



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

Mirjam Mäusezahl-Feuz

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, 27.02.2024/AD

Kurzbericht NENT für das Jahr 2023

Sehr geehrte Frau Mäusezahl-Feuz,

beiliegend erhalten Sie den Kurzbericht des Nationalen Zentrums für enteropathogene Bakterien und Listerien (NENT) für das Jahr 2023.

Wie jedes Jahr finden Sie folgende Unterteilung der Inhalte:

- 2023 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. 2023	4
Identifikation <i>Salmonella</i> spp. alle Quellen	4
2) <i>Shigella</i> spp. 2023	7
Identifikation <i>Shigella</i> spp. Isolate	7
3) <i>Yersinia</i> spp. 2023	8
Identifikation <i>Yersinia</i> spp. alle Quellen	8
4) <i>Vibrionaceae</i> 2023	9
Identifikation und Typisierung alle Quellen	9
5) <i>Listeria</i> spp. 2023	10
Identifikation <i>Listeria</i> spp. humane Isolate	10
Identifikation <i>Listeria</i> spp. nicht-humane Isolate	12
6) <i>Campylobacter</i> spp. 2023	13
7) Isolate ohne Aussage / andere	13
8) Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2023	14
Häufungsmeldungen <i>Salmonella</i>	14
Häufungsmeldungen <i>Listeria monocytogenes</i>	15
9) Projekte / Forschung / Publikationen	18
Interne und externe Zusammenarbeiten	18
Publikationen	19
10) Relevante Symposium/Workshop Teilnahmen:	20
11) Tendenzen und Ziele	20

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: Häufigste <i>Salmonella</i> Serovare aus dem Jahr 2023, humane Isolate	5
Abbildung 2: Häufigste <i>Salmonella</i> Serovare aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate	6
Abbildung 3: Häufigkeit <i>Shigella</i> Serotypen im Jahr 2023, humane Isolate	7
Abbildung 4: Häufigste <i>Yersinia</i> spp. im Jahr 2023, humane Isolate	8
Abbildung 5: Häufigste <i>Listeria monocytogenes</i> Serotypen im Jahr 2023, humane Isolate	10
Abbildung 6: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles von allen humanen am NENT sequenzierten <i>Listeria monocytogenes</i> Stämme aus dem Jahr 2023	11
Abbildung 7: <i>L. monocytogenes</i> Serotypen aus dem Jahr 2023 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate	13
Abbildung 8 <i>Campylobacter</i> sp. Isolate aus allen Quellen dem Jahr 2023 nach Häufigkeit	13
Abbildung 9 Minimal Spanning Tree <i>S. Strathcona</i> Ausbruch inkl. Referenzstämmen, 2023, Ongoing 2024	15
Abbildung 10 Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen Stämme und der amtlichen Lebensmittelisolate <i>Listeria monocytogenes</i> Stämme isoliert in der Schweiz des Jahres 2023	16

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Gesamtzahl der <i>Salmonella</i> spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen	4
Tabelle 2: Herkunft der häufigsten <i>Salmonella</i> Serovare aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate	6
Tabelle 3: Gesamtzahl der <i>Shigella</i> spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen	7
Tabelle 4: Gesamtzahl der <i>Yersinia</i> spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen	8
Tabelle 5 Häufigkeit unterschiedlicher <i>Yersinia enterocolitica</i> Serovare, humane Isolate 2023	9
Tabelle 6: Gesamtzahl der <i>Vibrionaceae</i> Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen	9
Tabelle 7: Gesamtzahl der humanen <i>Listeria</i> spp. Isolate aus dem Jahr 2023	10
Tabelle 8: Gesamtzahl der nicht-humanen <i>Listeria</i> spp. Isolate aus dem Jahr 2023	12
Tabelle 9: Herkunft der typisierten <i>L. monocytogenes</i> aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate	12

Das Jahr 2023 in Zahlen

Insgesamt wurden **3661** Proben registriert. Davon waren **2366** humane Einsendungen. Eine detaillierte Erklärung zu den einzelnen Isolaten folgt in den nachstehenden Kapiteln.

1) *Salmonella* spp. 2023

Identifikation *Salmonella* spp. alle Quellen

Im Jahr 2023 sind im NENT total 2201 Isolate zur Identifikation als Salmonellen eingegangen. Davon waren 1695 aus humanen Proben. Bei nur 5 Isolaten konnte *Salmonella* spp. nicht bestätigt werden. Die Resultate gliedern sich wie folgt:

Tabelle 1: Gesamtzahl der *Salmonella* spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Salmonella enterica</i>	subsp. <i>enterica</i>	2172
		subsp. <i>salamae</i>	5
		subsp. <i>arizonae</i>	0
		subsp. <i>diarizonae</i>	15
		subsp. <i>houtenae</i>	2
		subsp. <i>indica</i>	0
		subsp. nicht zugeordnet	1
		<i>Salmonella bongori</i>	1
	<u><i>Salmonella</i> spp. bestätigt total</u>		2196
	<u>Keine Identifizierung als <i>Salmonella</i></u>		5
Total Analysen			2201

Top 10 *Salmonella* Serovare 2023: humane Isolate

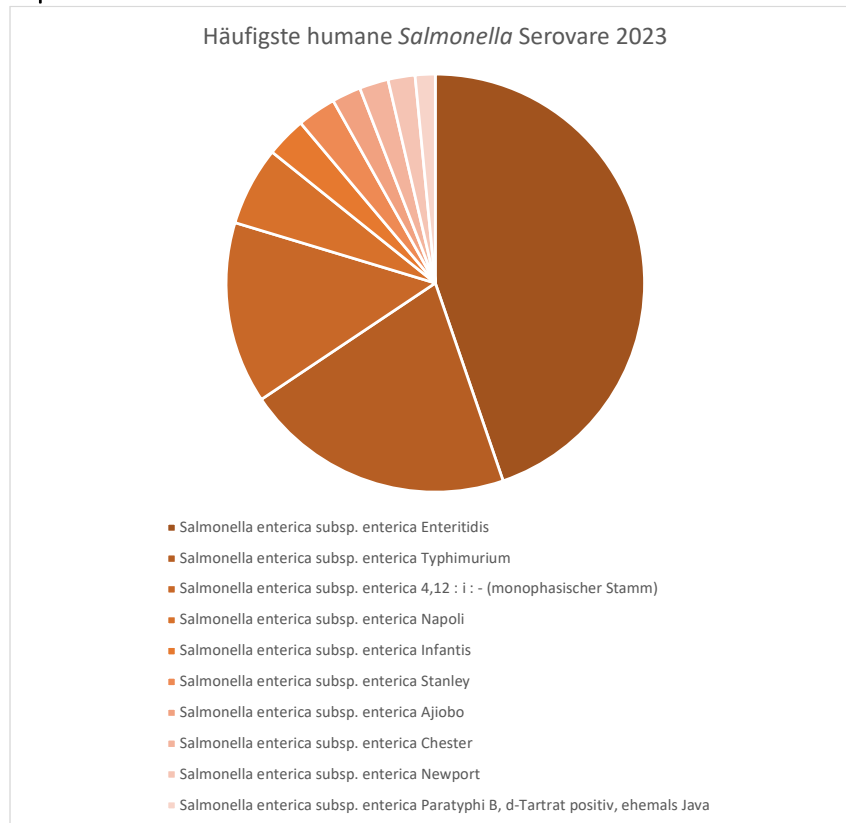


Abbildung 1: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2023, humane Isolate

Von den 1695 humanen *Salmonellen* wurden 104 Isolate von den Primärlaboratorien aus Blut isoliert, der Rest mehrheitlich aus Stuhl.

