



RUOKAVIRASTO
Livsmedelsverket • Finnish Food Authority

Seurantaa teurastamoissa: STEC- bakteerien seurantaohjelman tulokset

Saija Hallanvuo

Johtava tutkija

Elintarvike- ja rehumikrobiologian laboratoriojaosto,
mikrobiologian yksikkö, laboratorio- ja tutkimuslinja, Ruokavirasto

Ruokaviraston tiedepäivä

28.11.2022

STEC-seurantaohjelma teurastamoissa



- Nautateurastamoissa seurataan osana omavalvontaa STEC-bakteerien esiintymistä naudon ruhoissa (vuodesta 2021 alkaen). Tavoitteena:
 - Seurata ja vähentää STEC-bakteerin esiintymistä suomalaisissa teurasnaudoissa ja naudonlihassa
 - Tuottaa tietoa STEC-bakteerien esiintyvyydestä elintarvikeketjussa
- STEC-näytteiden tutkimisesta säädetään maa- ja metsätalousministeriön asetuksessa zoonooseista (316/2021, zoonoosiasetus)
 - Direktiivi 2003/99/EY edellyttää jäsenvaltioiden seuraavan tiettyjen zoonoosien aiheuttajia, joihin STEC-bakteerit kuuluvat
- Aiemmassa seurantaohjelmassa vuosina 2004-2021 tutkittiin naudon ulostenäytteitä teurastamolla (tutkittiin STEC O157/EHEC O157)

Ihmiselle tautia aiheuttavat *E. coli* -bakteerit



- *E. coli* –bakteerit kuuluvat ihmisen ja tasalämpöisten eläimien suoliston normaaliin bakteeristoon
 - Yleensä hyödyllisiä
 - Osa muuntunut ripulin aiheuttajiksi (patogeeniset *E. colit*)

- 1) Shigatoksiinia tuottavat *E. colit*, STEC
ml. Enterohemorraaginen *E. coli*, EHEC
- 2) Enteropatogeeniset, EPEC
- 3) Enteroinvasiiviset, EIEC (*Shigella*)
- 4) Enteroaggregatiiviset, EAEC
- 5) Enterotoksigeeniset, ETEC
- 6) Diffuusisti adheroituvat, DAEC
- 7) Adheroituvat invasiiviset, AIEC

ExPEC (Extraintestinal pathogenic *E. coli*):
Esim. Uropatogeeniset *E. coli* (UPEC)



Lisätietoa, esim:

<https://cmr.asm.org/content/cmr/26/4/822.full.pdf>

STEC (shigatoksiinia tuottava E. coli)



- *E. coli* -bakteeri jolla on shigatoksiinin muodostamiseen tarvittavat geenit stx1 ja/tai stx2
- stx –geenit > Stx –toksiini (Shigatoksiini) > Vaurioita verisuonten sisäpinnalla > verinen ripuli, osalle potilaista munuaisvaurio (HUS)
- Shigatoksinen = Verotoksinen (STEC = VTEC; stx = vtx)
- Sairastumisen aiheuttava bakteerimäärä (nk. infektiivinen annos) on ainoastaan muutamia bakteereita



STEC tutkimusmenetelmät seurantaohjelmassa

- Akkreditoitu STEC menetelmä ISO/TS 13136:2012
 - Paikallislaboratorioissa (3 kpl): skreenaus PCR
 - Ruokavirastossa: viljelyvarmistus (=koko menetelmä)
- STEC kantojen virulenssiominaisuudet (taudin aiheuttamiseen liittyvät)
 - Kokogenomisekvensointi (WGS) Ruokavirastossa akkreditoinnin piirissä
- STEC kantojen genominen vertailu
 - cgMLST tyypitys (WGS) Ruokavirastossa
 - Ruokaviraston ja THL:n yhteinen WGS tyypityksen kehityshanke etenee
- > yhteinen analyysialusta mahdollistaa ajantasaisen tyypityksen ja vertailun humanikantoihin

