



Yersinia spp. – Situation in der Schweiz

Signal Report

ADURA F-2019-033

- Die Yersiniose, die in den meisten Fällen (98,7 %) durch *Y. enterocolitica* verursacht wird, war im Jahr 2022 die dritthäufigste gemeldete lebensmittelbedingte bakterielle Magen-Darm-Infektion beim Menschen in der Europäischen Union (EU) [1].
- Dies entspricht 7'919 (2022) bestätigten Fällen, was einer Inzidenz von 2,2 pro 100.000 Einwohner/Jahr entspricht. Damit ist die Yersiniose etwa 10-mal seltener als die Salmonellose [3].
- In der Schweiz ist die Yersiniose seit 1999 nicht mehr meldepflichtig.
- Englische Analysen deuten auf höhere Fallzahlen als bisher angenommen hin, mit Veränderungen in der saisonalen und altersspezifischen Verteilung.
- Die EU berichtet dagegen über keinen signifikanten Trend (Zunahme oder Abnahme) zwischen 2018 und 2022.
- *Y. enterocolitica* wurde in der Schweiz aus 32 % der tierischen und 25 % der pflanzlichen Risiko-Lebensmittel isoliert.
- WGS-Analysen von Isolaten aus der Schweiz (2019-2023) haben humane *Y. enterocolitica*-Stämme mit 100 tierischen und 100 pflanzlichen Lebensmitteln verglichen.
- Der als nicht pathogen beschriebene Biotyp 1A wird am zweithäufigsten aus klinischen Proben isoliert und ist auch am häufigsten in Lebensmitteln zu finden.
- Es wurde eine genetische Verwandtschaft zwischen drei humanen und tierischen *Y. enterocolitica*-Stämmen (Biotyp 4, Serotyp O:3 ST18 und Biotyp 1A) festgestellt, jedoch keine Verwandtschaft mit pflanzlichen Isolaten.

Einleitung

Bakterien der Gattung *Yersinia* sind fakultativ anaerobe, gramnegative, kurze Stäbchen, die zu den Enterobacterales gehören [4]. Man unterscheidet derzeit 18 Spezies, von denen insbesondere *Yersinia (Y.) pestis*, *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* humanpathogen sind [4]. Nachfolgend wird nur noch auf *Y. enterocolitica* eingegangen.

Yersinia enterocolitica ist ein psychrotropher, lebensmittelbedingter Krankheitserreger. Er wird in sechs Biotypen (BT) (1A, 1B, 2–5) und über 60 Serotypen eingeteilt. Der hochpathogene Biotyp 1B (v. a. 1B-O:8) ist selten, während klinische Isolate meist zu den Biotypen 2, 3 und 4 gehören [4]. Biotyp 1A gilt als nicht-pathogen, kann aber bei Immungeschwächten Infektionen verursachen [13]. In Europa dominieren die Serovare O:3, O:9 und O:5,27. Der häufigste Erreger der Yersiniose ist Bioserovar 4/O:3 (ca. 90%), gefolgt von 2/O:9 (ca. 7%) [4].

Das Hauptreservoir sind Mastschweine. Das Bakterium wurde aus Fleisch, Austern, Fisch und Rohmilch aber auch aus Bodenproben isoliert. Bei Mastschweinen sind Zunge, Rachen und Rektum

besonders stark mit *Y. enterocolitica* besiedelt. Bei Schweinen ist *Y. enterocolitica* asymptomatisch.

Infektionen des Menschen sind meist lebensmittelbedingt. Die Erreger können sich auch bei niedrigen Umgebungstemperaturen (Kühlschranktemperatur) und unter mikroaerophilen Bedingungen vermehren [4]. Wichtige Risikofaktoren für sporadische Infektionen mit *Y. enterocolitica* sind der Verzehr von rohem bzw. nicht ausreichend gegartem Schweinefleisch.

Häufige Symptome lebensmittelbedingter Infektionen sind Durchfall, Bauchschmerzen und Fieber, aber auch Folgeerscheinungen wie Gelenkschmerzen (reaktive Arthritis) und Hautausschlag (*Erythema nodosum*) sind nicht ungewöhnlich [8].

In Deutschland und in Europa ist die Zahl an Erkrankungsfällen durch Yersinien in den vergangenen Jahren gestiegen. Die Daten der amtlichen Lebensmittelüberwachung in Deutschland belegen vor allem das Vorkommen von *Y. enterocolitica* in rohem Schweinefleisch. Europaweit wurden ebenfalls rohverzehre pflanzliche Lebensmittel als Infektionsquelle identifiziert [12].

