

1. Einleitung

Seit einigen Jahren ist bekannt, dass Getreidegräser in Form von Nahrungsergänzungsmitteln, Getreidemehle und daraus hergestellte Erzeugnisse wie Teige oder Backmischungen Shigatoxin bildende *Escherichia coli* (STEC) enthalten können. Die Rate der veröffentlichten STEC-Funde ist sehr unterschiedlich. Im LAVES wurden verschiedene Prozess- und Veredelungsstufen auf das Vorhandensein von STEC untersucht. Isolate aus Kot von Rehwild aus dem Jahr 2017 wurden dem LVI BS/H zur Sequenzierung zugesandt. Die Daten wurden analysiert, da der Verdacht besteht, dass STEC über Kot von Wildtieren in Lebensmittel gelangen kann.

2. Nachweis- bzw. Sequenzierungsmethoden

Der qualitative Nachweis von STEC erfolgte gemäß DIN CEN ISO/TS 13136:2013-04 mit einer Anreicherung in gepuffertem Peptonwasser. Im Fall von *stx1*- oder *stx2*-positiven PCR-Ergebnissen aus den Anreicherungen wurden diese auf TBX-Agar (Oxoid) und CHROMagar™ STEC (Mast Group) ausgestrichen. Für einen besseren Isolierungserfolg wurde parallel je ein Aliquot der Anreicherung einer Säurebehandlung (Trypton Soja Bouillon, pH 2, 30 min) gemäß Anleitung des NRL *E. coli* zur LVU „STEC in Sprossen“ (2016) unterzogen. Es schloss sich die Prüfung von je 50 Kolonien für die Isolatgewinnung an. Die Ganzgenomsequenzierung erfolgte mit einem MiSeq-Gerät der Firma Illumina, die Datenauswertung mit der Software Ridom SeqSphere+ (in der jeweils aktuellen Version).

3. Ergebnisse (2016 - 2021)

3.1 Untersuchung von Getreidegräsern, Getreidemehlen und daraus hergestellten Erzeugnissen (Planproben)

In den Jahren 2016 bis 2021 wurden insgesamt 240 Planproben auf STEC untersucht. In 18 (7,5 %) Fällen wurde STEC aus Getreidegras, Mehlen, Backmischungen und Fertigteigen isoliert. STEC-typische Gensequenzen fanden sich in 11 (4,6 %) weiteren Proben. Die Ergebnisse sind in den **Abbildungen 1 und 2** dargestellt.

