

Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC) O45:H2 assoziiert mit Ausbruch in Mecklenburg-Vorpommern

Hinweise des NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger am Robert Koch-Institut zur Diagnostik

Seit Ende August 2025 wird über einen EHEC-/HUS-Ausbruch (HUS = hämolytisch-urämisches Syndrom) in Mecklenburg-Vorpommern berichtet (siehe [Informationen des Landesamtes für Gesundheit und Soziales in Mecklenburg-Vorpommern](#)).

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger am Robert Koch-Institut (RKI) hat nun den Ausbruchsstamm identifiziert: Er gehört dem Serovar O45:H2 an. Dieser Stamm ist Shigatoxin Subtyp *stx2a*- und Intimin-(*eaeA*-)positiv. Der Serovar O45:H2 kommt in Deutschland selten vor. Von Januar 2015 bis Juni 2025 hat das NRZ in der genombasierten nationalen Surveillance (IGS) von klinischen EHEC/STEC (STEC = Shigatoxin-produzierende *E. coli*) nur 13 Stämme dieses Serovars unter 10.633 analysierten Proben detektiert, davon vier im Zusammenhang mit HUS-Erkrankungen. Diese Isolate sind mit dem derzeitigen Ausbruchsstamm genetisch nicht nah verwandt.

Die Ausbruchsursache ist derzeit weiterhin unklar. Aus bisherigen ausführlichen Befragungen von Erkrankten bzw. deren Eltern haben sich noch keine konkreten Hinweise auf ein mögliches ursächliches Lebensmittel oder eine andere Infektionsursache ergeben. Weitere Befragungen von Fällen werden durchgeführt. Die Identifizierung des Ausbruchsstamms ermöglicht nun eine spezifischere Auswertung der Befragungsergebnisse und eine genaue Zuordnung von Fällen zum Ausbruchsgeschehen. Das RKI steht in engem Austausch mit den zuständigen Behörden in Mecklenburg-Vorpommern (Landesamt für Gesundheit und Soziales und [Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei](#)) sowie den zuständigen Bundesbehörden ([Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit](#) und [Bundesinstitut für Risikobewertung](#)).

Übersicht der Eigenschaften des detektierten Ausbruchstyps

Serovar: O45:H2

Virulenzmarkergene:

stx1-Gen-negativ

stx2-Gen-positiv, Subtyp 2a (Shigatoxin)

eaeA-Gen-positiv, Subtyp xi (Intimin, LEE Pathogenitätsinsel)

ehxA-Gen-positiv (Enterohämolysin)

Weitere genetische Stammcharakteristika:

fim-Gen-Operon-positiv (Fimbrien)

nleB-Gen-positiv (Non-LEE-Effektorprotein)

mch-Gen-positiv (Microcin)

cvaC-Gen-positiv (Colicin)

terD-Gen-positiv (Tellurit-Resistenz)

Resistenzprofil:

Der Ausbruchsreferenzstamm weist folgende Antibiotikaresistenzen auf: Ampicillin, Chloramphenicol, Kanamycin, Nalidixinsäure, Trimethoprim/Sulfmethoxazol, Trimethoprim, Tetracyclin

Wir weisen ausdrücklich darauf hin, dass diese Angaben nur der Charakterisierung des Stammes dienen und KEINE Indikation zu einer antimikrobiellen Therapie nahelegen.

Referenzgenom (RKI 25-o6685):

MLST Sequenztyp (Warwick) ST301* (adk 78, fumC 27, gyrB 5, icd 10, mdh 12, purA 8, recA 2)
cgMLST Complex Type 66411

Das FASTA-file wurde auf [Epipulse](#) und in [MiGenomeSurv](#) publiziert und für Vergleichsanalysen zur Verfügung gestellt.

* ST301 ist kein Alleinstellungsmerkmal, es schließt nicht nur EHEC O45:H2 sondern weitere EHEC-Serotypen wie z. B. O80:H2 ein.

Hinweise

Zum Screening kann der PCR-Nachweis von O45-wzx/wzy-Genen hilfreich sein.

Folgende von DebRoy et al. publizierten Primer stehen zur Verfügung:

Sequenzname	Sequenz	Produktgröße
O45-wzx1-F	CCG GGT TTC GAT TTG TGA AGG TTG	527 bp
O45-wzx1-R	CAC AAC AGC CAC TAC TAG GCA GAA	
O45-wzx2-F	TAT GAC AGG CAC ATG GAT CTG TGG	255 bp
O45-wzx2-R	TTG AGA CGA GCC TGG CTT TGA TAC	
O45-wzy1-F	GAA ATT ATG CCA TCT TGG CGA GCG	497 bp
O45-wzy1-R	CAT GTG AAG CCT GAA GGC AAA CTC	
O45-wzy2-F	CTG ATG TCA GGC CTC GTG GAA ATA	451 bp
O45-wzy2-R	ATG TAA CCA CAA TAA GGG AGC CCG	

Quelle: DebRoy C, Fratamico PM, Roberts E, Davis MA, Liu Y. Development of PCR assays targeting genes in O-antigen gene clusters for detection and identification of *Escherichia coli* O45 and O55 serogroups. *Appl Environ Microbiol.* 2005 Aug;71(8):4919-24. doi: 10.1128/AEM.71.8.4919-4924.2005. PMID: 16085897; PMCID: PMC1183307.

Serologischer Nachweis

Die Agglutinationsreaktion der bakteriellen Rein- kultur des Ausbruchsstamms mit anti-O45 *E.coli*-Testserum war eindeutig positiv. Eine Abgrenzung verdächtiger Stämme (*stx1*-negativ, *stx2a*- und *eaeA*-positiv) mit anti-O8o *E.coli*-Testserum und eine Differentialdiagnostik auf häufig vorkommende HUS-assoziierte Serovare (O157, O26, O145) wird empfohlen.

Kontakt

NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteri- tiserreger am RKI

Allgemeine Informationen des RKI zu EHEC, dar- unter der RKI-Ratgeber, sind unter www.rki.de/ehec abrufbar.