



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, 20.02.2023/AD

Kurzbericht NENT für das Jahr 2022

Sehr geehrte Frau Mäusezahl-Feuz,

beiliegend erhalten Sie den Kurzbericht des Nationalen Zentrums für enteropathogene Bakterien und Listerien (NENT) für das Jahr 2022.

Auch in diesem Jahr finden Sie folgende Unterteilung der Inhalte:

- 2022 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 auch in diesem Jahr wieder beim BAG für die Unterstützung und die stets sehr angenehme Zusammenarbeit bedanken.

Freundliche Grüsse

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

PD. Dr. Guido Bloemberg, FAMH

Inhaltsverzeichnis

1	<i>Salmonella</i> spp. 2022	4
1.1	Identifikation <i>Salmonella</i> spp. alle Quellen	4
1.1.1	Top 10 <i>Salmonella</i> Serovare 2022: humane Isolate	5
1.1.2	Top 10 <i>Salmonella</i> Serovare 2022: nicht-humane Isolate	5
2	<i>Shigella</i> spp. 2022	7
2.1	Identifikation <i>Shigella</i> spp. Isolate	7
2.1.1	Typisierung humane <i>Shigella</i> spp. Isolate	7
3	<i>Yersinia</i> spp. 2022	8
3.1	Identifikation <i>Yersinia</i> spp. alle Quellen	8
3.1.1	<i>Yersinia enterocolitica</i> Biovar und Serovare	8
4	<i>Vibrionaceae</i> 2022	9
4.1	Identifikation und Typisierung alle Quellen	9
4.1.1	Typisierung humane <i>Vibrio</i> spp. Isolate	9
5	<i>Listeria</i> spp. 2022	10
5.1	Identifikation <i>Listeria</i> spp. humane Isolate	10
5.1.1	Typisierung der humanen <i>Listeria monocytogenes</i> Isolate	10
5.1.2	Whole-genome Sequencing (WGS) der humanen <i>Listeria monocytogenes</i> Isolate	10
5.2	Identifikation <i>Listeria</i> spp. nicht-humane Isolate	12
5.2.1	<i>Listeria monocytogenes</i> nicht-humane Isolate aufgeteilt nach Herkunft	12
5.2.2	Typisierung <i>Listeria monocytogenes</i> nicht-humane Isolate	12
6	<i>Campylobacter</i> spp. 2022	14
7	Isolate ohne Aussage	14
8	Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2022	15
8.1	Häufungsmeldungen <i>Salmonella</i> sp.	15
8.1.1	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Kedougou	15
8.1.2	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Infantis	15
8.1.3	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> 4,12 : i : -	15
8.1.4	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Agona	17
8.1.5	<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Typhimurium	17
8.2	Häufungsmeldung <i>Shigella</i> sp.	17
8.2.1	<i>Shigella sonnei</i> S und F Form	17
8.3	Häufungsmeldungen <i>Listeria monocytogenes</i> , cgMLST basiert	19
8.3.1	Cluster MLST ST 121	20
8.3.2	Cluster MLST ST 4	20
8.3.3	Cluster MLST ST 29	20
8.3.4	Cluster MLST ST nd. cgMLST CT 14564	20
8.3.5	Cluster MLST ST 7	20
8.3.6	Cluster MLST nd. cgMLST CT nd.	20
8.3.7	Cluster MLST ST 26	20
8.3.8	Cluster MLST ST 388	20
8.3.9	Cluster MLST ST 403	21
8.3.10	Cluster MLST ST 504	21

8.3.11	Cluster MLST ST 155	21
8.3.12	Cluster MLST ST 1 cgMLST 10119	21
8.3.13	Cluster MLST ST 1 cgMLST CT6522	21
9	Projekte / Forschung / Publikationen	22
9.1	Externe Zusammenarbeiten	22
9.2	Publikationen	22
10	Relevante Symposium/Workshop Teilnahmen:	23
11	Tendenzen	24

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Häufigste Salmonella Serovare aus dem Jahr 2022, humane Isolate	5
Abbildung 2: Häufigste Salmonella Serovare aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate	5
Abbildung 3: Häufigkeit Shigella Serotypen im Jahr 2022, humane Isolate	7
Abbildung 4: Häufigste Yersinia Biovare und Serovare im Jahr 2022, alles humane Isolate	8
Abbildung 5 Typisierung Vibrio spp. im Jahr 2022, humane Isolate	9
Abbildung 6: Häufigste Listeria monocytogenes Serotypen im Jahr 2022, humane Isolate	10
Abbildung 7: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der 82 humanen Listeria monocytogenes Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2022	11
Abbildung 8: L. monocytogenes Serotypen aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate	13
Abbildung 9: L. monocytogenes Serogruppen aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate	13
Abbildung 10: Humane Campylobacter sp. Isolate aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit	14
Abbildung 11 Darstellung des Ausbruch-Clusters der Salmonella I 4,12 : i : - anhand eines Minimal Spanning Trees	16
Abbildung 12 Minimal Spanning Tree Shigella sonnei Ausbruch, 2022	18
Abbildung 13: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen Listeria monocytogenes Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2022	19

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Gesamtzahl der Salmonella spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen	4
Tabelle 2: Herkunft der häufigsten Salmonella Serovare aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate	6
Tabelle 3: Gesamtzahl der Shigella spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen	7
Tabelle 4: Gesamtzahl der Yersinia spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen	8
Tabelle 5: Gesamtzahl der Vibrionaceae Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen	9
Tabelle 7: Gesamtzahl der humanen Listeria spp. Isolate aus dem Jahr 2022	10
Tabelle 8: Gesamtzahl der nicht-humanen Listeria spp. Isolate aus dem Jahr 2022	12
Tabelle 9: Herkunft der typisierten L. monocytogenes aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate	12

Das Jahr 2022 in Zahlen

Insgesamt wurden 3672 Proben registriert. Eine detaillierte Erklärung zu den einzelnen Isolaten folgt in den nachstehenden Kapiteln.

1 *Salmonella* spp. 2022

1.1 Identifikation *Salmonella* spp. alle Quellen

Im Jahr 2022 sind im NENT total 1996 Isolate zur Identifikation von Salmonellen eingegangen. Davon waren 1679 aus humanem Ursprung. 1986 Isolate wurden als Salmonellen bestätigt. Die Resultate gliedern sich wie folgt:

Tabelle 1: Gesamtzahl der *Salmonella* spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Salmonella enterica</i>	subsp. <i>enterica</i>	1935
		subsp. <i>salamae</i>	5
		subsp. <i>arizonae</i>	5
		subsp. <i>diarizonae</i>	30
		subsp. <i>houtenae</i>	4
		subsp. <i>indica</i>	0
		subsp. nicht zugeordnet	7
	<i>Salmonella bongori</i>		0
	<u><i>Salmonella</i> spp. bestätigt total</u>		1986
	<u>Keine Identifizierung als <i>Salmonella</i></u>		10
Total Analysen			1996

1.1.1 Top 10 *Salmonella* Serovare 2022: humane Isolate

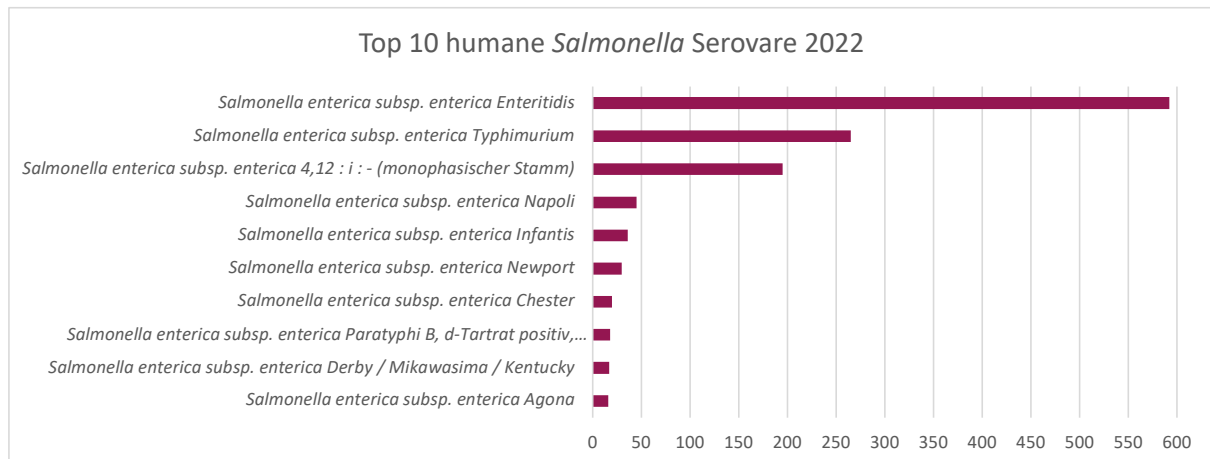


Abbildung 1: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2022, humane Isolate

Wo mehrere Serovare gleich häufig aufgetreten sind, werden sie mit Schrägstrich hintereinander aufgelistet.