Bei einer wieder normalen Reisetätigkeit der Bevölkerung im vergangenen Jahr wurden 11 *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Typhi Isolate, von neun verschiedenen Patienten, verzeichnet. Diese Zahlen entsprechen in etwa dem Vorjahr. *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Paratyphi A sind 5 Isolate von 5 verschiedenen Personen eingegangen, *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Paratyphi B 10 Isolate von 9 Patienten.

Top 5 *Salmonella* Serovare 2023: nicht-humane Isolate

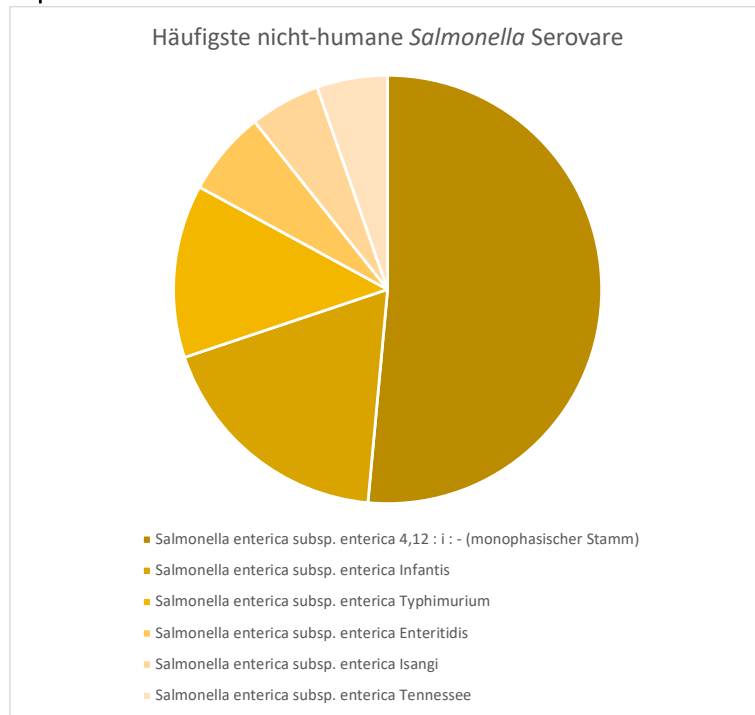


Abbildung 2: Häufigste *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate

Die Abbildung zeigt die häufigsten Serovare mit 20 oder mehr Isolaten.

Top 5 nicht-humane *Salmonella* Isolate aufgeteilt nach Herkunft

Tabelle 2: Herkunft der häufigsten *Salmonella* Serovare aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate

Serovar	Tier	Lebensmittel	Futtermittel	Umwelt	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> 4,12 : i : - (monophasischer Stamm)		171		19	1		2	193
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Infantis		61		3	2	1	2	69
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Typhimurium	15	20			3	10	1	49
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Enteritidis	9	9		3	2	1		24
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Isangi				20				20
<i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> Tennessee		1	1	15		3		20

2) *Shigella* spp. 2023

Identifikation *Shigella* spp. Isolate

116 Isolate wurden zur Identifikation als *Shigella* spp. ans NENT eingesandt. 33 dieser Isolate konnten nicht als *Shigella* spp. bestätigt werden. Ein typisiertes Isolat war nicht humanen Ursprungs. Die Resultate der Identifikation kategorisieren sich wie folgt:

Tabelle 3: Gesamtzahl der *Shigella* spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Shigella</i> spp.	<i>Shigella dysenteriae</i>	1
		<i>Shigella boydii</i>	4
		<i>Shigella flexneri</i>	24
		<i>Shigella sonnei</i>	54
		<i>ipaH</i> -Gen positiv, Spezieszuordnung nicht möglich	0
	<u><i>Shigella</i> spp. bestätigt total</u>		83
	<u>Keine Identifizierung als <i>Shigella</i></u>		33
Total Analysen			116

Typisierung humane *Shigella* spp. Isolate

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

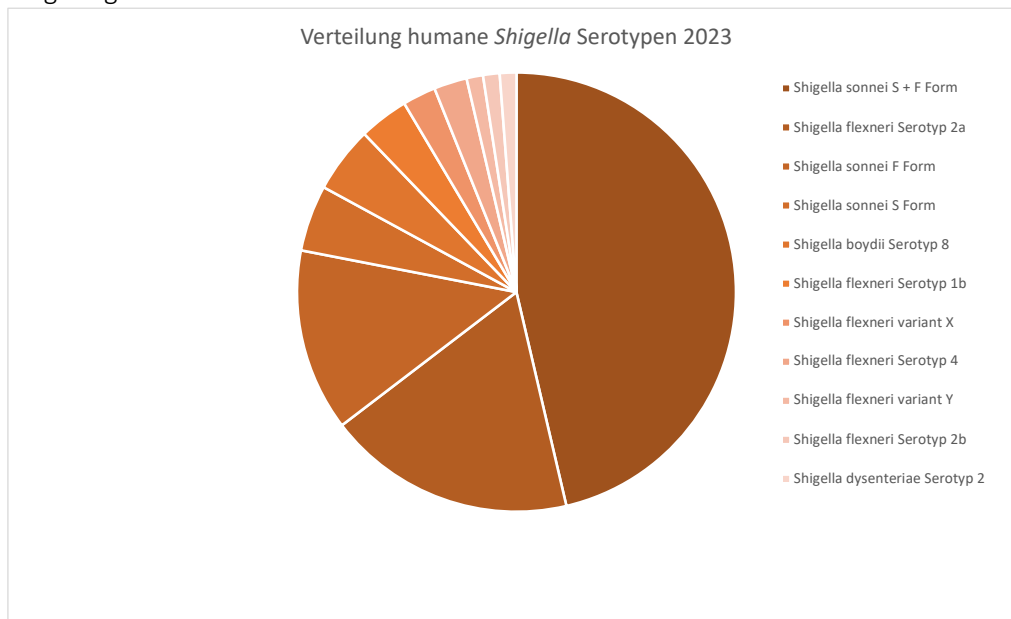


Abbildung 3: Häufigkeit *Shigella* Serotypen im Jahr 2023, humane Isolate

Die bestätigten Serotypen *Shigella dysenteriae* 2 sowie *Shigella flexneri* 2a wurden zusätzlich auf das Vorhandensein des *stx1* Gens mittels PCR untersucht. Alle Isolate waren negativ.

