

Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern

Seit Ende August 2025 untersucht das Landesamt für Gesundheit und Soziales (LAGuS) in Mecklenburg-Vorpommern (MV) zusammen mit dem Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei (LALLF) und betroffenen Gesundheitsämtern eine ungewöhnliche Häufung von Erkrankungsfällen mit Infektionen durch enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC). Hierbei sind vor allem Kinder betroffen. Ein Teil der Erkrankten entwickelte ein hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS), eine schwere systemische Komplikation einer EHEC-Infektion. Aufgrund des engen zeitlichen und räumlichen Auftretens der Erkrankungsfälle stellt sich dies als ein Ausbruchsgeschehen mit Schwerpunkt in MV dar. Das Robert Koch-Institut (RKI) unterstützt seit Ende August die Ausbruchsuntersuchung. Im Folgenden werden die bisherigen Aktivitäten und Erkenntnisse dargestellt.

Das LAGuS berichtete im Rahmen des wöchentlichen Austauschs der Landesbehörden für den Infektionsschutz und dem RKI (EpiLag) über eine ungewöhnliche Häufung von zunächst fünf EHEC-Durchfall- bzw. HUS-Erkrankungsfällen bei Kindern im Landkreis Vorpommern-Rügen seit Mitte August. Es waren vor allem Urlauberinnen und Urlauber betroffen, die sich in dieser Region aufgehalten hatten. In kurzer Zeit wurden in MV weitere Erkrankungsfälle vor allem bei Kindern bekannt. Das zuständige Ministerium für Soziales, Gesundheit und Sport des Landes MV bat daraufhin das RKI am 28.8.2025 in Form eines Amtshilfeersuchens um Unterstützung der zuständigen Behörden in MV (LAGuS und Gesundheitsämter) bei der Ausbruchsaufklärung.

Zu Beginn des Ausbruchs waren die Charakteristika des EHEC-Erregers noch nicht im Detail bekannt. Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger konnte jedoch in kurzer Zeit den für diesen Ausbruch ursächlichen Erreger als EHEC des Serotyps O45:H2 identifizieren, der das Shigatoxin-Gen *stx2a*, das

INFOBOX

EHEC sind Bakterien, die im Darm von Wiederkäuern, vor allem Rindern, vorkommen. Bei einer Übertragung auf den Menschen können sie Infektionen, meist mit Durchfallsymptomen, auslösen. Die Infektionen beim Menschen können aber auch symptomlos bleiben. Die Übertragung erfolgt häufig fäkal-oral, d.h. die Erreger können über den direkten oder indirekten Kontakt mit Ausscheidungen von EHEC-tragenden Tieren, über kontaminierte Lebensmittel oder kontaminiertes Wasser übertragen werden. Auch direkte Übertragungen von Mensch zu Mensch sind möglich. EHEC sind sehr ansteckend, eine geringe Dosis reicht aus, um Erkrankungssymptome beim Menschen hervorzurufen.

Intimin-Gen *eaeA* und das Enterohämolysin-Gen *ehxA* trägt. Auch weist der Ausbruchsstamm eine Reihe von Antibiotikaresistenzen auf (s. online vorab im [Epidemiologischen Bulletin](#) am 5.9.2025, erschienenen Artikel, inkl. PCR zum O45:H2-Nachweis).

Die Erregeridentifizierung erlaubt es, die Erkrankungsfälle gemäß einer Falldefinition zu kategorisieren: Erkrankungsfälle, bei denen der O45:H2-Ausbruchserreger labordiagnostisch nachgewiesen wird, können nun dem Ausbruchsgeschehen sicher zugeordnet werden („bestätigte Ausbruchsfälle“). Andere Erkrankungsfälle, bei denen die Diagnostik noch nicht ausreichend ist oder für die kein Erregerisolat am NRZ oder im Konsiliarlabor (KL) HUS an der Universität Münster vorliegt, werden zunächst als Verdachtsfälle (wahrscheinliche bzw. mögliche Ausbruchsfälle) eingestuft. Dies trifft zu, sofern die Erkrankungsfälle einen Bezug zu MV haben, d.h. sich die Fälle entweder in der Region aufgehalten oder dort ihren Wohnsitz haben. Fälle, bei denen ein anderer EHEC-Typ nachgewiesen wurde, werden aus der Gruppe der Ausbruchsfälle entfernt. Diese Falldefinition wird kontinuierlich an die neuen Erkenntnisse im Ausbruchsgeschehen angepasst.