Von den 1679 humanen *Salmonellen* wurden 106 Isolate von den Primärlaboratorien aus Blut isoliert, der Rest mehrheitlich aus Stuhl.

Die wieder ansteigende Reisetätigkeit widerspiegelt sich auch bei den eingehenden Isolaten im NENT. Im Vorjahr konnte keine *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Typhi verzeichnet werden, im Jahr 2022 sind zehn Isolate dieses Serotyps typisiert worden.

1.1.2 Top 10 *Salmonella* Serovare 2022: nicht-humane Isolate

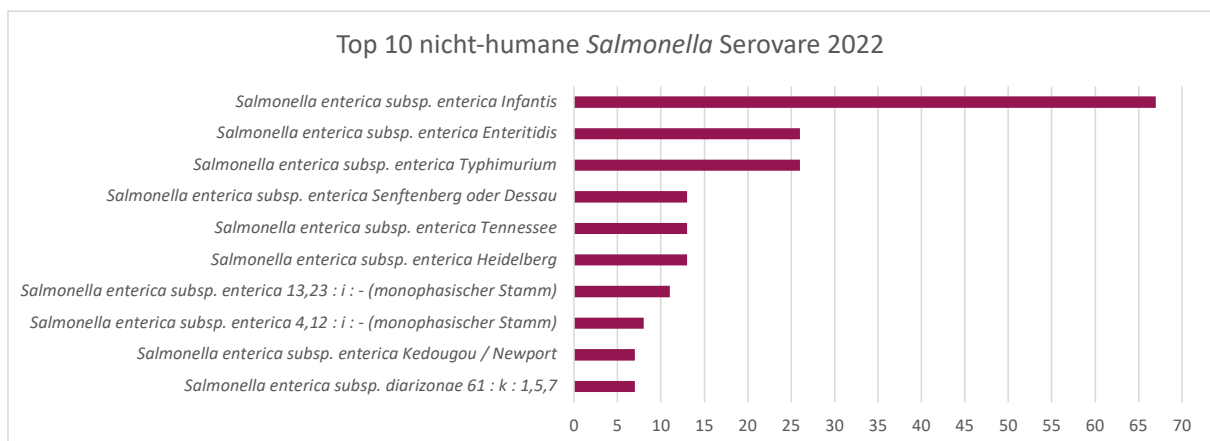


Abbildung 2: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate

Wo mehrere Serovare gleich häufig aufgetreten sind, werden sie mit Schrägstrich hintereinander aufgelistet.

1.1.2.1 Top 10 nicht-humane Salmonellen Isolate aufgeteilt nach Herkunft

Tabelle 2: Herkunft der häufigsten Salmonella Serovare aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate

Serovar	Tier	Lebensmittel	Futtermittel	Umwelt	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>diarizonae</i> 61 : k : 1,5,7	7	-	-	-	-	-	-	7
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Kedougou / Newport	-	7 / 6	-	-	0 / 1	-	-	7 / 7
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> 4,12 : i : - (monophasischer Stamm)	2	5	-	-	1	-	-	8
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> 13,23 : i : - (monophasischer Stamm)	5	4	-	-	1	1	-	11
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Heidelberg	-	13	-	-	-	-	-	13
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Tennessee	1	4	4	3	-	1	-	13
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Senftenberg oder Dessau	2	-	-	9	-	-	2	13
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Typhimurium	9	12	-	-	3	1	1	26
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Enteritidis	8	8	1	1	7	1	-	26
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Infantis	3	37	-	2	2	10	13	67

2 *Shigella* spp. 2022

2.1 Identifikation *Shigella* spp. Isolate

107 Isolate wurden zur Identifikation als *Shigella* spp. ans NENT eingesandt. 23 dieser Isolate konnten nicht als *Shigella* spp. bestätigt werden. Drei der typisierten Isolate war nicht humanen Ursprungs. Die Resultate der Identifikation kategorisieren sich wie folgt:

Tabelle 3: Gesamtzahl der *Shigella* spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Shigella</i> spp.	<i>Shigella dysenteriae</i>	2
		<i>Shigella boydii</i>	1
		<i>Shigella flexneri</i>	27
		<i>Shigella sonnei</i>	52
		<i>ipaH</i> -Gen positiv, Spezieszuordnung nicht möglich	2
		<u><i>Shigella</i> spp. bestätigt total</u>	84
		<u>Keine Identifizierung als <i>Shigella</i></u>	23
Total Analysen			107

2.1.1 Typisierung humane *Shigella* spp. Isolate

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

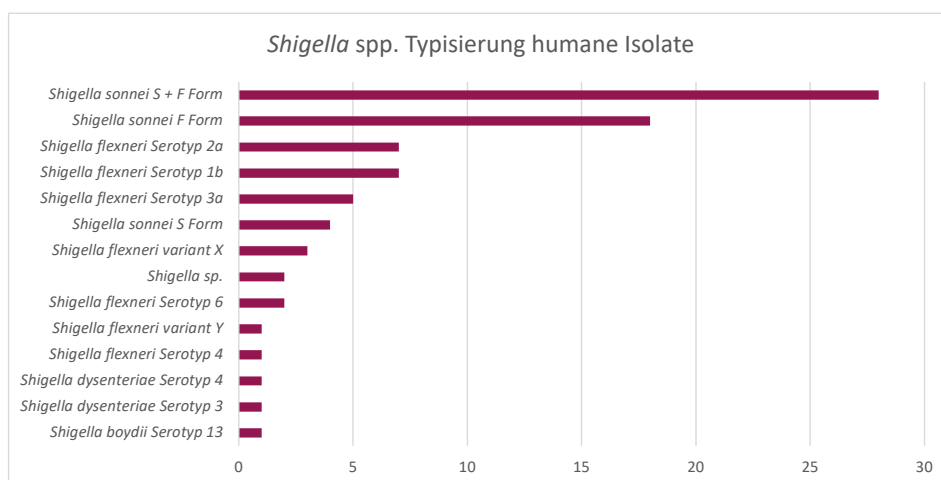


Abbildung 3: Häufigkeit *Shigella* Serotypen im Jahr 2022, humane Isolate

3 *Yersinia* spp. 2022

3.1 Identifikation *Yersinia* spp. alle Quellen

Im Jahr 2022 wurden 108 Isolate zur Typisierung von *Yersinia* spp. eingesendet. Das Genus *Yersinia* spp. konnte bei zwei Isolaten nicht bestätigt werden. Alle Isolate waren humanen Ursprungs, ein Isolat wurde zwecks einer Qualitätskontrolle eingesandt. Die Identifikationsresultate sind in der nachfolgenden Tabelle dargestellt:

Tabelle 4: Gesamtzahl der *Yersinia* spp. Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Yersinia</i> spp.	<i>Yersinia enterocolitica</i>	101
		<i>Yersinia intermedia</i>	2
		<i>Yersinia fredericksenii</i>	1
		<i>Yersinia aleksiciae</i>	1
		<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	1
	<u><i>Yersinia</i> spp. bestätigt total</u>		106
	<u>Keine Identifizierung als <i>Yersinia</i></u>		2
Total Analysen			108

