

Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen, 2025

Seit Ende August 2025 untersuchen die zuständigen Behörden des Landes Mecklenburg-Vorpommern und der dortigen Stadt- und Landkreise mit Unterstützung des Robert Koch-Instituts (RKI) eine Häufung von Erkrankungsfällen mit Infektionen durch enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC).¹ Größtenteils sind Kinder unter 10 Jahren betroffen, z. T. mit Ausprägung eines hämolytisch-urämisches Syndroms (HUS), einer schweren systemischen Komplikation einer EHEC-Infektion.

Im RKI, am Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger wurde der ursächliche Erreger für diesen Ausbruch als EHEC des Serotyps O45:H2 identifiziert. Der Ausbruchsstamm trägt das Shigatoxin-Gen *stx2a*, das Intimin-Gen *eaeA* und das Enterohämolysin-Gen *ehxA*.²

Epidemiologische Lage

Mit Stand 1.10.2025 werden dem Ausbruch 137 bestätigte EHEC-/HUS-Erkrankungsfälle zugerechnet. Von den bestätigten Fällen sind 38/137 HUS-Fälle, 93/137 EHEC-Fälle und bei 6/137 Fällen ist dies unbekannt. Zusätzlich zu den bestätigten Fällen werden 6 wahrscheinliche Ausbruchsfälle und 112 mögliche Ausbruchsfälle gezählt, bei denen noch unklar ist, ob sie wirklich Teil des Ausbruchs sind. Hier steht das Laborergebnis der Spezialdiagnostik noch aus. Insgesamt werden somit 255 EHEC-/HUS-Fälle mit dem Ausbruchsgeschehen in Zusammenhang gebracht. Es wurde kein bestätigter Fall als verstorben übermittelt, eine über 90-jährige Patientin mit HUS (wahrscheinlicher Fall ohne Laborbestätigung) verstarb.

Die Erkrankungsbeginne der bestätigten Fälle liegen zwischen dem 11.8.2025 und dem 19.9.2025 (s. Abb. 1). Zwischen dem 17.8.2025 und 12.9.2025 traten täglich 2–9 Erkrankungsfälle auf. Da die Prozesse für Diagnostik, Meldung und Versand der

Isolate einige Zeit in Anspruch nehmen, sind die Daten der letzten Tage noch unvollständig.

Der Altersmedian der bestätigten Fälle liegt bei 4 Jahren (Altersspanne 0–94 Jahre). Unter den bestätigten Fällen, für die entsprechende Angaben vorliegen, sind 51 % weiblich.

Es gibt bei diesem Ausbruch zwei geografische Schwerpunkte. In den ersten zwei Wochen waren fast ausschließlich Personen betroffen, die sich in den Tagen vor Erkrankungsbeginn in Mecklenburg-Vorpommern aufgehalten hatten, z. B. als Urlauber, oder die Einwohner Mecklenburg-Vorpommerns sind. Es sind aber auch sporadisch einige Personen in anderen Bundesländern im Nordosten Deutschlands erkrankt (z. B. Schleswig-Holstein, Brandenburg), die keinen offensichtlichen Bezug zu Mecklenburg-Vorpommern hatten. Die späteren Ausbruchsfälle sind vor allem Personen mit Wohn- oder Aufenthaltsort in Nordrhein-Westfalen. In Nordrhein-Westfalen scheint der Regierungsbezirk Düsseldorf am stärksten betroffen zu sein (s. Abb. 2). Zusätzlich gingen dem RKI über EU-Netzwerke der Infektionsschutzbehörden Informationen zu drei weiteren Fällen mit dem Ausbruchsstamm zu: Sie betrafen eine erkrankte US-Amerikanerin mit Reiseaufenthalt in Mecklenburg-Vorpommern und je ein erkranktes Kind aus Luxemburg und den Niederlanden, die nicht nach Deutschland gereist waren.

