



Patogene *Escherichia coli* i spekepølser



RAPPORT 12/2022

Patogene *Escherichia coli* i spekepølser

Forfattere

Gro S. Johannessen, Marianne Økland, Lonny M. Kløvfjell og Camilla Sekse,
Veterinærinstituttet; Catherine Signe Svindland, Mattilsynet

Forslag til sitering

Johannessen, G et al. Patogene *Escherichia coli* i spekepølser. Veterinærinstituttet 2022.
© Veterinærinstituttet, kopiering tillatt når kilde gjengis

Kvalitetssikret av

Merete Hofshagen, Avdelingsdirektør - Dyrehelse, dyrevelferd og mattrygghet,
Veterinærinstituttet

Publisert

2022 på www.vetinst.no
ISSN 1890-3290 (elektronisk utgave)
© Veterinærinstituttet 2022

Oppdragsgiver eller Samarbeidspartner

Mattilsynet



Kolofon

Design omslag: Reine Linjer
Foto forside: Colourbox
www.vetinst.no

Innhold

Sammendrag	3
Summary.....	3
Bakgrunn	4
Materiale og metoder	5
Utvalg og prøveinnsendelse	5
Bakteriologiske undersøkelser	5
Resultater og vurderinger	7
Undersøkelse for genetiske markører	7
Forekomst og vurdering	7
Referanser	8

Sammendrag

Escherichia coli finnes i tarmen hos mennesker og varmblodige dyr og er som oftest ufarlige, men noen grupper av *E. coli* kan gi sykdom hos mennesker. Shigatoksin-produserende *E. coli* (STEC) er en av gruppene av sykdomsframkallende *E. coli*. Drøvtyggere, og særlig storfe, regnes som det viktigste reservoaret for STEC. Tidligere norske undersøkelser av storfe og sau har tydet på en lav forekomst av utvalgte STEC som er vanligst assosiert med sykdom. Det samme ble vist i en undersøkelse av kjøttdeig og kvernet kjøtt av storfe på det norske markedet. Mattilsynet initierte derfor en undersøkelse av STEC i norske spekepølser med innsamling av prøvemateriale i 2020 og påfølgende analyser i 2021.

Det ble samlet inn og analysert 137 prøver av norske spekepølser. Oppformerte prøver ble undersøkt for tilstedeværelse av de genetiske markørene *stx*₁, *stx*₂ og *eae*. Det ble utført isolering fra prøver som var positive for en eller flere av virulensmarkørene. Isolater som ble identifisert som STEC ble karakterisert videre med helgenomsekvensering.

Det ble kun isolert STEC fra én prøve. Denne ble karakterisert som STEC O76:H19 som inneholdt *stx*_{1c}, men som var *eae* negativ. I den første screeningen av oppformerte prøver ble markørene påvist i et fåtall av prøver. Resultatene fra denne undersøkelsen tyder på at forekomsten av STEC i norske spekepølser er lav. Selv om STEC kan forekomme, ble det i denne studien ikke isolert STEC som inneholdt virulensfaktorer assosiert med mest alvorlig sykdom. Det må bemerkes at det er analysert et relativt lite antall prøver. Siden denne typen produkter ikke er undersøkt tidligere, gir kartleggingen kunnskap til nytte for næring, myndigheter og kunnskapsinstitusjoner. Det er viktig å gjennomføre slike undersøkelser med jevne mellomrom for å fremskaffe oppdaterte norske data.

Summary

Escherichia coli is present in the gastro intestinal tract of humans and warm-blooded animals, and are usually harmless. However, some groups of *E. coli* may cause infections in humans. Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC) is one of the groups of pathogenic *E. coli*. Ruminants, in particular cattle, are assumed to be the main reservoir for STEC. The results from previous surveys of cattle and sheep in Norway for the occurrence of STEC of the serogroups most often associated with infection, have indicated a low occurrence. Similar results were observed in a survey of minced meat from cattle, on the Norwegian market. The Norwegian Food Safety Authority commissioned a survey of STEC in domestically produced fermented sausages. The samples were collected in 2020 with subsequent analysis in 2021.