Problemstellung

Neue Analysen in England zeigen eine höhere *Yersiniose*-Inzidenz als angenommen, mit vielen nicht diagnostizierten Fällen. Die Epidemiologie verändert sich zudem zeitlich, saisonal und altersabhängig [5]. Diese sich verändernde Epidemiologie könnte auf sich verändernde Infektionsquellen und die Notwendigkeit der Überwachung und weiterer Untersuchungen hinweisen, um genauere Bekämpfungsmassnahmen einleiten zu können.

Die *Yersiniose* ist in der Schweiz seit 13.1.1999 nicht (mehr) meldepflichtig.

Das Nationale Zentrum für Enteropathogene (NENT), der Universität Zürich (Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene) erhält weiterhin Humanisolate. Einige Labore schicken dem NENT ihre isolierten *Yersinien*-Stämme zum Typisieren. Die Zahl der *Yersiniosen* scheint dabei in den letzten Jahren zuzunehmen (Abb. 1). Inwieweit dies der tatsächlichen Situation entspricht, ist nicht bekannt [7].

In einer Studie von Fredriksson-Ahomaa M. et al. (2011) wurden 128 *Y. enterocolitica*-Stämme charakterisiert, die zwischen 2001 und 2010 aus klinischen Proben von Menschen in der Schweiz isoliert wurden. Die meisten der seinerzeit charakterisierten Stämme (75 von 128) gehörten zu den Biotypen 2, 3 oder 4 und trugen das *ail*-Gen, ein chromosomaler Virulenzmarker [2].

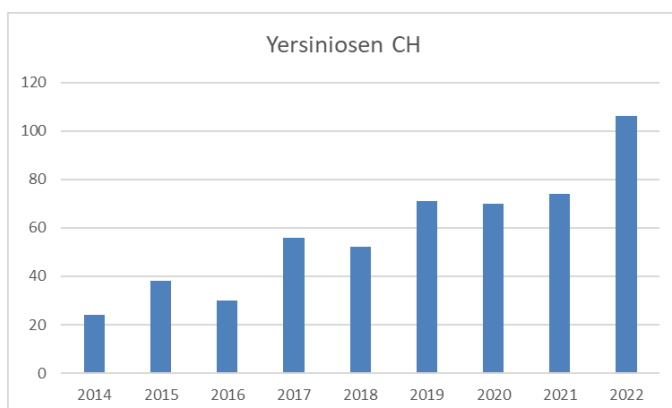


Abb. 1 Dem NENT übermittelte humane Isolate [7].

In der Zeitperiode 2007 – 2021 wurde dem BLV ein Ausbruch gemeldet, welcher auf *Yersinia* spp. zurückgeführt werden konnte [6], 2023 ein weiterer Ausbruch, bei dem 4 Personen erkrankten, wobei eine Person hospitalisiert wurde [11].

Aktivitäten

¹ Bei cgMLST werden sehr eng verwandte Genome zu einem Clustertypen (CT) zusammengefasst.

Der Sachverhalt wurde in den verschiedenen Gremien der Früherkennung diskutiert.

Bewertung der Früherkennung

Die Gremien der Früherkennung des BLV kamen zum Schluss, dass die Datenlage in der Schweiz keine abschliessende Beurteilung zulässt. Weitergehende Abklärungen wurden angeregt.

Das Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene der Universität Zürich wurde in der Folge beauftragt eine Sondierungsstudie durchzuführen, um Erkenntnisse zu gewinnen,

- wie sich die Situation der *Yersiniosen* in der Schweiz präsentiert;
- welche Sero- respektive Biovare bei humanen Fällen vorkommen und ob diese übereinstimmen;
- ob *Yersinia* spp. in Risiko-Lebensmitteln (tierisch, pflanzlich) in der Schweiz vorkommen und
- ob diese mit humanen Fällen in Verbindung stehen.

In zwei Arbeitspaketen wurden die offenen Fragen beantwortet: Im ersten Arbeitspaket erfolgte eine retrospektive Analyse ausgewählter Isolate der letzten Jahre von Humanfällen und, soweit verfügbar, von Lebensmitteln. Im zweiten Arbeitspaket wurde eine Studie zur Prävalenz von *Yersinia* spp. in Risikolebensmitteln durchgeführt [9].

Ergebnisse

Humane *Y. enterocolitica* -Stämme der Biotypen/Serogruppen 1A, O3 und O9, die in den Jahren 2019 bis 2023 in der Schweiz von menschlichen Patienten isoliert wurden, wurden mittels Gesamtgenomanalysen (WGS) und Antibiotikaresistenzprofilen charakterisiert.