Mikrobiologische und genomische Analysen

EHEC des Serovars O45:H2 werden in Deutschland bei Erkrankungen des Menschen selten nachgewiesen. Von Januar 2015 bis Juni 2025 hat das NRZ in der genombasierten nationalen Surveillance von klinischen EHEC nur 13 Stämme dieses Serovars unter 10.633 analysierten Proben detektiert, davon vier im Zusammenhang mit HUS-Erkrankungen.²

Anzahl bestätigte Ausbruchsfälle

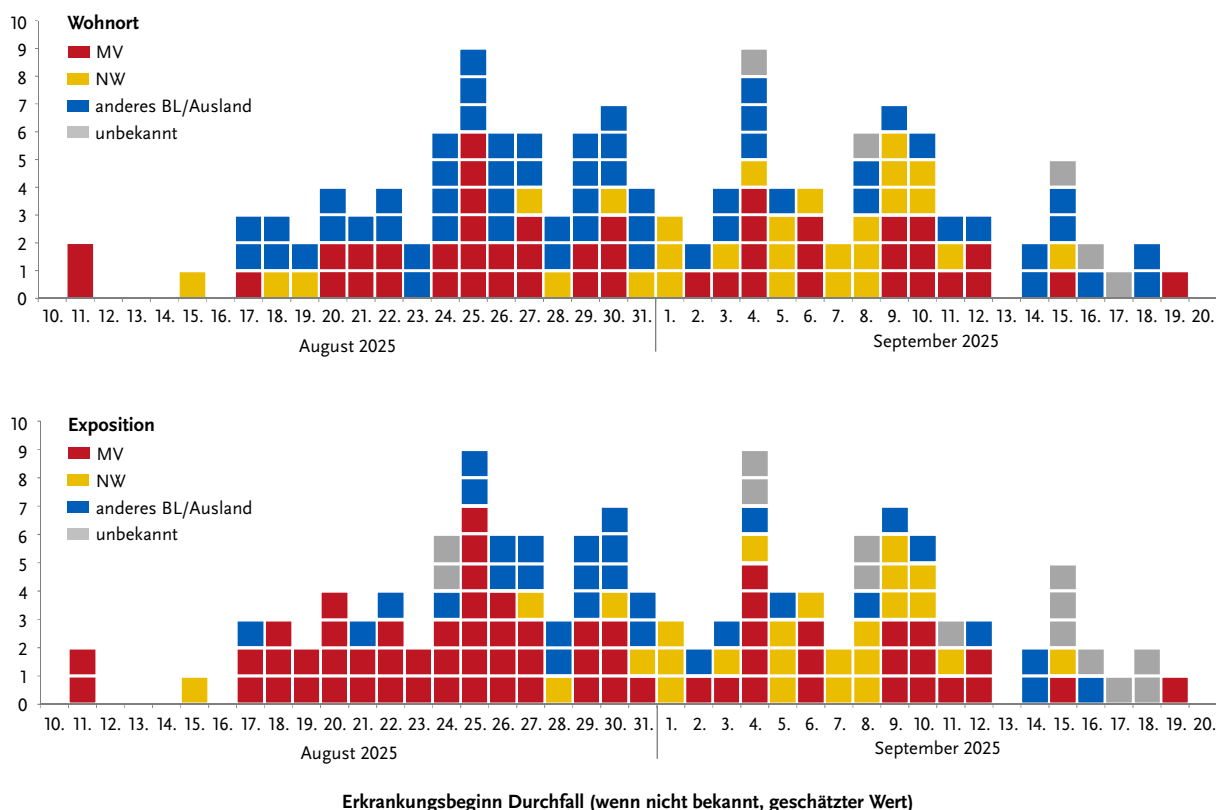


Abb. 1 | Epidemiologische Kurve zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern (MV) und Nordrhein-Westfalen (NW) nach Erkrankungsbeginn (Symptom Durchfall). Oben die Anzahl der bestätigten Ausbruchsfälle (gemäß Falldefinition) nach Landkreis der Meldung. Unten die Anzahl der Ausbruchsfälle nach Ort der wahrscheinlichen Exposition (Stand: 1.10.2025)

Diese Isolate sind mit dem Ausbruchsstamm genetisch nicht nah verwandt. Im Rahmen der Integrierten Genomischen Surveillance (IGS) werden alle am NRZ eingehenden EHEC genomsequenziert. Für den Austausch mit weiteren Partnern, u. a. Konsiliarlabor (KL) HUS an der Universität Münster, Landesbehörden und Behörden der Lebensmittelseite, werden die Sequenzen in die Datenbank des Genomnetzwerkes MiGenomeSurv (www.migenomesurv.org) eingespeist und auf übereinstimmende Sequenzen untersucht. Es konnte bei 58 von 137 bestätigten Fällen über die Analyse der Erregergenome und mittels cgMLST (MLST = multilocus Sequenztypisierung des Kerngenoms), wo diese auf Basis des Kerngenoms (engl. core genome) miteinander verglichen werden,³ eine Zuordnung zu demselben genetischen Erkrankungskuster erfolgen (s. Abb. 3). Die Ausbruchsisolate bilden ein deutlich abgrenzbares genomisches Cluster, welches von weiteren