3.1.1 *Yersinia enterocolitica* Biovar und Serovare

Die *Yersinia* Biovar und Serovar Typisierungen aus dem Jahr 2022 zeigen folgende Häufigkeitsverteilung:

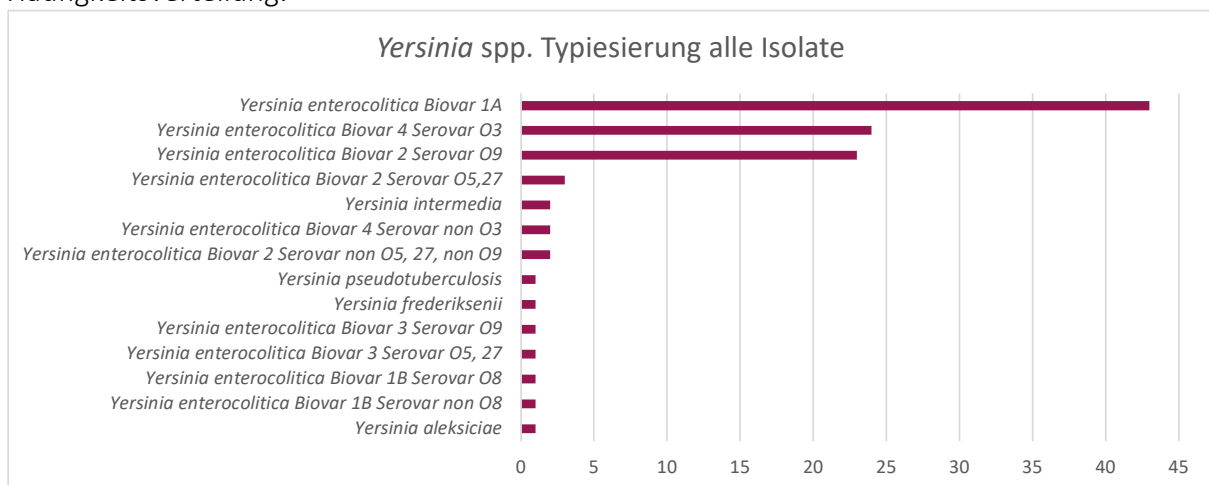


Abbildung 4: Häufigste *Yersinia* Biovare und Serovare im Jahr 2022, alles humane Isolate

4 *Vibrionaceae* 2022

4.1 Identifikation und Typisierung alle Quellen

Im Jahr 2022 sind acht Isolate mit Verdacht auf *Vibrionaceae* im NENT eingegangen. Es handelte sich um sieben humane Isolate und ein Lebensmittel Isolat. In zwei Fällen konnte *Vibrio cholerae* nicht bestätigt werden.

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

Tabelle 5: Gesamtzahl der *Vibrionaceae* Isolate aus dem Jahr 2022, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	Vibrio spp.	Vibrio cholerae O1	0
		Vibrio cholerae O139 / Bengal	0
		Vibrio cholerae non-O1 / non-O139	3
		Vibrio parahaemolyticus	2
		Vibrio alginolyticus	1
		<u>Kein Nachweis von Vibrio cholerae</u>	2
Total Analysen			8
Cholera-Toxin-Gen-Nachweis PCR		Positiv	0

4.1.1 Typisierung humane *Vibrio* spp. Isolate

Trotz wieder vermehrter Reisetätigkeit sind nur wenige humane *Vibrionaceae* Isolate im NENT eingegangen.

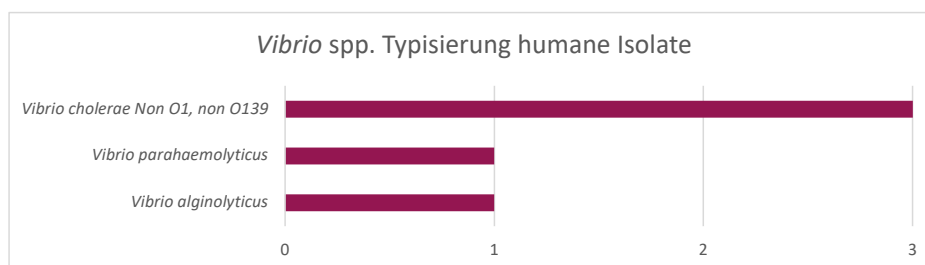


Abbildung 5 Typisierung *Vibrio* spp. im Jahr 2022, humane Isolate

5 *Listeria* spp. 2022

Im Jahr 2022 sind total 1030 Isolate oder Nativstuhlproben mit Verdacht auf *Listeria* spp. eingegangen. Die folgenden Kapitel stellen dar, wie sich diese Isolate ordnen.

5.1 Identifikation *Listeria* spp. humane Isolate

119 Proben (Isolate oder Nativstuhlproben) humanen Ursprungs sind beim NENT zur Analyse eingegangen. Bei 37 Nativstuhlproben konnten keine *Listeria monocytogenes* nachgewiesen werden. 82 Isolate wurden serotypisiert und anschliessend mittels WGS (Whole-genome Sequencing) weitergehend charakterisiert.

Tabelle 6: Gesamtzahl der humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2022

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	82
		Kein Nachweis von <i>Listeria monocytogenes</i> ^a	37
		Total Analysen	119

^a 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.

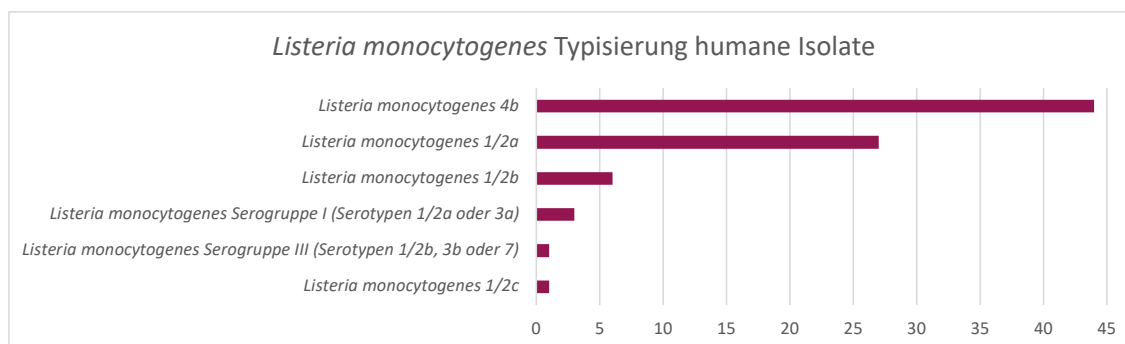


Abbildung 6: Häufigste *Listeria monocytogenes* Serotypen im Jahr 2022, humane Isolate

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

Alle 82 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 Einzelerkrankungen. Jedoch konnten auch mehrere, unter anderem jahresübergreifende und internationale Ausbruchsgeschehen identifiziert werden. Eine Erläuterung zu den Clustern folgt im Kapitel Häufungsmeldungen *Listeria monocytogenes*, cgMLST basiert.