3) *Yersinia* spp. 2023

Identifikation *Yersinia* spp. alle Quellen

Im Jahr 2023 wurden 98 Isolate zur Typisierung als *Yersinia* spp. eingesendet. Das Genus *Yersinia* spp. konnte bei drei Isolaten nicht bestätigt werden. 97 Isolate waren humanen Ursprungs. Der einzige *Yersinia pseudotuberculosis* Stamm wurde von der Veterinärbakteriologie aus einer Geflügelprobe isoliert. Die Identifikationsresultate sind in der nachfolgenden Tabelle dargestellt:

Tabelle 4: Gesamtzahl der *Yersinia* spp. Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Yersinia</i> spp.	<i>Yersinia enterocolitica</i>	89
		<i>Yersinia intermedia</i>	2
		<i>Yersinia fredericksonii</i>	3
		<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	1
	<u><i>Yersinia</i> spp. bestätigt total</u>		95
	<u>Keine Identifizierung als <i>Yersinia</i></u>		3
Total Analysen			98

Yersinia enterocolitica Biovar und Serovare

Die *Yersinia* Biovar und Serovar Typisierungen aus dem Jahr 2023 zeigen folgende Häufigkeitsverteilung:

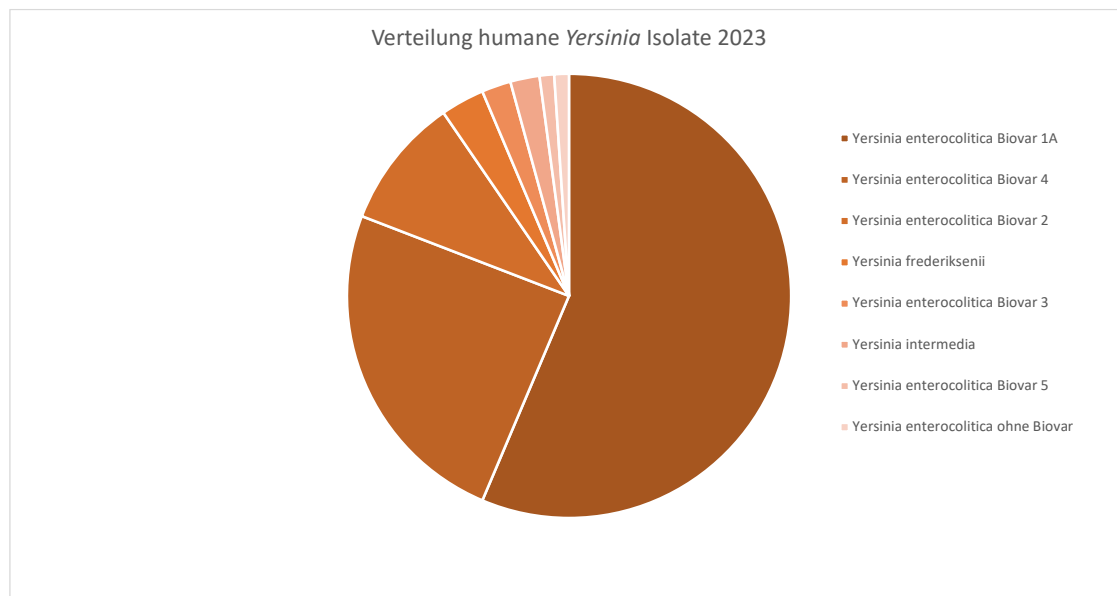


Abbildung 4: Häufigste *Yersinia* spp. im Jahr 2023, humane Isolate

Innerhalb der oben aufgezeigten *Yersinia* Biovare verteilen sich die einzelnen Serovare wie folgt:

Tabelle 5 Häufigkeit unterschiedlicher *Yersinia enterocolitica* Serovare, humane Isolate 2023

<i>Yersinia enterocolitica</i> Biovar 2	Serovar O27	3
	Serovar O9	3
	Serovar non O5, 27, non O9	1
	Serovar O5,27	1
	Serovar O9,O5,27	1
<i>Yersinia enterocolitica</i> Biovar 3	Serovar non O5, 27, non O9	2
<i>Yersinia enterocolitica</i> Biovar 4	Serovar O3	20
	Serovar non O3	3

4) *Vibrionaceae* 2023

Identifikation und Typisierung alle Quellen

Im Jahr 2023 sind zehn Isolate mit Verdacht auf *Vibrionaceae* im NENT eingegangen. Es handelte sich um acht humane Isolate mit der Bestätigung auf *Vibrio cholerae*. Die zwei als *Vibrio parahaemolyticus* eingeschickten Isolate stammten aus Lebensmittelproben. In einem humanen Fall konnte *Vibrio cholerae* nicht bestätigt werden.

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

Tabelle 6: Gesamtzahl der *Vibrionaceae* Isolate aus dem Jahr 2023, alle Quellen

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	Vibrio spp.	Vibrio cholerae O1	0
		Vibrio cholerae O139 / Bengal	0
		Vibrio cholerae non-O1 / non-O139	7
		Vibrio parahaemolyticus	2
	<u>Kein Nachweis von Vibrio cholerae</u>	1	
Total Analysen			10
Cholera-Toxin-Gen-Nachweis PCR		Positiv	0

Toxinnachweis bei *Vibrio* spp. Isolaten

Bei allen Einsendungen wird mittels konventioneller PCR auf das Cholera-Toxin-Gen und im negativen Fall zusätzlich auf die Gene TDH und TRH gescreent. Diese waren bei allen Isolaten negativ.

5) *Listeria* spp. 2023

Im Jahr 2023 sind total 886 Proben (Isolate oder Nativstuhlproben) mit Verdacht auf *Listeria* spp. eingegangen. Die folgenden Kapitel stellen dar, wie sich diese Isolate ordnen.

Identifikation *Listeria* spp. humane Isolate

142 Proben (Isolate oder Nativstuhlproben) humanen Ursprungs sind beim NENT zur Analyse eingegangen. Bei 63 Nativstuhlproben konnten keine *Listeria monocytogenes* nachgewiesen werden. Dies entspricht allen eingesendeten Nativstuhlproben. 78 Isolate wurden serotypisiert und anschliessend mittels WGS (Whole-genome Sequencing) weitergehend charakterisiert. Ein eingesandtes humanes Isolat mit Verdacht auf *L. monocytogenes* konnte nicht bestätigt werden.

