

Campylobacter från butik och klinik

Jämförelser 2019

Denna titel kan laddas ner från: www.folkhalsomyndigheten.se/publicerat-material/. En del av våra titlar går även att beställa som ett tryckt exemplar från Folkhälsomyndighetens publikationsservice, publikationsservice@folkhalsomyndigheten.se.

Citera gärna Folkhälsomyndighetens texter, men glöm inte att uppge källan. Bilder, fotografier och illustrationer är skyddade av upphovsrätten. Det innebär att du måste ha upphovsmannens tillstånd att använda dem.

© Folkhälsomyndigheten, 2020.

Artikelnummer: 20004

Om publikationen

Denna rapport sammanfattar resultaten från den epidemiologiska typningen av campylobacter från människa och kycklingkött som insamlades under sommaren 2019. Studien har gjorts för att öka förståelsen för hur stor påverkan denna källa har för campylobacterinfektion i Sverige. Campylobacterisolaten från människa är insamlade från de kliniska mikrobiologiska laboratorierna och isolaten från kycklingkött kommer från Livsmedelsverkets butiksstudie med kycklingkött. Studien visar på de genetiska samband som finns mellan campylobacter hos människa respektive kycklingkött. Målgrupper är i första hand nationella och regionala myndigheter och laboratorier som arbetar med frågor kopplade till livsmedelsburen smitta, men även kycklingproducenter och intresserad allmänhet.

Folkhälsomyndigheten

Sara Byfors

Enhetschef Laborativ Bakterieövervakning

Livsmedelsverket

Maria Sitell

Avdelningschef Biologiavdelningen

Innehåll

Om publikationen	3
Sammanfattning	5
Summary	6
Bakgrund	7
Metodik	8
Resultat	9
Inkomna humanisolat vecka 11	9
Sekvenstyper (ST) för humanisolat vecka 11	9
Inkomna humanisolat vecka 34	9
Sekvenstyper (ST) för humanisolat vecka 34	9
Klusteranalys för humanisolat vecka 11 och vecka 34	9
Diversitet- och klusteranalys för humanfall	10
Isolat från kycklingkött från butik	11
Sekvenstyper (ST) kycklingköttisolat	12
Klusteranalys inom ST för kycklingköttisolat vecka 31-33	12
Jämförande klusteranalys human- och kycklingköttisolat, augusti 2019	12
Diskussion	15
Referenser	17

Sammanfattning

I denna rapport har betydelsen av färsk kyckling som smittkälla för campylobacterinfektion i Sverige undersökts genom att studera den genetiska likheten mellan campylobacter från kycklingkött och campylobacter från smittade människor. Det är tredje året i rad som Folkhälsomyndigheten och Livsmedelsverket gör den här typen av undersökning.

Jämförande analyser mellan humanisolat från vecka 34 och isolat från färsk kyckling från butik införskaffat vecka 31-33 visade att 33 procent av humanfallen kunde kopplas till kycklingkött. Kyckling utgjorde sannolikt en större smittkälla än den nu uppmätta eftersom jämförelsen gjordes mot en begränsad del av det totala utbudet av färsk kyckling.

En majoritet av sjukdomsfallen med anknytning till kyckling förknippades med svensk konventionellt uppfödd kyckling (88 procent) och framför allt till produkter från Sveriges största slakteri, F38. Ekologisk kyckling kunde kopplas till ett fåtal sjukdomsfall medan utländsk kyckling inte var förknippad med något sjukdomsfall. Att en stor del av fallen kan kopplas till svensk konventionell kyckling beror sannolikt på att dessa produkter dominerar den svenska marknaden.

Resultaten för 2019 överensstämmer till stor del med de tidigare undersökningarna från 2017 och 2018, det vill säga att cirka en tredjedel av humanisolaten kan kopplas till svensk kyckling. I Sverige är campylobacterinfektion vanligast under augusti, vilket är samma period då andelen campylobacterpositiva kycklingar är som högst. Trots att en tredjedel av humanfallen kunde kopplas till kyckling, har inget pågående utbrott detekterats under sommarperioderna vid respektive provtagningstillfälle.

Resultaten tydliggör att en reduktion av campylobacterförekomst i kycklingproduktionen skulle ha en direkt effekt på antalet personer som undkommer smitta.

