

Shigatoxin-bildende *E. coli* der Serogruppe O187: Zunehmende Isolierung und Charakterisierung

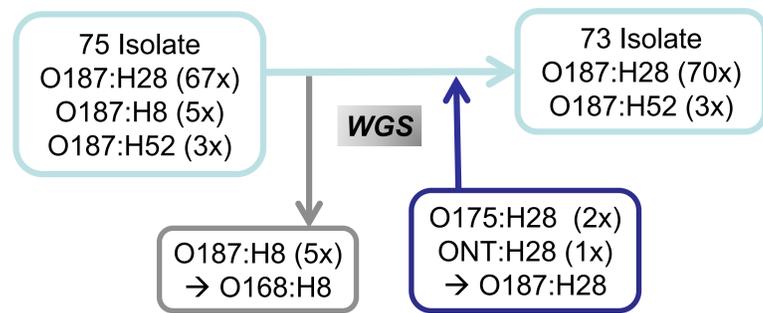
Nationales Referenzlabor für *Escherichia coli* einschließlich verotoxinbildende *E. coli* (NRL-*E. coli*)

Projahn M, Hobe C, Pries K, Steffan S, Salzinger C, Drache K, Schmidt D, Haby S, Ganas P, Goehler A, Schuh E

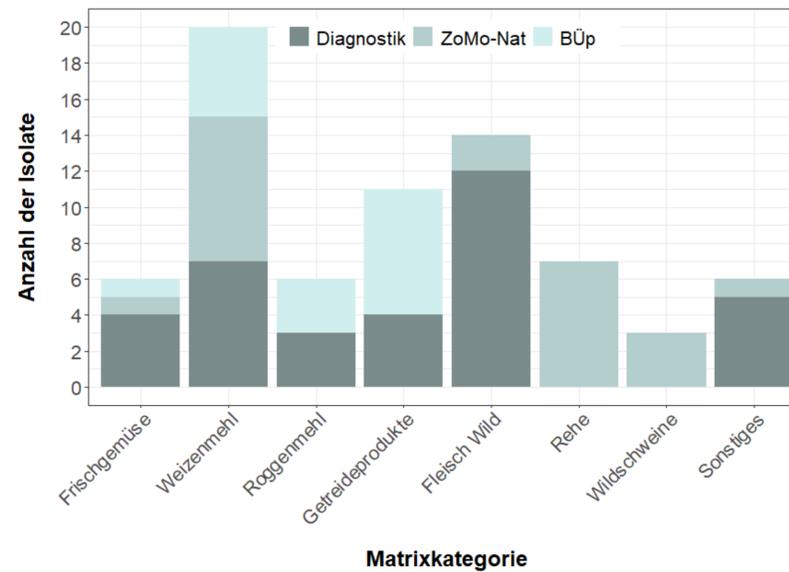
Hintergrund

Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* (STEC) der Serogruppe O187 zählen neben O146, O113, O21 und O8 zu den häufigsten Isolaten, die dem NRL-*E. coli* zwischen 2015 und 2021 eingesandt wurden. Sie stammen aus Tier und Lebensmittel und wurden im Rahmen der Lebensmittelüberwachung (Diagnostik), dem Zoonosen-Monitoring (ZoMo-Nat) und dem Bundweiten Überwachungsplan (BÜp) isoliert. Die Charakterisierung erfolgte mittels klassischer Serologie, (real-time) PCR-Methoden und der Ganzgenomsequenzierung (WGS) (Projahn et al., Int J Food Microbiol. 2021)