Tabelle 7: Gesamtzahl der humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2023

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	78
		Kein Nachweis <i>Listeria</i> sp.	1
		Kein Nachweis von <i>Listeria monocytogenes</i> ^a	63
Total Analysen			142

^a Aus nativ-Stuhl

Typisierung der humanen *Listeria monocytogenes* Isolate

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

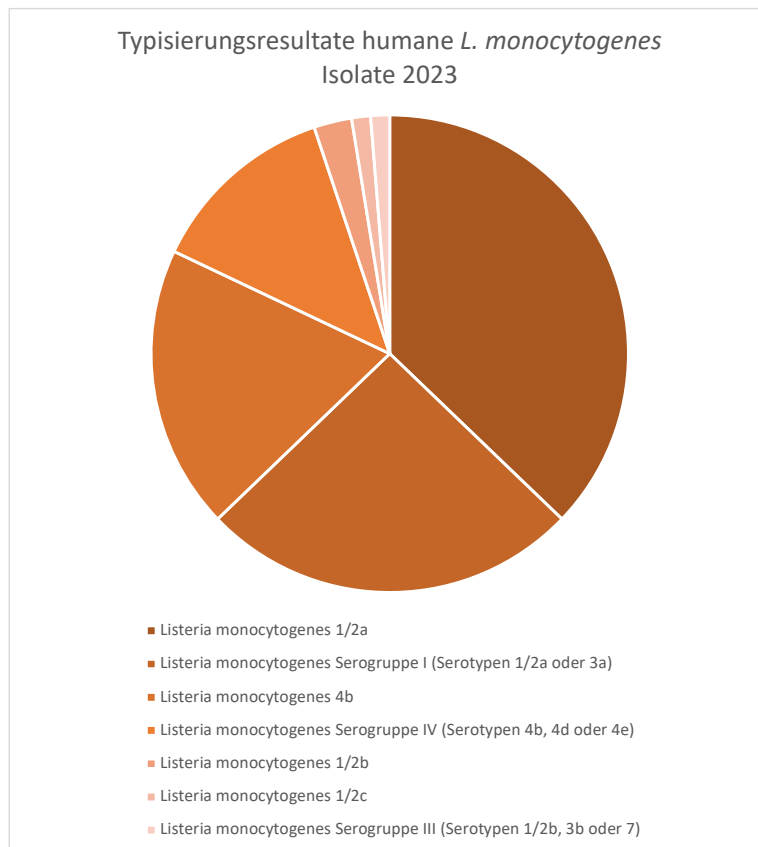


Abbildung 5: Häufigste *Listeria monocytogenes* Serotypen im Jahr 2023, humane Isolate

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

Alle 78 (vier Isolate wurden doppelt eingesandt) humanen *L. monocytogenes* Isolate wurden mittels WGS weitergehend typisiert. Auch in diesem Jahr zeigten die Isolate eine hohe genetische Vielfalt. Basierend auf der cgMLST Typisierung zeigten sich allerdings auch diverse Cluster, entweder bestehend nur aus humanen Isolaten oder aber auch mit Lebensmittelisolaten, die über die Kantonalen Labor eingeschickt werden. Eine Erläuterung zu den Clustern folgt im Kapitel Häufungsmeldungen *Listeria monocytogenes*. Eine Übersicht aller humanen Stämme ist in der folgenden Abbildung ersichtlich.

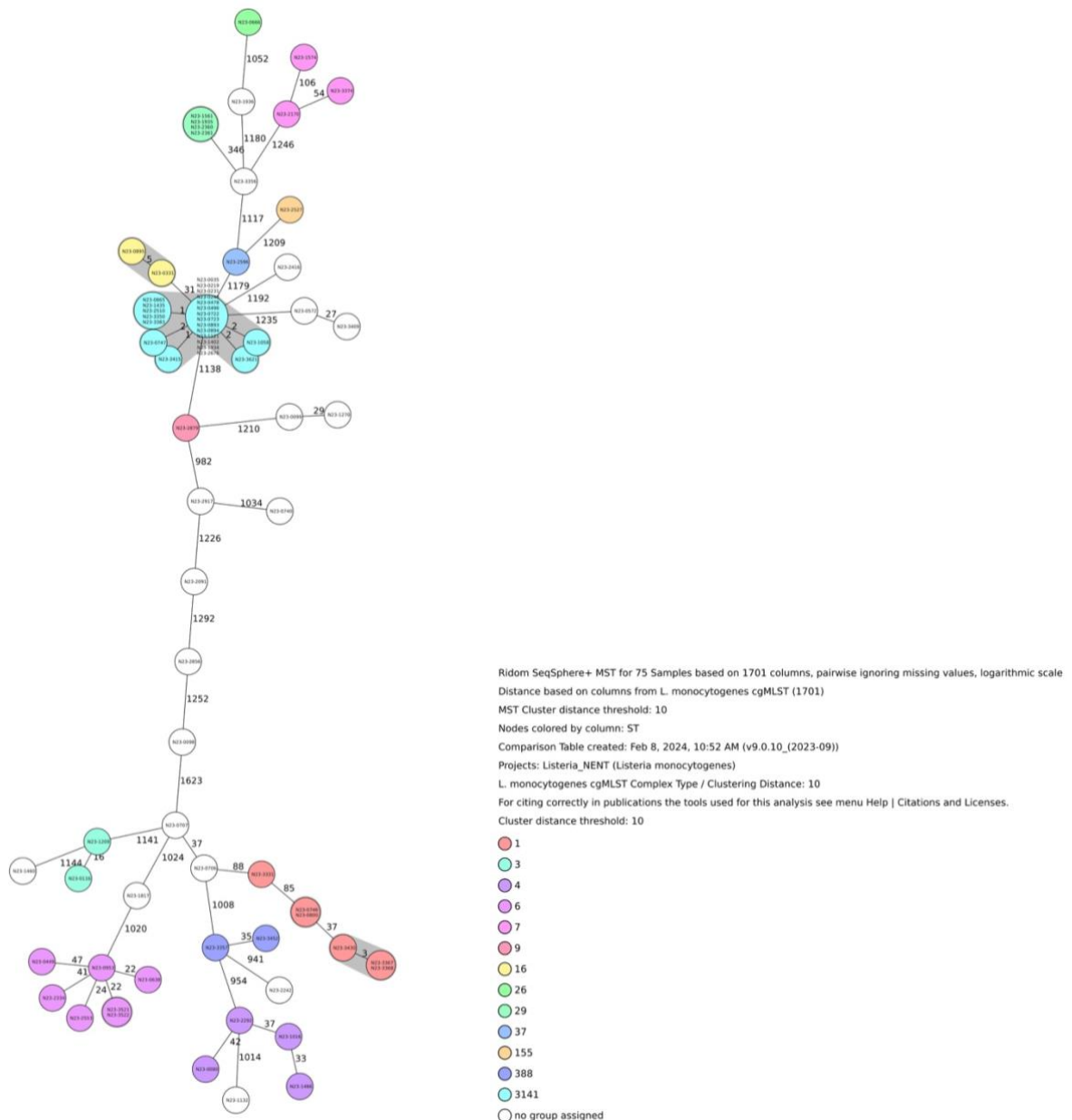


Abbildung 6: Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles von allen humanen am NENT sequenzierten *Listeria monocytogenes* Stämme aus dem Jahr 2023