Summary

In this report, the importance of fresh chicken meat as source of infection was investigated by studying the genetic similarity between campylobacter from retail chicken meat and *Campylobacter* from infected people. This is the third consecutive year that the Public Health Agency and the Swedish Food Agency conducted this type of survey.

Comparative analyses between human isolates collected during week 34 and isolates from fresh chicken meat from stores acquired during week 31-33 showed that 33 percent of human cases were genetically linked to chicken meat. Chicken was likely an even larger source of infection than identified since the comparison was made with a limited sample material of the total supply of fresh chicken.

A majority of the human cases related to chicken were associated with Swedish conventionally bred chicken (88 per cent) and especially to products from Sweden's largest slaughterhouse, F38. Organic chicken could be linked to a few cases, while imported chicken was not associated with any case of disease. The fact that a large part of the cases could be linked to Swedish conventional chicken is probably due to the fact that these products dominate the Swedish market.

The results for 2019 are largely in line with the previous surveys of 2017 and 2018, i.e. about one third of the human isolates were genetically linked to Swedish chicken. In Sweden, *Campylobacter* infection is most common during August, which coincides with an increase in *Campylobacter* positive chicken flocks. Although one third of human cases could be linked to chicken, no ongoing outbreak has been detected during the summer periods at each sampling event.

The comparison of human and retail chicken isolates indicate that if a reduction of *Campylobacter* in the chicken production is achieved this will have a direct effect on the number of people who become infected by *Campylobacter*.

Bakgrund

Infektion med campylobacter är vanligt förekommande i Sverige och under 2015 – 2017 förekom flera inhemska utbrott av campylobacter kopplat till färsk kyckling. För att utvärdera insatser för att minska incidensen och utbrott ingår campylobacter sedan 2017 i Folkhälsomyndighetens mikrobiella övervakningsprogram, med insamlingar under vecka 11 och vecka 34 (1). Vecka 11 anmäls normalt ett lågt antal fall av campylobacterinfektion (lågsäsong) och vecka 34 ett högt antal (högsäsong). Veckorna är valda för att följa diversitet och eventuella genetiska kluster hos campylobacter under låg- respektive högsäsong. Provsamlingen består av isolat inskickade från landets kliniska mikrobiologiska laboratorier där fallen är rapporterade som smittade i Sverige.

Vecka 11 2019 låg antalet anmälda campylobacterfall på för säsongen förväntad låg nivå och för vecka 34 låg antalet anmälda fall på för säsongen förväntad hög nivå. Sett till hela 2019 var dock antalet anmälda fall av campylobacterinfektion smittade i Sverige det lägsta sedan 2009 (2).

Vecka 31-33 2019 utförde Livsmedelsverket en studie över förekomst och halter av campylobacter hos färsk kyckling köpt i butik (3). Totalt analyserades 100 kycklingköttprover och campylobacter kunde påvisas i 51 av proven. Livsmedelsverkets butikstudie utfördes även 2017 och 2018 (4, 5).

Denna rapport syftar till att redovisa resultat från de jämförande molekylära analyser som utförts på human- och kycklingköttisolat.

Metodik

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

Resultat

Inkomna humanisolat vecka 11

Från insamlingen för vecka 11 erhöles campylobacterisolat från 14 av Sveriges 21 regioner, två regioner hade inga anmälda campylobacterfall under denna vecka. Totalt typades 25 isolat där fallen var rapporterade med smittland Sverige. Alla isolat identifierades som *C. jejuni*.

Sekvenstyper (ST) för humanisolat vecka 11

Totalt identifierades 20 olika ST, ett isolat var icke typbart (Figur 1). Isolaten fördelade sig i enskilda ST förutom för ST-148, ST-534 och ST-918.

Inkomna humanisolat vecka 34

Från insamlingen för vecka 34 erhöles campylobacterisolat från 18 av Sveriges 21 regioner, en region hade inga anmälda campylobacterfall under denna vecka. Totalt typades 112 isolat där fallen var rapporterade med smittland Sverige. Ett isolat identifierades som *C. coli*, övriga isolat (n=111) identifierades som *C. jejuni*.

Sekvenstyper (ST) för humanisolat vecka 34

För de 111 *C. jejuni*-isolaten identifierades 31 olika ST, fem isolat var icke typbara (Figur 1). Tjugofem isolat (23 procent) typades till ST-257, vilket gjorde denna ST till den vanligaste under denna insamlingsperiod.