Die meisten Isolate (66/149, 44 %) gehörten zu BT 4 und dem Serotyp O:3. Insgesamt 50/149 (34 %) der Isolate waren BT 1A, gefolgt von BT 2/O:9 (31/149; 21 %) und BT 3/O:3 (2/149, 1 %). Von den 149 Isolaten stammten 128 (86 %) aus Stuhlproben, acht von 149 (5 %) aus Blutkulturen und 13 von 149 (9 %) aus unbekannt klinischen Proben. 52 % der Isolate stammten von männlichen Patienten. Das Durchschnittsalter der Patientinnen und Patienten betrug 28 Jahre (< 1 - 94 Jahre) [9].

Multilocus-Sequenztypisierung (MLST) und core genome MLST (cgMLST¹) Analysen zeigen eine hohe Diversität bei BT 1A, während BT 2/O:9 (Sequenztyp ST12) eng clustert. BT 4/O:3 (meist

ST18) ist variabler, mit zwei klonalen Subpopulationen, die weit verbreitet sind [9].

Tierische Risikolebensmittel: Das Vorkommen und die genomische Vielfalt von *Yersinia enterocolitica* aus 100 Schweinefleischproben (Schweizer Fleisch; gekühlte Produkte; erhoben März-April 2024), von sechs Schweizer Einzelhandelsunternehmen wurden analysiert [13].

Insgesamt wurden 32 % von 100 Proben, nach Anreicherung, positiv auf *Y. enterocolitica* getestet. In zwei Proben (Cipollata, Schweinsgeschnetzeltes) wurden *Y. enterocolitica* auch quantitativ nachgewiesen (jeweils 20 KBE/g). Die WGS-Analyse zeigte, basierend auf einer cgMLST Analyse, eine hohe genetische Diversität. Nur 3 der 32 Stämme gehörten zum Biotyp 4, Serotyp O:3 ST18 der am häufigsten vorkommende "pathogene" Subtyp, der mit klinischen Fällen in der Schweiz in Verbindung gebracht wird. Die anderen Stämme (n=17) wurden als Biotyp 1A charakterisiert [13].

Nur die drei Biotyp 4 Serotyp O:3 Stämme trugen das *ail*-Gen, das für ein Protein des Attachment-Invasion-Locus kodiert, was der wichtigste Virulenzfaktor ist. Zudem fielen diese drei Isolate in zwei Subcluster mit humanen klinischen Stämmen, die in den vergangenen Jahren in der Schweiz isoliert wurden [13].

Pflanzliche Risikolebensmittel: Eine Stichprobe von 100 Gemüseprodukten (21 Kräuter und 79 Salate), die im April 2024 im Schweizer Detailhandel eingekauft wurden, war Gegenstand der Untersuchung. 33 Produkte stammten aus der Schweiz und 62 wurden importiert. 5 hatten keine Herkunftsangabe. Insgesamt wurden 25 (25 %) von 100 Proben nach Anreicherung positiv auf *Y. enterocolitica* getestet (in 24 von 79 Salaten; in 1 von 21 frischen Kräutern) [14]. In keiner der Proben wurde *Y. enterocolitica* quantitativ nachgewiesen.

Die WGS-Analyse zeigte, basierend auf einer cgMLST Analyse, auch bei den pflanzlichen Lebensmitteln eine hohe genetische Diversität. Alle Isolate gehörten zum Biotyp 1A. Es gab keine verwandtschaftlichen Beziehungen (Cluster) von Lebensmittelisolaten und humanen klinischen Isolaten aus früheren Jahren in der Schweiz.

Schlussfolgerungen

Die Frage nach der tatsächlichen Zahl der Betroffenen in der Schweiz ist nicht bekannt. Ob die Zahl der humanen Fälle zunimmt, kann nicht abschliessend beantwortet werden, ebenso wenig ob sich

Veränderungen im Zeitverlauf und Unterschiede in der saisonalen und altersmässigen Verteilung der Fälle auch in der Schweiz zeigen.

Die in England vermutete generelle Untererfassung der Yersiniosen [5] kann für Deutschland mit den vorliegenden Daten nicht bestätigt werden [12]. Auffällig ist jedoch, dass trotz der ansteigenden Fallzahlen in den letzten Jahren nur Ausbrüche mit wenigen Erkrankungsfällen, häufig in Privathaushalten, berichtet wurden [12].

Auffallend ist auch, dass *Y. enterocolitica* Biotyp 1A, derjenige Biovar ist, der in der Schweiz am zweithäufigsten (europaweit sonst BT 2/O:9) aus klinischen Proben vom Menschen isoliert wird. Stämme, die zum Biotyp 1A gehören, galten lange Zeit als nicht-pathogen. Diese Sichtweise beginnt sich aufgrund neuer Erkenntnisse über das toxische Potenzial dieser Bakterien zu ändern [10]. Ein Ausbruch mit BT 1A wurde 2024 in Australien in Zusammenhang mit einem Milch-Shake berichtet. Die Symptome waren mild und betrafen ältere Personen einer Einrichtung zur stationären Altenpflege [15]. Die Autorinnen und Autoren schlussfolgerten, dass *Y. enterocolitica* Biotyp 1A für den Menschen pathogen sein kann [15].