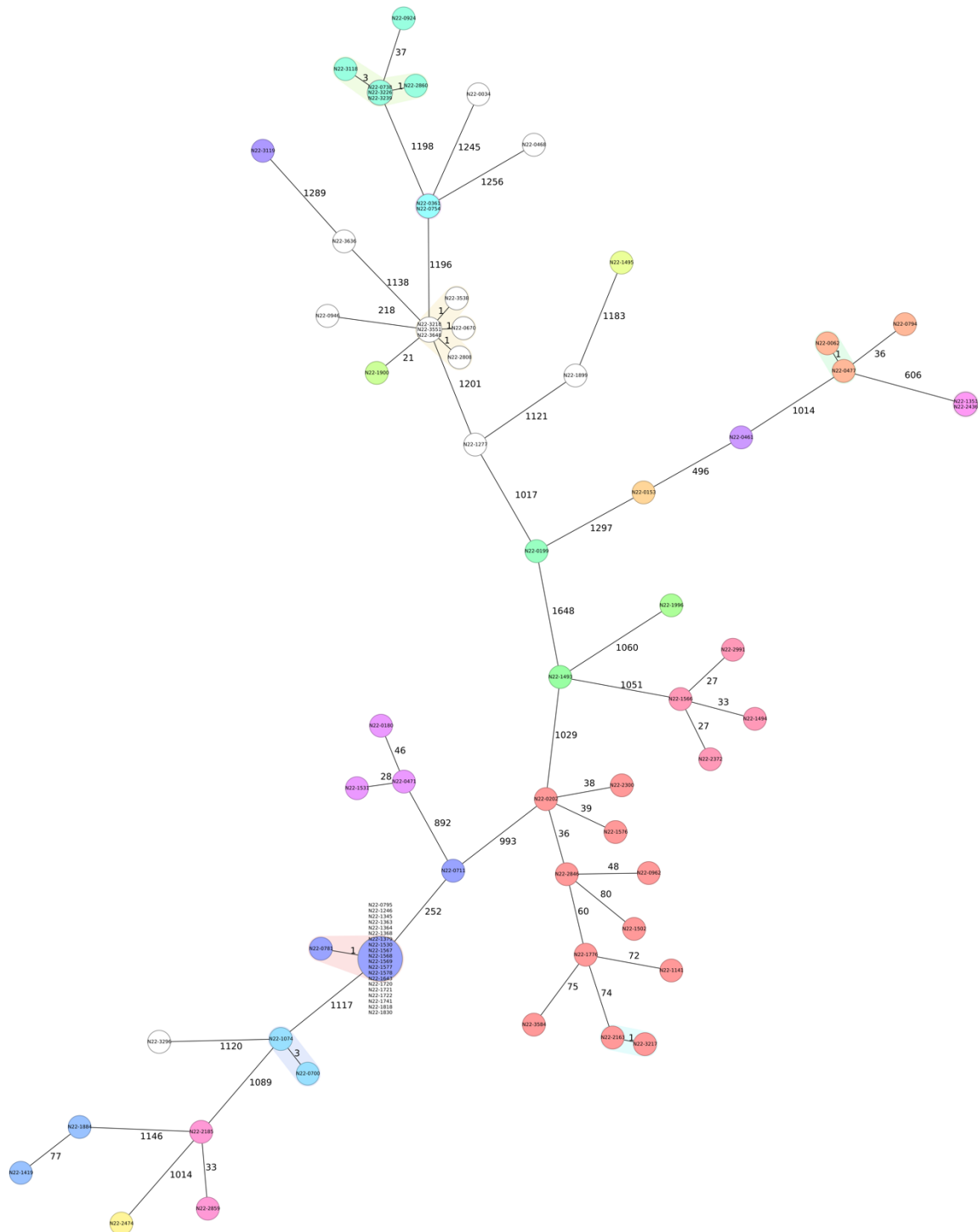


Abbildung 7: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der 82 humanen *Listeria monocytogenes* Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2022

5.2 Identifikation *Listeria* spp. nicht-humane Isolate

911 nicht-humane Isolate wurden zur *Listeria* spp. Typisierung eingesandt. Davon wurden 910 Isolate als *Listeria* spp. bestätigt und 819 als *Listeria monocytogenes* identifiziert. Auch in diesem Jahr konnte eine hohe Nachfrage hinsichtlich einer weitergehenden MLST (Multi Locus Sequence Typing) Typisierung verzeichnet werden. Auch WGS-Analysen finden immer häufiger Verwendung in der nicht-humanen Diagnostik. Insgesamt wurden jedoch deutlich weniger Isolate im Vergleich zum Vorjahr eingesandt. Isolate, die das NENT nicht serotypisiert hat, sondern lediglich für WGS oder zur Einlagerung eingesandt wurden, lagern als *Listeria* spp. im NENT.

Tabelle 7: Gesamtzahl der nicht-humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2022

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	819
		<i>Listeria ivanovii</i>	2
		<i>Listeria innocua</i>	1
		<i>Listeria seeligeri</i>	1
		<i>Listeria welshimeri</i>	0
	<u><i>Listeria</i> spp. bestätigt^b</u>		87
	<u><i>Listeria</i> sp. nicht bestätigt</u>		1
		Total Analysen	911

^b nicht weiter typisiert, nur zur Aufbewahrung eingegangen

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

Tabelle 8: Herkunft der typisierten *L. monocytogenes* aus dem Jahr 2022, nicht-humane Isolate

	Lebensmittel	Umwelt	Tier	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
<i>Listeria monocytogenes</i>	297	103	0	9	53	357	819

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.

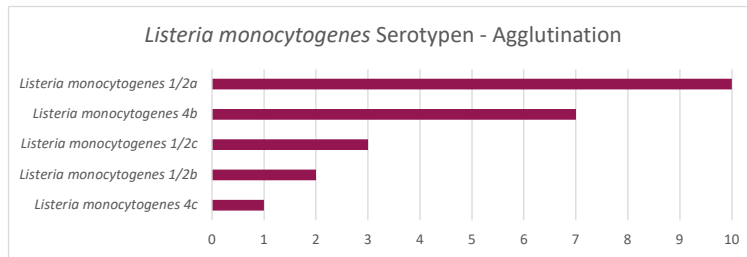


Abbildung 8: *L. monocytogenes* Serotypen aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate

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.

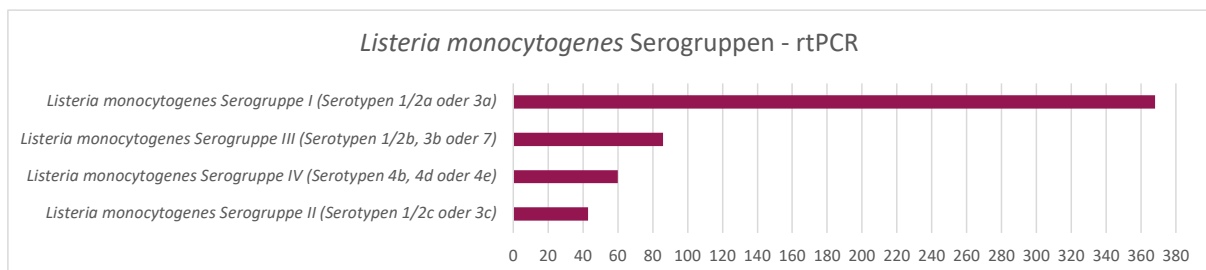


Abbildung 9: *L. monocytogenes* Serogruppen aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate

6 *Campylobacter* spp. 2022

Im Jahr 2022 wurden total 320 *Campylobacter* spp. kryokonserviert. *Campylobacter* spp. Isolate werden grösstenteils von Primärlaboratorien typisiert und nur zur Einlagerung ans NENT gesandt. 11 Isolate stammen aus Ringversuchen, an denen das NENT jedes Jahr teilnimmt, die übrigen 309 *Campylobacter* spp. gemäss Identifikation der Primärlabore von humanen Proben. Die von den Primärlaboratorien angegebenen Identifizierungen gliedern sich wie folgt:

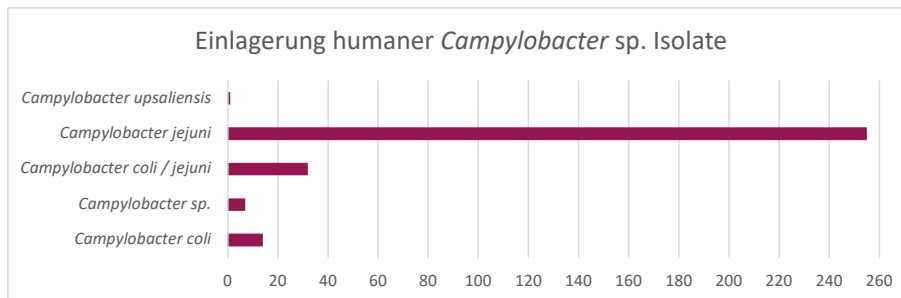


Abbildung 10: Humane *Campylobacter* sp. Isolate aus dem Jahr 2022 nach Häufigkeit

7 Isolate ohne Aussage

102 der eingesandten Isolate konnten nicht weiterverarbeitet werden und erhielten das Resultat «keine Aussage». Hierbei handelte es sich vor allem um humane *Campylobacter* Isolate, welche entweder kein Wachstum mehr zeigten oder als starke Mischkultur ans NENT gelangten. Ebenfalls beinhaltete diese Gruppe einige Proben aus der Lebensmitteldiagnostik, vor allem im Analysebereich der Listerien, welche auf Grund einer starken Unreinheit nicht typisierbar waren.