EHEC O45:H2-Isolaten, die zeitlich und räumlich nicht mit dem aktuellen Geschehen assoziieren, klar abgegrenzt ist. Innerhalb des genomischen Clusters wird im Vergleich zu anderen bekannten EHEC-/HUS-Ausbrüchen eine größere genomische Variabilität beobachtet (s. Abb. 3). Zusätzlich wurden Erregersequenzen über internationale Austauschplattformen zum Abgleich zur Verfügung gestellt. Hierbei konnten die o. g. Fälle in anderen Ländern in die Untersuchungen einbezogen und zugeordnet werden.

Epidemiologische Untersuchungen im aktuellen Ausbruch

Das RKI erstellt zur Beschreibung des Ausbruchsgeschehens seit Beginn der Ausbruchsuntersuchung Listen mit Fällen, die dem Ausbruch zugeordnet werden (Fallliste, „Linelist“). Hier werden die

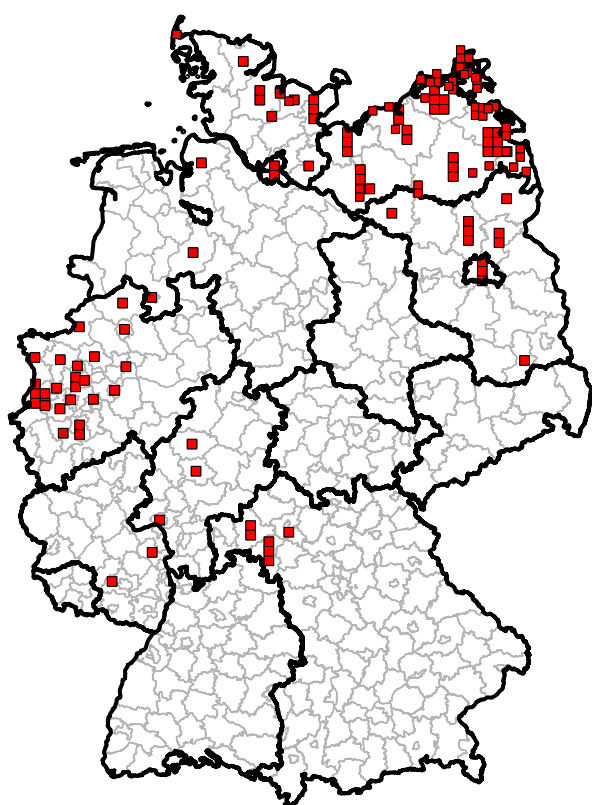


Abb. 2 | Geografische Verbreitung von Ausbruchsfällen des EHEC-/HUS-Ausbruchs in Deutschland. Anzahl der Ausbruchsfälle nach Ort der wahrscheinlichen Exposition. Ist der Ort der Exposition nicht ermittelbar gewesen, so ist der Wohnort dargestellt. (Stand: 1.10.2025)

Informationen u. a. aus den Meldungen von Erkrankungsfällen gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), den Ergebnissen der Spezialdiagnostik aus dem NRZ und KL HUS und den weiteren Informationen aus den Landesbehörden für Gesundheit zentral zusammengeführt. Auf Grundlage der Spezialdiagnostik werden Erkrankungsfälle, bei denen der EHEC O45:H2-Ausbruchserreger labordiagnostisch nachgewiesen wird, dem Ausbruch sicher zugeordnet („bestätigte Ausbruchsfälle“). Andere Erkrankungsfälle, bei denen die Spezialdiagnostik noch nicht ausreichend ist und für die kein Erregerisolat am NRZ, KL HUS bzw. an den Landesbehörden vorliegt, werden zunächst als Verdachtsfälle (wahrscheinliche bzw. mögliche Ausbruchsfälle) eingestuft. Diese Falldefinition wird kontinuierlich an die neuen Erkenntnisse im Ausbruchsgeschehen angepasst. Auch Informationen, die über Befragungen von Patientinnen oder Patienten bzw. deren Angehörige ermittelt werden, fließen in die Falllisten ein.