Mit Stand 16.9.2025 werden dem Ausbruchsgeschehen 107 EHEC-Erkrankungsfälle zugerechnet. Davon sind 53 bestätigte Ausbruchsfälle, bei denen der Ausbruchsstamm nachgewiesen werden konnte. Unter diesen sind 14 HUS-Fälle und 31 EHEC-Fälle. Bei acht bestätigten Fällen ist diese Kategorie noch unklar. Von den 54 Verdachtsfällen (wahrscheinliche oder mögliche Ausbruchsfälle) sind zehn HUS-Fälle und 44 EHEC-Fälle.

Der Altersmedian der bestätigten Fälle liegt bei fünf Jahren, unter allen Ausbruchsfällen (Altersspanne 0–92 Jahre) bei sieben Jahren. Unter den bestätigten Fällen, für die entsprechende Angaben vorliegen, sind 53 % weiblich (s. Abb. 1). Bei den wahrscheinlichen und möglichen Fällen, bei denen die Zugehörigkeit zum Ausbruch weniger klar ist, sind 55 % weiblich.

Der Erkrankungsbeginn der Fälle liegt mit Stand 16.9.2025 zwischen dem 11.8. und dem 9.9.2025 (s. Abb. 2). Der späteste aktuell bekannte Erkrankungsbeginn eines bestätigten Falls ist der 6.9.2025 (s. Abb. 3). Bei einer Reihe von Verdachtsfällen steht die Laborbestätigung noch aus.

Bei 17 der 53 bestätigten Fälle konnte über die Genomsequenzierung der Erregerisolate mit core-genome Multilocus-Sequenztypisierung (cgMLST,

Zhoe et. al. 2020, Genome Res) eine Zuordnung zu demselben genetischen Cluster erfolgen. Zu dem Ausbruchcluster werden Isolate gezählt, deren Alleldifferenzen zehn oder weniger betragen (s. Abb. 4).

Im Rahmen der laufenden Ausbruchsuntersuchung wird versucht, Gemeinsamkeiten unter den Erkrankten aufzudecken, z. B. hinsichtlich Lebensmittelverzehr, Tierkontakten oder anderen Aktivitäten wie Streichelzoobesuche oder Baden in der Ostsee. Dafür befragt das RKI auskunftswillige Erkrankte bzw. deren Eltern telefonisch mit einem sogenannten „explorativen“ Fragebogen (engl. trawling questionnaire). Solche Fragebögen werden bei mutmaßlich lebensmittelbedingten Ausbrüchen verwendet, um Hypothesen zu möglichen Ursachen und Infektionsquellen zu generieren. Hierbei werden vor allem die ersten Fälle, die als Teil eines potenziellen Ausbruchs identifiziert wurden, zu einer Vielzahl möglicher Ursachen und Ansteckungsquellen befragt. Die Befragungen sind sehr ausführlich und dauern meist mindestens eine Stunde. Dabei muss auch berücksichtigt werden, dass die Befragungen für die Patientinnen und Patienten sowie Angehörige belastend sein können. Deshalb ist die detaillierte und auf die jeweiligen Ausbruchsbedingungen zugeschnittene Zusammenstellung eines explorativen Fragebogens in einem Ausbruchsgeschehen

Altersgruppe (Jahre)