A total of 137 samples of domestically produced fermented sausage were collected and analysed. Enriched samples were examined for the presence of the genetic markers *stx*₁, *stx*₂ and *eae*. Attempts of isolation were carried out from samples that were positive for one or more of the virulence markers. Isolates identified as STEC were further characterized using whole genome sequencing.

STEC was isolated from only one sample, and the isolate was characterized as STEC O76:H19 harbouring *stx*_{1c}, but did not carry *eae*. In the primary screening of enriched samples, only a few samples were positive for the virulence markers. The results from this study indicates that the occurrence of STEC in

Norwegian fermented sausages is low. Although STEC was isolated, none of the serogroups associated with severe infections were isolated. It must be taken into account that a low number of samples were analysed. Since this type of products has not been analysed previously, the present survey provides knowledge for the industry, authorities and knowledge institutions. It is important to carry out similar surveys regularly to generate updated Norwegian data.

Bakgrunn

Escherichia coli finnes i tarmen hos mennesker og varmblodige dyr og er som oftest ufarlige. Imidlertid finnes noen grupper av *E. coli* som kan gi sykdom hos mennesker. Shigatoksin-produserende *E. coli* (STEC) er av en av gruppene av sykdomsframkallende *E. coli*. STEC kan forårsake tarminfeksjon hos mennesker som kan variere fra ukomplisert diaré til mer alvorlig sykdom, særlig hos barn, i form av blodig diaré med mulighet for påfølgende nyresvikt (HUS) og eventuelt død [1, 2]. En annen gruppe *E. coli*, med mulig zoonotisk potensiale og som er beslektet med STEC, er atypiske enteropatogene *E. coli* (aEPEC).

I de senere årene har det vært rapportert en økning i antall tilfeller av STEC hos mennesker, og i 2019 ble det rapportert 511 tilfeller i Norge [3], mens det i 2020 ble rapportert 331 tilfeller [4]. Nedgangen i antallet tilfeller fra 2019 til 2020 skyldes i hovedsak nedgang i utenlandssmittede [4]. I 2020 var de vanligst meldte serogruppene O103 og O26 med 22 og 20 tilfeller av hver i Norge, mens «Andre» serogrupper utgjorde den største gruppen med ca 70 % av de meldte tilfellene [4].

Shigatoksin-gener (*stx*) er den viktigste virulensfaktoren hos STEC. Shigatoksinene deles inn i to hovedgrupper; *Stx1* og *Stx2*, som videre er inndelt i subtyper. Selv om alle STEC regnes som patogener, er det noen subtyper som er mer assosiert med alvorlig sykdom hos mennesker enn andre [1, 2]. Blant annet er tilstedeværelse av genet *stx_{2a}* oftere assosiert med HUS enn andre subtyper [2]. STEC kan inneholde flere virulensfaktorer, og særlig *eae* som koder for tilhefting til epitelceller i tarmen, er viktig.

Drøvtyggere, og spesielt storfe, regnes som det viktigste reservoaret for STEC. Mennesker kan bli syke av å spise mat som er forurenset med STEC. I 2006 hadde Norge et større utbrudd av STEC O103:H25 med 17 tilfeller av human sykdom som ble sporet til kontaminerte spekepølser [5, 6]. I etterkant av dette utbruddet ble det i 2007 utarbeidet en risikovurdering fra Vitenskapskomiteen for mattrygghet omkring STEC i den norske kjøttkjeden med vekt på spekepølser [7]. Kjøttbransjen har utarbeidet bransjeretningslinjer for trygg produksjon av spekevarer (oppdatert februar 2016) [8].