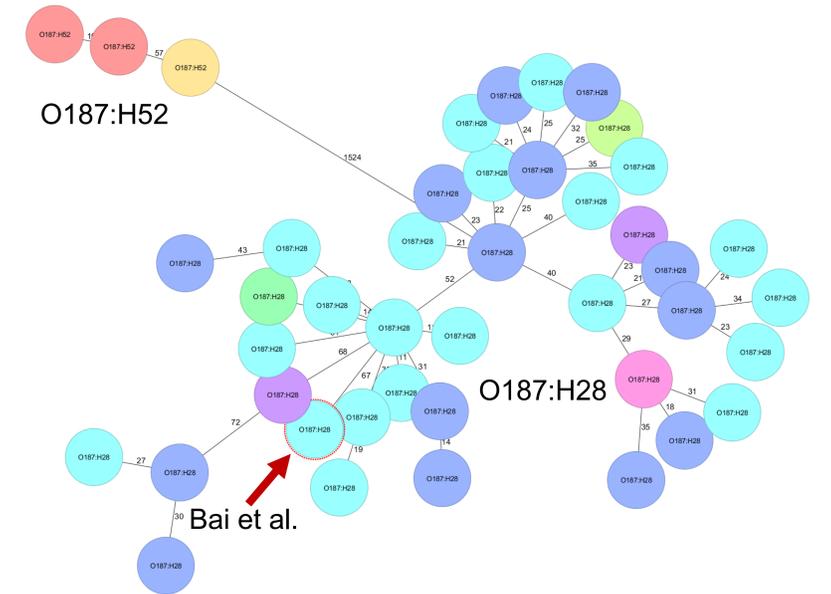
Klassische Serotypie und Ganzgenomsequenzierung



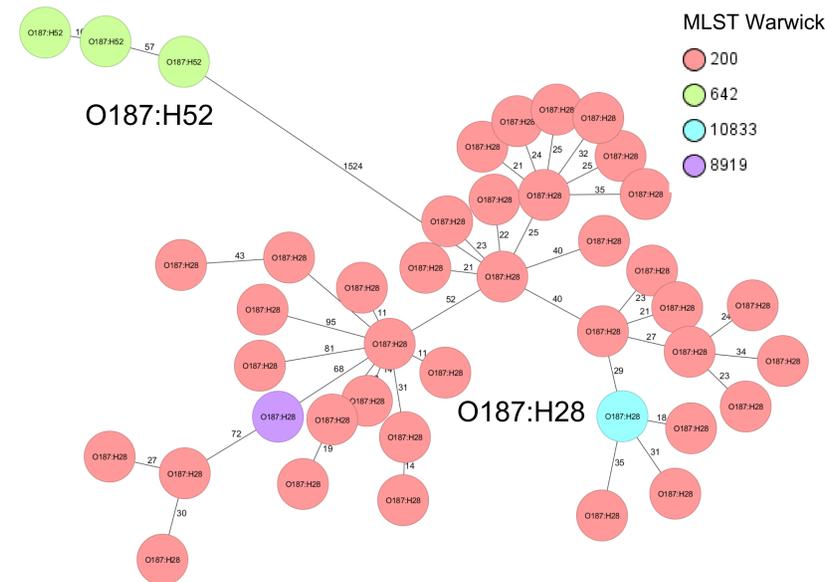
Matrices aus denen die STEC-Stämme isoliert wurden



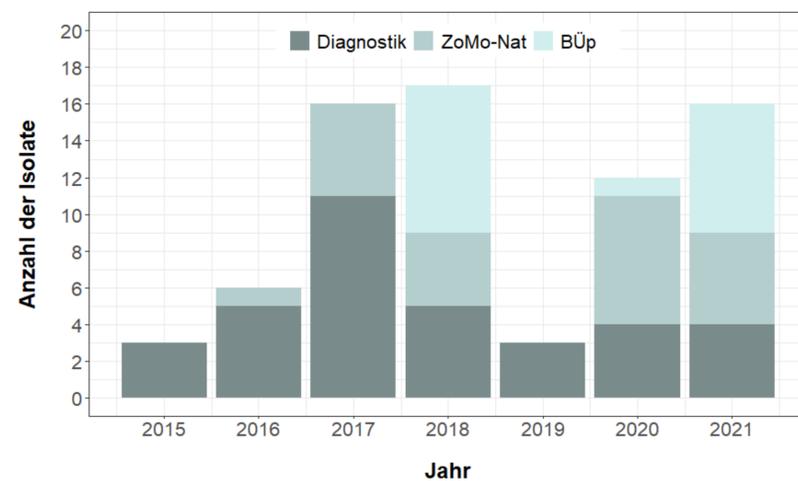
Übersicht zur Verteilung von Virulenzgenen in den 42 O187-Isolaten basierend auf der VirulenceFinder 2.0-Datenbank und dem *E. coli* functional genotyping-Tool in BioNumerics



Phylogenie von 42 O187-Isolaten basierend auf der core-genome Multi-Locus Sequenztypisierung (cgMLST, Enterobase-Schema, 2513 Loci)



