

**EU-FALLDEFINITION FÖR DIARRÉ OCH HEMOLYTISKT UREMISKT SYNDROM
(HUS) ORSAKAT AV DEN EPIDEMISKA STAMMEN SHIGATOXIN-2-PRODUCERANDE
ESCHERICHIA COLI (STEC) O104:H4**

MÖJLIGT EPIDEMISKT FALL

Alla personer som den 1 maj 2011 eller senare utvecklar:

STEC-diarré, som definieras som

- akut diarré eller blodig diarré

OCH

- minst ett av följande laboratoriekriterier:
 - o Isolering av en *E. coli*-stam som producerar Shiga toxin 2 (Stx2) eller innehåller *stx2*-genen.
 - o Direkt påvisande av *stx2* gen-nukleinsyra i avföringen utan isolering av stam.

STEC HUS, som definieras som:

- Hemolytiskt uremiskt syndrom (HUS), definierat som akut njurinsufficiens och minst ett av följande kliniska kriterier:
 - o Mikroangiopatisk hemolytisk anemi.
 - o Thrombocytopeni.

SANNOLIKT EPIDEMISKT FALL

Alla personer som uppfyller kriterierna för ett möjligt fall av **STEC-diarré** eller **STEC HUS**

OCH

under en exponeringsperiod på 14 dagar före insjuknandet uppfyller minst ett av följande epidemiologiska kriterier:

- Vistelse i Tyskland eller annat land där ett fall bekräftats och en person blivit smittad.
- Intag av livsmedel från Tyskland.
- Nära kontakt (t.ex. inom samma hushåll) med ett bekräftat epidemiskt fall.

BEKRÄFTAT EPIDEMISKT FALL

Alla personer som uppfyller kriterierna för ett möjligt fall

OCH

med isolering av en STEC-stam av serotyp O104:H4

ELLER

med isolering av en STEC-stam av serotyp O104 **OCH** uppfyllda epidemiologiska kriterier för ett sannolikt fall

Beskrivning av den berörda stammen

Den berörda stammen har följande karakteristika¹:

- Shigatoxin-producerande *E. coli* av serotyp O104:H4
- Shigatoxin 2a+ (Stx2a positiv)
- Intimin, eae - (negativ)
- Enterohemolysin - (negativ)

EaggEC virulensplasmid:

- aatA-PCR: + (positiv) (gen för ABC-transportprotein)
- aggR-PCR: + (positiv) (master-regulatorgen för Vir-plasmidgener)
- aap-PCR: + (positiv) (gen för det utsöndrade proteinet dispersin)
- aggA-PCR: + (positiv) (gen för AAF/I-fimbrial underenhet)
- aggC-PCR: + (positiv) (gen för AAF/I-fimbrialt operon)

MLST-sekvenstyp:

ST678 (adk 6, fumC6, gyrB 5, icd 136, mdh 9, purA 7, recA 7)
ESBL-produktion (CTX-M-15)

Vidare beskrivning av STEC-stammen bör om möjligt göras genom provning beträffande

- full serotyp,
- eae- och aggR-gener,
- subtyp *stx2* och genotypning genom MLST,
- *Xba*I PFGE;
- ESBL (*Extended Spectrum Beta-Lactamase*).

Uteslutningskriterier

Alla andra serotyper än den berörda stammen utesluts. Även stammar som producerar Stx1 eller är positiva för *stx1*-genen utesluts.

¹
http://www.rki.de/ClIn_109/nn_467482/DE/Content/InfAZ/E/EHEC/EHEC_Diagnostik.templateId=raw,property=publicationFile.pdf/EHEC_Diagnostik.pdf

Rekommendation om anmälan av fall för övervakning av utbrott på EU-nivå

Rapportera antalet sannolika och bekräftade fall och dödsfall som ömsesidigt uteslutande kliniska kategorier enligt tabellen nedan (tabell 1). Antalet dödsfall bör räknas med i antalet epidemiska fall.

Tabell 1: Kumulativt antal fall och dödsfall av **STEC-diarré** och **STEC HUS** orsakad av eller med anknytning till den epidemiska stammen STEC O104:H4

Datum: [] Land: []

STEC-diarré		STEC HUS		TOTALT	
Antal fall	Antal dödsfall*	Antal fall	Antal dödsfall*	Antal fall	Antal dödsfall*
Sannolika					
fall					
Bekräftade					
fall					
Totalt					

* Dödsfall på grund av sjukdom orsakad av STEC eller HUS med anknytning till utbrottet; antalet dödsfall bör räknas med i antalet fall.