Siden 2006 har det blitt utført ulike kartlegginger av forekomst av zoonotiske *E. coli* i dyr og mat. En kartlegging av spesifikke serogrupper i sau (avføringsprøver samlet inn i 2006-2007) fant lav forekomst av de vanligste serogruppene assosiert med sykdom hos mennesker [9, 10]. I 2014 ble det samlet inn prøver fra storfe som ble analysert for spesifikke serogrupper, og det ble påvist lav forekomst av STEC av de undersøkte serogruppene [11]. Det ble også påvist lav forekomst av STEC av de undersøkte serogruppene i prøver av kjøttdeig og kvernet kjøtt fra storfe som ble samlet inn i 2017 [12]. Med bakgrunn i dette bestilte Mattilsynet i 2019 en kartlegging av patogener *E. coli* i norske spekepølser. Innsamling av prøvematerialet skulle foregå i 2020 med påfølgende analyser i 2021.

Materiale og metoder

Utvalg og prøveinnsendelse

Alle prøver ble tatt ut hos detaljist av Mattilsynet i 2020 i henhold til en uttaksplan basert på kriterier som sikret tilfeldig utvalg av prøver fra hele landet gjennom et helt år [13]. Prøvene skulle bestå av norskprodusert spekepølse, enten hel eller skivet. Prøvene ble oppbevart i kjøleskap fram til analysestart, og analyse av prøvene ble startet innenfor holdbarhetsdato.

Bakteriologiske undersøkelser

Undersøkelse for genetiske markører i oppformert materiale

Prøvene ble analysert som beskrevet i ISO TS 13136:2012 [14] med enkelte presiseringer. Fra hver prøve ble 25 g spekepølse blandet med bufret peptonvann (BPV-ISO, OXOID, ThermoFisher Scientific, UK), homogenisert og inkubert ved 37 °C i ca. 18 timer. Figur 1 viser trinnene i videre analyse.

Etter oppformering ble DNA ekstrahert fra oppformeringsbuljongen ved bruk av DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Hilden, Tyskland) i henhold til produsentens anvisninger. I tillegg ble det frosset ned tre rør med oppformeringsbuljong og 85% glyserol (3,3 ml buljong + 1,7 ml glyserol) ved -80 °C for videre isolering av bakterier. Prøvene ble analysert for tilstedeværelse av *stx*₁, *stx*₂ og *eae* gener som beskrevet i ISO TS 13136:2012. Primere og prober benyttet i kartleggingen er angitt i Tabell 1.

Tabell 1. Oversikt over primere og prober benyttet i kartleggingen.

Genetisk markør	Primere/prober	Sekvens (5' - 3')	Referanser
<i>stx</i> ₁ <i>stx</i> ₂	<i>stx</i> - F	TTT GTY ACT GTS ACA GCW GAA GCY TTA CG	[14, 15]
	<i>stx</i> - R	CCC CAG TTC ARW GTR AGR TCM ACR TC	
	<i>stx</i> ₁ -P	FAM-CTG GAT GAT CTC AGT GGG CGT TCT TAT GTA A-BHQ1	
	<i>stx</i> ₂ -P	HEX-TCG TCA GGC ACT GTC TGA AAC TGC TCC-BHQ1	
<i>eae</i>	<i>eae</i> - F	CAT TGA TCA GGA TTT TTC TGG TGA A	[14, 16]
	<i>eae</i> - R	CTC ATG CGG AAA TAG CCG TTA	
	<i>eae</i> - P	FAM-ATA GTC TCG CCA GTA TTC GCC ACC AAT ACC-TAMRA	

