. nicht-humane Isolate	10
5.2.1	<i>Listeria monocytogenes</i> nicht-humane Isolate aufgeteilt nach Herkunft	11
5.2.2	Typisierung <i>Listeria monocytogenes</i> nicht-humane Isolate	11
<b>6</b>	<b><i>Campylobacter</i> spp. 2021</b>	<b>12</b>
<b>7</b>	<b>Isolate ohne Aussage</b>	<b>12</b>
<b>8</b>	<b>Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2021</b>	<b>13</b>
8.1	Häufungsmeldungen <i>Salmonella</i>	13
8.1.1	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Omifisan	13
8.1.2	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Braenderup	13
8.1.3	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Ajiobo	14
8.1.4	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Coeln	14
8.1.5	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Bovismorbificans	14
8.1.6	<i>Shigella flexneri</i> Serotyp 3a	15
8.2	Häufungsmeldungen <i>Listeria monocytogenes</i> , cgMLST basiert	15
8.2.1	Cluster 1	15
8.2.2	Cluster 2	15
8.2.3	Cluster 3	16
8.2.4	Cluster 4	16
8.2.5	Cluster 5	16
8.2.6	Cluster 6	16
<b>9</b>	<b>Projekte / Forschung / Publikationen</b>	<b>17</b>
9.1	Externe Zusammenarbeiten	17
9.2	Publikationen	17

9.3	Genome announcements	18
10	Relevante Symposium/Workshop Teilnahmen:	18
11	Tendenzen	18

## Abbildungsverzeichnis:

---

Abbildung 1: Häufigste Salmonella Serovare aus dem Jahr 2021, humane Isolate	4
Abbildung 2: Häufigste Salmonella Serovare aus dem Jahr 2021, nicht-humane Isolate	5
Abbildung 3: Häufigste Shigella Serotypen im Jahr 2021, humane Isolate	6
Abbildung 4: Häufigste Yersinia Biovare und Serovare im Jahr 2021, alle Quellen	7
Abbildung 5: Häufigste Listeria monocytogenes Serotypen im Jahr 2021, humane Isolate	9
Abbildung 6: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen Listeria monocytogenes Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2021	10
Abbildung 7: L. monocytogenes Serotypen aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate	11
Abbildung 8: L. monocytogenes Serogruppen aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate	12
Abbildung 9: humane Campylobacter sp. Isolate aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit	12
Abbildung 10 L. monocytogenes Cluster 1, Jahre 2020-2021	15

## Tabellenverzeichnis:

---

Tabelle 1: Gesamtzahl der Salmonella spp. Isolate aus dem Jahr 2020, alle Quellen	4
Tabelle 2: Herkunft der häufigsten Salmonella Serovare aus dem Jahr 2020, nicht-humane Isolate	5
Tabelle 3: Gesamtzahl der Shigella spp. Isolate aus dem Jahr 2021, alle Quellen	6
Tabelle 4: Gesamtzahl der Yersinia spp. Isolate aus dem Jahr 2021, alle Quellen	7
Tabelle 5: Gesamtzahl der Vibrionaceae Isolate aus dem Jahr 2021, alles humane Isolate	8
Tabelle 7: Gesamtzahl der humanen Listeria spp. Isolate aus dem Jahr 2021	9
Tabelle 8: Gesamtzahl der nicht-humanen Listeria spp. Isolate aus dem Jahr 2021	11
Tabelle 9: Herkunft der typisierten L. monocytogenes aus dem Jahr 2021, nicht-humane Isolate	11

# Das Jahr 2021 in Zahlen

## 1 *Salmonella* spp. 2021

### 1.1 Identifikation *Salmonella* spp. alle Quellen

Im Jahr 2021 sind im NENT total 1979 Isolate zur Identifikation als Salmonellen eingegangen. Davon waren 1455 humanen Ursprungs. 1963 Isolate wurden als Salmonellen bestätigt. Die Resultate gliedern sich wie folgt:

Tabelle 1: Gesamtzahl der *Salmonella* spp. Isolate aus dem Jahr 2021, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Salmonella enterica</i>	subsp. <i>enterica</i>	1876
		subsp. <i>salamae</i>	1
		subsp. <i>arizonae</i>	4
		subsp. <i>diarizonae</i>	32
		subsp. <i>houtenae</i>	3
		subsp. <i>indica</i>	0
		subsp. nicht zugeordnet	47
	<i>Salmonella bongori</i>		0
	<u><i>Salmonella</i> spp. bestätigt total</u>		1963
	<u>Keine Identifizierung als</u>		
<u><i>Salmonella</i> spp.</u>		16	
Total Analysen			1979

### 1.1.1 Top 10 *Salmonella* Serovare 2021: humane Isolate

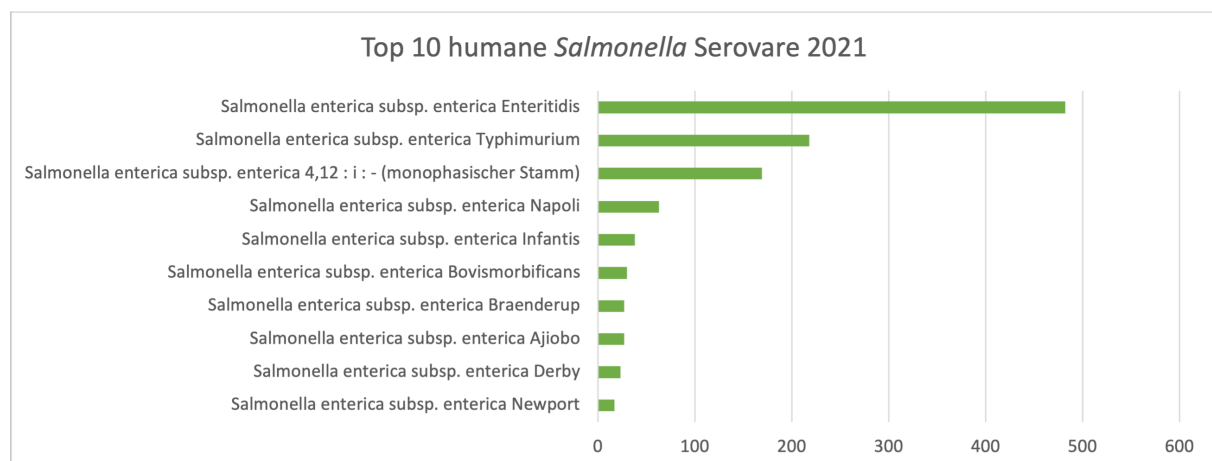


Abbildung 1: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2021, humane Isolate