8 Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2022

8.1 Häufungsmeldungen *Salmonella*

8.1.1 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Kedougou

Ausgangslage Jahr 2022 – mit Rückblick Jahr 2021

Im Februar 2022 erhielt das BLV eine Meldung, dass mit *Salmonellen* kontaminierte Zucchini in die Schweiz geliefert worden waren. Das Gemüse stammte aus demselben spanischen Betrieb, der möglicherweise in den Jahren 2021/2022 mit *Salmonellose* Erkrankungen in Finnland und UK im Zusammenhang stand. Im Jahr 2021 verzeichnete das NENT während den Monaten Mai und Juni total 5 humane Fälle mit *S. Kedougou*. Danach folgte erst im Februar 2022 ein weiterer Fall.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Die gesammelten Informationen wurden zwischen den Partnern BLV, BAG und NENT ausgetauscht. Da bis zum aktuellen Zeitpunkt keine neuen Fälle dazugekommen sind, wurde nichts weiter unternommen.

Infektionsquelle

Die spanischen Zucchini sind eine mögliche Infektionsquelle der humanen Fälle auch in der Schweiz. Ein Nachweis auf dem Gemüse konnte jedoch nicht durchgeführt werden.

8.1.2 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Infantis

Ausgangslage Jahr 2022

Im März 2022 wurde das NENT durch das BAG aufgefordert sechs humane Isolate des Serovars *S. Infantis* mittels WGS abzugleichen, da sich eine beginnende Häufung abzeichnete.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Die WGS-Analysen wurden durchgeführt. Eine engere Verwandtschaft der Isolate konnte nicht festgestellt werden. Es wurden keine weiteren Massnahmen veranlasst.

8.1.3 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* 4,12 : i : -

Ausgangslage Jahr 2022

Im März 2022 wurde auffällig, dass vermehrt *Salmonella enterica* subsp. *enterica* 4,12 : i : - bei jungen Patient/innen nachgewiesen wurde. Aus den internationalen Medien wurde schnell klar, dass es sich um ein länderübergreifendes Geschehen handelte. Beim Schokoladenhersteller der Kinderschokolade, wurden in einem Werk in Belgien *Salmonellen* gefunden. Berichten zufolge nahm der Ausbruch im Ausland bereits im Dezember 2021 seinen Lauf. Personen aus der ganzen Schweiz waren betroffen.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Alle Fälle mit dem Resultat 4,12 : i : - wurden von April bis Mai 2022 fortlaufenden sequenziert. Die Sequenzen wurden mit international über NCBI bereitgestellten Sequenzen (Referenzsequenzen) des Ausbruchs verglichen. Auch älter Isolate wurden sequenziert und mit den Referenzstämmen abgeglichen. Der erste in der Schweiz aufgetretene Fall im Zusammenhang mit diesem Ausbruch stammte aus dem Februar 2022. In der Abbildung 11 ist ersichtlich, dass neben diesem Ausbruchsgeschehen fünf weitere, kleinere Cluster identifiziert werden konnten, für die jedoch keine weiteren Massnahmen getroffen wurden.

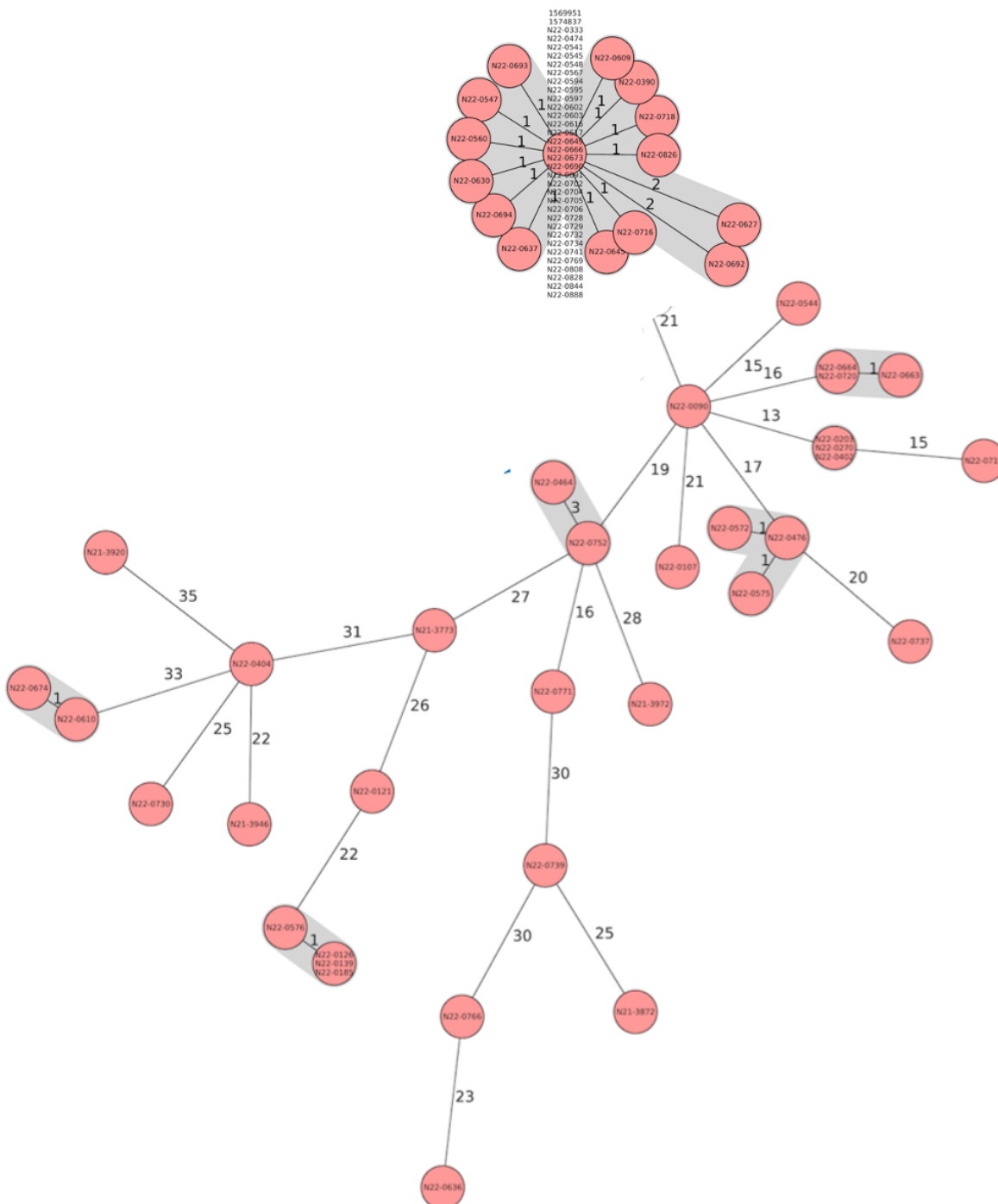


Abbildung 11 Darstellung des Ausbruch-Clusters der Salmonella I 4,12 : i : - anhand eines Minimal Spanning Trees

Die Zahlen zwischen den Fallnummern beziffern die Anzahl unterschiedlicher Allele im Kerngenom zwischen zwei Stämmen.