Den näst vanligaste sekvenstypen bland isolat från vecka 34 var ST-48, med 14 isolat (13 procent).

Två isolat typades till ST-918. Denna ST var den som orsakade det stora campylobacterutbrottet 2016/2017 (4, 6).

Klusteranalys för humanisolat vecka 11 och vecka 34

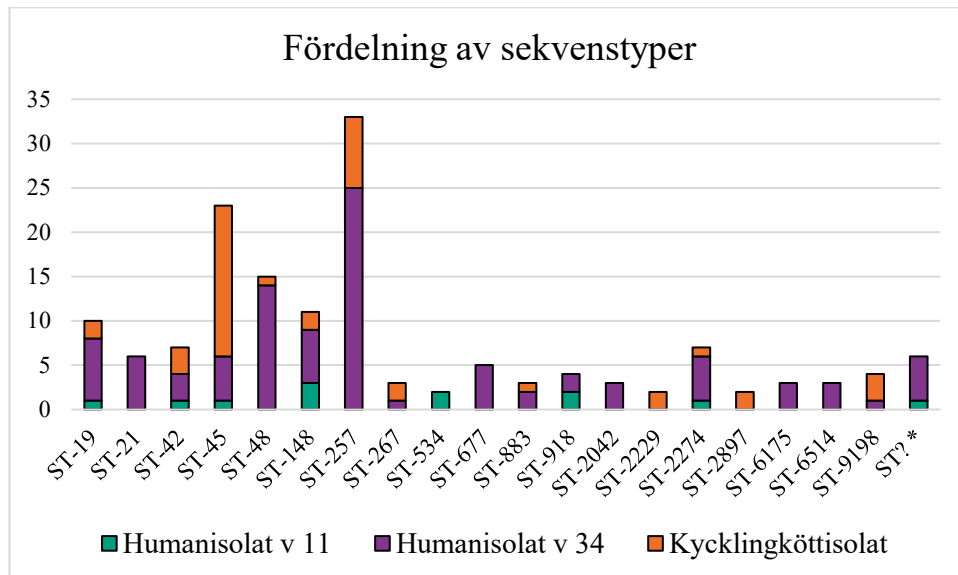
Identifiering av eventuella kluster sker inom respektive ST. Ett genetiskt kluster består av isolat vars gemensamma andel av arvsmassan är i det närmaste genetiskt identiska sinsemellan. Oftast utgörs den parvisa skillnaden inom en ST i SNPs av noll till cirka 10 SNPs.

Totalt befann sig 20 procent (5 stycken) av humanisolaten från vecka 11 i kluster, motsvarande siffra för vecka 34 var 54 procent (60 stycken). Kluster påvisades inom ST-19, ST-21, ST-42, ST-48, ST-148, ST-257, ST-534, ST-918, ST-2042 och ST-2274. Antal isolat inom dessa kluster varierade från 2 – 14 stycken. ST-148 var den enda ST där humanisolat från både lågsäsong och högsäsong klustrade med varandra.

Flest isolat som klustrade återfanns inom ST-257. Alla isolat som typades till denna ST fördelade sig i tre olika kluster med 2, 9 och 14 isolat vardera.

Näst flest isolat klustrade inom ST-48, där 12 av 14 isolat med denna ST klustrade med varandra.

Figur 1. Fördelning av sekvenstyper från human- och kycklingköttisolat.



* ST? är icke typbara ST vilka alla var genetiskt unika sinsemellan. De ST som endast representeras av ett isolat vid respektive insamlingsomgång är inte redovisade i diagrammet; humanisolat vecka 11: ST-50, ST-61, ST-122, ST-464, ST-508, ST-572, ST-658, ST-861, ST-934, ST-992, ST-6169, ST-9306, ST-9318, humanisolat vecka 34: ST-22, ST-50, ST-137, ST-353, ST-356, ST-441, ST-464, ST-538, ST-670, ST-991, ST-1459, ST-1911, ST-1947, ST-2100, ST-7355, kycklingköttisolat: ST-50, ST-177, ST-356, ST-2100.