### 1.1.2 Top 10 *Salmonella* Serovare 2021: nicht-humane Isolate

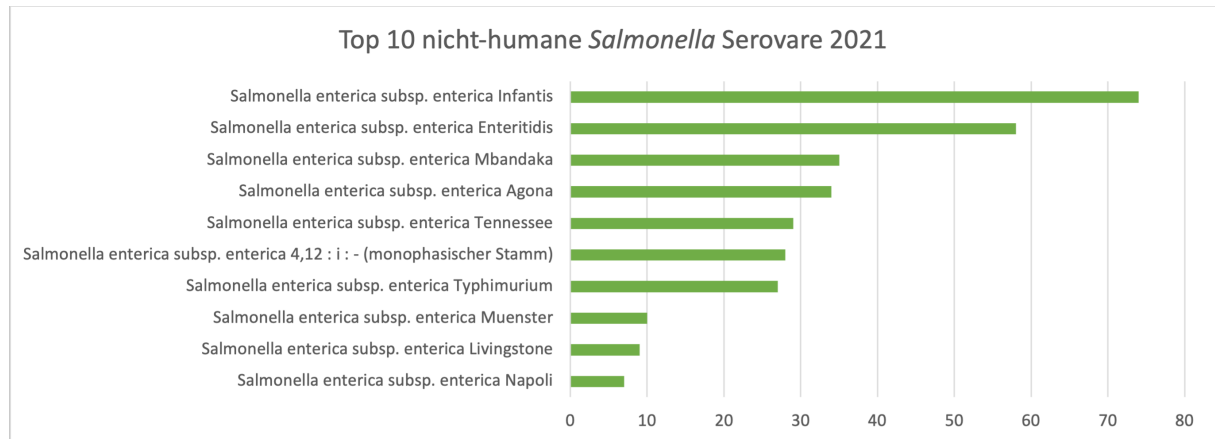


Abbildung 2: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2021, nicht-humane Isolate

#### 1.1.2.1 Top 10 nicht humane Isolate aufgeteilt nach Herkunft

Tabelle 2: Herkunft der häufigsten *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2021, nicht-humane Isolate

<i>Salmonella enterica</i> subsp. enterica Serovar	Tier	Lebensmittel	Futtermittel	Umwelt	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
Infantis	3	52	-	11	2	-	6	74
Enteritidis	5	19	-	20	3	11	-	58
Mbandaka	-	-	13	8	-	7	7	35
Agona	-	14	-	-	2	5	13	34
Tennessee	-	4	13	11	-	1	-	29
4,12 : i : -	1	25	-	1	1	-	-	28
Typhimurium	6	16	1	2	1	1	-	27
Muenster	-	7	-	1	-	2	-	10
Livingstone	1	6	2	-	-	-	-	9
Napoli	1	2	-	-	1	3	-	7

## 2 *Shigella* spp. 2021

### 2.1 Identifikation *Shigella* spp. Isolate

55 Isolate wurden zur Identifikation als *Shigella* spp. eingesandt. 15 dieser Isolate konnten nicht als *Shigella* spp. identifiziert werden. 40 Isolate wurden weiter typisiert. Nur eines der weiter typisierten Isolate war nicht humanen Ursprungs. Die Resultate der Identifikation kategorisieren sich wie folgt:

Tabelle 3: Gesamtzahl der *Shigella* spp. Isolate aus dem Jahr 2021, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Shigella</i> spp.	<i>Shigella dysenteriae</i>	1
		<i>Shigella boydii</i>	1
		<i>Shigella flexneri</i>	19
		<i>Shigella sonnei</i>	19
		<i>ipaH</i> -Gen positiv, Spezieszuordnung nicht möglich	0
		<u><i>Shigella</i> spp. bestätigt total</u>	40
		<u>Keine Identifizierung als</u> <u><i>Shigella</i> spp.</u>	15
Total Analysen			55

#### 2.1.1 Typisierung humane *Shigella* spp. Isolate

Nachfolgend werden die Typisierungsergebnisse der *Shigella* spp. Isolate, nach Häufigkeit geordnet, aufgezeigt:

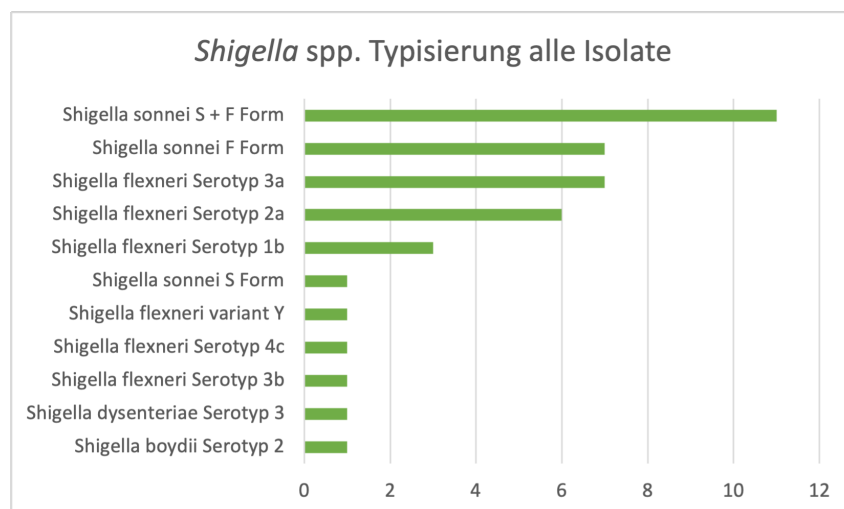


Abbildung 3: Häufigste *Shigella* Serotypen im Jahr 2021, humane Isolate

### 3 *Yersinia* spp. 2021

#### 3.1 Identifikation *Yersinia* spp. alle Quellen

Im Jahr 2021 wurden 80 Isolate zur Typisierung von *Yersinia* spp. eingesendet. Das Genus *Yersinia* spp. konnte bei allen bestätigt werden. 78 Isolate waren humanen Ursprungs, zwei Isolate wurden zwecks einer Qualitätskontrolle eingesandt. Die Identifikationsresultate sind in der nachfolgenden Tabelle dargestellt:

Tabelle 4: Gesamtzahl der *Yersinia* spp. Isolate aus dem Jahr 2021, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Yersinia</i> spp.	<i>Yersinia enterocolitica</i>	74
		<i>Yersinia bercovieri</i>	0
		<i>Yersinia intermedia</i>	1
		<i>Yersinia fredericksenii</i>	1
		<i>Yersinia kristensenii</i>	0
		<i>Yersinia ruckeri</i>	0
		<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	2
		<i>Yersinia</i> spp.	0
		<u><i>Yersinia</i> spp. bestätigt total</u>	78
	<u>Keine Identifizierung als</u>	2	
<u><i>Yersinia</i> spp.</u>			
Total Analysen			80

#### 3.1.1 *Yersinia enterocolitica* Biovare und Serovare

Die *Yersinia* Biovar und Serovar Typisierungen aus dem Jahr 2021 zeigen folgende Häufigkeitsverteilung:

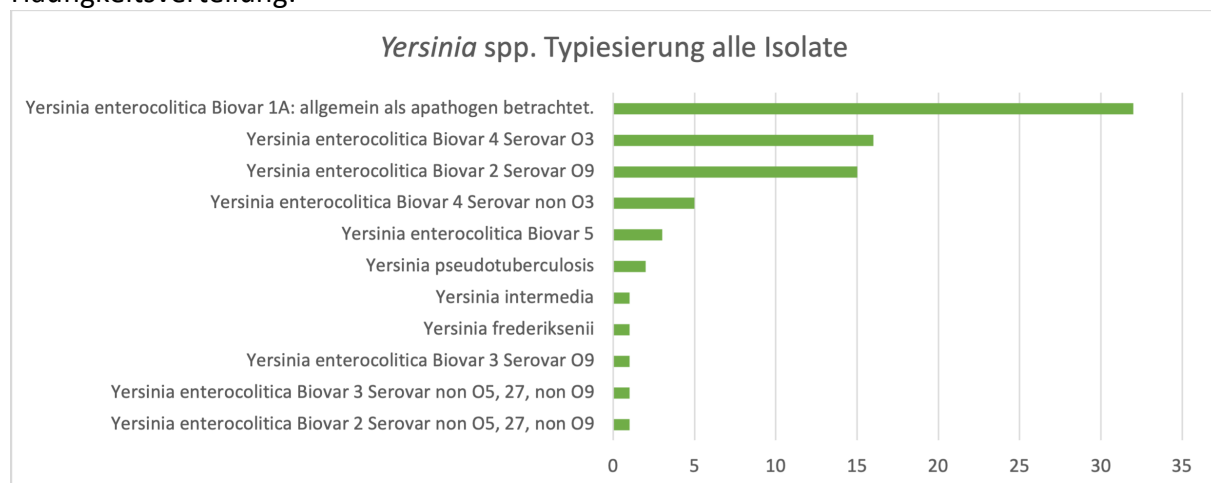


Abbildung 4: Häufigste *Yersinia* Biovare und Serovare im Jahr 2021, alle Quellen

## 4 *Vibrionaceae* 2021

### 4.1 Identifikation und Typisierung alle Quellen

Im Jahr 2021 sind 9 Isolate mit Verdacht auf *Vibrionaceae* im NENT eingegangen. Es handelte sich bei allen um humane Isolate.

Die Resultate der Identifikation, Serotypisierung und des Cholera-Toxin Nachweises zeigen folgende Verteilung:

Tabelle 5: Gesamtzahl der *Vibrionaceae* Isolate aus dem Jahr 2021, alles humane Isolate

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Vibrio</i> spp.	<i>Vibrio cholerae</i> O1	0
		<i>Vibrio cholerae</i> O139 / Bengal	0
		<i>Vibrio cholerae</i> non-O1 / O139	4
		Keine <i>Vibrio cholerae</i>	4
		<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	1
		<i>Vibrio alginolyticus</i>	0
		<u><i>Vibrio</i> spp. bestätigt total</u>	5
		<u>Kein Nachweis von <i>Vibrio</i> spp.</u>	4
<b>Total Analysen</b>			<b>9</b>
Typisierung	<i>V. cholerae</i> O1	Serotyp Inaba / El Tor	0
		Serotyp Inaba klassisch	0
		Serotyp Ogawa / El Tor	0
		Serotyp Ogawa klassisch	0
Cholera-Toxin-Gen-Nachweis PCR		Positiv	0



## 5 *Listeria* spp. 2021

Im Jahr 2021 sind total 1513 Isolate oder Nativstuhlproben mit Verdacht auf *Listeria* spp. eingegangen. Die folgenden Kapitel stellen dar, wie sich die Isolate ordnen.