Identifikation *Listeria* spp. nicht-humane Isolate

744 nicht-humane Isolate wurden zur *Listeria* spp. Typisierung eingesandt. Davon wurden 740 Isolate als *Listeria* spp. bestätigt und 704 als *Listeria monocytogenes* identifiziert. Die hohe Nachfrage hinsichtlich weitergehenden MLST (Multi Locus Sequence Typing) Typisierungen im Lebensmittelbereich ist in diesem Jahr merklich gesunken. Dies zugunsten der WGS-Analysen. Insgesamt sind die Einsendungen der Isolate auch in diesem Jahr rückläufig im Vergleich zum Vorjahr. Isolate, die das NENT nicht serotypisiert hat, sondern lediglich für WGS oder zur Einlagerung eingesandt wurden, lagern als *Listeria* spp. resp. *Listeria monocytogenes* ohne Serotypbezeichnung im NENT.

Tabelle 8: Gesamtzahl der nicht-humanen *Listeria* spp. Isolate aus dem Jahr 2023

Untersuchung	Erreger	Resultat	Anzahl
Identifikation	<i>Listeria</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	704
		<i>Listeria ivanovii</i>	0
		<i>Listeria innocua</i>	0
		<i>Listeria seeligeri</i>	0
		<i>Listeria welshimeri</i>	0
	<u><i>Listeria</i> spp. bestätigt^b</u>		36
	<u><i>Listeria</i> sp. nicht bestätigt</u>		4
		Total Analysen	744

^b nicht weiter typisiert, nur zur Aufbewahrung und/oder nur für WGS eingegangen

Listeria monocytogenes nicht-humane Isolate aufgeteilt nach Herkunft

Tabelle 9: Herkunft der typisierten *L. monocytogenes* aus dem Jahr 2023, nicht-humane Isolate

	Lebensmittel	Umwelt	Tier	Laborstamm	Anderes	Unbekannt	Gesamtergebnis
<i>Listeria monocytogenes</i>	260	220	2	0	46	176	704

Typisierung *Listeria monocytogenes* nicht-humane Isolate

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

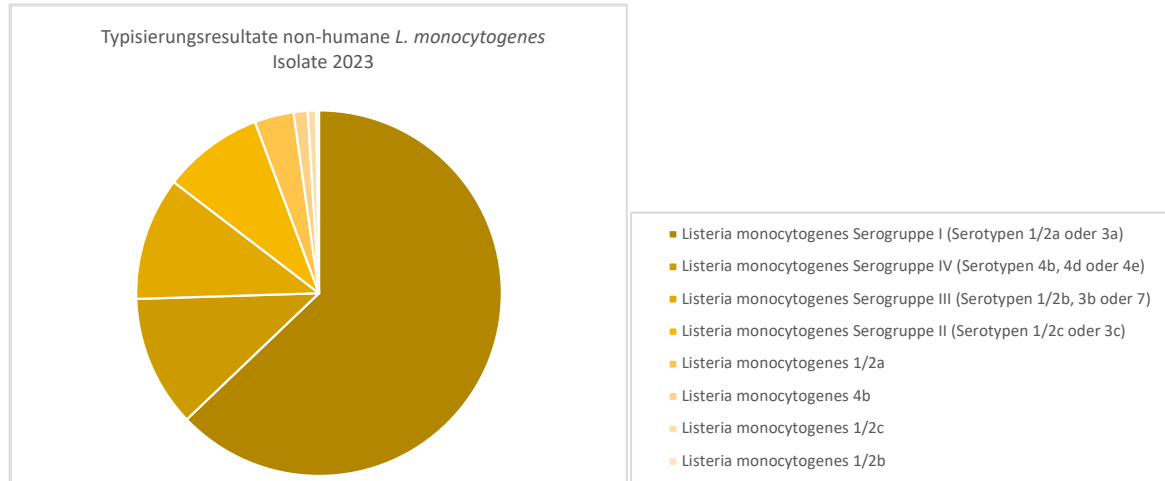


Abbildung 7: *L. monocytogenes* Serotypen aus dem Jahr 2023 nach Häufigkeit, nicht-humane Isolate

6) *Campylobacter* spp. 2023

Im Jahr 2023 wurden total 213 *Campylobacter* spp. kryokonserviert. *Campylobacter* spp. Isolate werden grösstenteils von Primärlaboratorien typisiert und nur zur Einlagerung ans NENT gesandt. Davon waren 212 Isolate humanen Ursprungs und eines entstammte einem Ringversuch. Die von den Primärlaboratorien angegebenen Identifizierungen gliedern sich wie folgt:

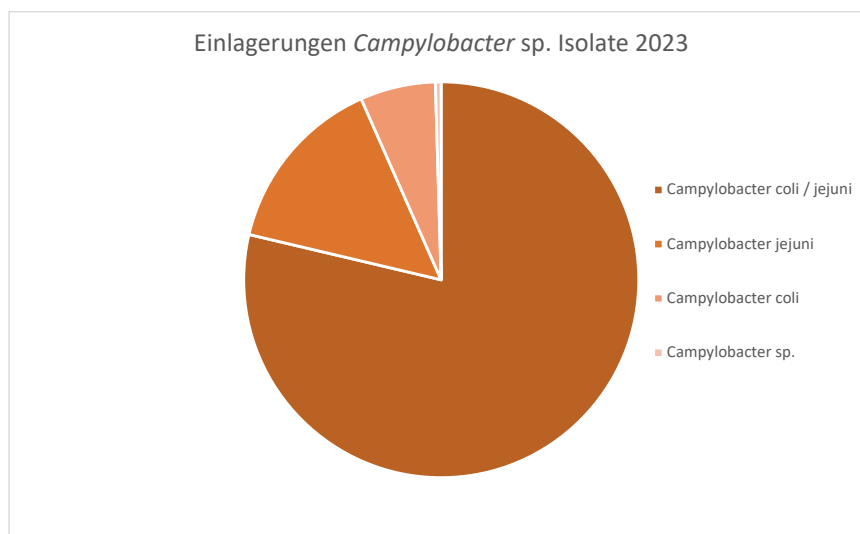


Abbildung 8 *Campylobacter* sp. Isolate aus allen Quellen dem Jahr 2023 nach Häufigkeit

7) Isolate ohne Aussage / andere

136 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 Begleitflora nicht als Reinkolonien kultivierbar waren.