Infektionsquelle

Dank der Referenzstämme 1569951 und 1574837 (= SRR17830210 und SRR18021617) gelang die eindeutige Zuordnung der Schweizer Isolate zum internationalen Ausbruch verursacht durch Schokoladenprodukte der Marke Kinder.

8.1.4 *Salmonella enterica subsp. enterica Agona*

Ausgangslage Jahr 2022

Über die Monate Juni und Juli 2022 war eine Häufung von humanen *S. Agona* Isolaten (n=13) aufgefallen.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Eine Meldung ans BAG wurde gemacht. Das Fallaufkommen riss Ende Juli wieder ab. Weitere Massnahmen wurden nicht getroffen.

8.1.5 *Salmonella enterica subsp. enterica Typhimurium*

Ausgangslage Jahr 2022

Im August und September des Berichtsjahres hat sich das Kantonsspital Aarau an uns gewandt, da sie vermehrt kleine Kinder mit Salmonelleninfektionen in Behandlung hatten.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Wie üblich wurden alle Isolate serotypisiert und vier Isolate mit dem gleichen Serovar sequenziert. Drei Fälle bildeten einen Cluster mit ≤ 7 cg Allelen Unterschied. Es kamen keine weiteren Fälle hinzu.

Infektionsquelle

Der Verdacht lag bei Pulvermilch als Babynahrung. Trotz doppelten Isolationsversuchen im Labor des Kantonsspitals sowie am Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene konnten keine Salmonellen aus dem Milchpulver isoliert werden.

8.2 Häufungsmeldung *Shigella*

8.2.1 *Shigella sonnei* S und F Form

Ausgangslage Jahr 2022

Im Oktober ist eine Häufung von *Shigella sonnei* aufgefallen. Bei insgesamt neun Isolaten stimmte auch der Wohnort der entsprechenden Patienten überein. Im Verdacht einer gemeinsamen Infektionsquelle stand das Trinkwasser der entsprechenden Gemeinde.

Getroffene Massnahmen und Ergebnisse

Der Kontakt zwischen der Gemeinde, dem Kanton, dem BAG und dem NENT wurde sofort aufgenommen. Auch das mit der Isolation beauftragte Privatlaborator zeigte sich engagiert. Humane Isolate wurden typisiert und sequenziert. Neun Stämme fallen in dem unten rot markierten Cluster zusammen. Acht stammen von Personen der entsprechenden Gemeinde, eine Person hat einen abweichenden Wohnort. Das Isolat einer Person der auffälligen Gemeinde zeigt eine weiter entfernte Verwandtschaft (N22-2095) und wurde bereits Ende August isoliert.

Auch Wasserproben jener Gemeinde wurden am Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene untersucht. Aus Anreicherungen des Wassers wurden eine PCR und eine Kultivierung durchgeführt. Beide Untersuchungen verliefen mit einem negativen Ergebnis.

Alle zum Ausbruch gehörenden Stämme trugen ein *bla*_{CTX-M15} Gen und sind damit ESBL-Bildner. Der nachgewiesene Genotyp ST152; cgMLST CT3916, *bla*_{CTX-M15} wird mit Tunesien assoziiert und gilt als «emerging Genotyp». Im Stammvergleich mit international verfügbaren Sequenzen fallen die Ausbruchstämme in einen Cluster (Abbildung 12).

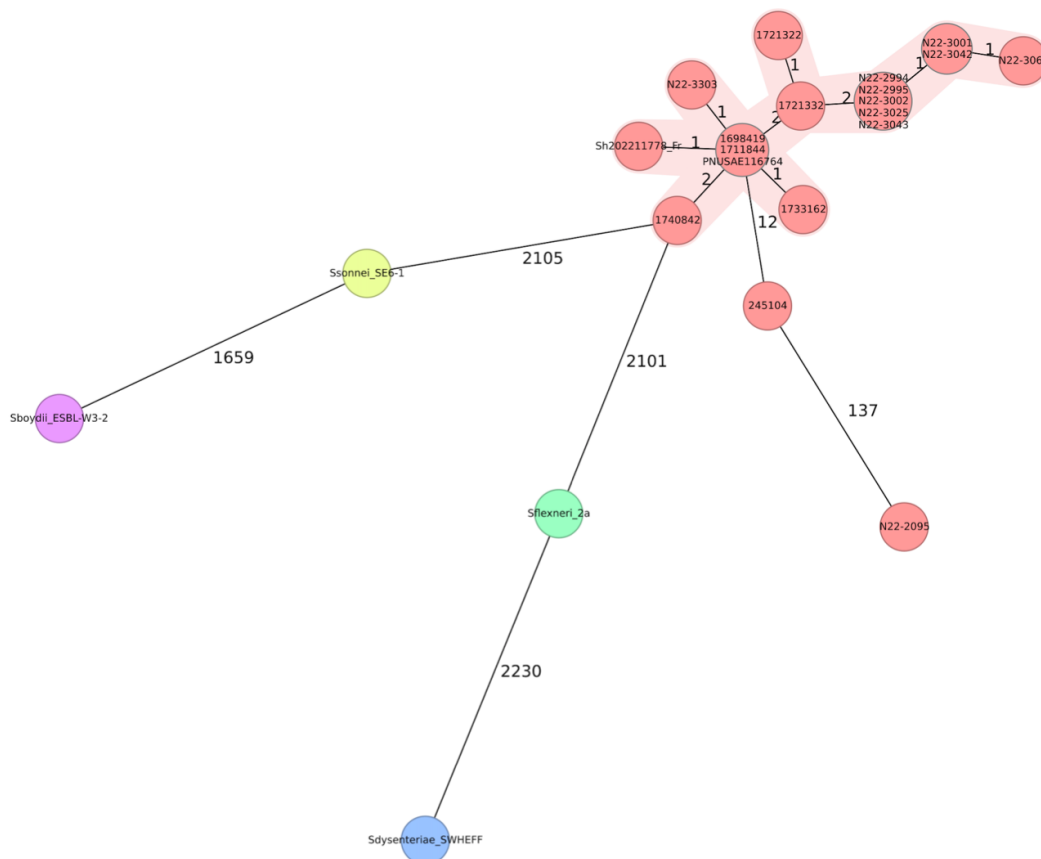


Abbildung 12 Minimal Spanning Tree *Shigella sonnei* Ausbruch, 2022

Infektionsquelle

Starker Verdacht lag auf dem kontaminierten Trinkwasser der Gemeinde. Leider gelang der Nachweis von *Shigella* aus Wasserproben nicht.

8.3 Häufungsmeldungen *Listeria monocytogenes*, cgMLST basiert

Seit dem Jahr 2020 werden Betroffene mit einer Listerien Infektion routinemässig und systematisch nach vorangegangenen Essgewohnheiten befragt. Zusätzlich zur Serotypisierung wird am NENT von allen humanen Isolaten und amtlichen Lebensmittelisolaten (seit August 2022) auch eine Gesamtgenomsequenzierung durchgeführt. Eine Clusterbildung und ein eventueller Zusammenhang mit einem Lebensmittelisolat werden so schnell erkannt.