### 5.1 Identifikation *Listeria* spp. humane Isolate

73 Proben (Isolate oder Nativstuhlproben) humanen Ursprungs sind beim NENT zur Analyse eingegangen. Bei 38 Proben (Nativstuhlproben) konnten keine *Listeria monocytogenes* nachgewiesen werden. Die anderen 35 Isolate wurden serotypisiert und anschliessend mittels WGS (Whole-genome Sequencing) weitergehend genotypisiert.

Tabelle 6: Gesamtzahl der humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2021

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	35
		Kein Nachweis von <i>Listeria monocytogenes</i> <sup>a</sup>	38
		<b>Total Analysen</b>	<b>73</b>

<sup>a</sup> Aus nativ-Stuhl

#### 5.1.1 Typisierung der humanen *Listeria monocytogenes* Isolate

Die nachfolgende Grafik zeigt die Häufigkeit der verschiedenen Serotypen der humanen *L. monocytogenes* Isolate.

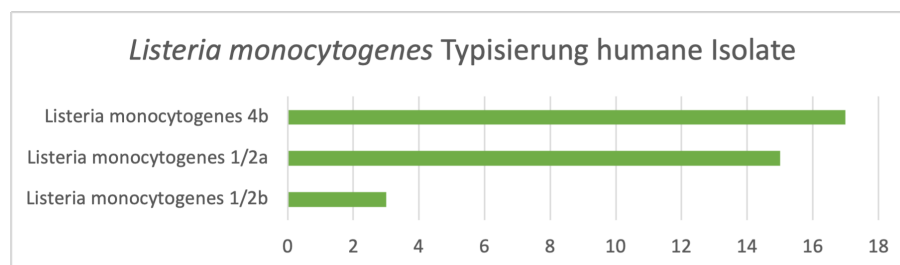


Abbildung 5: Häufigste *Listeria monocytogenes* Serotypen im Jahr 2021, humane Isolate

#### 5.1.2 Whole-genome Sequencing (WGS) der humanen *Listeria monocytogenes* Isolate

Alle 35 humanen *L. monocytogenes* Isolate wurden mittels WGS weitergehend typisiert. Die cgMLST Analyse dieser Isolate ist auf der folgenden Seite abgebildet. Auch in diesem Jahr zeigten die Isolate eine hohe genetische Vielfalt. Aufgrund dessen sind die *L. monocytogenes* Infektionen auch in diesem Berichtsjahr am häufigsten als Einzelfälle zu verzeichnen. Jedoch konnten auch mehrere, unter anderem jahresübergreifende Ausbruchsgeschehen identifiziert werden. Eine Erläuterung zu den Clusters folgt auf den Seiten 15 und 16.

Gemäss Auftrag eines kantonalen Labors und des BLV sind im Jahr 2021 auch einzelne Stämme aus Lebensmitteln WGS typisiert worden.

Anmerkung zu Abbildung 6:

Die core genome MLST (cgMLST) Methodik vergleicht alle gemeinsamen Gene (Kerngenom) der sequenzierten Isolate. Dabei wird untersucht, wie viele unterschiedliche Allele die einzelnen Isolate im Kerngenom zueinander haben. Je kleiner die Anzahl ist, desto näher sind die Isolate miteinander verwandt. Insgesamt werden rund 1700 Gene in den Vergleich eingeschlossen. Die cgMLST wird als Minimal Spanning Tree dargestellt. Die Nummern zwischen den Isolaten geben an, wieviele unterschiedliche Allele die Isolate zueinander haben.