Diese werden werktäglich an alle beteiligten Organisationen versendet.

Übergeordnetes Ziel aller darauf basierenden nachfolgenden Untersuchungen in diesem Ausbruch ist die Aufdeckung von Gemeinsamkeiten unter den Erkrankten, z. B. hinsichtlich Lebensmittelverzehr, Einkaufsorten, Restaurantbesuchen, Trinkwasser, Tierkontakten (z. B. Streichelzoobesuche) oder Baden in Gewässern. Dafür befragt das RKI Erkrankte bzw. deren Eltern telefonisch mit einem sogenannten „explorativen“ Fragebogen (engl. trawling questionnaire). Solche Fragebögen werden auch international bei EHEC-/HUS- und anderen Ausbrüchen verwendet, um Hinweise (Hypothesen) zu möglichen Ursachen und Infektionsquellen zu erhalten. Von den Befragten wird mit einem strukturierten Fragebogen eine Vielzahl möglicher Ansteckungsquellen erhoben. Die detaillierte und auf die jeweiligen Ausbruchsbedingungen zugeschnittene Zusammenstellung eines solchen Fragebogens ist in einem Ausbruchsgeschehen von großer Bedeutung. Auch biologische und epidemiologische Vorkenntnisse zu EHEC-Infektionen fließen ein. Die Befragungen dauern in der Regel mindestens eine Stunde. Dabei muss auch berücksichtigt werden, dass die Befragungen für die Patientinnen und Patienten sowie Eltern von schwerkranken Kindern sehr belastend sein können. Zurzeit werden vor allem bestätigte Erkrankungsfälle von mehreren RKI-Mitarbeiterinnen und -Mitarbeitern telefonisch unter anderem zum Verzehr einer Vielzahl von Lebensmitteln und zu den Einkaufsorten von Lebensmitteln in der Zeit vor ihrem Erkrankungsbeginn befragt. Wenn sich Personen nicht genau an den Verzehr bestimmter Lebensmittel erinnern können, wird der typische Lebensmittelverzehr, inklusive bevorzugter Produkte und Produktnamen, abgefragt. Zusätzlich werden die einzelnen Tage vor dem Erkrankungsbeginn im Detail besprochen und besondere Aktivitäten wie Restaurantbesuche erhoben. Auf Grundlage dieser Angaben kann die Häufigkeit des Verzehrs bestimmter Lebensmittel oder anderer möglicher Expositionen berechnet und epidemiologisch bewertet werden. Bei der Auswertung von Freitextangaben kommt nach Anonymisierung auch künstliche Intelligenz zum Einsatz.