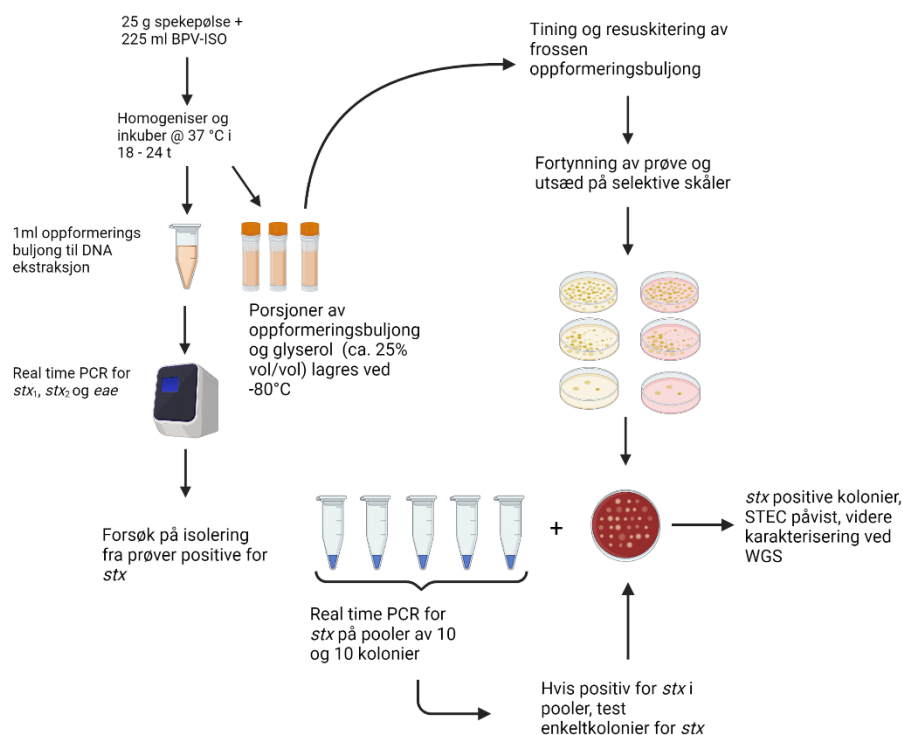
Isolering av bakterier

På bakgrunn av resultatene fra de innledende analysene for genetiske markører, ble det gått videre med isolering av STEC. Prøver positive for *stx*₁ og/eller *stx*₂ ble valgt ut for videre isolering.

Det ble tatt opp ett rør med frossen oppformeringsbuljong (frosset ved -80 °C) per prøve som skulle undersøkes videre. Rørene ble tint raskt i vannbad ved 50 °C til all is var borte (ca 2 min) [17]. Deretter stod rørene ca. 1 time i romtemperatur før 1 ml tint materiale ble overført til 9 ml fersk BPV-ISO og inkubert ved 37 °C i 2-3 timer. Prøvene ble fortynnet og deretter ble tre fortynninger fra hver prøve sådd ut på TBX og SMAC (begge OXOID, ThermoFisher Scientific, UK), til sammen seks skåler per prøve.

Etter inkubering (37 °C i 18-24 timer) ble skålene undersøkt for typiske og mistenkelige kolonier. Til sammen 50 kolonier ble plukket og punktinkulert på blodagar, og 10 og 10 kolonier ble slått sammen i pooler. Disse poolene ble testet for *stx*₁, *stx*₂ og *eae* genene. Kolonier fra *stx*-positive pooler ble deretter testet enkeltvis for de samme genene.

Et utvalg av kolonier som var positive for de ulike genene det ble testet for, ble rendyrket og tatt vare på for eventuell videre identifisering og karakterisering. Isolatene som ble tatt vare på ble verifisert som *E. coli* i MALDI Biotyper (MALDI-TOF, Bruker, Bremen, Tyskland).



Figur 1. Oversikt over analyseflyt i kartleggingen av patogene *E. coli* i spekepølser. Figuren er laget i BioRender.com.

Helgenomsekvensering og bioinformatisk analyse

E. coli isolater positive for *stx*₁ og/eller *stx*₂ ble karakterisert ved helgenomsekvensering. DNA fra renkultur av hvert isolat ble ekstrahert med QIAamp DNA Mini kit (Qiagen). Kvaliteten på det ekstraherte DNA ble sjekket, og sekvensering ble utført ved Veterinærinstituttet med bibliotekspreparering med Nextera DNA Flex (Illumina) og sekvensering på et Illumina MiSeq instrument (Illumina), noe som resulterte i 300 bp paired-end reads som rådata.

Det ble utført kvalitetssjekk på sekvensdataene, og disse ble videre analysert i Bifrost [18], en internt tilpasset pipeline for genomisk analyse av bakterieisolater. I tillegg ble dataene analysert i web-baserte

verktøy fra Center for Genomic Epidemiology (<http://www.genomicepidemiology.org/services/>) for karakterisering av serotype ved hjelp av SerotypeFinder 2.0, virulensgener; VirulenceFinder 2.0, MLST 2.0 (*Escherichia coli* #1) og resistensgener ved hjelp av ResFinder 4.1.