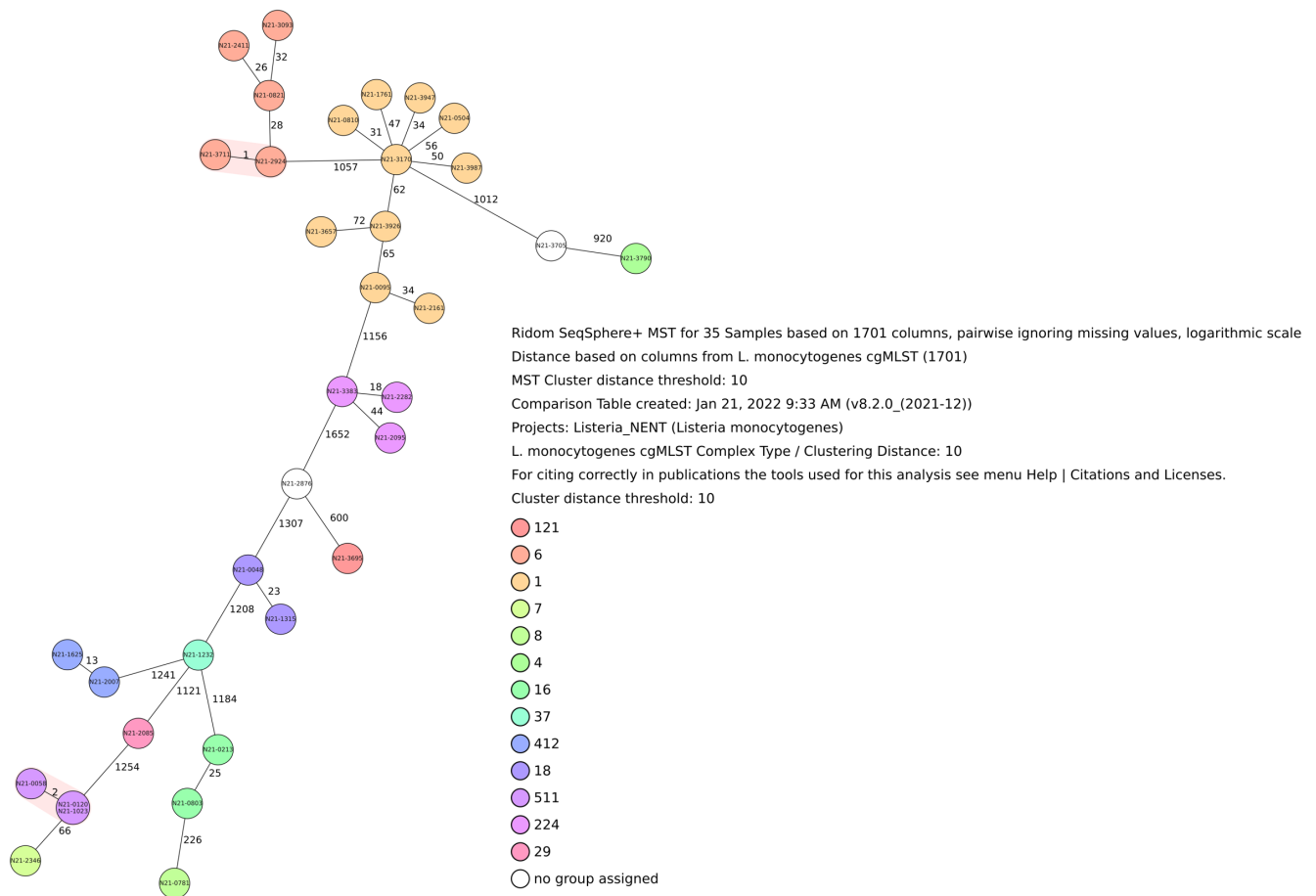


Abbildung 6: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen *Listeria monocytogenes* Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2021

## 5.2 Identifikation *Listeria* spp. nicht-humane Isolate

1440 nicht-humane Isolate wurden zur *Listeria* spp. Typisierung eingesandt. Davon wurden 1424 Isolate als *Listeria* spp. und 1409 als *Listeria monocytogenes* identifiziert. Eine zunehmende Nachfrage wurde bei solchen Isolaten hinsichtlich einer weitergehenden MLST (Multi Locus Sequence Typing) Typisierung verzeichnet.

Tabelle 7: Gesamtzahl der nicht-humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2021

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	1409
		<i>Listeria ivanovii</i>	0
		<i>Listeria innocua</i>	1
		<i>Listeria seeligeri</i>	0
		<i>Listeria welshimeri</i>	0
	<u><i>Listeria</i> sp. bestätigt<sup>b</sup></u>		14
	<u><i>Listeria</i> spp. nicht bestätigt</u>		16
		<b>Total Analysen</b>	<b>1440</b>

<sup>b</sup> nicht weiter typisiert, nur zur Stammkonservierung eingenommen

### 5.2.1 *Listeria monocytogenes* nicht-humane Isolate aufgeteilt nach Herkunft

Tabelle 8: Herkunft der typisierten *L. monocytogenes* aus dem Jahr 2021, nicht-humane Isolate

	Lebensmittel	Umwelt	Tier	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
<b><i>Listeria monocytogenes</i></b>	736	345	2	15	52	259	<b>1409</b>

### 5.2.2 Typisierung *Listeria monocytogenes* nicht-humane Isolate

In der folgenden Abbildung werden die mittels Antisera-Agglutinationsmethode ermittelten nicht-humanen *L. monocytogenes* Serotypen nach Häufigkeit aufgezeigt.

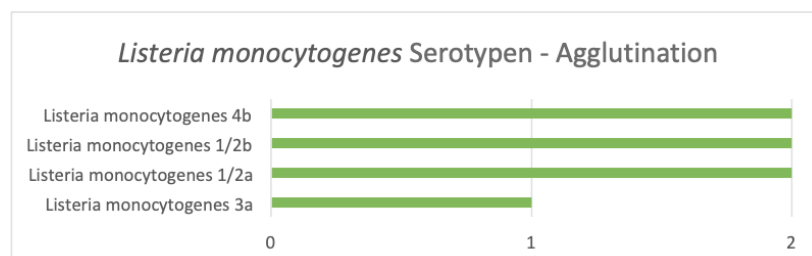


Abbildung 7: *L. monocytogenes* Serotypen aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate

Die nachstehende Grafik zeigt ebenfalls die Häufigkeiten der weitergehend typisierten nicht-humanen *L. monocytogenes*. Hierbei handelt es sich um Serogruppen, die mittels Realtime PCR serotypisiert wurden.

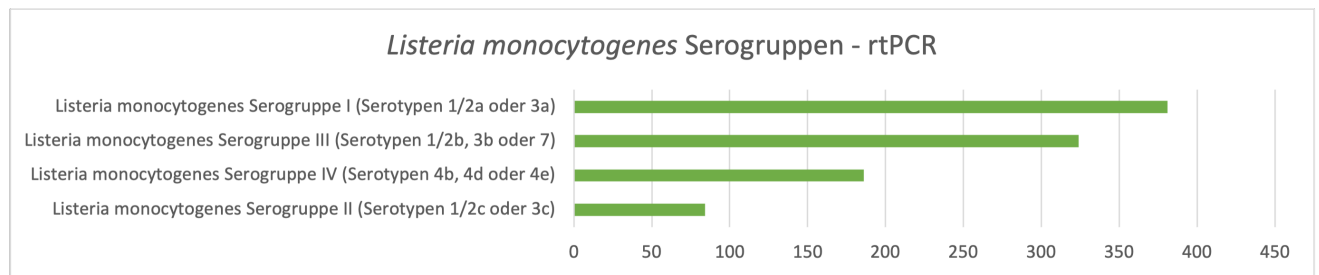


Abbildung 8: *L. monocytogenes* Serogruppen aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate

## 6 *Campylobacter* spp. 2021

*Campylobacter* spp. Isolate werden grösstenteils von Primärlaboratorien typisiert und nur zur Einlagerung ans NENT gesandt. Im Jahr 2021 wurden 255 humane *Campylobacter* spp. gemäss Identifikation der Primärlabore konserviert. Die von den Primärlaboratorien angegebenen Typisierungen gliedern sich wie folgt:

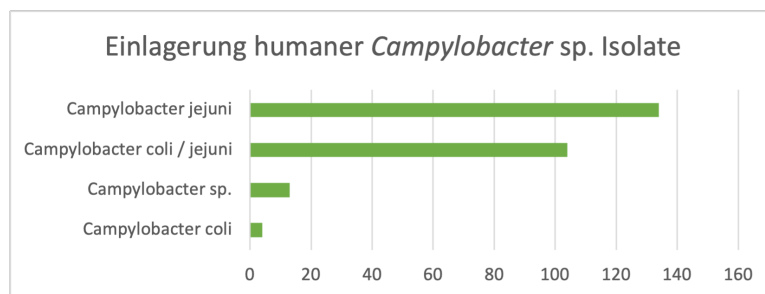


Abbildung 9: Humane *Campylobacter* sp. Isolate aus dem Jahr 2021 nach Häufigkeit

## 7 *Isolate ohne Aussage*

89 eingesandte Isolate konnten nicht weiter verarbeitet werden und erhielten das Resultat «ohne Aussage». Hierbei handelte es sich einerseits um *Campylobacter* Isolate, welche als starke Mischkultur ans NENT gelangten oder keine Kultivierung mehr möglich war. Andererseits beinhaltete diese Gruppe Proben mit einer starken Mischflora (vor allem aus der Lebensmitteldiagnostik).

## 8 Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2021

### 8.1 Häufungsmeldungen *Salmonella*

#### 8.1.1 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Omifisan

##### Ausgangslage Jahr 2021

Von Anfang April bis Mitte Mai 2021 sind 7 Isolate dieses sehr seltenen Serotyps eingegangen. Von einer Person sind zwei Isolate eingesandt worden.

##### Getroffene Massnahmen im Labor und Resultate

Dem BAG wurde umgehend Meldung erstattet. Die sechs Isolate wurden mittels WGS sequenziert. Alle sechs gehörten zum MLST ST22; cgMLST 8229.

##### Infektionsquelle

Eine Infektionsquelle konnte nicht ausfindig gemacht werden.

#### 8.1.2 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Braenderup

##### Ausgangslage Jahr 2021

Zwischen Anfang März und Anfang Juni 2021 sind 19 Isolate des Serotypes *S. Braenderup* resp. der monophasischen Variante *S. enterica* subsp. *enterica* 6,7 : e,h : - eingegangen. Bei dieser Häufung handelte es sich um einen internationalen Ausbruch. Die Länder Dänemark, Belgien, Tschechien, Finnland, Frankreich, Deutschland, Irland, Niederlande, Norwegen, Schweden und United Kingdom (England) waren betroffen.

##### Getroffene Massnahmen im Labor und Resultate

Alle Isolate wurden mittels WGS sequenziert. Zu dieser Zeit war es auch noch möglich eine Meldung auf der EPIS Plattform aufzuschalten, bevor die Schweiz aus politischen Gründen davon ausgeschlossen wurde. In der Sequenzierung wurden die Isolate mit dem Ausbruchstamm 2104T8198 aus Dänemark abgeglichen. Alle bis auf das erste Isolat aus dem Jahr 2021 gehörten zum Ausbruchcluster mit dem MLST ST22; cgMLST 8229. ECDC Notifications wurden unter der Bezeichnung UI-719 gemacht.

##### Infektionsquelle

Als Infektionsquelle wurden diverse aus Honduras importierte Melonensorten identifiziert. Der Ausbruch endete, als die Erntesaison in Honduras zu Ende ging.

### 8.1.3 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Ajiobo

#### Ausgangslage Jahr 2021

Im Jahr 2021 sind total 27 Isolate mit dem seltenen Serotyp *S. Ajiobo* im NENT identifiziert worden. Von vier Patienten erhielten wir je zwei Isolate. Das erste Isolat ging im April 2021 ein. Eine deutliche Häufung zeigte sich ab Juli 2021.

#### Getroffene Massnahmen im Labor und Resultate

Im Juli sowie im Oktober 2021 wurde eine Häufigkeitsmeldung ans BAG gemacht. Das BAG ordnete Personenbefragungen an. Diese blieben ohne Ergebnis. Sequenziert wurden die Stämme (nach Rücksprache mit dem BAG) nicht.

#### Infektionsquelle

Die Infektionsquelle konnte nicht eruiert werden.

### 8.1.4 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Coeln

#### Ausgangslage Jahr 2021

Ab August 2021 sind vermehrt *S. Coeln* im NENT eingegangen. Zum Zeitpunkt der Meldung waren es dieser fünf.

#### Getroffene Massnahmen im Labor und Resultate

Im September 2021 wurde eine Häufungsmeldung ans BAG gemacht. Unternommen wurde weiter (nach Rücksprache mit dem BAG) nichts.

### 8.1.5 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Bovismorbificans

#### Ausgangslage Jahr 2021

Zwischen Anfang Oktober und Mitte November 2021 wurde erneut eine Häufung von *S. Bovismorbificans* festgestellt. 22 Isolate dieses Serotyps sind in diesem Zeitraum eingegangen. Je zwei Isolate stammten von zwei gleichen Personen.

#### Getroffene Massnahmen im Labor

Die Häufung wurde zeitnah erkannt und dem BAG gemeldet. Alle 20 Isolate wurden etappenweise sequenziert. Alle Isolate gehörten zum MLST ST 1499 cgMLST nd und fallen in einen Ausbruchcluster mit 0-1 cg-Allel Unterschieden.