STEC-seurantaohjelma teurastamoissa – STEC esiintyvyys teurasnaudoilla



- Ohjelmassa tutkitaan teurastetuista naudoista vuosittain vähintään 500 ruhon pintasivelynäytettä (jakautuu teurastamoille toiminnan laajuus huomioiden)

Tuloksia vuosilta 2021 ja 2022

- Viljelyvarmistettu STEC-bakteeri todettiin 48/358 (13%) ruhonäytteessä 2021
- Viljelyvarmistettu STEC-bakteeri todettiin 76/521 (14,6%) ruhonäytteessä 2022



STEC kantojen tarkempi tyypitys (WGS) antaa tietoa riskistä

WHO+EFSA (2018-2020):

- Mitään STEC tyyppiä ei voida pitää täysin ei-patogeenisenä
 - Kaikki STEC -bakteerit voivat aiheuttaa ihmisille tautia, joka ilmenee vähintään ripulina
- STEC serotyyppillä ei voida luotettavasti arvioida kannan kykyä aiheuttaa vakavaa sairautta
 - Merkitystä epidemiologisessa seurannassa
- STECin taudinaiheuttamiskykyä (riippumaton serotyyppistä) voidaan arvioida virulenssigeenien avulla
 - Toksiinigeenien alatyypit + muut virulenssiin liittyvät geenit > WGS
 - Toksiinialatyyppejä useita:
 - Stx1 alatyypit (Stx1a, Stx1c, Stx1d and Stx1e)
 - Stx2 alatyypit (Stx2a–Stx2l) 12 kpl (+ koko ajan uusia m, n, o...)

STEC virulenssigeenien merkitys taudinaiheuttamisen riskin arvioinnissa

TABLE 5. Combinations of STEC virulence genes and the estimated potential to cause diarrhoea (D), bloody diarrhoea (BD) and haemolytic uraemic syndrome (HUS) ¹

Level	Trait (gene)	Potential for:
1	<i>stx</i> _{2a} + <i>eae</i> or <i>aggR</i>	D/BD/HUS
2	<i>stx</i> _{2d}	D/BD/HUS ²
3	<i>stx</i> _{2c} + <i>eae</i>	D/BD ³
4	<i>stx</i> _{1a} + <i>eae</i>	D/BD ³
5	Other <i>stx</i> subtypes	D [^]

Vakavat oireet

Ripulioireet

NOTES: 1. depending on host susceptibility or other factors; e.g. antibiotic treatment

2. association with HUS dependent on *stx*_{2d} variant and strain background.

3. some subtypes have been reported to cause BD, and on rare occasions HUS

FAO/WHO, 2018. Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) and food: attribution, characterization, and monitoring. Microbiological Risk Assessment Series. Rome. <http://www.fao.org/3/ca0032en/CA0032EN.pdf>