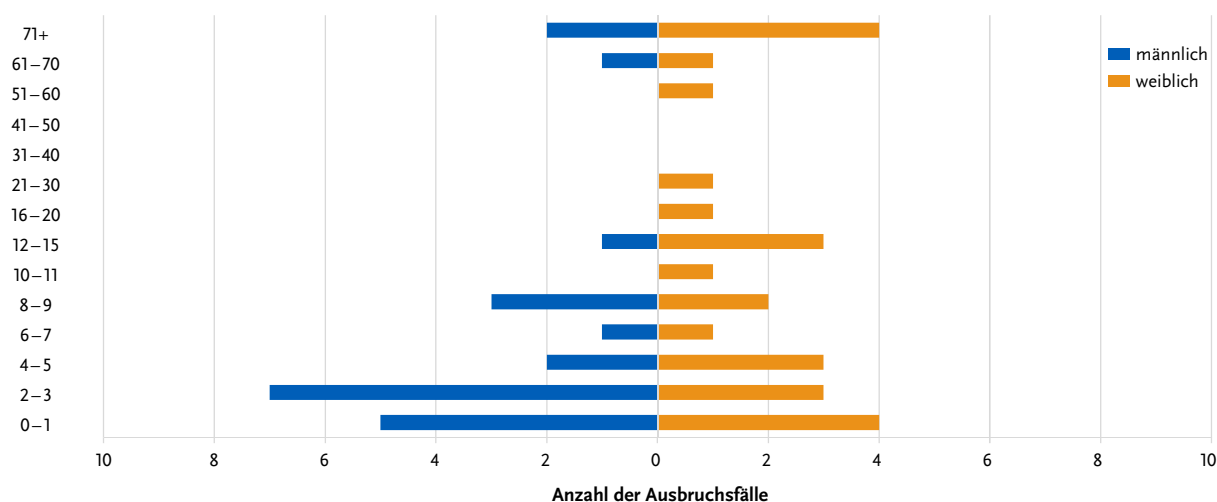


Abb. 1 | Alters- und Geschlechterverteilung der bestätigten EHEC-/HUS-Ausbruchsfälle. (Stand: 16.9.2025)

Anzahl der Ausbruchsfälle

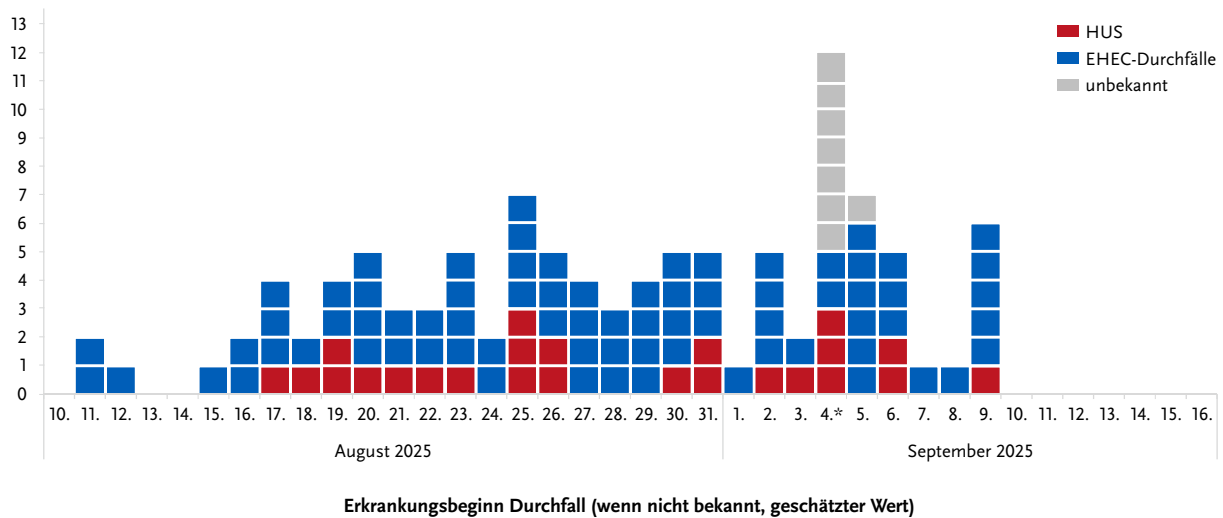


Abb. 2 | Epidemiologische Kurve zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern.

Anzahl der Ausbruchsfälle nach Erkrankungsbeginn (Symptom Durchfall). Rot: HUS-Fälle, Blau: EHEC-Fälle, Grau: unbekannt (Stand: 16.9.2025)

* Die erhöhte Anzahl von Fällen mit Erkrankungsbeginn am 4.9.2025 kommt dadurch zustande, dass der Erkrankungsbeginn für einen Teil dieser Fälle anhand eines Labordatums geschätzt werden musste.