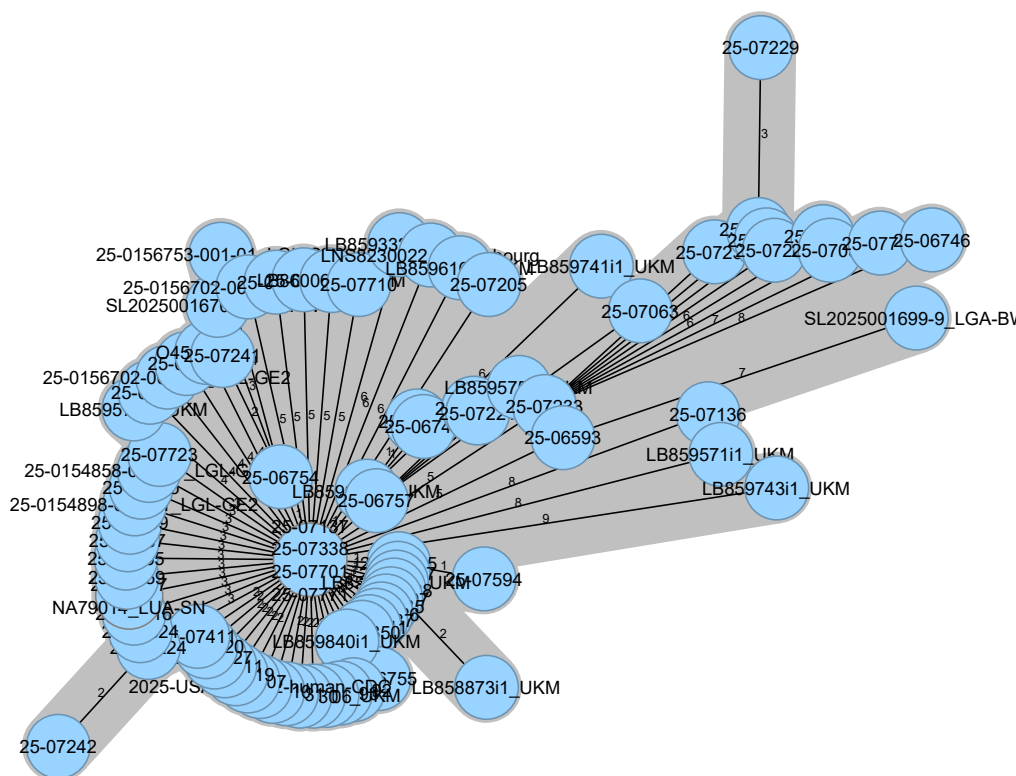


Abb. 3 | EHEC O45:H2-Ausbruchcluster (EHC_O45_2025_NGS_1) zugehörig zum MLST Sequenztyp ST 301 (Warwick) dargestellt im Minimum Spanning Tree. Erstellt mit Sequenzdaten des NRZ, KL HUS, LGL Bayern, LGA Baden-Württemberg, LUA Sachsen und verfügbaren Sequenzen internationaler Partner und mittels Ridom SeqSphere+ basierend auf 2.513 Allelen des *E. coli* Kerngenoms.³ Alleldistanzen zwischen den Ausbruchsisolat-Genomen sind angegeben. Der Grenzwert für die Clusterzugehörigkeit entspricht zehn Allelen. (Datenstand: 30.9.2025)

Darüber hinaus werden von Befragten, sofern vorhanden, auch Einkaufsdokumentationen (Bons, Rechnungen, Ernährungstagebücher) und Fotos von Gerichten, die vor Erkrankungsbeginn verzehrt wurden, erbeten und analysiert. Ähnlichkeiten zwischen den geografischen Gebieten, in denen Lebensmittel eingekauft wurden, und Vertriebswege von bestimmten Lebensmitteln können eventuell Hinweise auf eine Ausbruchsquelle liefern.

Momentan wird in diesem Ausbruch eine Risikofaktorstudie (Fall-Kontroll-Design) durchgeführt, die auch Hintergrundraten des Lebensmittelverzehrs der Personen in den zwei Ausbruchsbereichen und unter Sommerreisenden an die Ostsee mit einbezieht (detaillierte Ergebnisse ausstehend). Hierzu werden Personen, die sich bereit erklärt haben vom RKI kurzfristig zu bestimmten Fragestellungen angesprochen zu werden (RKI-Panel, aufgesetzt in Folge der COVID-19-Pandemie), als nicht erkrankte

Vergleichspersonen („Kontrollen“) befragt, und deren Aussagen z. B. zu Lebensmittelverzehr mit den erkrankten Fällen verglichen.

In betroffenen Städten und Landkreisen sollen in einer Erhebung mögliche Mensch-zu-Mensch-Übertragungen (Sekundärinfektionen) und Erreger-Ausscheidedauer in Fall-Haushalten untersucht werden.

Das RKI steht mit pädiatrischen Nephrologen zur Bewertung der Krankheitsschwere der HUS-Patientinnen und -Patienten in Kontakt.

Zudem ist das RKI auch weiterhin international mit den Behörden anderer Mitgliedsstaaten im Kontakt, um ein Vorkommen von Erkrankungsfällen dort zügig zu detektieren.

Ergebnisse, Bewertung und Interpretation

Der aktuelle EHEC-/HUS-Ausbruch ist das größte derartige Geschehen seit dem EHEC-/HUS-Ausbruch 2011 (Serotyp O104:H4),⁴ der mit dem Verzehr von Sprossen assoziiert wurde. Der Ausbruch 2011 war jedoch durch eine deutlich höhere und schneller ansteigende Fallzahl sowie durch eine erhebliche Anzahl von Todesfällen gekennzeichnet.