Des Weiteren wurden die Isolate verglichen mit 5 *S. Bovismorbificans* Stämmen aus dem Jahr 2020. Diese erwiesen sich auf der cgMLST Ebene als unterschiedlich.

#### Infektionsquelle

Die Infektionsquelle konnte nicht eruiert werden.

### 8.1.6 *Shigella flexneri* Serotyp 3a

#### Ausgangslage Jahr 2021

Im Oktober 2021 sind drei Isolate von *Shigella flexneri* Serotyp 3a in Folge eingegangen.

#### Getroffene Massnahmen im Labor

Da solche Isolate generell selten sind, wurde eine Meldung ans BAG gemacht und die 3 Isolate wurden mittels WGS sequenziert. Zwei der Stämme gehörten zum MLST ST245; cgMLST 12873 und clusterten zusammen; eines gehörte zum MLST ST245; cgMLST nd und ist mit den anderen beiden Isolaten nicht verwandt.

#### Infektionsquelle

Die Infektionsquelle blieb unbekannt.

## 8.2 Häufungsmeldungen *Listeria monocytogenes*, cgMLST basiert

### 8.2.1 Cluster 1

Im Januar 2021 clusterten N21-0058 und N21-0120 mit N20-2489 und N20-2530 (MLST ST511; cgMLST 14665) aus dem Vorjahr. Im Mai 2021 kam der Stamm N21-1023 hinzu. Drei der Patienten stammten aus dem Tessin. Eine gemeinsame Infektionsquelle konnte nicht gefunden werden. Die Stämme aus dem Jahr 2021 sind im Spanning Tree auf Seite 10 mit einer Schattierung markiert.

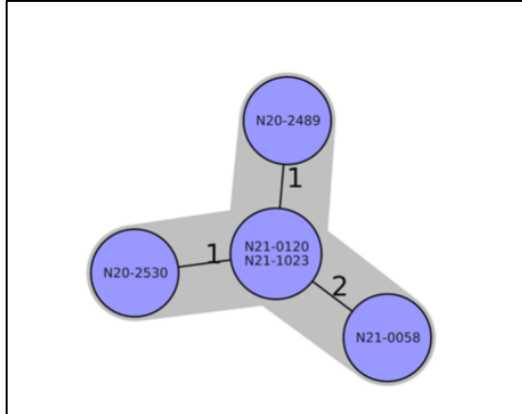


Abbildung 10: *L. monocytogenes* Cluster 1, Jahre 2020-2021

### 8.2.2 Cluster 2

Ende Januar 2021 clusterte N21-0095 mit N19-2538 (MLST ST1; cgMLST 10119). Beide Patienten waren aus dem Tessin. Eine gemeinsame Infektionsquelle wurde nicht gefunden.

### **8.2.3 Cluster 3**

Im März 2021 machte die Niederlande die EPIS Meldung IU-708 «Cluster of listeriosis possibly linked to soft cheeses.» Die zur Verfügung gestellte Sequenz (2021-2828) wurde mit unseren humanen Stämmen abgeglichen. Ein Match wurde mit einem humanen Isolat von Ende des Jahres 2020 gefunden (N20-2350). Die Sequenz von N20-2350 zeigt null cg-Allel Unterschiede.

### **8.2.4 Cluster 4**

Im Juni 2021 clusterte N21-1232 mit N20-0365 (MLST ST37; cg MLST 14558). Eine gemeinsame Infektionsquelle wurde nicht gefunden.

### **8.2.5 Cluster 5**

Im Oktober 2021 clusterte N21-2924 mit N20-2031 (MLST ST6; cgMLST 14566) aus dem Vorjahr. Die Sequenzen zeigten null cg-Allel Unterschiede. Im Dezember 2021 kam N21-3711 mit 1 cg-Allel Unterschied dazu. Eine gemeinsame Infektionsquelle wurde nicht gefunden. Die Stämme aus dem Jahr 2021 sind im Spanning Tree auf Seite 10 mit einer Schattierung markiert.

### **8.2.6 Cluster 6**

Im Januar 2022 wurde eines der letzten Isolate aus dem Jahr 2021 sequenziert. N21-3926 clusterte mit N18-0445 (Lebensmittelisolat) und N18-2241 (humanes Isolat) (MLST ST1; cgMLST 7612) aus dem Jahr 2018. Eine Umfeldkontamination eines Lebensmittelbetriebes mit einem persistenten Stamm und einer punktuellen Kontamination von Lebensmitteln könnte ein möglicher Hintergrund sein. Die Stämme zeigten in der cgMLST Analyse 1 cg-Allel Unterschied.



## **9 Projekte / Forschung / Publikationen**

### **9.1 Externe Zusammenarbeiten**

In einer Zusammenarbeit mit dem Department of Infectious Diseases and Public Health in Kowloon, Hong Kong wurden insgesamt 30 *Salmonella* Isolate (Schildkrötenisolate von einem Lebensmittelmarkt in Hongkong; Geflügelisolate) zur weiteren Charakterisierung geschickt. Das NENT war in der Lage einzelne Stämme weitergehend zu typisieren, welche in Hongkong ohne Serotyp verblieben. Zudem stimmten die NENT Ergebnisse mit den Sequenzierungen im WGS überein.

In einer Zusammenarbeit mit dem Universitätsspital Basel (Gruppe Adrian Egli) wurden 340 humane *Campylobacter jejuni* Stämme, die vom NENT über einen Zeitraum von 18 Jahren gesammelt wurden, mittels WGS und phänotypischen Resistenzprofilen weitergehend charakterisiert. Ein Abstract dazu wurde als Posterpräsentation am ECCMID Kongress 2022 angenommen.