Anzahl der Ausbruchsfälle

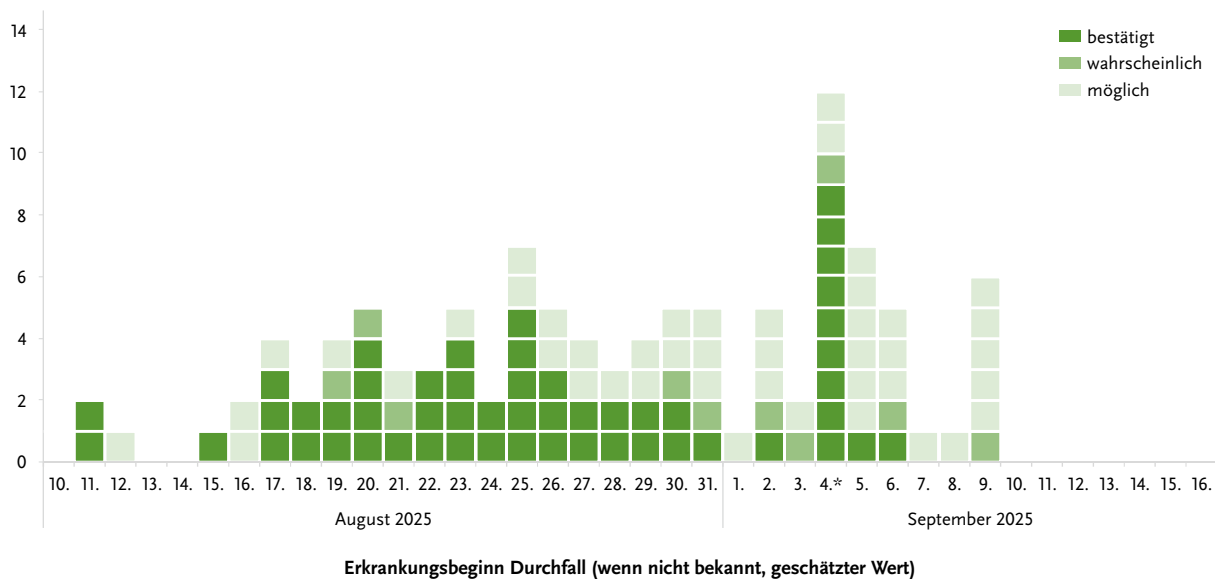


Abb. 3 | Epidemiologische Kurve zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern. Anzahl der bestätigten, wahrscheinlichen und möglichen Ausbruchsfälle (gemäß Falldefinition) nach Erkrankungsbeginn (Symptom Durchfall). Dunkelgrün: Bestätigte Fälle, mittleres Grün: wahrscheinliche Fälle, hellgrün: mögliche Fälle (Stand: 16.9.2025)

* Die erhöhte Anzahl von Fällen mit Erkrankungsbeginn am 4.9.2025 kommt dadurch zustande, dass der Erkrankungsbeginn für einen Teil dieser Fälle anhand eines Labordatums geschätzt werden musste.

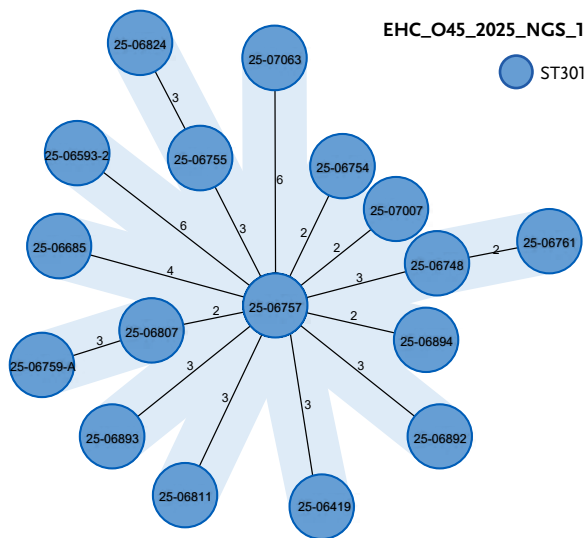


Abb. 4 | EHEC O45:H2-Ausbruchcluster (EHC_O45_2025_NGS_1) zugehörig zum MLST Sequenztyp ST 301 (Warwick) dargestellt im Minimum Spanning Tree, erstellt mit Ridom SeqSphere+ basierend auf 2.513 Allelen des *E. coli* Kerngenoms (Zhoe et. al. 2020, Genome Res). Alledistanzen zwischen den Ausbruchsisolatgenomen sind angegeben. Der Grenzwert für die Clusterzugehörigkeit entspricht zehn Allelen. (Datenstand: 12.9.2025)

nicht trivial. Nach der Verwendung eines solchen umfassenden Fragebogens können aufgrund der Befragungsergebnisse spezifischere Datenerhebungen auf der Basis klarer Hypothesen durchgeführt werden.

