

POPULÄRVETENSKAPLIG SAMMANFATTNING (kan även bifogas som bilaga)

Organisationens namn Statens Veterinärmedicinska Anstalt
Projekttitel Högupplöst typning av bakteriella zoonoser för smittspårning vid humanfall och utbrott med misstänkt anknytning till djur (år 2)

Sammanfattning

Sjukdomar som sprids från djur till människor kallas zoonoser. Zoonoser kan vara både virus, parasiter och bakterier; några av de vanligare bakterierna som sprids från djur till människor är Salmonella, Campylobacter och EHEC. För att minska antalet människor som smittas med sådana sjukdomar är det viktigt att förstå var smittan kommer ifrån och hur den sprids. Om någon blivit sjuk av en viss typ av Salmonella kan det t.ex. vara värdefullt att veta vilken sorts djur i Sverige som just den typen lever i, och kanske mer detaljerat om det var när personen besökte en viss gård som han eller hon smittades. För att lösa den sortens problem behöver vi metoder för att skilja bakterier från varandra även om de är nära släkt, något som kallas "typning". Bakteriernas arvs massa, DNA, är ofta det enda man kan använda för att skilja dem åt. Man kan jämföra med hur DNA används i brottsutredningar för att knyta en gärningsman till en plats eller ett föremål; DNA används som ett "fingeravtryck".

Tidigare utgick man oftast från små delar av bakteriens arvs massa vid typningen, vilket ger en ofullständig bild. Med ny teknik som utvecklats snabbt det senaste decenniet kan vi istället utnyttja hela bakteriens arvs massa när vi jämför med andra bakterier, vilket ger en mycket bättre förmåga att skilja närbesläktade bakterier. Samtidigt blir analysen mer pålitlig eftersom vi har mer bevis att lita oss på ju mer DNA vi kan jämföra. Vi kan även jämföra våra resultat från typningen med andra myndigheter som Folkhälsomyndigheten, Livsmedelsverket och Totalförsvarets Forskningsinstitut, vilket är extra viktigt när det gäller smitta som sprids till människor där vi alltid måste samarbeta med andra myndigheter för att lyckas med smittspårningen.

I det här projektet har vi använt denna nya teknik för typning för att stötta arbetet med att spåra smitta från djur till människor under 2015 och 2016. Vi har arbetat med många olika bakterier baserat på vad som behövts och för att testa tekniken. Under 2015 analyserade vi EHEC-bakterier från en gård där besökare blivit sjuka, och Campylobacter från kycklingar efter att ovanligt många blivit magsjuka efter att de ätit kyckling. I båda fallen jobbade vi tillsammans med Folkhälsomyndigheten. 2015 var det också rekordår för harpest både bland djur och människor, och då analyserade vi Francisella från harar tillsammans med Totalförsvarets Forskningsinstitut som är experter på den bakterien. Under 2016 har vi analyserat Salmonella-bakterier från kycklingar och importerad salami för att reda ut hur mycket variation det finns bland en sorts salmonella som kallas "monofasisk", och studerat ett Salmonellautbrott bland vilda fåglar som smittade utekatter och barn under våren.

Sammantaget har den nya tekniken gett oss mycket ny kunskap om hur zoonotiska bakterier sprids bland djur och till människor, och vi har samtidigt blivit bättre på att använda den på många olika sorters bakterier och på att samarbeta med andra myndigheter i smittspårningsarbetet.