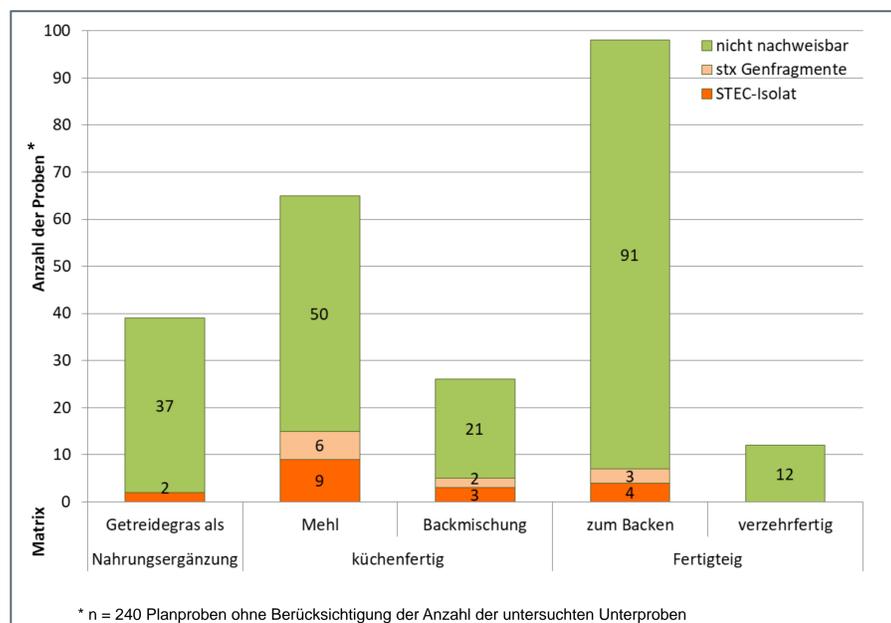


Abbildung 1: Analysen auf STEC in Lebensmitteln aus und mit Getreide

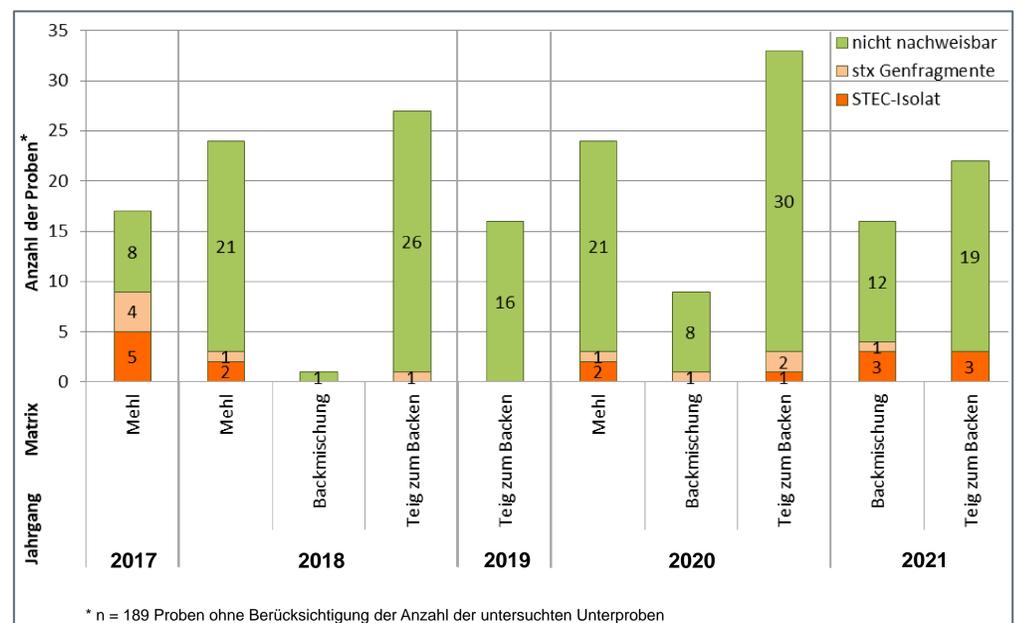


Abbildung 2: STEC-Analysen in Getreidemehlen und Mehlprodukten nach Jahrgang

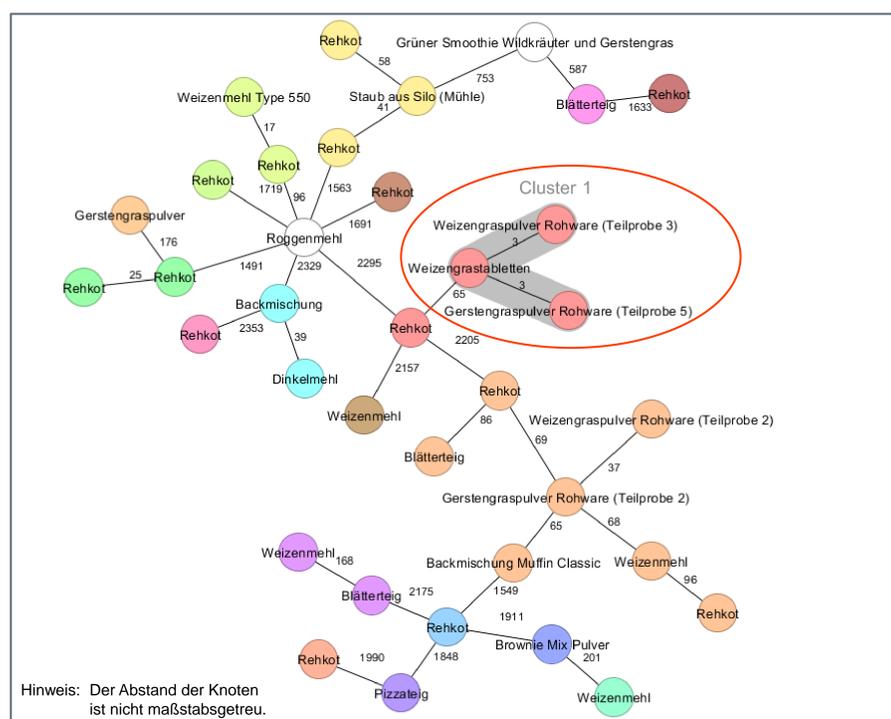


Abbildung 3: Minimum Spanning Tree, Ausschnitt zur Darstellung der Verwandtschaft der STEC-Isolate. Ein Cluster (rot umrahmt) wurde identifiziert.

3.2 Stufenkontrollen und Verfolgspalten

Zur weiteren Ursachenforschung erfolgten Stufenkontrollen in einem Mühlenbetrieb sowie bei einem Hersteller von Nahrungsergänzungsmitteln.

In dem Mühlenbetrieb wurden 12 Proben entnommen, darunter Rückstellmuster, Roggenkörner, Roggenmehl, aber auch Staub und Abfallprodukte. Es wurde ein STEC-Isolat gewonnen. Dieses stammte aus dem Staub eines Auffangsacks, der unterhalb des Staubabscheiders (Zyklon) des Getreidevorräiners angebracht war. Die anderen Proben waren unauffällig.

Aus dem Herstellerbetrieb von Nahrungsergänzungsmitteln wurden Rohware (Pulver aus „schonend getrocknetem“ Getreidegras), zum Verkauf abgefüllte Pulver sowie Tabletten entnommen. Sieben Verfolgspalten à 5 Teilproben wurden analysiert. Es ließen sich sechs verschiedene STEC-Isolate aus vier der Proben gewinnen. Davon stammten jeweils zwei Stämme aus je einer Rohware Weizen- bzw. Gerstengras. Die anderen STEC-Isolate wurden aus einer weiteren Gerstengrasrohware sowie einem abgepackten Gerstengraspulver gewonnen. Drei Proben waren unauffällig.

3.3 Ergebnisse der Sequenzierung