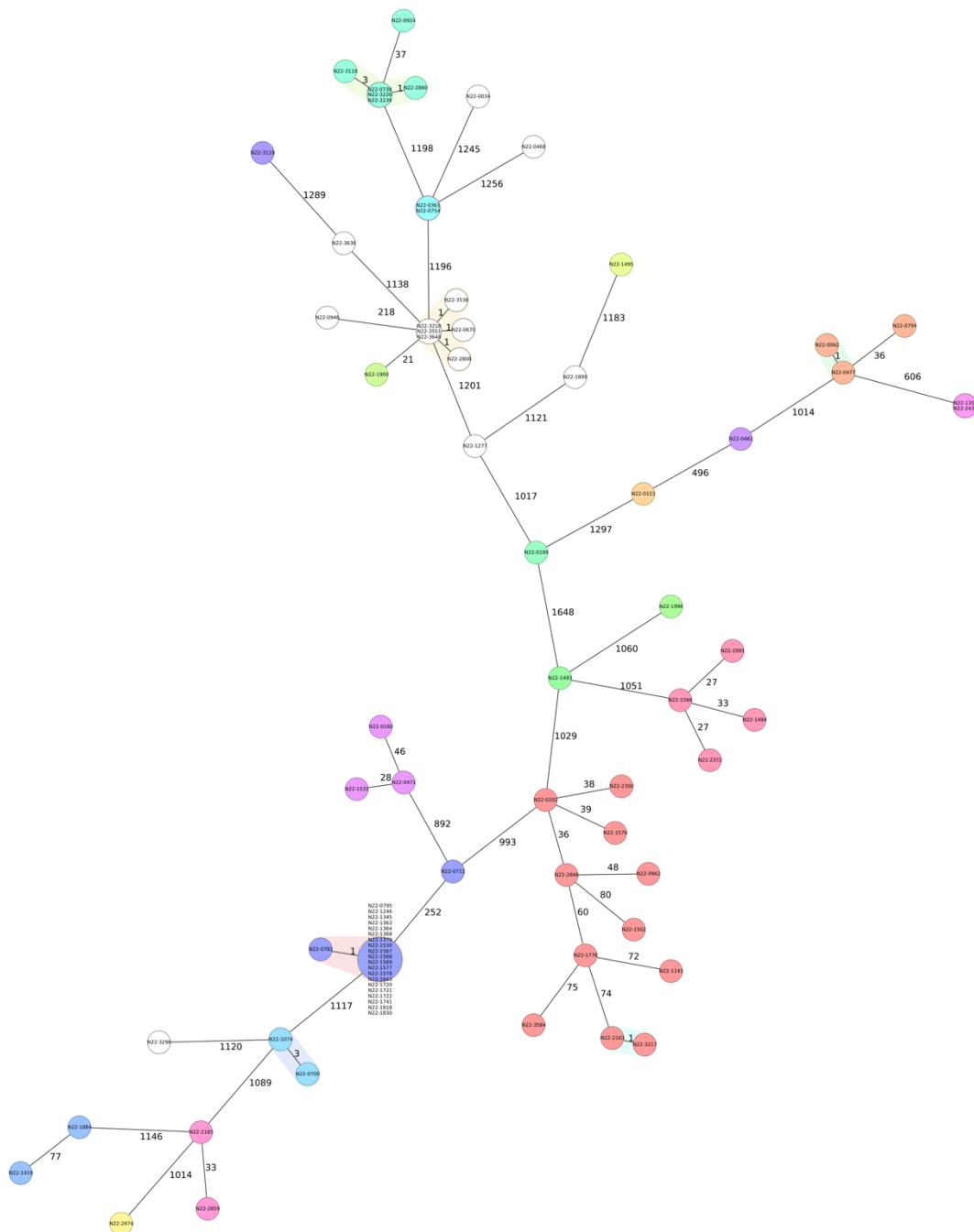


Abbildung 13: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen *Listeria monocytogenes* Stämme isoliert in der Schweiz im Jahr 2022

8.3.1 Cluster MLST ST 121 (orange)

In diesen Cluster fallen die humanen Isolate N22-62, N22-477 und N21-3695. Die Analyse fand im Januar 2022 statt. Eine gemeinsame Quelle ist bis heute nicht bekannt.

8.3.2 Cluster MLST ST 4 (lila)

N22-180 clusterte mit einem anderen humanen Stamm aus dem Jahr 2021. Auch hier ist bislang keine gemeinsame Infektionsquelle bekannt.

8.3.3 Cluster MLST ST 29 (türkis)

In diesen Cluster fallen zwei humane Stämme (N22-361, N22-754) ohne bekannten Bezug zu einem Lebensmittel.

8.3.4 Cluster MLST ST nd. cgMLST CT 14564 (hellblau)

Hier zeichnet sich eine Verbindung von humanen Stämmen (N20-1579, N22-700, N22-1074) und Lebensmittelisolaten (N21-3778, N22-376; aus einem Privatlabor) aus den Jahren 2020, 2021 und 2022 ab. Das Privatlabor wurde darüber informiert und aufgefordert, dass der betreffende Produktionsbetrieb die zuständigen kantonalen Behörden kontaktiert.

8.3.5 Cluster MLST ST 7 (weiss)

Auch der humane Stamm N22-468 clustert mit einem Isolat eines Privatlabors. Das Prüflabor wurde informiert. In Absprache mit dem Produktionsbetrieb, wurden die zuständigen kantonalen Behörden kontaktiert.

8.3.6 Cluster MLST nd. cgMLST CT nd. (weiss-gelb)

Fünf humane Stämme, alle aus dem Jahr 2022 (N22-670, N22-2808, N22-3218, N22-3538, N22-3551, N22-3648) fallen in diesen Cluster zusammen. Sie sind nahe verwandt mit zwei amtlichen Lebensmittelisolaten aus dem Jahr 2022 (N22-2523, N22-3462). Die Häufung ist auch im Jahr 2023 (N23-35) „on going“. Die zuständigen Behörden sind informiert.

8.3.7 Cluster MLST ST 26 (türkis-hellgrün)

Fünf humane Isolate mit MLST ST 26 (N22-738, N22-2860, N22-3118, N22-3226, N22-3229) häufen sich in diesem Cluster. Bisher gibt es keinen Hinweis zu einer Infektionsquelle.

8.3.8 Cluster MLST ST 388 (blau-hellrot)

Hier handelt es sich um einen grösseren Ausbruch im Sommer 2022 mit 20 humanen Isolaten, welche alle durch das NENT typisiert wurden. Das KEA hatte zeitgleich die routinemässige

Patientenbefragungen durchgeführt. Diese Befragungen ergaben, dass geräucherte Forelle eines spezifischen Betriebes im Kanton Thurgau die Infektionsquelle sein könnte. Das BAG informierte das BLV und den entsprechenden Kanton, der für die Betriebskontrolle zuständig war. Die Kontamination in besagtem Betrieb konnte noch im Sommer 2022 identifiziert und eliminiert werden. Der letzte zum Cluster zugehörige humane Stamm wurde im August isoliert (alle NENT-Nummern sind im Spanning Tree ersichtlich, Abbildung 7 oder 13).

8.3.9 Cluster MLST ST 403 (weiss)

In diesen Cluster fallen 5 humane Isolate (N11-2553, N12-0935, N12-2549 und N18-1726, N22-1277) über eine Zeitspanne von mehr als 10 Jahren. Dies weist auf eine persistente Quelle hin, die jedoch bis heute nicht gefunden ist.

8.3.10 Cluster MLST ST 504 (pink)

Zwei humane Isolate (N22-1351, N22-2436) aus der Schweiz fallen in diesen länderübergreifenden Ausbruch mit Ursprung in Frankreich. Auch Deutschland hatte Fälle zu vermelden. Im Ausland waren mehrere schwangere Frauen betroffen. Die Fälle in der Schweiz stammten einerseits von einer jungen, sich vegan ernährenden Frau und andererseits von einem Neugeborenen, mit einer sich vegan ernährenden Mutter, die jedoch nie positiv auf Listerien getestet wurde.

Durch zur Verfügung gestellte Sequenzen gelang der Abgleich anfangs 2023. Veganer Käse und ein Fleischerzeugnis wurden als Infektionsquellen identifiziert.

8.3.11 Cluster MLST ST 155 (hellgrün)

Hierbei handelt es sich um einen grossen, internationalen Ausbruch mit Ursprung in Italien. Über 90 Fälle und 3 Todesopfer waren vom Ausbruch betroffen. Die Schweiz weist einen humanen Fall (N22-1495) auf, der mit dem Ausbruchstamm 49837 LMO768 (ST 155 cgMLST CT 2760) mit 2 cg Allel Unterschied sehr nahe verwandt ist. Als Infektionsquelle konnten Wurstwaren aus Italien identifiziert werden, welche auch in die Schweiz exportiert wurden.