Im Rahmen einer wissenschaftlichen Zusammenarbeit wurde auch ein Linezolid resistentes Isolat (UTI Infektion) von *Enterococcus faecalis* am NENT eingelagert.

8) Häufungsmeldungen und Ausbruchsabklärungen 2023

Häufungsmeldungen *Salmonella*

Das 2023 war ein ruhiges Jahr betreffend der Ausbruchssituation hinsichtlich der Salmonellen.

Salmonella enterica subsp. *enterica* Mbandaka

Im März 2023 wurden zwei humane Isolate mit einem Lebensmittelisolat des Serotyps S. Mbandaka abgeglichen, da es sich hierbei um einen seltenen Serotyp im humanen Bereich handelt. Die Stämme waren jedoch nicht näher verwandt.

Salmonella enterica subsp. *enterica* Stanley

Ebenfalls im März 2023 meldete das NENT ein gehäuftes Vorkommen von S. Stanley, da die Anzahl aus den ersten drei Monaten des Jahres, die Zahl der total eingesandten Isolate des gesamten letzten Jahres bereits überstieg. In den darauffolgenden Monaten sind weitere humane Isolate hinzugekommen. Somit rangierte sich S. Stanley mit 39 humanen Isolaten in die Top 10 Serotypen dieses Jahres. Im Vergleich dazu sind letztes Jahr nur fünf Isolate dieses Serotyps registriert worden. Den internationalen Medien konnte auch kein Hinweis auf eine Problematik in umliegenden Ländern entnommen werden. Eine Sequenzierung und weitere Abklärungen wurden nicht durchgeführt.

Salmonella enterica subsp. *enterica* Chester

Im August 2023 wurde vom NENT ein vermehrtes Auftreten von S. Chester gemeldet. Zusammenhänge konnten nicht erkannt werden. Auf eine Sequenzierung wurde verzichtet.

Salmonella enterica subsp. *enterica* Ajiobo

Bereits im Jahr 2021 wurde vom NENT eine Häufung von S. Ajiobo Isolaten gemeldet. Die Befragungen damals ergaben keine Hinweise und auch in den umliegenden Ländern, konnte keine Häufung von Fällen in Erfahrung gebracht werden. Ab August 2023 hat sich der entsprechende Serotyp erneut deutlich gehäuft. Total sind im ganzen Jahr 29 Isolate am NENT eingegangen, davon stammen drei Isolate von dem gleichen Patienten. Das letzte Isolat wurde im NENT Ende November 2023 registriert. Die Häufung wurde durch das NENT dem BAG gemeldet. Auf weitere Abklärungen wurde aus Kostengründen verzichtet.

Salmonella enterica subsp. *enterica* Strathcona

Es handelt sich hierbei um einen seltenen Serotyp, den das NENT im Jahr 2023 acht Mal identifizierte. In internationalen Medien wurde im November 2023 ein länderübergreifender Ausbruch mit diesem Serotyp publik. Betroffen sind über elf Staaten auf dem europäischen sowie nordamerikanischen Kontinenten. Über 150 Fälle wurden zu diesem Zeitpunkt weltweit gezählt.

Das NENT hat sich bemüht Referenzsequenzen dieses Ausbruches zum Vergleich zu erhalten, was immer eine Herausforderung darstellt, da wir nicht dem EU Netzwerk angehören. Mit Hilfe des RKI Deutschland war der Abgleich unserer sequenzierten Stämme dann möglich.

Die acht Schweizer Isolate sind S. Strathcona ST2559 cgMLST CT3910 Stämme, die zum Ausbruchsgeschehen (≤ 2 cg Allel Unterschiede) gehören. Eine Darstellung dazu folgt unten.

Das Ausbruchsgeschehen scheint ongoing zu sein. Eine eindeutige Quelle konnte bis heute nicht identifiziert werden (als Infektionsquelle werden Tomaten vermutet). Im Januar 2024 wurde ein weiteres Isolat WGS typisiert. Auch dieses fällt in den Ausbruchcluster. Ebenfalls fünf bereits im Jahre 2019 sequenzierte Stämme fallen in diesen Ausbruchcluster (Daten nicht gezeigt). Das NENT ist im Austausch mit dem gebildeten Ausbruchsteam am Robert Koch Institut in Berlin.

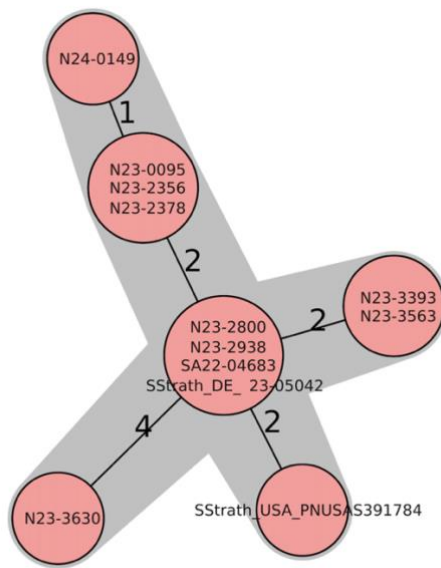


Abbildung 9 Minimal Spanning Tree *S. Strathcona* Ausbruch inkl. Referenzstämmen, 2023, Ongoing 2024

Häufungsmeldungen *Listeria monocytogenes*

Auch in diesem Jahr konnten einige Zusammenhänge zwischen verschiedenen Isolaten dank der routinemässigen Sequenzierung aufgezeigt werden. Durch die immer grösser werdende Datenbank, können auch mehrere Jahre auseinanderliegende Zusammenhänge entdeckt werden. Zur besseren Visualisierung sind in der folgenden Abbildung nicht nur humane Stämme abgebildet, sondern auch amtliche sequenzierte Lebensmittelisolate. Die folgenden Kapitel erläutern im Jahr 2023 entstandene Cluster unter humanen Stämmen oder zwischen humanen und nicht-humanen Stämmen.