Diversitet- och klusteranalys för humanfall

Diversitetsindex (7) räknades ut för respektive vecka med avseende på ST. Det ger ett mått på hur många olika typer av campylobacter som finns vid respektive insamlingsvecka samt de enskilda typernas antal. Ett lågt index tyder på att många av isolaten har samma ursprung vilket kan indikera ett eller ett fåtal mer omfattande utbrott, medan ett högt, där 1 utgör det högsta, indikerar många olika källor och olika ursprung genetiskt.

Humanisolaten visade på en högre diversitet under lågsäsong jämfört med högsäsong (Tabell 1). I jämförelse mot de två tidigare insamlingsåren var diversiteten för vecka 11 betydligt högre 2019 än de båda tidigare insamlingsomgångarna under denna vecka. Det betydligt lägre värdet för 2017 kommer sig av att det då pågick ett omfattande utbrott (4). Motsvarande siffra för vecka 34 var något lägre 2019 jämfört med de två tidigare insamlingsomgångarna under samma vecka (Tabell 1). I jämförelse med antal anmälda fall på månadsbasis vid låg- respektive högsäsong så ligger antalet anmälningar förhållandevis stabilt utom mars 2017 då det ovan nämnda nationella utbrottet pågick.

Andel isolat per insamlingsomgång som varit en del av ett kluster med två eller fler isolat är ett annat sätt att mäta diversitet på (Tabell 1). Överlag syns en överensstämmelse mellan diversitetsindex och andel isolat i kluster där perioder med hög andel isolat i kluster också ger ett lägre diversitetsindex (Tabell 1). Andelen humanfall som klustrade med andra humanfall från vecka 34 2019 var 54

procent. Dessa fördelade sig i nio olika kluster med 2-12 isolat i varje. Majoriteten av dessa kluster (80 procent) hade isolat från flera olika regioner, vilket tyder på smittkällor som spritts i landet.

Tabell 1. Diversitetsindex och andel som klustrar med avseende på humanisolat.

	Simpsons Diversitetsindex*	Andel som klustrar**	Anmälda fall/månad***
Mars (v 11) 2017	0,321	89%	659
Mars (v 11) 2018	0,737	48%	124
Mars (v 11) 2019	0,987	20%	124
Augusti (v 34) 2017	0,938	39%	650
Augusti (v 34) 2018	0,931	44%	613
Augusti (v 34) 2019	0,918	54%	654

* Ett lågt index tyder på att många av isolaten har samma ursprung medan ett högt, där 1 utgör det högsta, indikerar många olika källor. ** Andel av humanfallen som klustrar med andra humanfall under samma provtagningsperiod med två eller fler isolat. ***Antal anmälda inhemska fall rapporterade på månadsbasis, mars respektive augusti.

Isolat från kycklingkött från butik

Under vecka 31-33 2019 införskaffades 100 prover av färskt kycklingkött från 40 olika butiker i Stockholm- och Uppsalaregionen (3). Provinsamlingen syftade till en jämn fördelning av proverna i kategorierna ekologisk kyckling, utländsk kyckling, svensk konventionellt uppfödd kyckling från slakteri F38 och övrig svensk konventionell kyckling. Vid tidigare butiksstudier som genomförts på Livsmedelsverket (4, 5) har fördelningen av antal prover i de olika kategorierna varit mer jämn. Under 2019 var det problematiskt att hitta utländsk kyckling i butikerna varför antal prov i denna kategori var lägre än i övriga kategorier.

Av de 100 provtagna kycklingprodukterna var 51 positiva för campylobacter (Tabell 2) (3). På grund av problem med kontamination kunde två isolat från kategorin utländsk kyckling inte renodlas och typas, varför resultat för endast 49 isolat från kyckling kunde erhållas. Ett isolat från utländsk kyckling identifierades som *C. coli*, övriga isolat (n=48) identifierades som *C. jejuni*.

Tabell 2. Fördelning av antalet kycklingprover som analyserats med avseende på kategori samt antal och andel positiva prover.

	Slakteri F38	Övrig svensk konv.	Ekologisk	Utländsk	Totalt
Totalt antal provtagna produkter	29	28	29	14	100
Antal positiva prover och andel (%)	20 (69)	5 (18)	18 (62)	8 (57)	51 (51)

Sekvenstyper (ST) kycklingköttisolat

De 48 C. jejuni-isolaten typades till 16 olika ST (Figur 1). Vanligast förekommande var ST-45 (n=17) där isolaten härrörde från tre svenska slakterier (F21, F38 och SE6466). ST-257 var den näst vanligaste sekvenstypen med åtta isolat. Isolaten inom ST-257 kom från samma slakteri (F38). Övriga isolat fördelade sig i ST om 1-3 isolat.