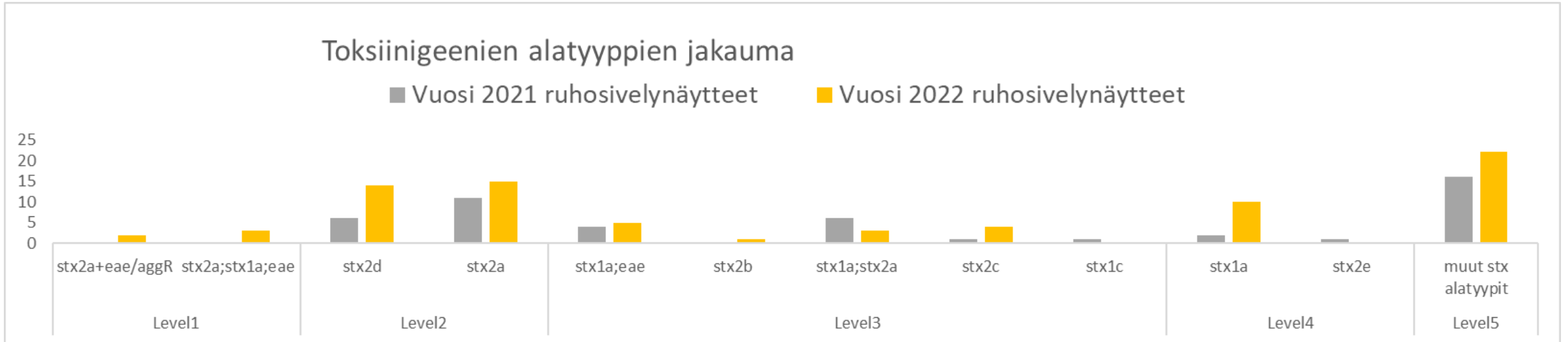
Edellisen dian kuva tekstimuodossa

Maailman terveysjärjestön (World Health Organization WHO) vuonna 2018 julkaistun raportin mukaan STEC bakteerit voidaan jakaa viiteen riskiluokkaan. Luokitus perustuu kantojen virulenssigeenien yhdistelmien arvioituun mahdollisuuteen aiheuttaa ripulia, veriripulia ja hemolyyttis-ureemista syndroomaa (HUS). Toksiinigeenien alatyypit stx2a ja stx2d yhdistetään korkeaan riskiin aiheuttaa vakavia oireita. Muut toksiinigeenien alatyypit aiheuttavat todennäköisimmin lievempiä oireita, kuten ripulia.

STEC kantojen toksinigeenit 2021-2022



- Aineistossa 127 kantaa, joille toksinigeenien alatyypit määritetty



”vakavariskiset”

Vuosi 2021: 17/48 (35 %)

Vuosi 2022: 34/79 (43 %)

”lievempiriskiset”

Vuosi 2021: 31/48 (65 %)

Vuosi 2022: 45/79 (57 %)

Edellisen dian kuva tekstimuodossa

Kuvassa vuoden 2021 ja 2022 teurasnaudoista eristetyt STEC -bakteerikannat on jaettu toksiinigeenien alatyypityksen perusteella mailman terveysjärjestön luokituksen mukaisiin vakavariskisiin ja lievempiriskisiin luokkiin

Teurasnautakantojen genotyyppien vertailu ihmisistä eristettyihin STEC kantoihin (WGS)

Vertailu vastaaviin tyyppeihin humanikannoissa 2021-2022

- Vertailussa kannat jakautuivat 39:ään ST-tyyppiin – vertailu tyypeistä, joissa yli 5 kpl kantoja

Sekvenssityyppi (ST)	Teurasnautakantojen määrä (%)	Serotyyppi	Toksiinialatyyppi (stx-geenin alatyyppi)	Vastaavia Humanikantoja (kpl)
223	19 (14,7 %)	O113:H21	2a/d	0
718	9 (7,0 %)	O168:H8	1a; 2g; 1a, 2d	0
tuntematon	8 (6,2 %)	useita	2a2c2d	1
515	7 (5,4 %)	O2:H29	2bd; 2d	0
58	6 (4,7 %)	O116:H21; O153:H25	2a;2ad;2d	0
21	6 (4,7 %)	O26:H11	1a,eae;1a,2a,eae	25
10	6 (4,7 %)	O2:H27; O69:H32; O113:H4	2a;2d;1a,2d	1

=> yksityiskohtainen vertailu vielä tekemättä

Teurasnautakantojen hyvikset ja pahikset

Osa virulenssigeeneistä liittyy vakavaan infekioon ihmisellä

- Selvitettiin 20 tällaisen geenin esiintymistä teurasnaudoilla
- Geenit valittiin aiemman kirjallisuuden mukaan (kts viitteet, suomalainen ja belgialainen aineisto)
- 5 tai useamman geenin yhtäaikainen esiintyminen => pahis

=> Pahiksia 39/127 (31 %), näistä yksi STEC-ETEC hybridi



RESEARCH ARTICLE
July/August 2022 Volume 10 Issue 4 e00660-22
<https://doi.org/10.1128/spectrum.00660-22>

Comparative Genomics of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Strains Isolated from Pediatric Patients with and without Hemolytic Uremic Syndrome from 2000 to 2016 in Finland

Xiangning Bai ^{a,b}, Elisa Ylinen^c, Ji Zhang^d, Saara Salmenlinna^e, Jani Halkilahti^e, Harri Saxen^c, Aswathy Narayanan^f, Timo Jahnukainen^c, Andreas Matussek^{a,b,g,h}