Abbildung 10 Minimum spanning tree der cgMLST allelic profiles der humanen Stämme und der amtlichen Lebensmittelisolate *Listeria monocytogenes* Stämme isoliert in der Schweiz des Jahres 2023

Cluster MLST nd. cgMLST CT nd. (Fortsetzung von Jahr 2022) neu MLST ST 3141 cgMLST 18049

Sechs humane Stämme, alle aus dem Jahr 2022 (N22-670, N22-2808, N22-3218, N22-3538, N22-3551, N22-3648) fielen in diesem Cluster zusammen. Sie sind nahe verwandt mit zwei amtlichen Lebensmittelisolate aus dem Jahr 2022 (N22-2523, N22-3462). Dieser Cluster vergrösserte sich im Jahr 2023 deutlich N23-35, -219, -231, -240, -478, -496, -722, -723, -747, -865, -893, -894, -1058, -1121, -1402, -1435, -1934, -2510, -2676, -3350, -3383, -3415 und -3621 waren alles humane Stämme, die sich zusätzlich diesem Cluster hinzufügten. Weitere amtliche Lebensmittelisolate fielen ebenfalls in diesen Cluster: N23-145, -1013, -1319, -1479, -1507, -1547, -1729, -1730, -2580, -2597, -2700, -2987.

Cluster MLST ST 1 cgMLST 10119 (Fortsetzung von Jahr 2022)

Im NENT Bericht des vorletzten Jahres wurden die beiden humanen Isolate N21-0095 und N19-2538 ausgewiesen, die zusammen clusterten. Beide Patienten stammen aus dem Tessin. Im Jahr 2022 fielen zusätzlich ein amtliches Lebensmittelisolat und ein Umweltisolat (N22-3097, N22-3098) in diesen Cluster. Anfangs 2023 wurden die letzten sequenzierten Stämme von 2022 ausgewertet. Hinzukamen die amtlichen Lebensmittelisolate N22-3641, N22-3642 und N22-3643 und N23-255. Alle Lebensmittelproben (Fleischprodukte) wurden im Kanton Tessin erhoben.

Cluster MLST ST 16 cgMLST CT nd

N23-331 und N23-895 waren humane Isolate, die in einem Cluster zusammenfielen. In den gleichen Cluster fiel ein amtliches Isolot (Isolat N23-632) sowie ein Isolot aus der Selbstkontrolle eines Betriebs (N23-81).

Cluster MLST ST 415 cgMLST CT 9312

Hierbei handelte es sich um einen Cluster, in den Isolate aus mehreren Jahren fallen. Die humanen Isolate N20-825 und N23-2416 clusterten mit einem amtlichen Lebensmittelisolat aus dem Kanton Tessin (N23-1059).

Cluster MLST ST 29 cgMLST CT nd

N23-1561, -1935, -2360 und -2361 sind humane Isolate, die mit einem amtlichen Lebensmittelisolat aus dem Kanton Freiburg (Isolat N23-2291) clustern.

Cluster MLST ST 226 cgMLST CT 7614

Das humane Isolot N23-2091 clustert mit einem Isolot aus der Selbstkontrolle eines Betriebs (N18-1204). Der entsprechende Betrieb wurde informiert.

Cluster MLST ST 1 cgMLST CT nd

Hier muss vermutet werden, dass es sich bei den Isolaten N23-746 und N23-800 um Mutter und Kind handelte. Isoliert wurden die Stämme aus Lungengewebe und Plazenta. Die Infektionsquelle ist nicht bekannt.

Cluster MLST ST 1 cgMLST CT nd

Cluster von drei humanen Isolaten (N23-3430, -3367, -3368) von zwei Personen (doppelte Einsendung). Die Infektionsquelle ist nicht bekannt.

Cluster MLST ST 6 cgMLST CT nd

Hier muss vermutet werden, dass es sich bei den Isolaten N23-3521 und N23-3522 um Mutter und Kind handelte. Die Isolate stammen aus Blut und Plazenta. Die Infektionsquelle ist nicht bekannt.

Cluster MLST ST 388 cgMLST CT 7607

In diesen Cluster fallen die humanen Isolate N23-3357 und N19-2400 und amtliche Lebensmittelisolate (Salatprodukte) aus dem Jahre 2017 (N17-1083, -1107 und -1143).

Cluster MLST ST 8 cgMLST CT 1247

In diesen Cluster fallen ein amtliches Lebensmittelisolat (KL Aargau; N23-1208) und ein humanes Isolat aus dem Jahre 2021 (N21-781).

Cluster MLST ST 1 cgMLST CT 18058

In diesen Cluster fallen ein amtliches Lebensmittelisolat (KL Aargau; N23-3574) und ein humanes Isolat aus dem Jahre 2022 (N22-1502).

Cluster MLST ST 18 cgMLST CT 7627

In diesen Komplex fallen die amtlichen Lebensmittelisolate N23-398, -1544, -2526 und N22-3639 (KL Tessin und KL ZH) und ein humanes Isolat aus dem Jahre 2018 (N18-2804). Hinweis auf ein persistierendes Problem in einem Lebensmittelbetrieb über mehrere Jahre hinweg.

9) Projekte / Forschung / Publikationen

Interne und externe Zusammenarbeiten

In Kooperation mit dem Department of Infectious Diseases and Public Health in Kowloon, Hong Kong konnte ein Projekt: "Serotypes, antimicrobial resistance profiles and virulence factors of *Salmonella* isolates in Chinese edible frogs (*Hoplobatrachus rugulosus*) collected from wet markets in Hong Kong" bearbeitet werden. Ein Paper dazu wurde publiziert.

Im Rahmen eines Projektes wurden Choleratoxin-negative *Vibrio cholerae* Stämme aus der NENT-Stammsammlung von 2017 – 2021 mittels WGS weitergehend charakterisiert. Ein Paper dazu wurde zur Publikation angenommen.

Auf besondere Anfrage des Universitätsspitals Zürich hat das NENT einen STEC aus der Stuhlprobe P23-225 isoliert und mittels WGS weiter charakterisiert. Dieser gehörte als O103:H11 zur «Top Five» Gruppe. Er war positiv für *stx1a* und *eae* und gehörte zum MLST 723, was bei Stämmen mit höherer Pathogenität zu beobachten ist. Der Patient zeigte laut Angaben der Ärzte eine speziell verlaufende Klinik mit neurologisch bedingtem Bewusstseinsverlust.

Im Rahmen der Masterarbeit «First baseline data for the prevalence of *Salmonella* in poultry production in Cape Verde» wurden verschiedene *Salmonella* Isolate serotypisiert.

Das im Jahre 2022 gestartete Projekt «Microbiota in asymptomatic carriers and *Salmonella* infected individuals», das im NCCR Microbiomes unter der Leitung einer Forschungsgruppe am CHUV (Prof. Benoît Guery) in Zusammenarbeit mit dem Institut und einer Arbeitsgruppe an der ETH (Prof. Wolf-Dietrich Hardt) durchgeführt wird, läuft weiter.