Klusteranalys inom ST för kycklingköttisolat vecka 31-33

Bland kycklingköttisolaten återfanns kluster inom ST-42, ST-45, ST-148, ST-257, ST-267 och ST-2229. Antal isolat inom dessa kluster varierade från 2 – 6 stycken.

Flest kycklingköttisolat klustrade inom ST-45, där 14 av 17 kycklingköttisolat med denna ST fördelade sig i fyra kluster med 2, 2, 4 och 6 isolat i varje kluster. Varje kluster var representerat med kycklingköttisolat från samma slakteri; F38, F21, SE6466 och F38 respektive.

Näst flest kycklingköttisolat klustrade inom ST-257, där 7 av 8 kycklingköttisolat med denna ST fördelade sig i två kluster med 3 respektive 4 isolat i varje kluster. Alla isolat härstammade från F38.

Jämförande klusteranalys human- och kycklingköttisolat, augusti 2019

Vid klusteranalys inom ST med isolat från både human och kycklingkött kunde totalt åtta genetiska kluster detekteras inom sex olika ST (Tabell 3). Andelen humanisolat från vecka 34 som klustrade med kycklingköttisolat var 33 procent, fallen kom från 14 av de 18 representerade regionerna. De kycklingköttisolat som humanfallen klustrade med härstammade från slakteri F38 (69 procent), övrig svensk konventionell kyckling (19 procent) och ekologisk kyckling (12 procent).

Tabell 3. Detekterade kluster med både human- och kycklingköttisolat.

ST	Antal humanisolat vecka 34	Antal insändande regioner	Antal kycklingköttisolat
ST-19	3	3	1
ST-42	1	1	3
ST-45	1	1	1
ST-148	6	5	2
ST-257 #1	2	2	1
ST-257 #2	14	10	3
ST-257 #3	9	5	4
ST-9198	1	1	1

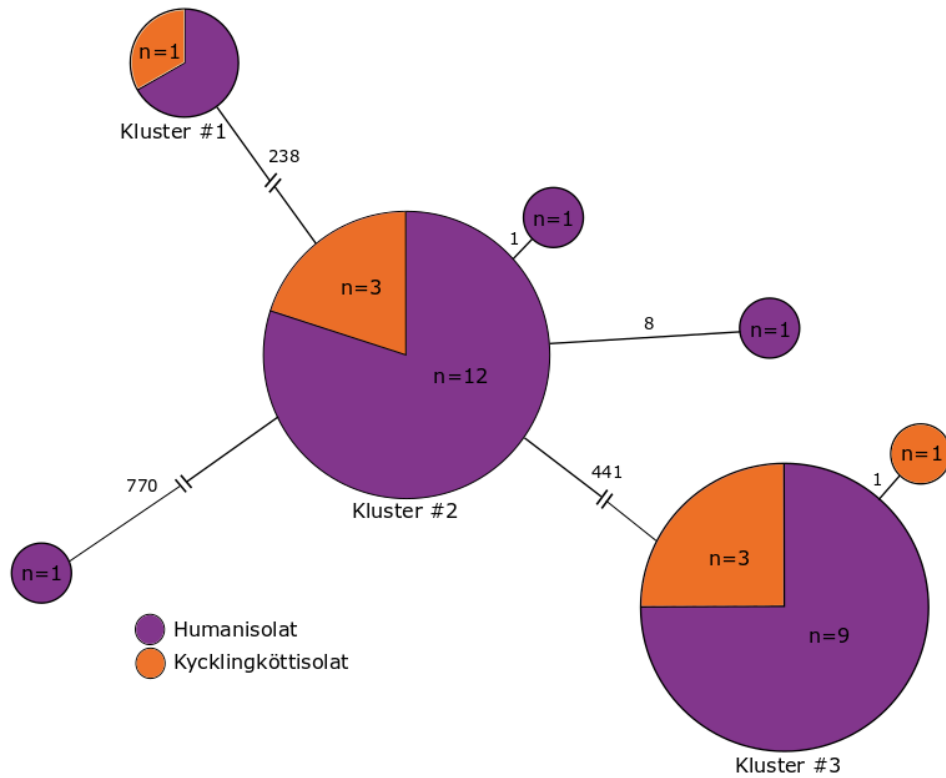
Flest prov klustrade inom ST-257 (humanisolat n = 25 kycklingköttisolat n = 8), där tre tydliga kluster kunde identifieras. Alla isolat som typades till ST-257 sammanföll i något av dessa tre kluster (Figur 2). Ett avvikande isolat har inkluderats som referens i figuren, detta isolat kom från ett fall som smittats utomlands. Isolatet skiljer sig med >700 SNP från de inhemska stammarna, vilket är ett högt antal vid SNP-analys inom denna ST i förhållande till inhemska isolat. Humanisolaten var inskickade från 13 olika regioner och kycklingköttisolaten härrörde från ett slakteri (F38). Den parvisa skillnaden inom respektive kluster var 0-1 SNP utom för ett isolat skiljde sig något (8 SNP). ST-257 har identifierats vid flera tidigare tillfällen, dels i samband med vinterutbrottet 2015 (8), dels inom det nationella mikrobiologiska övervakningsprogrammet 2018 och dessutom i kycklingkött från butik 2018 (5).