Jahr der Isolat-Einsendung an das NRL-*E. coli*



Fazit

STEC-Stämme der Serogruppe O187 sind bisher kaum in der Literatur beschrieben. Dem NRL-*E. coli* wurden jedoch in den letzten Jahren im Rahmen verschiedenen Untersuchungen häufig Stämme dieser Serogruppe zugesendet. Sie wurden hauptsächlich in Getreideprodukten und Wildtieren gefunden, so dass hier Eintragungen über die Felder in die Lebensmittelkette plausibel erscheinen. Die Untersuchungen ergaben, dass der überwiegende Teil der Stämme zusätzlich zum *stx*-Gen Virulenzgene trägt, welche mit weiteren *E. coli* Pathotypen assoziiert sind (Hybridstämme). Bisher sind in Deutschland keine lebensmittelassoziierten Ausbrüche mit dieser Serogruppe bekannt. In Schweden wurde aber bereits ein STEC O187:H28 im Zusammenhang mit einer humanen Erkrankung beschrieben (Bai et al., Sci. Rep. 2019). Daher sollten diese Stämme hinsichtlich ihres pathogenen Potentials nicht unterschätzt werden.

Virulenzgen – Genprodukt (<i>E. coli</i> Pathotyp)	Isolate n = 42
stx – Shigatoxin (STEC)	
stx2g	39
stx1c	3
lpfA – Fimbrienprotein	
lpfA	39
ehxA – Hämolyisin	
ehxA	36
sta1 – Hitzestabiles Enterotoxin ST (ETEC)	
sta1	38
astA – Hitzestabiles Enterotoxin EAST1	
astA	36
aaiC – Typ VI Sekretionssystem (EAEC)	
aaiC	3
katP – Katalase-Peroxidase	
katP	15

Shigatoxin-bildende *E. coli* der Serogruppe O187: Zunehmende Isolierung und Charakterisierung

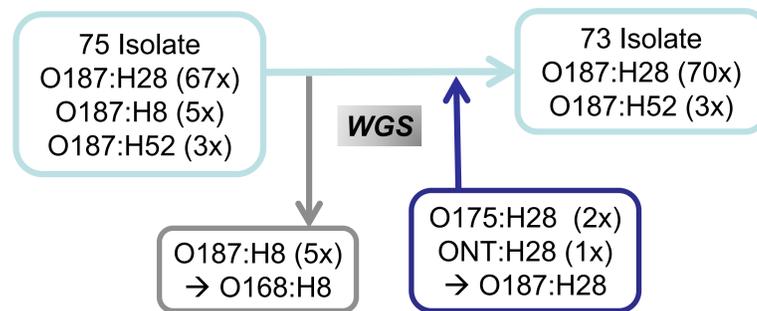
Nationales Referenzlabor für *Escherichia coli* einschließlich verotoxinbildende *E. coli* (NRL-*E. coli*)

Projahn M, Hobe C, Pries K, Steffan S, Salzinger C, Drache K, Schmidt D, Haby S, Ganas P, Goehler A, Schuh E