Resultater og vurderinger

I perioden fra midten av januar til slutten av desember 2020 ble det samlet inn 153 prøver av spekete produkter hvorav 137 prøver av norskprodusert spekepølse ble analysert for STEC. De resterende 16 prøvene var av feil prøvemateriale (spekeskinke) og ble ikke analysert.

Undersøkelse for genetiske markører

Tabell 2 viser oversikt over tilstedeværelse av genetiske markører (*stx*₁, *stx*₂ og *eae*) i prøvene. Resultatene benyttes som en indikator på om det i prøvematerialet kan være bakterier som inneholder de ulike markørene. Som tabell 2 viser, ble de genetiske markørene påvist kun i et fåtall av prøvene. Det var kun en prøve som inneholdt både *stx*- og *eae*-gener, og denne var også positiv for både *stx*₁ og *stx*₂. Det er ikke gitt at de påviste markørene sitter på DNA fra samme bakterie da markørgenene kan være tilstede i forskjellige bakterier eller som fritt DNA/bakteriofager. Påviste *stx* gener kan derfor ha ulike bakenforliggende årsaker, som tilstedeværelse av STEC, frie bakteriofager eller rester av genetisk materiale (for eksempel døde bakterier). Siden PCR påviser genetisk materiale generelt i prøvene og ikke nødvendigvis i bakteriene, er det nødvendig å undersøke om de genetiske markørene er tilstede i levende *E. coli* for å kunne si noe om forekomst av potensielt sykdomsframkallende *E. coli*.

Tabell 2. Resultater fra screening for genetiske markører fra prøver av norske spekepølser i 2020.

Genetisk markør	Antall prøver undersøkt	Antall positive prøver	% positive prøver
<i>stx</i> ₁	137	1	0,7
<i>stx</i> ₂	137	2	1,5
<i>eae</i>	137	6	4,4

Forekomst og vurdering

Det ble gått videre med isolering fra de to prøvene som var positive for *stx*-gener. I tillegg ble det gjort forsøk på isolering fra prøvene som kun var positive for *eae*. Det ble isolert STEC fra én prøve (0,7%). I de første undersøkelsene var denne prøven positiv for alle tre markørene. Fra samme prøve ble det også isolert *eae*-positiv *E. coli*, altså aEPEC. STEC isolatet ble karakterisert ved helgenomsekvensering og var av serotype O76:H19 (ST675), *stx*_{1c} positiv, *ehxA* positiv. Isolatet hadde noen flere virulensgener, men disse er i liten grad assosiert med tarminfeksjon. Dette STEC isolatet manglet intimin gener (*eae*). Ingen kjente resistensgener som gir en klar assosiasjon til fenotypisk resistens ble identifisert.

I tillegg til funnet av STEC, hvor det fra samme prøve også ble isolert aEPEC, ble det isolert aEPEC fra to prøver. Atypiske EPEC ble ikke karakterisert videre.

I denne kartleggingen ble det isolert STEC fra kun én prøve. Isolatet var av serotypen O76:H19 (*stx*_{1c} positiv og *eae* negativ). STEC som bærer *stx*_{1c} er også ofte *eae* negative og er sjeldnere assosiert med alvorlig sykdom [2]. Det rapporteres årlig om sykdomstilfeller knyttet til STEC O76 fra EU og Norge inn til European Centre for Disease Control and Prevention (ECDC), men det rapporteres sjelden om alvorlig sykdom som HUS eller dødsfall assosiert med denne serogruppen [19]. I den vitenskapelige litteraturen er det publisert lite om denne serogruppen, men det er rapportert om et tilfelle av blodig diaré hos et barn der bl.a. STEC O76:H19 (*stx*_{1c} og *stx*_{2b} positiv, *eae* negativ) ble isolert fra det syke barnet [20]. I dette tilfellet var grønnsaker gjødslet med sauemøkk den mistenkte kilden.

