

Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC) O104:H4: ein erstes bakteriologisches Kurzporträt

Stellungnahme Nr. 019/2011 des BfR vom 7. Juni 2011

Es gibt eine Vielzahl an harmlosen und krankmachenden *E. coli*-Stämmen. Beim derzeitigen EHEC-Ausbruchsgeschehen ist als Ausbruchsstamm der Serotyp O104:H4 eindeutig als Krankheitsursache identifiziert worden. Dabei handelt es sich sehr wahrscheinlich um eine Kreuzung aus zwei anderen pathogenen *E. coli*-Typen.

Aufgrund der Stammanalyse des Serotyps O104:H4 ist es aus Sicht des BfR wahrscheinlich, dass der Eintrag des Erregers im jetzigen Ausbruchsgeschehen in betroffene Lebensmittel über den Menschen oder vom Menschen über die Umwelt erfolgt sein kann. Der Erreger kann über Lebensmittel verbreitet werden.

Die Forschung an krankmachenden *Escherichia (E.) coli* ist ein seit Jahrzehnten wichtiger Bestandteil der Infektiologie. Die ersten Isolate des *Escherichia coli* Serovars O104:H4 Shigatoxin (stx) 2 stammten aus dem Jahr 2001 und wurden von Wissenschaftlern als HU-SEC41 beschrieben. Der zweite Zusammenhang mit EHEC O104:H4 wurde 2006 in wissenschaftlichen Zeitungen diskutiert. Die Isolierung des Erregers wurde mit einer an HUS erkrankten Frau in Korea in Verbindung gebracht. Weitere Eigenschaften, wie z. B. typisch für EAggEC, wurden damals nicht untersucht bzw. veröffentlicht.

Erst nach einer DNA-Sequenzanalyse, durchgeführt bei einem für den jetzigen Ausbruch verantwortlichen Stamm, wurde festgestellt, dass das Serovar EHEC O104:H4 wesentlich mehr Gemeinsamkeiten mit den enteroaggregativen *E. coli* (EaggEC) als mit den herkömmlichen Shigatoxin bildenden *E. coli* (STEC)/enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) aufweist. Er ähnelt nicht den bekannten EHEC, sondern hat auf Sequenzebene 93 % Ähnlichkeit zu einem EAggEC der bereits charakterisiert wurde. Das EHEC-spezifische bei diesem Stamm ist das stx2 Gen. Er hat Ähnlichkeit mit einem humanen EAggEC Stamm aus Zentralafrika, dessen Sequenz bekannt ist. Es handelt sich um eine Rekombination aus zwei pathogenen *E. coli* Typen (EHEC eae, stx und EaggEC), trägt aber nicht das für klassische EHEC typische eae- (attaching and effacing *E. coli*) Gen.

Das Reservoir für EaggEC sind nach dem derzeitigen Kenntnisstand Menschen, während es für STEC/EHEC Stämme Tiere und zwar hauptsächlich Wiederkäuer sind. Das Nationale Referenzlaboratorium für *E. coli* am BfR hat den Erregertyp EaggEC bisher nicht bei Tieren und in Lebensmitteln finden können. Auch Auswertungen aus der Literatur geben keine Hinweise darauf, dass der Stamm bislang in Lebensmitteln und Tieren vorkam. Jedoch sind weltweit insgesamt nur wenige EHEC O104 Stämme gefunden worden.

Dem BfR liegen jedoch keine Erkenntnisse vor, dass der derzeitige EHEC-Ausbruch auf einer Übertragung von Mensch zu Mensch beruht.

Die Faktenlage spricht jedoch dafür, dass der Mensch als Quelle für eine mögliche Kontamination von Lebensmitteln und Umwelt in Frage kommen könnte. Die Ermittlung der Ursachen wird auf allen Ebenen mit Hochdruck weiter fortgeführt.