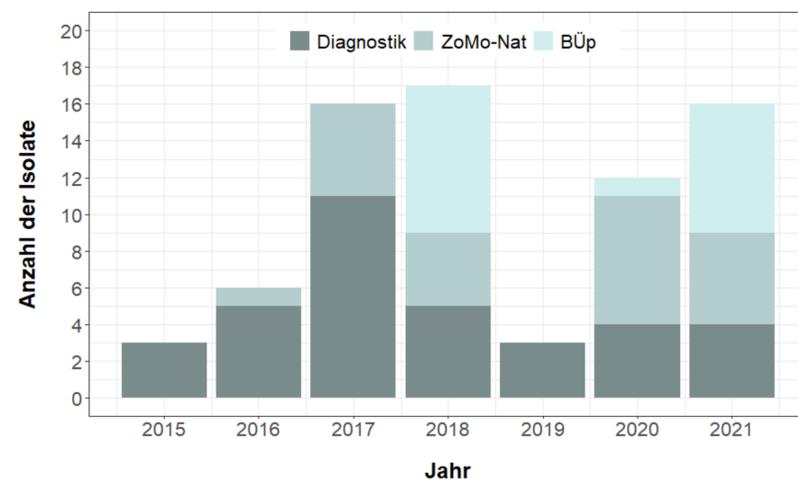
Hintergrund

Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* (STEC) der Serogruppe O187 zählen neben O146, O113, O21 und O8 zu den häufigsten Isolaten, die dem NRL-*E. coli* zwischen 2015 und 2021 eingesandt wurden. Sie stammen aus Tier und Lebensmittel und wurden im Rahmen der Lebensmittelüberwachung (Diagnostik), dem Zoonosen-Monitoring (ZoMo-Nat) und dem Bundesweiten Überwachungsplan (BÜp) isoliert. Die Charakterisierung erfolgte mittels klassischer Serologie, (real-time) PCR-Methoden und der Ganzgenomsequenzierung (WGS) (Projahn et al., Int J Food Microbiol. 2021)

Klassische Serotypie und Ganzgenomsequenzierung



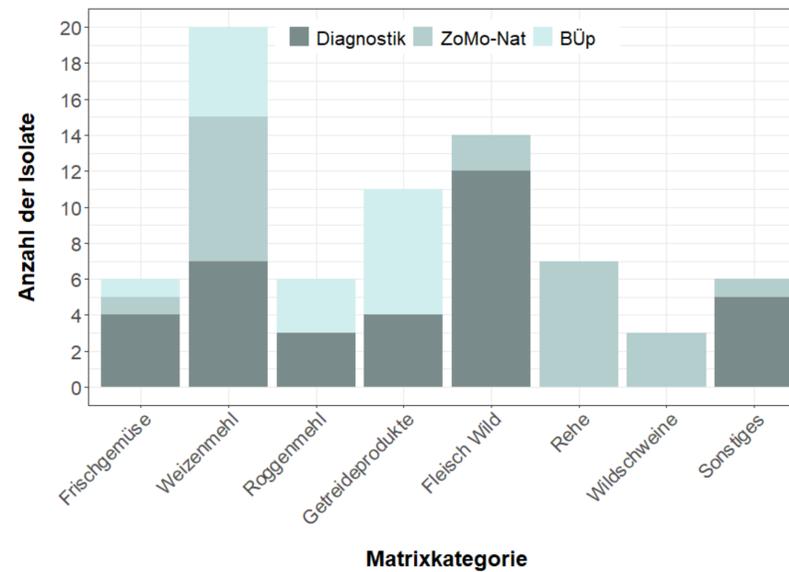
Jahr der Isolat-Einsendung an das NRL-*E. coli*