ST-148 var det enda kluster där isolat från både insamlingsvecka 11 och 34 klustrade med kycklingköttisolat under 2019. Vid jämförelse mot isolat som ingick i en utbrottsutredning 2018 sågs 0-5 SNP skillnad mellan dåvarande utbrottsstam och human- och kycklingköttisolaten från 2019 (Figur 3). Utbrottsstammen från 2018 kopplades till ett kläckeri (9). Som jämförelse inkluderades även ett avvikande isolat i figuren som skiljer sig med >1000 SNP mot utbrottsstammen. Detta isolat var från ett fall som smittats utomlands.

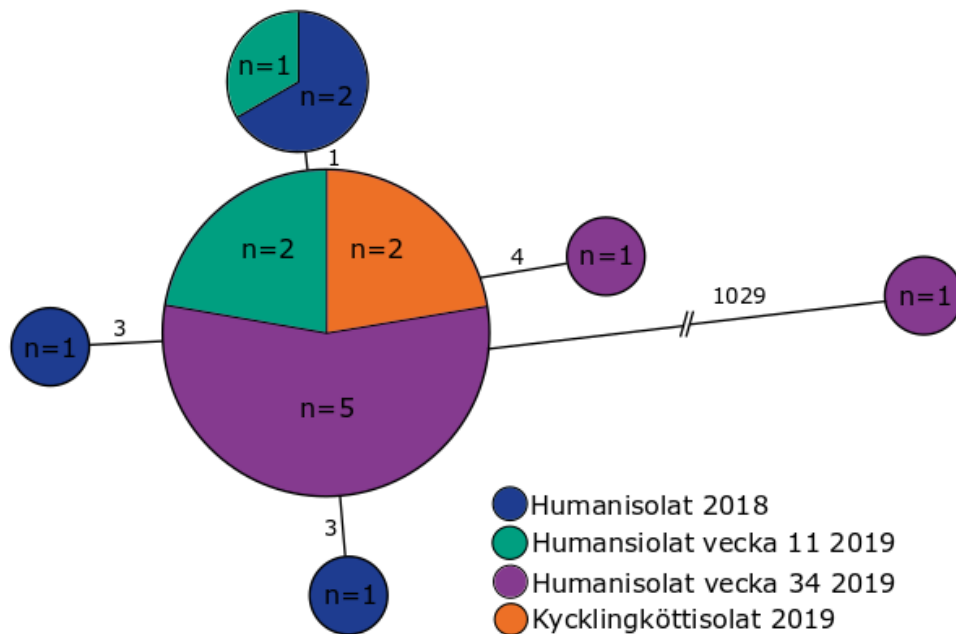
Den vanligaste identifierade sekvenstypen hos isolat från kyckling köpt i butik var ST-45 (17 isolat), där isolaten härstammade från slakteri F38 (53 procent), ekologisk kyckling (29 procent) och övrig svensk konventionell kyckling (18 procent). Ett av dessa isolat från F38 var genetiskt väldigt likt ett humanisolat. Resterande kycklingköttisolat inom ST-45 bestod både av unika stammar och mindre kluster.

Övriga ST som identifierades hos både human- och kycklingköttisolat men där isolaten inte klustrade var ST-48, ST-50, ST-267, ST356, ST-883, ST-2100 och ST-2274.