Resultatene fra denne undersøkelsen tyder på at det er lav forekomst av STEC i norske spekepølser. Selv om STEC kan forekomme, ble det i denne studien ikke isolert STEC som inneholdt virulensfaktorer assosiert med mest alvorlig sykdom. Det må bemerkes at det er analysert et relativt lite antall prøver. Siden denne typen produkter ikke er undersøkt tidligere, gir kartleggingen kunnskap til nytte for næring, myndigheter og kunnskapsinstitusjoner.

Referanser

1. FAO/WHO. *Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring in Microbiological risk assessment series*. 2018, Food and Agriculture Organization of the United Nations, World Health Organization. Rome, 2018.
2. EFSA BIOHAZ Panel, Koutsoumanis K, Allende A, Alvaerz-Ordonez A, Bover-Cid S, Chemaly M, Davies R, De Cesare A, Herman L, Hilbert F, Lindqvist R, Nauta M, Peixe L, Ru, G, Simmons M, Skandamis P, Suffredini E, Jenkins C, Monteiro Pires S, Morabito S, Niskanen T, Scheutz F, da Silva Felicio MT, Messens W and Bolton D. *Scientific Opinion on the pathogenicity assessment of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) and the public health risk posed by contamination of food with STEC*. EFSA Journal, 2020. 18(1): p. 5967, 105 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2020.5967>
3. Lyngstad TM, Astrup E, Brandal LT, Eide HN, Feruglio SL, Grøneng GM, Johansen TB, Jore S, Lange H, Lund H, MacDonald E, Naseer U, Nygård og Vold L. *Årsrapport 2019 Overvåkning av sykdommer som smitter fra mat, vann og dyr, inkludert vektorbårne sykdommer*. Rapport 2019. Oslo: Folkehelseinstituttet, 2020.
4. Lyngstad TM, Astrup E, Brandal LT, Eide HN, Feruglio SL, Grøneng GM, Valcarcel BS, Johansen TB, Jore S, Lange H, Lund H, MacDonald E, Naseer U, Hyllestad S, Nygård K og Vold L. *Årsrapport 2020. Overvåkning av sykdommer som smitter fra mat, vann og dyr, inkludert vektorbårne sykdommer*. Rapport 2020. Oslo: Folkehelseinstituttet, 2021.
5. Schimmer B, Nygård K, Eriksen HM, Lassen J, Lindstedt BA, Brandal LT, Kapperud G, Aavitsland P. *Outbreak of haemolytic uraemic syndrome in Norway caused by stx2-positive Escherichia coli O103:H25 traced to cured mutton sausages*. BMC Infect Dis, 2008. 8:41. DOI: 10.1186/1471-2334-8-41
6. Sekse C, O'Sullivan K, Granum PE, Rørvik LM, Wasteson Y, Jørgensen HJ. *An outbreak of Escherichia coli O103:H25 - bacteriological investigations and genotyping of isolates from food*. Int J Food Microbiol, 2009. 133(3): p. 259-64. DOI:10.1016/j.ijfoodmicro.2009.05.026
7. Norwegian Scientific Committee for Food Safety, Panel on Biological Hazards. *A risk assessment of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) in the Norwegian meat chain with emphasis on dry-cured sausages*. VKM Report 2007:13, Oslo: Norwegian Scientific Committee for Food Safety, 2007.
8. Animalia, KLF, Nortura. *Den norske kjøttbransjes retningslinje av 22.10.2014 for trygg produksjon av spekevarer (Trygge spekevarer)*. Oslo, 03.02.2016. <https://www.animalia.no/no/kjott--egg/foredling/bransjeretningslinje-spekemat/>
9. Urdahl AM, Bruheim T, Cudjoe K, Hofshagen M, Hopp P, Johannessen G, Sunde M. *Kartlegging av E. coli hos sau - sluttrapport. Veterinærinstituttets rapportserie 05-2009*. Oslo:

- Veterinærinstituttet;2009. <https://www.vetinst.no/rapporter-og-publikasjoner/rapporter/2009/kartlegging-av-e-coli-hos-sau-sluttrapport>
10. Urdahl AM, Pedersen R, Johannessen GS, Cudjoe K, Hopp P, Sekse C. *Sluttrapport: E. coli O111 og O145 hos sau. Veterinærinstituttets rapportserie 19-2011*. Oslo:Veterinærinstituttet; 2011. <https://www.vetinst.no/rapporter-og-publikasjoner/rapporter/2011/19-2011-sluttrapport-e-coli-o111-og-o145-hos-sau>
 11. Johannessen G, Sekse C, Hopp P, Urdahl AM. *Zoonotiske E. coli hos storfe. Veterinærinstituttets rapportserie 15-2018*. Oslo:Veterinærinstituttet; 2018. <https://www.vetinst.no/rapporter-og-publikasjoner/rapporter/2018/zoonotiske-e-coli-hos-storfe>
 12. Johannessen GS, Sekse C, Økland M, Urdahl AM, Torp M. *Zoonotiske E. coli i norske kjøttvarer. 2018. Surveillance programmes in Norway*. Oslo:Veterinærinstituttet; 2019. <https://www.vetinst.no/overvaking/zoonotiske-e-coli-hos-dyr-og-i-mat>
 13. EFSA (European Food Safety Authority). *Technical specifications on randomised sampling for harmonised monitoring of antimicrobial resistance in zoonotic and commensal bacteria*. 2014. EFSA Journal, 2014. 12(5): pp. 33. DOI:10.2903/j.efsa.2014.3686
 14. International Organization for Standardization (ISO). *Microbiology of food and animal feed - Real-time polymerase chain reaction (PCR)-based method for the detection of food-borne pathogens - Horizontal method for the detection of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) and the determination of O157, O111, O26, O103 and O145 serogroups. ISO TS 13136:2012*. Geneva: International Organization for Standardization;2012.
 15. Perelle S, Dilasser F, Grout J, Fach P. *Detection by 5'-nuclease PCR of Shiga-toxin producing Escherichia coli O26, O55, O91, O103, O111, O113, O145 and O157:H7, associated with the world's most frequent clinical cases*. Mol.Cell Probes, 2004. 18(3): p. 185-192. DOI:10.1016/j.mcp.2003.12.004
 16. Nielsen EM, Andersen MT. *Detection and characterization of verocytotoxin-producing Escherichia coli by automated 5' nuclease PCR assay*. J Clin Microbiol, 2003. 41(7): p. 2884-93. DOI: 10.1128/JCM.41.7.2884-2893.2003
 17. Ternent HE, Innocent GT, Filshie LM, Taylor DJ, Steele WP, McEwen SA, Reilly WJ, Gunn GJ, Reid SW, Mellor DJ. *Frozen storage of Escherichia coli O157 in buffered peptone water and its detection on bovine carcasses*. J Food Prot, 2004. 67(1): p. 40-5. DOI:10.4315/0362-028x-671.40
 18. Lagesen K. NorwegianVeterinaryInstitute/Bifrost 2018-11-04 (2018-11-04). Zenodo <https://doi.org/10.5281/zenodo.4043861> (<https://zenodo.org/record/4043861#.YioOqNhKg2w>)
 19. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) Surveillance Atlas of Infectious Diseases [accessed 02.03.2022]; Available from: <https://atlas.ecdc.europa.eu/public/index.aspx?Dataset=27&HealthTopic=59>.
 20. Sánchez S, García Cenoz M, Martín C, Beristan X, Llorente MT, Herrera-León S. *Cluster investigation of mixed O76:H19 Shiga toxin-producing Escherichia coli and atypical enteropathogenic E. coli infection in a Spanish household*. Epidemiol Infect, 2014. 142(5): p. 1029-33. DOI:10.107/S0950268813001842

Frisk fisk



Sunne dyr



Trygg mat



Faglig ambisiøs, fremtidsrettet og samspillende - for én helse!



Veterinærinstituttet
Norwegian Veterinary Institute

Ås

Trondheim

Sandnes

Bergen

Harstad

Tromsø

postmottak@vetinst.no
www.vetinst.no