Bezüglich der konkreten Anzahl von Erkrankungsfällen in der Bevölkerung ist auch in dem aktuellen Ausbruch von einer Untererfassung auszugehen, da weiterhin nicht bei allen Patientinnen und Patienten mit blutigem Durchfall oder HUS eine bakterielle Labordiagnostik eingeleitet wird, die die Basis der Infektionssurveillance darstellt. Außerdem wird nur bei einem Anteil der laborbestätigten EHEC-/HUS-Patientinnen und -Patienten eine Erregerisolierung und Spezialdiagnostik eingeleitet, die dann für die Überwachung dieses Ausbruchs genutzt werden kann (siehe IGS).

Bisher wurden über 60 ausführliche Befragungen von bestätigten Erkrankungsfällen oder Angehörigen zu Lebensmitteln und Einkaufsorten durchgeführt. Übertragungen durch Tierkontakte, Kontakte mit Gewässern oder Trinkwasser erscheinen unauffällig in den Auswertungen und als Ausbruchursache sehr unwahrscheinlich. Es gibt auch keine Gemeinsamkeiten bei den Aufenthaltsorten. Ein großer Anteil der in den Fragebogen eingeschlossenen Lebensmittel werden selten genannt und erscheinen deshalb als Ursache unwahrscheinlich.

Im Gesamtbild der Untersuchungen ist bisher kein einzelnes konkretes Lebensmittel aufgefallen. Zum jetzigen Zeitpunkt der Untersuchungen können auch bestimmte Gruppen von Lebensmittel noch nicht sicher ausgeschlossen werden. Informationen über auffällige Gemeinsamkeiten zwischen Fällen werden regelmäßig den verantwortlichen Behörden kommuniziert und für weitere zielgerichtete Untersuchungen im Bereich der Lebensmittelüberwachung genutzt.

Man muss derzeit davon ausgehen, dass die Ansteckungsquellen noch aktiv sein könnten, d. h. das kontaminierte Lebensmittel noch im Umlauf sind. Die Untersuchungen laufen deshalb intensiv weiter.

Die Dynamik des Gesamtgeschehens hat sich innerhalb der letzten drei Wochen nicht grundlegend geändert, weder nachgelassen noch intensiviert. Es hat aber eine geografische Verlagerung von Mecklenburg-Vorpommern nach Nordrhein-Westfalen stattgefunden. Durch die Vergrößerung des Ausbruchsgebiets werden auch mehr Erkrankte als mögliche Fälle definiert. Diese Definitionsänderung hat die Gesamtfallzahlen inkl. möglicher Fälle am 30.9.2025 deutlich erhöht.

Die Länge des Ausbruchs weist auf eine zeitlich protrahierte Ursache und keine Punktquelle hin. Außerdem deutet die Abwesenheit eines auffälligen Datensignals für ein bestimmtes Lebensmittel als Ergebnis der Befragungen darauf hin, dass mehrere Lebensmittel Ansteckungsquellen für die Patientinnen und Patienten sein könnten und daher nicht erkannt werden. Dies könnte Folge einer Kontamination am Anfang der Lebensmittelproduktionsketten sein. Erkrankungshäufungen, assoziiert z. B. mit Restaurantbesuchen, wurden in diesem Ausbruch bislang nicht bekannt, so dass es vermutlich Lebensmittel aus dem Einzelhandel sind. Es ist auch nicht auszuschließen, dass in Mecklenburg-Vorpommern andere Lebensmittel Infektionsquellen waren bzw. sind, als in Nordrhein-Westfalen. Alternativ oder zusätzlich könnte der Verzehr des auslösenden Lebensmittels aber auch für Menschen außerordentlich schlecht erinnerbar sein („Stealth food vehicle“), wie zum Beispiel Garnierungen, Saucen oder Gewürze und somit von den Befragten nicht genannt werden. Das RKI und die Behörden des Infektionsschutzes der betroffenen Länder sind mit den Behörden der Lebensmittelüberwachung im engen Kontakt.