Insgesamt wurden 25 STEC-Isolate aus den Lebensmittel- und Verfolgspalten sowie 14 weitere aus Kot von Rehwild sequenziert. Ein Cluster mit geringen Unterschieden (≤ 10) zwischen drei Isolaten des Serotyps O12:H45 ließ sich identifizieren, siehe **Abbildung 3**. Bei den Isolaten handelte es sich um Weizengrastabletten sowie zwei daraufhin geprüfte Rohwaren aus Weizen- bzw. Gerstengraspulver aus demselben Herstellerbetrieb. Der Vergleich der Kotproben mit den Lebensmitteln sowie zwischen den anderen Plan- und Verfolgspalten ergab keine weitere Verwandtschaft.

4. Diskussion

Die vorgestellten Untersuchungen zeigen, dass STEC aus jeder Verarbeitungsstufe entlang der Getreidekette isoliert werden können, wenn die Produkte keinem keimabtötenden Schritt unterzogen wurden. Bei Betrachtung der kumulierten Daten nimmt der Anteil an STEC-Funden mit zunehmender Verarbeitung des Getreides in der Regel ab. Die Analyse verschiedener Jahrgänge zeigt, dass die Rate der STEC-Funde aus einer Matrix von Jahr zu Jahr sowie innerhalb eines Jahrgangs zwischen den Matrices sehr dynamisch ist. Inwieweit die beobachteten Effekte bspw. auf die Herkunft der Rohware (globale Warenströme), Nesterbildung in der Ware und/oder klimatische Effekte zurückzuführen sind, ist unklar. Als Ursache für die STEC-Einträge in Getreide sind verschiedene Quellen denkbar, unter anderem der Kot von Wildtieren. Die vorliegenden Ergebnisse ergaben keine genetischen Verwandtschaften zwischen Isolaten aus Rehwild und Isolaten aus Lebensmitteln.