8.3.12 Cluster MLST ST 1 cgMLST 10119 (nicht abgebildet)

Im NENT Bericht des letzten Jahres wurden folgende beiden humanen Isolate N21-0095 und N19-2538 ausgewiesen, die zusammen clusterten (MLST ST1; cgMLST 10119). Beide Patienten stammten aus dem Tessin. Im Jahr 2022 fielen zusätzlich ein kantonales Lebensmittelisolat und ein Umweltisolat (N22-3097, N22-3098) in diesen Cluster.

8.3.13 Cluster MLST ST 1 cgMLST CT6522 (rot)

Die beiden humanen Isolate N22-2163 und N22-3217 clustern zusammen und gehören zum Sequenztyp 1, sind aber nicht verwandt mit dem oben beschriebenen Cluster. Eine Infektionsquelle fehlt.

9 Projekte / Forschung / Publikationen

9.1 Externe Zusammenarbeiten

In Zusammenarbeit mit dem Department of Infectious Diseases and Public Health in Kowloon, Hong Kong konnte zu den vom NENT typisierten Schildkrötenisolaten eines Lebensmittelmarktes in Hongkong ein Paper veröffentlicht 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” in Zusammenarbeit mit dem Center of Food Safety and Applied Nutrition, U. S. Food and Drug Administration, USA, wurde in “Microorganisms” veröffentlicht.

In Zusammenarbeit mit A. Egli, **Universitätsspital Basel**, wurden rund 350 humane *Campylobacter*stämme der letzten 18 Jahre mittels Gesamtgenomsequenzierung weitergehend charakterisiert. Ein Paper dazu wurde vorbereitet.

In Zusammenarbeit mit M. Chattaway, **Gastrointestinal Bacteria Reference Unit, UK Health Security Agency, London, UK** wurde ein Paper mit dem Titel «Epidemiological links and antimicrobial resistance of clinical *Salmonella enterica* ST198 isolates: a nationwide microbial population genomic study in Switzerland.» in Microbial Genomics veröffentlicht.

Ein Case Report zu zwei Patientenfällen mit dem seltenen Seroovar *Salmonella enterica* subsp. *arizonae* 48 : z4,z23 : - konnte in Zusammenarbeit mit dem Universitätsspital Basel erstellt werden. Unter dem Titel “Two cases of gastroenteritis caused by *Salmonella enterica* subspecies *arizonae* in Switzerland” wurde für die ECCMID im April 2023 ein Poster angenommen.

9.2 Publikationen

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

Gopinath, G., Jang, H., Beaubrun, J., Gangiredla, J., Mammel, M., **Müller**, A., Tamber, S., Patel, I., Ewing, L., Weinstein, L., Wang, C., Finkelstein, S., Negrete, F., Muruvanda, T., Allard, M., Sockett, D., Pagotto, F., Tall, B., **Stephan**, R. (2022). 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 to identify two distinct Polyphyletic Genome-Pathotypes. Microorganisms 10, 1199.

<https://doi.org/10.3390/microorganisms10061199>

Colon, V., Lugsomya, K., Lam, H., Wahl, L., Parkes, R., Cormack, C., **Horlbog**, J., **Stevens**, M., **Stephan**, R., Magouras, I. (2022). Serotype diversity and antimicrobial resistance profile of *Salmonella enterica* isolates from freshwater turtles sold for human consumption in wet markets in Hong Kong. Frontiers in Veterinary Science 9:912693. doi: 10.3389/fvets.2022.912693

Biggel, M., Horlbog, J., Nüesch-Inderbinen, M., Chattaway, M.A., Stephan, R. (2022). Epidemiological links and antimicrobial resistance of clinical *Salmonella enterica* ST198 isolates: a nationwide microbial population genomic study in Switzerland. Microbial Genomics 8(10). doi: 10.1099/mgen.0.000877.

Folgende Arbeiten mit direktem Bezug zum Tätigkeitsbereich des NENT sind zur Publikation akzeptiert, in Revision oder befinden sich in Vorbereitung:

Ghielmetti, G., Seth-Smith, H.M.B., Roloff, T., Cernela, N., Biggel, M., Stephan, R., Egli, A. Whole genome-based characterization of *Campylobacter jejuni* from human patients with gastroenteritis collected over an 18-year period reveals increasing prevalence of antimicrobial resistance. Microbial Genomics, accepted.

Halbedel S., Sperle I., Lachmann R., Kleta S., Fischer MA., Wamp S., Holzer A., Lüth S., Murr L., Freitag C., Espenhain L., **Stephan R.**, Pietzka A., Schjørring S., **Bloemberg G.**, Wenning M., Al Dahouk S., Wilking H., Flieger A., Large multi-country outbreak of invasive listeriosis by a *Listeria monocytogenes* ST394 clone linked to smoked rainbow trout, 2020-2021. Microbiology Spectrum, in revision.

Speich, C., **Stephan, R.**, Hollenstein, F., Dhima, N., Zuske, M., **Horlbog, J.**, Delvento, G., Altpeter, E., Raess, M., Greter, H. Rapid detection of the source of a *Listeria monocytogenes* outbreak in Switzerland through routine interviewing of patients and whole genome sequencing. Swiss Medical Weekly, in preparation

***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. Mandat endet Dezember 2022.
- Online EURL *Salmonella* Workshop 23./24.05.2022, Organisator: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM, Bilthoven, The Netherlands)
- Symposium *Salmonella* and Salmonellosis I3S 2022, 20 to 22 June 2022, Saint-Malo, France, Posterpräsentation
- Online EURL- *Campylobacter* 16th Workshop 26.-28.09.2022, Organisator: Hanna Skarin, PhD, Director EURL-Campylobacter, NATIONAL VETERINARY INSTITUTE, SE- 751 89 Uppsala

11 Tendenzen

Auch im Jahr 2022 sind die drei häufigsten Salmonellen Serovare: *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* und die monophasische Variante 4,12: i : -. Im Vergleich zum Vorjahr verzeichnete das NENT wieder deutlich mehr Einsendungen humaner Isolate. Hauptsaison war wie prä-Corona der Hochsommer. Die ausgedehntere Einsendemenge hat sich jedoch bis weit in den Spätherbst gezogen. Daraus abzuleiten ist, dass die Bevölkerung durch die erleichterten Reisebedingungen wieder ein starkes Verlangen zu reisen hatten und dieses auch nutzten. Dadurch wurden im NENT auch wieder Paratyphus- und Typhus-Fälle identifiziert, sowie wenige Fälle non-toxischer *Vibrio cholerae*.

Durch den Wegfall der Anbindung des NENT an EPIS ist die Schweiz diesbezüglich vermehrt auf freizugängliche Medieninformationen oder persönliche Kontakte ins Ausland angewiesen. Internationale Ausbrüche werden nur verzögert (wenn überhaupt) in der Schweiz bekannt. Sehr zu begrüßen ist, dass eine gesteigerte Zusammenarbeit zwischen BAG, BLV und NENT stattfindet und auch amtliche Lebensmittelisolate routinemässig sequenziert werden. Damit lassen sich auch vermehrt Infektionsketten erkennen.

Die Gesamtgenomsequenzierung ist als weitergehende Typisierungsmethode nicht mehr wegzudenken. Damit werden auch Vergleiche mit international zur Verfügung gestellten Sequenzen schnell und einfach möglich. Die Swiss Pathogen Surveillance Platform (SPSP) könnte ein zukünftiges Schweizer Repositorium auch für NENT Sequenzen werden.

Folgende Projekte werden im Jahre 2023 schwerpunktmässig bearbeitet:

- Whole genome sequencing based further characterization of clinical *ctx* negative *Vibrio cholerae* strains from 2017 – 2021.
- Genomic epidemiology of *S. enterica* serotype Napoli, in Zusammenarbeit mit F.-X. Weill (Institute de Pasteur, Paris) und L. Villa (Istituto Superiore di Sanita, Italy)
- Phenotypic and genotypic characterization of *Salmonella* isolates from frogs collected on wet markets in Hongkong, in Zusammenarbeit mit dem Department of Infectious Diseases and Public Health in Kowloon, Hong Kong