Bei der Analyse der Isolate aus tierischen Lebensmitteln fällt auf, dass nur 3/32 Isolate dem BT 4/O:3, zuzuordnen sind, dagegen die Mehrzahl der Isolate (17/32, 53%) zum Biotyp 1A gehören. Auffallend ist, dass bei den Isolaten die 2024 aus tierischen Lebensmitteln isoliert wurden, Cluster mit humanen Isolaten auftraten, obwohl diese klinischen Isolate zwischen 2019-2023 isoliert worden waren [16].

Bei den pflanzlichen Lebensmitteln zeigte sich ebenfalls eine Dominanz des Biotyp 1A.

Literatur

- [1] EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), (2023). The European Union One Health 2022 Zoonoses Report. EFSA Journal, 21(12), e8442. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8442>
- [2] Fredriksson-Ahomaa, M., Cernela, N., Hächler, H. et al. *Yersinia enterocolitica* strains associated with human infections in Switzerland 2001–2010. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 31, 1543–1550 (2012). <https://doi.org/10.1007/s10096-011-1476-7>
- [3] ECDC, [Salmonellosis Annual Epidemiological Report for 2021](#) (31.07. 2024)
- [4] Robert Koch Institut, [RKI-Ratgeber](#), Yersiniose, Stand: 10.01.2019 (31.07. 2024)

- [5] Šumilo Dana, Love Nicola K, Manuel Rohini, Dabke Girija, Paranthaman Karthik, Jenkins Claire, McCarthy Noel D. Forgotten but not gone: *Yersinia* infections in England, 1975 to 2020. Euro Surveill. 2023;28(14):pii=2200516. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.14.2200516>.
- [6] Lüthi, T., Fridez, F. Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche in der Schweiz von 2007 bis 2021. J Consum Prot Food Saf (2023). <https://doi.org/10.1007/s00003-023-01442-z>
- [7] J. Horlbog, NENT, pers. Mitteilung (15.09.2023)
- [8] Nesbakken, T., 2021, *Yersinia*, in: Glenn Morris, G. and Vugia, D.J. (Eds.), Foodborne infection and intoxications, Elsevier, Norfolk, pp. 187-199
- [9] Marc J.A. Stevens, Jule Anna Horlbog, Andrea Diethelm, Roger Stephan, Magdalena Nüesch-Inderbilen, Characteristics and comparative genome analysis of *Yersinia enterocolitica* and related species associated with human infections in Switzerland 2019–2023, Infection, Genetics and Evolution, Volume 123, 2024, 105652, ISSN 1567-1348, <https://doi.org/10.1016/j.meeqid.2024.105652>
- [10] Platt-Samoraj A. Toxigenic Properties of *Yersinia enterocolitica* Biotype 1A. Toxins (Basel). 2022 Feb 5;14(2):118. doi: 10.3390/toxins14020118. PMID: 35202145; PMCID: PMC8877543.
- [11] Bericht zur Überwachung von Zoonosen und lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen, Daten 2023, Bundesamt für Lebensmittelsicherheit (BLV) und Bundesamt für Gesundheit (BAG), Juli 2024 (29.07.2024)
- [12] Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL), Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche durch *Yersinia* spp., BeoWarn-Bericht, Juli (2024), unveröffentlicht
- [13] Barmettler K., Kelbert L., Boss S., Stephan R. Vorkommen und Charakteristika von *Yersinia enterocolitica* in rohem Schweinefleisch aus dem Handel in der Schweiz. Eine Querschnittstudie. Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung, in press.
- [14] Kelbert L., Barmettler K., Stephan R. Vorkommen und Charakteristika von *Yersinia enterocolitica* in vorgeschnittenen, gewaschenen Salaten und frischen Kräutern aus dem Handel in der Schweiz – eine Querschnittstudie. Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung, in press .
- [15] Candice Colbran, Fiona May, Kate Alexander, Ian Hunter, Russell Stafford, Robert Bell, Anne Cowdry, Fiona Vosti, Sharon Jurd, Trudy Graham, Gino Micalizzi, Rikki Graham, Vicki Slinko. Yersiniosis outbreaks in Gold Coast residential aged care facilities linked to nutritionally-supplemented milkshakes, January–April 2023. Commun Dis Intell (2018) 2024;48 <https://doi.org/10.33321/cdi.2024.48.30>
- [16] Stevens M.J.A., Barmettler K., Kelbert L., et al., Genome based characterization of *Yersinia enterocolitica* from different food matrices in Switzerland in 2024, Infection, Genetics and Evolution (2024), <https://doi.org/10.1016/j.meeqid.2025.105719>