Integrierte Genomischen Surveillance (IGS) und Ausbruchsuntersuchungen

In diesem Ausbruch wurde mit Hilfe der IGS, welche am RKI für verschiedene Erreger durchgeführt wird, eine hohe genetische Ähnlichkeit der Bakterienisolate festgestellt und ein Ausbruchscluster definiert. Die Grundlage für diese Untersuchung bildet die Sequenzierung der bakteriellen Genome der Erregerisolate, welche anschließend der cgMLST-Analyse unterzogen werden.

Je höher die Übereinstimmung zwischen den Erregern ist, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass diese Bakterienisolate zu einem Ausbruch gehören und sich die zugeordneten Erkrankungsfälle auf eine gemeinsame Ansteckungsquelle zurückführen lassen. Diese Ergebnisse werden Informationen aus den Meldungen einzelner Erkrankungsfälle zugeordnet. Im nächsten Schritt werden detektierte Zuordnungen an die Gesundheitsbehörden der Bundesländer kommuniziert und so für die öffentliche Gesundheit nutzbar gemacht.

Mittels IGS konnten in den letzten Jahren durch das RKI bei lebensmittelübertragenen Erregern bereits sehr erfolgreich bundesweite Ausbrüche detektiert werden und durch epidemiologische Datenerhebungen wertvolle Hinweise auf Ansteckungsquellen gefunden werden. Nachfolgend konnten die Ursachen in Zusammenarbeit mit anderen Behörden abgestellt werden. Dies war z. B. bei einem Listeriose-Ausbruch in Deutschland in Verbindung mit dem Verzehr von Blutwurst⁵ der Fall oder kürzlich bei einem Salmonellose-Ausbruch (*Salmonella* Infantis) bei Säuglingen und Kleinkindern, der durch kontaminiertes Cashewmus verursacht wurde.⁶

Informationen zum Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen sind zum Beispiel beim Bundesinstitut für Risikobewertung abrufbar, in Antworten auf häufig gestellte Fragen „[STEC/EHEC-Infektionen durch Lebensmittel: Risiken erkennen und vorbeugen](#)“, und beim Landesamt für Gesundheit und Soziales in Mecklenburg-Vorpommern: „[EHEC – Hygienetipps und Hinweise](#)“.

Hinweis für diagnostizierende Labore

Diagnostizierende Labore werden gebeten, bei positivem Nachweis von *stx*-Genen in Stuhlproben bzw. der Analyse von HUS-Fällen, Proben zu sichern und unter Weitergabe der DEMIS-Meldungs-ID (Notification-ID) (vgl. <https://wiki.gematik.de/x/ellaHw> und <https://wiki.gematik.de/x/clAwI>) einer vollständigen Typisierung, z. B. im NRZ für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger (RKI-Standort Wernigerode) oder dem KL für HUS (Universität Münster) zuzuführen.

Literatur

- 1 RKI: Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern. *Epid Bull* 2025;38:24-28 | 10.25646/13459
- 2 RKI: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC) O45:H2 assoziiert mit Ausbruch in Mecklenburg-Vorpommern. *Epid Bull* 2025;37:19-20
- 3 Zhou Z, Alikhan NF, Mohamed K, Fan Y; Agama Study Group; Achtman M. The EnteroBase user's guide, with case studies on *Salmonella* transmissions, *Yersinia pestis* phylogeny, and *Escherichia* core genomic diversity. *Genome Res.* 2020 Jan;30(1):138-152. doi: 10.1101/gr.251678.119. Epub 2019 Dec 6. PMID: 31809257; PMCID: PMC6961584.
- 4 EHEC O104:H4 Ausbruch Deutschland 2011; <https://edoc.rki.de/bitstream/handle/176904/162/262b4Pk2TGGs.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- 5 Halbedel S, Wilking H, Holzer A, Kleta S, Fischer MA, Luth S et al.: Large Nationwide Outbreak of Invasive Listeriosis Associated with Blood Sausage, Germany, 2018–2019. *Emerging infectious diseases.* 2020;26(7):1456-64
- 6 RKI: *Salmonella* Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere. *Epid Bull* 2025;25:12-15 | 10.25646/13200

Autorinnen und Autoren

Robert Koch-Institut

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Update zum EHEC-/HUS-Ausbruch mit Schwerpunkt in Mecklenburg-Vorpommern und Nordrhein-Westfalen, 2025

Epid Bull 2025;40:20-26 | 10.25646/13472

Open access



Creative Commons Namensnennung 4.0
International