Die Zusammenarbeit mit dem Center of Food Safety and Applied Nutrition, U. S. Food and Drug Administration betreffend der weitergehenden molekularen Typisierung von *S. Bovismorbificans* Stämmen konnte erfolgreich fortgesetzt werden. Das Paper zur Studie "Phylogenomic analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Serovar Bovismorbificans from Clinical and Food Samples using Whole Genome-wide Core Genes and k-mer-binning Methods Identifying Two Distinct and Unrelated Genome-Pathotypes" wurde bei Spectrum eingereicht und befindet sich aktuell in der Revisionsphase.

Die Zusammenarbeit mit dem Pasteur Institut betreffend der weitergehenden molekularen Typisierung von *S. Napoli* Stämmen (Schweiz, Frankreich, Italien) konnte erfolgreich fortgesetzt werden. Ein Abstract mit ersten Daten dazu wurde als Referat am i3S Kongress 2022 angenommen.

### **9.2 Publikationen**

Folgende Arbeiten mit direktem Bezug zum Tätigkeitsbereich des NENT konnten erfolgreich publiziert werden:

**Horlbog, J., Stephan, R., Stevens, M., Overesch, G., Kittl, S., Napoleoni, M., Silenzi, V., Nüesch-Inderbinen, M., Albini, S.** (2021). Feedborne *Salmonella enterica* serovar Jerusalem outbreak in different organic poultry flocks in Switzerland and Italy linked to soya expeller. *Microorganisms* 9,1367. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9071367>

**Nüesch-Inderbinen, M., Bloemberg, G., Müller, A., Stevens, M., Cernela, N., Kollöffel, B., Stephan, R.** (2021). Listeriosis caused by persistence of *Listeria monocytogenes* serotype 4b Sequence Type 6 in cheese production environment. *Emerging Infectious Diseases* 1,284-288. doi:10.3201/eid2701.203266.

**Nüesch-Inderbinen, M., Stevens, M.J.A., Cernela, N., Müller, A., Biggel, M., Stephan, R.** (2021). Distribution of virulence factors, antimicrobial resistance genes and phylogenetic relatedness among Shiga toxin-producing *Escherichia coli* serogroup O91 strains from human infections. *International Journal of Medical Microbiology* 8, 151541. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2021.151541>

Sperle, I., Halbedel, S., Wilking, H., Holzer, A., Flieger, A., Lüth, S., Al Dahouk, S., Kleta, S., Schaten, K., Zanger, P., Schäfer, J., Pietzka, A., Schjørring, S., Espenhain, L., **Stephan, R., Bloemberg, G.**, Murr, L., Huber, I., Lachmann, R. Cross-border outbreak of *Listeria monocytogenes* in Austria, Denmark, Germany and Switzerland linked to smoked trout, 2020. Abstract – ESCAIDE 2021.

**\*fett markiert:** VertreterInnen NENT und Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene

### 9.3 Genome announcements

**Stevens, M.J.A., Cernela, N., Müller, A., Nüesch-Inderbinnen, M., Stephan, R.** (2021). Draft genome sequences of nineteen clinical Shigatoxin-producing *Escherichia coli* O80:H2 strains. Microbiology Resource Announcements 10:e00033-21. <https://doi.org/10.1128/MRA.00033-21>.

**\*fett markiert:** VertreterInnen NENT und Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene

## 10 Relevante Symposium/Workshop Teilnahmen:

Interne Kolloquien am Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene

BLV Beirat «Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel ACE Früherkennung Meeting zweimal jährlich.

Webinar by Qiagen: the future of PCR is digital: QIAcuity 05.03.2021, Dr. Sabine Haeussermann-Urbitsch, Senior Specialist Inside Sales Switzerland, Qiagen AG CH

Webinar Publication ISO 16140-3 `Method verification` 02.03.2021, Organisator: Helena Höök, DVM, PhD, EURL-Campylobacter, NATIONAL VETERINARY INSTITUTE, SE- 751 89 Uppsala

Online EURL *Salmonella* Workshop 28.05.2021, Organisator: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM, Bilthoven, The Netherlands)

Online EURL- Campylobacter 16th Workshop 28.-29.09.2021, Organisator: Hanna Skarin, PhD, Director EURL-Campylobacter, NATIONAL VETERINARY INSTITUTE, SE- 751 89 Uppsala

## 11 Tendenzen

Die Reisetätigkeit hat sich ein wenig erholt, was sich auf die Einsendungen auswirkte. Die Einsendungen waren wieder mehr durchmischt und auch speziellere Keime wie z.B. *Vibrio cholerae* wurden wieder verzeichnet.

Die drei häufigsten Salmonellen Serovare blieben auch dieses Jahr *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* und die monophasische Variante von *S. Typhimurium*.

Im Bereich der humanen *L. monocytogenes* Stämme zeigte sich vermehrt, wie essentiell auch der jahresübergreifende Abgleich der Isolate ist. Zudem wird ersichtlich, was für einen Mehrwert durch gezieltes und regelmässiges Abgleichen von Lebensmittel-/Umweltproben mit humanen Isolaten in den Ausbruchabklärungen erzielt werden könnte. Dies wieder im



Sinne, dass das NENT eine wichtige Verknüpfung zwischen den Institutionen BAG und BLV darstellt.

In Bezug auf *Vibrio cholerae* sehen wir vermehrt non-toxigene Stämme von *Vibrio cholerae* non O1, non O139. Die klinische Bedeutung dieser Toxin-negativen Stämme ist noch wenig erforscht und wird ein Schwerpunkt einer neuen WGS basierten Studie im Jahre 2022 sein.

Der Wegfall der Anbindung des NENT an EPIS (Folge der Nichtunterzeichnung des Rahmenabkommens mit der EU) erschwert den internationalen Datenaustausch extrem. Zudem werden internationale Ausbrüche nur verzögert (wenn überhaupt) in der Schweiz bekannt!