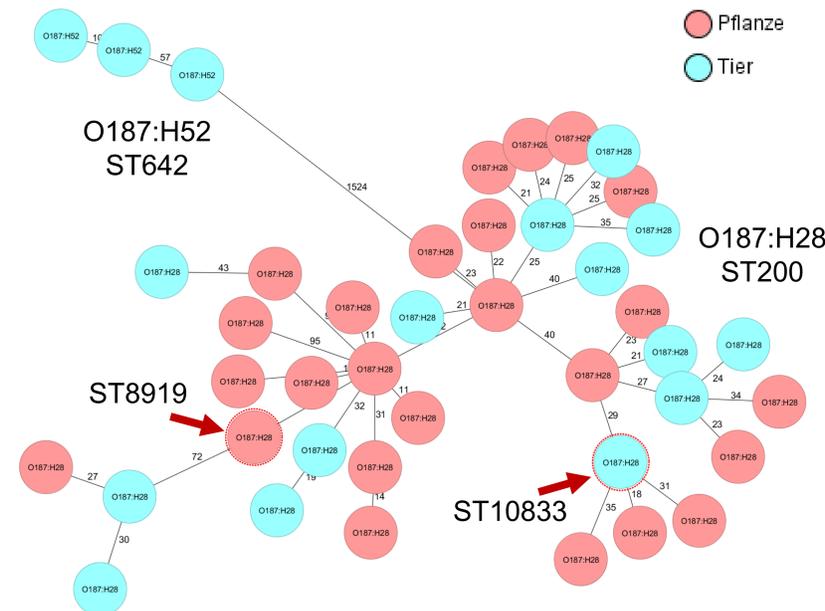
Fazit

STEC-Stämme der Serogruppe O187 sind bisher kaum in der Literatur beschrieben. Dem NRL-*E. coli* wurden jedoch in den letzten Jahren im Rahmen verschiedenen Untersuchungen häufig Stämme dieser Serogruppe zugesendet. Sie wurden hauptsächlich in Getreideprodukten und Wildtieren gefunden, so dass hier Eintragungen über die Felder in die Lebensmittelkette plausibel erscheinen. Die Untersuchungen ergaben, dass der überwiegende Teil der Stämme zusätzlich zum *stx*-Gen Virulenzgene trägt, welche mit weiteren *E. coli* Pathotypen assoziiert sind (Hybridstämme). Bisher sind in Deutschland keine lebensmittelassoziierten Ausbrüche mit dieser Serogruppe bekannt. In Schweden wurde aber bereits ein STEC O187:H28 im Zusammenhang mit einer humanen Erkrankung beschrieben (Bai et al., Sci. Rep. 2019). Daher sollten diese Stämme hinsichtlich ihres pathogenen Potentials nicht unterschätzt werden.

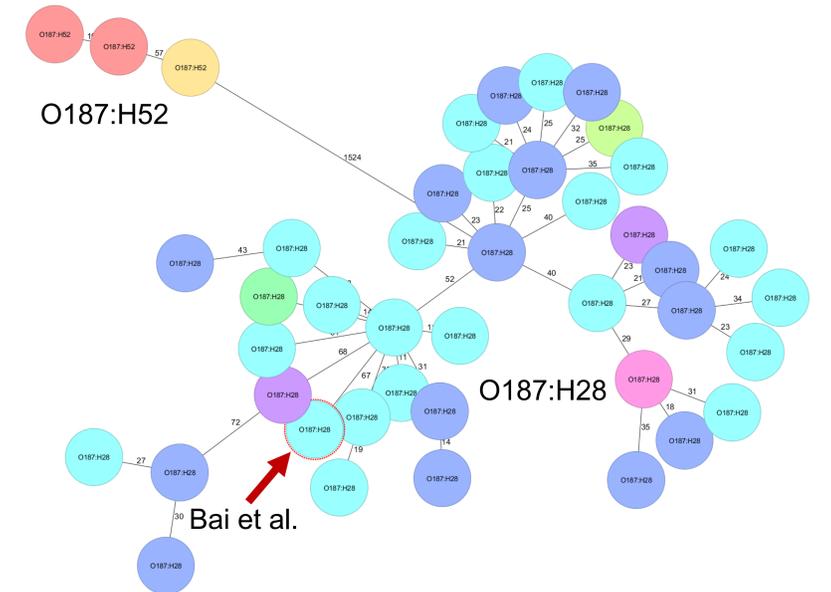
Matrices aus denen die STEC-Stämme isoliert wurden



Phylogenie von 42 O187-Isolaten basierend auf der core-genome Multi-Locus Sequenztypisierung (cgMLST, Enterobase-Schema, 2513 Loci)



Übersicht zur Verteilung von Virulenzgenen in den 42 O187-Isolaten basierend auf der VirulenceFinder 2.0-Datenbank und dem *E. coli* functional genotyping-Tool in BioNumerics



- *stx1c*+*lpfA*+*aaiC*
- *stx2g*+*lpfA*
- *stx2g*+*lpfA*+*ehxA*+*astA*+*sta1*+*katP*
- *stx1c*+*lpfA*+*aaiC*+*astA*+*sta1*
- *stx2g*+*lpfA*+*astA*+*sta1*
- *stx2g*+*lpfA*+*ehxA*+*sta1*
- *stx2g*+*lpfA*+*ehxA*+*astA*+*sta1*
- *stx2g*+*lpfA*+*katP*

Virulenzgen – Genprodukt (<i>E. coli</i> Pathotyp)	Isolate n = 42
<i>stx</i> – Shigatoxin (STEC)	
<i>stx2g</i>	39
<i>stx1c</i>	3
<i>lpfA</i> – Fimbrienprotein	
<i>lpfA</i>	39
<i>ehxA</i> – Hämolyysin	
<i>ehxA</i>	36
<i>sta1</i> – Hitzestabiles Enterotoxin ST (ETEC)	
<i>sta1</i>	38
<i>astA</i> – Hitzestabiles Enterotoxin EAST1	
<i>astA</i>	36
<i>aaiC</i> – Typ VI Sekretionssystem (EAEC)	
<i>aaiC</i>	3
<i>katP</i> – Katalase-Peroxidase	
<i>katP</i>	15