Bei Personen, die nicht in MV wohnhaft sind und in der Region Urlaub gemacht haben, steht bei den Befragungen die in MV verbrachte Zeit im Vordergrund. Erkrankte Personen, die in MV wohnen, werden ausführlich zu den sieben Tagen vor ihrem Erkrankungsbeginn befragt. Aus den Befragungen ergibt sich, dass die Erkrankten mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht an einem einzelnen gemeinsamen Ort, z. B. einem Tierpark oder Streichelzoo, exponiert gewesen sein können. Auch gibt es keine offensichtlichen Gemeinsamkeiten hinsichtlich Baden oder Plantschen in der Ostsee (nur von etwa 40 % der Erkrankten genannt) oder Kontakt mit anderen Gewässern. Basierend auf diesen Informationen, den Eigenschaften des Erregers und den Erfahrungen mit anderen Ausbrüchen liegt die Vermutung nahe, dass die Erkrankungsfälle durch ein kontaminiertes Lebensmittel verursacht werden.

Dabei ist die regionale Verteilung der Erkrankungsfälle mit Wohnort oder wahrscheinlichem Expositionsort im Norden bzw. Nordosten von Deutschland auffällig. Es werden aber auch laborbestätigte Fälle untersucht, die nicht in MV wohnen und sich vor ihrem Erkrankungsbeginn auch nicht dort aufgehalten hatten – es ist nicht auszuschließen, dass sich diese über Mensch-zu-Mensch-Übertragungen ausgehend von asymptomatischen Erregerausscheidern infiziert haben, die ihrerseits möglicherweise im Ausbreitsgebiet waren. Neu auftretende HUS-Fälle, auch in anderen Bundesländern, werden fortlaufend anhand von mikrobiologischen Typisierungsergebnissen hinsichtlich ihrer Zugehörigkeit zum Ausbruch bewertet.

Die wahrscheinliche Infektionsursache konnte über die Befragungen bislang noch nicht eingegrenzt werden. In Wurstprodukten, die in den letzten Wochen aufgrund einer EHEC-Kontamination öffentlich zurückgerufen wurden (www.lebensmittelwarnung.de) und für die entsprechende Informationen vorliegen, wurden andere EHEC-Erreger, also nicht der Ausbruchsstamm, nachgewiesen. Auch die Bereitstellung von Kassenbons und Informationen aus Einkaufs-Apps durch die Befragten erbrachten bisher noch nicht den erhofften Durchbruch. Die Behörden arbeiten mit Hochdruck daran, die wahrscheinliche Ausbreitsursache und Ansteckungsquelle zu identifizieren und diese abzustellen, damit keine weiteren Erkrankungsfälle auftreten. Es ist zum jetzigen Zeitpunkt nicht auszuschließen, dass mehrere kontaminierte Lebensmittel im Umlauf waren oder sind, die die Erkrankungsfälle verursacht haben. Dies würde die Suche nach Gemeinsamkeiten zwischen den Erkrankten erschweren. Eine weiterführende, analytische epidemiologische Studie (Fall-Kontroll-Studie), bei der die Angaben von Erkrankungsfällen zur Häufigkeit des Verzehrs bestimmter Lebensmittel mit Angaben einer Vergleichsgruppe ins Verhältnis gesetzt werden, wird aktuell durchgeführt. Als Vergleichsgruppe wurden dafür geeignete Personen aus dem RKI-Panel herangezogen. Auch investigative Warenstromanalysen werden als zusätzliche Analysemethoden in Betracht gezogen. Bei bisherigen Untersuchungen von Lebensmittelproben, die vom LALLF durchgeführt wurden, konnte kein EHEC nachgewiesen werden.

Alle beteiligten Behörden (betroffene Gesundheitsämter, Lebensmittelüberwachungsbehörden, LAGuS, LALLF, Ministerien in MV, RKI) arbeiten eng zusammen, um den Ausbruch so schnell wie möglich aufzuklären und mit geeigneten Maßnahmen zu beenden. Verbraucherinnen und Verbraucher werden angehalten, die üblichen Infektionsschutzmaßnahmen wie Hände- und Küchenhygiene einzuhalten.

ten. Labore werden gebeten, bei HUS-Fällen Isolate zu gewinnen und unter Weitergabe der DEMIS-Meldungs-ID (Notification-ID) (vgl. <https://wiki.gematik.de/x/eIlaHw> und <https://wiki.gematik.de/x/clAwI>) einer vollständigen Typisierung, z. B. im NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritis-erreger (RKI-Standort Wernigerode) oder dem KL für HUS (Universität Münster) zuzuführen.

Autorinnen und Autoren

Robert Koch-Institut

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern

Epid Bull 2025;38:24-28 | 10.25646/13459

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](#)