Das Projekt «Molecular characterization of *S. enterica* serotype Napoli» in Zusammenarbeit mit F.X. Weill (Institute de Pasteur, Paris) und L. Villa (Istituto Superiore di Sanita, Italy) steht vor dem Abschluss. Ein Manuskript dazu ist in Vorbereitung.

Ein Projekt zur retrospektiven Gesamtgenom sequenzierten Charakterisierung von humanen *Yersinia enterocolitica* wurde gestartet.

Ein Projekt "Evaluation of the IR Biotyper discriminatory power for *Listeria monocytogenes* strain typing" wurde gestartet.

Publikationen

Folgende Arbeiten mit direktem Bezug zum Tätigkeitsbereich des NENT konnten erfolgreich publiziert werden oder sind im review Prozess:

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

Boss, S., Stephan, R., Horlbog, J.A., Magouras, I., Albane Colon, V., Lugsomya, K., **Stevens, M.J.A., Nüesch-Inderbinnen, M.** (2023). Serotypes, antimicrobial resistance profiles and virulence factors of *Salmonella* isolates in Chinese edible frogs (*Hoplobatrachus rugulosus*) collected from wet markets in Hong Kong. *Foods* 12, 2245. <https://doi.org/10.3390/foods12112245>.

Ghielmetti, G., Seth-Smith, H.M.B., Roloff, T., Cernela, N., Biggel, M., Stephan, R., Egli, A. (2023). Whole genome-based characterization of *Campylobacter jejuni* from human patients with gastroenteritis collected over an 18-year period (2003-2020). *Microbial Genomics* 9:000941 DOI 10.1099/mgen.0.000941.

Halbedel, S., Sperle, I., Lachmann, R., Kleta, S., Fischer, M., 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. (2023). Large multi-country outbreak of invasive listeriosis by a *Listeria monocytogenes* ST394 clone linked to smoked rainbow trout, 2020-2021. *Microbiology Spectrum* 11(3):e0352022. doi: 10.1128/spectrum.03520-22.

Meyer, M., Stephan, R., Cernela, N., Horlbog, J.A., Biggel, M., Genomic characteristics of clinical non-toxicogenic *Vibrio cholerae* isolates in Switzerland: a cross-sectional study. *Swiss Medical Weekly*, accepted.

Nüesch-Inderbinnen, M., Treier, A., Stevens, M., Stephan, R. (2023). Whole genome sequence-based characterisation of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* isolated from game meat. *Scientific Reports* 13:3247. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-30333-4>

Neves, A., Walther, D., Martin-Campos, T., Barbie; V., Bertelli, C., Blanc, D., Bouchet, G., Erard, F., Greub, G., Hirsch, H.H., Huber, M., Kaiser, L., Leib, S.L., Leuzinger, K., Lazarevic, V., Mäusezahl, M., Molina, J., Neher, R.A., Perreten, V., Ramette, A., Roloff, T., Schrenzel, J., Seth-Smith, H.M.B., **Stephan, R.,** Terumalai, D., Wegner, F., Egli, A. (2023). The Swiss Pathogen Surveillance Platform - towards a nation-wide One Health data exchange platform for bacterial, viral, and fungal genomics and associated metadata. *Microbial Genomics* 9:001001. doi: 10.1099/mgen.0.001001.

Speich, C., **Stephan, R.,** Hollenstein, F., Dhima, N., Blumer, C., Zuske, M., **Horlbog, J.A.,** 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*, accepted.

Stevens, M.J.A., Nüesch-Inderbinnen, M., Horlbog, J.A., Diethelm, A., Stephan, R. Sucrose-fermenting monophasic *Salmonella* Typhimurium N23-2364: a challenge for the diagnostic laboratory. *Journal Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, submitted.

Genome announcement:

Kelbert, L., Stevens, M.J.A., Horlbog, J.A., Biggel, M., Stephan, R. (2023). Completely assembled genome sequence of the florfenicol resistant *Enterococcus faecalis* strain 90_2023 isolated from a raw sausage imported from Italy to Switzerland. *Microbiology Resource Announcements* 12(10):e0061023. doi: 10.1128/MRA.00610-23.

Masterarbeit:

Tan, J. (2023). First baseline data for the prevalence of *Salmonella* in poultry production in Cape Verde (Masterarbeit Vetsuisse-Fakultät)

Poster:

Der Posterpitch zum Poster «**Stephan, R., Horlbog, J., Barmettler, K.** Asymptomatische Salmonellenausscheider in der Lebensmittelproduktion» anlässlich der 63. Arbeitstagung Lebensmittelsicherheit in Garmisch-Partenkirchen wurde mit dem zweiten Preis ausgezeichnet.

10) Relevante Symposium/Workshop Teilnahmen:

- Interne Kolloquien am Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene
- BLV-Beirat «Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel ACE Früherkennung Meeting zweimal jährlich, bei relevanten Themen
- Online EURL *Salmonella* Workshop 22./23.05.2023, Organisator: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM, Bilthoven, The Netherlands)
- Online EURL- *Campylobacter* 16th Workshop 26./27.09.2023, Organisator: Hanna Skarin, PhD, Director EURL-Campylobacter, NATIONAL VETERINARY INSTITUTE, SE- 751 89 Uppsala
- Online EURL Workshop Proficiency Tests on NGS 29. September 2023, Organisator: National Institute for Public Health and the Environment (RIVM, Bilthoven, The Netherlands)

11) Tendenzen und Ziele

Die Tendenz hin zu Gesamtgenomsequenz basierten Surveillancesystemen und Ausbruchsuntersuchungen verstärkt sich international zusehends.

Auch in diesem Berichtsjahr hat die Schweiz auf freizugängliche Medieninformationen oder persönliche Kontakte ins Ausland zurückgreifen müssen, um beispielsweise an Ausbruchssequenzen zu gelangen, die für Schweiz interne Ausbruchsabklärungen unabdingbar waren.

Die zunehmende Clusterentdeckung mit beteiligten Lebensmittelisolaten bestätigt die Strategie bei *L. monocytogenes* auch in Zukunft humane Isolate und amtliche Lebensmittelisolate routinemässig zu sequenzieren.

The Swiss Pathogen Surveillance Platform (SPSP) ist nun so weit etabliert, dass es Sinn macht diese Plattform mittelfristig auch als Austauschplattform für im NENT sequenzierte Enteropathogene und *Listeria monocytogenes* zu nützen. Gespräche dazu laufen mit dem BAG und dem SIB Swiss Institute of Bioinformatics.

Im Hinblick auf das digitale Meldesystem des Bundes ist es ein Ziel für 2024, das IT Programm des NENT sowie den HIN Zugang entsprechend zu überarbeiten und aufzurüsten.