Figur 2. SNP-analys med minimum spanning tree inom ST-257. Antalet SNP redovisas som siffror i figuren, en del av SNP:arna utgjordes av mindre rekombinationshändelser. Längden på grenarna är inte proportionerligt till det evolutionära avståndet mellan isolaten. Isolat från patient smittad utomlands ses längst ner till vänster.



Figur 3. SNP-analys med minimum spanning tree inom ST-148. Antalet SNP redovisas som siffror i figuren, en del av SNP:arna utgjordes av mindre rekombinationshändelser. Längden på grenarna är inte proportionerligt till det evolutionära avståndet mellan isolaten. Isolat från patient smittad utomlands ses längst till höger.



Diskussion

Undersökningen av förekomst av campylobacter hos kyckling köpt i butik under vecka 31-33 2019 visade att 51 procent av de provtagna produkterna var positiva för campylobacter. Detta kan jämföras med tidigare års undersökningar där andelen positiva var 61 procent 2018 och 50 procent 2017 (4, 5).

Av de inkomna human- och kycklingköttisolaten typades majoriteten (98 procent) till C. jejuni. Andelen laboratorier som skickade in humanisolat var hög både för vecka 11 och vecka 34 vilket således innebar en god geografisk täckning av sjukdomsfallen.

Typning med helgenomsekvensering visade att över hälften av humanisolaten klustrade med ett eller fler andra isolat under högsäsong medan denna andel var avsevärt lägre (20 procent) under lågsäsong. Att mäta hur stor andel av isolaten som befinner sig i kluster samt beräkna diversitetsindex ger indikationer på karaktären av smittrycket av campylobacter under respektive insamlingsomgång. Om få isolat befinner sig i kluster och diversiteten är låg ger det en fingervisning om att de smittkällor som funnits under perioden varit färre men att dessa har påverkat en större andel av de smittade. Motsvarande, om diversiteten är hög och många isolat är unika och inte befinner sig i kluster pekar det i stället på många olika unika smittkällor med begränsad spridning. Smittkällor kan vara lokala, på till exempel en restaurang, då sjukdomsfall rapporteras enbart från en specifik region. En smittkälla kan också ha nationell spridning, ett livsmedel som finns till försäljning i hela eller stora delar av Sverige. Under 2019 innefattade samtliga humankluster isolat från olika regioner, vilket tyder på en gemensam smittkälla med bred geografisk distribution. Detta var framför allt tydligt från resultaten vid högsäsong.

Vid jämförelserna av isolat från färskt kycklingkött visades att en tredjedel av humanisolaten under högsäsong var nära besläktade med dessa. Det är samma nivå som sågs 2017 och 2018 (4, 5).

Inhemska produktion står för ungefär två tredjedelar av marknaden för kycklingkött i Sverige och sannolikt en betydligt större del än så vad gäller färskt kycklingkött från butik. Av den inhemska produktionen uppgår marknadsandelen för slakteri F38 till ungefär hälften medan andelen ekologisk kyckling som säljs ligger på under en procent. Den absoluta merparten av sjukdomsfallen med anknytning till kyckling förknippades med svensk konventionellt uppfödd kyckling, framför allt till produkter från F38. Ekologisk kyckling kunde kopplas till ett fåtal sjukdomsfall medan utländsk kyckling inte var förknippad med ett enda sjukdomsfall. Den vanligaste typen bland humanisolaten var ST-257 (25 isolat). Isolaten från kycklingkött med denna sekvenstyp (8 isolat) klustrade med humanisolaten och samtliga kom från slakteri F38. ST-257 orsakade ett stort vinterutbrott 2015 (8), där mikrobiologiska analyser pekade på att slakteriet F38 utgjorde källan. Klusteranalys mellan isolaten från insamlingen 2019 och de isolat som identifierades under utbrottet 2015 visar att de är så pass genetiskt lika att det talar

för att denna typ är etablerad i kycklingproduktionen och att den också återkommande orsakar sjukdom hos människa. Orsaken till att den etablerat sig kan vara att den har egenskaper som gör att den har en god förmåga att överleva i produktionsmiljön.