ORIGINAL RESEARCH article

Front. Microbiol., 13 July 2023
Sec. Food Microbiology
Volume 14 - 2023 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1204630>

This article is part of the Research Topic
Technologies to Address Risk Assessment, Food Safety and Public Health in
Food Production Chain
[View all 4 Articles >](#)

Transforming Shiga toxin-producing *Escherichia coli* surveillance through whole genome sequencing in food safety practices

Stéphanie Nouws^{1,2} Bavo Verhaegen³ Sarah Denayer³ Florence Crombé⁴ Denis Piérard⁴
 Bert Bogaerts¹ Kevin Vanneste¹ Kathleen Marchal^{2,5} Nancy H. C. Roosens¹ Sigrid C. J. De Keersmaecker^{1*}

Teurasnautakantojen omintakeisimmat eli hybridit (1/2)

Hybridi STEC kannalla on normaalien stx-geenien lisäksi jonkin muun patogeenisen *E. coli*-tyypin ominaisuuksia

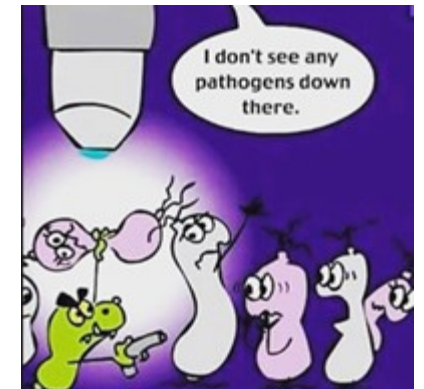
Yhdistelmä voi tehdä STEC:istä arvaamattoman virulentin...

- Hybridi STEC-EAEC aiheutti vuonna 2011 Saksassa ja Keski-Euroopassa laajan epidemian, jossa sairastui tuhansia ja kuoli 52 ihmistä

....tai auttaa bakteeria sopeutumaan elinympäristöönsä

STEC-ETEC hybridejä näyttää esiintyvän melko runsaasti ympäristössämme (Ruokaviraston aineiston perusteella)

- Ensimmäiset elintarvikkeiden ja rehujen hybridikantalöydökset tehtiin Suomessa vuonankaalista vuonna 2017 (stx2e+estap) ja ulkomaisesta koiran riistaperäisestä raakaruoasta (stx2g+estap)
- Hybridejä eristetty eniten Suomessa haittaeläimistä ja nautaperäisistä näytteistä, viime vuosina myös elintarvikkeista



Teurasnautakantojen omintakeisimmat eli hybridit (2/2)

Hybridien osuus seurantaohjelman naudanruhojen kannoissa 2021-2022:

- 20/127 kannalla hybridiominaisuuksia (15,7 %)
 - 19:llä ETEC merkkigeeni st (sta1/estap)
 - Yhdellä EAEC merkkigeeni aaiC
- Teurasnautakantojen yleisimmät hybridit STEC-bakteereita (stx2), jolla ETECin lämpökestoisen (heat-stable) enterotoksiinin tuottamiseen tarvittava geeni (estap), näistä erilaisia alatyypiyhdistelmiä:
- Nautoihin liittyvät ST 325 (stx2g+estap) (O15:H16) ja stx2g+estap ST 718 (O168:H8) tavattu maitosuodatinnäytteissä raakamaidon juomiseen liittyvissä tartuntaepäilyissä sivulöydöksenä ja naudan ulosteessa vuosina 2019 ja 2020
- ST 223 (stx2a/c +estap) (O113:H21) toistaiseksi todettu vain ruhosivelynäytteissä v. 2022
- ST 329 (stx2a+g+estap) eristettiin peltomyyrästä vuonna 2019, sittemmin nautojen ruhosivelynäytteistä ja muista nautaperäisistä näytteistä
- Ko. tyyppjä ei ole tavattu viime vuosina ihmisissä

RUOKAVIRASTO

Livsmedelsverket • Finnish Food Authority