Fyra humanisolat typades till ST-918. Denna ST låg bakom det stora utbrottet 2016-2017 (4) och kunde då påvisas i prover från den största producenten av färsk kyckling i Sverige, F38 (samma producent som låg bakom utbrottet 2015). Två av isolaten från 2019 klustrade med utbrottsstammen. Precis som ST-257 så ses även denna ST återkomma över flera år, det vill säga att den har en förmåga att överleva i kycklingproduktionen och fortsatt kan orsaka sjukdom hos människa.

Under hösten 2018 pågick ett utbrott med ST-148. Bland årets prover identifierades ST-148 bland humanisolat både från vecka 11, vecka 34 samt från färsk kyckling från butik. Alla isolat klustrade med utbrottsstammen från 2018 (n=11), vilket leder till misstanke om att även denna stam av ST-148 finns kvar i produktionskedjan. Utbrottet under hösten 2018 kopplades till ett kläckeri som levererat kycklingar till tre olika slakterier där utbrottsstammen påvisades.

Det är intressant att de stammar som fått fäste i ett slakteri återkommande även identifieras hos sjuka individer. Skillnaderna i arvsmassan från dessa isolat är liten, det vill säga de är genetiskt mycket lika även om det gått flera år mellan provtagningarna. I de fall där isolat från patienter smittade utomlands typats inom samma ST skiljer sig dessa isolat avsevärt från de inhemska isolaten. Sammantaget understryker detta betydelsen av att i detalj utreda var i produktionen dessa återkommande campylobacterstammar når kycklingen för att förhindra fortsatt spridning och ohälsa.

Urvalet av det undersökta kycklingköttet var begränsat till 100 prover, och en stor del av proverna tillhörde kategorierna ekologiskt uppfödd kyckling eller utländsk kyckling. Dessa två kategorier utgör endast en bråkdel av det utbud som finns i affären. Därtill var kycklingköttet införskaffat i en begränsad del av Sverige, medan isolat från sjukdomsfall var från hela Sverige. Om insamlingen av kycklingkött skulle pågå under en längre tid med prover från hela landet, samt med större fokus på svensk konventionellt uppfödd kyckling, skulle troligtvis en större andel än en tredjedel av sjukdomsfallen som denna studie visar kunna kopplas till kyckling.

Resultaten i denna rapport tydliggör att en reduktion av campylobacterförekomsten i svensk kycklingproduktion skulle ha en direkt effekt på antalet personer som drabbas av campylobacterinfektion.

Referenser

1. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/mikrobiologi-laboratorieanalyser/mikrobiella-och-immunologiska-overvakningsprogram/overvakning-av-campylobacter/>
2. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/folkhalsorapportering-statistik/statistik-a-o/sjukdomsstatistik/campylobacterinfektion/>
3. <https://www.livsmedelsverket.se/bestall-ladda-ner-material/sok-publikationer/artiklar/2020/l-2020-nr-12-campylobacter-i-farsk-kyckling-fran-butik>
4. <https://www.livsmedelsverket.se/globalassets/publikationsdatabas/rapporter/2018/campylobacter-fran-butik-och-klinik-livsmedelsverkets-rapportserie-nr-10-2018.pdf>
5. <https://www.livsmedelsverket.se/globalassets/publikationsdatabas/rapporter/2019/s-2019-nr-01-campylobacter-fran-butik-och-klinik-livsmedelsverkets-rapportserie-s.pdf>
6. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/contentassets/bc4b2a860df24cec84568829414f6cd6/typningsresultat-campylobacter-vecka-11-2017.pdf>
7. <http://www.comparingpartitions.info/?link=Home>
8. <https://www.folkhalsomyndigheten.se/folkhalsorapportering-statistik/statistik-a-o/sjukdomsstatistik/campylobacterinfektion/arsrapporter-och-kommentarer/2015/>
9. Sid 26, [Surveillance of infectious disease in animals and humans in Sweden 2018](#)

Folkhälsomyndigheten är en nationell kunskapsmyndighet som arbetar för en bättre folkhälsa. Det gör myndigheten genom att utveckla och stödja samhällets arbete med att främja hälsa, förebygga ohälsa och skydda mot hälsopotentialer. Vår vision är en folkhälsa som stärker samhällets utveckling.



Folkhälsomyndigheten

Solna Nobels väg 18, 171 82 Solna. **Östersund** Forskarens väg 3. Box 505, 831 26 Östersund.

www.folkhalsomyndigheten.se