

**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von  
bovinen Isolaten von *Escherichia coli*  
als Spender- oder Empfängerorganismen  
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

**Allgemeines**

Mastitis, die Entzündung des Euters, ist eine der ökonomisch bedeutendsten Erkrankungen von Milchkühen. Neben *Staphylococcus aureus* lösen Isolate von *Escherichia coli* häufig Mastitiden aus. Akute Mastitiden haben oft schwere klinische Folgen und können tödlich verlaufen, Kühe können sich aber auch innerhalb von Tagen ganz von der Erkrankung erholen. Die Schwere des Mastitisverlaufs hängt dabei auch vom Immunstatus, den Haltungsbedingungen, dem Zeitpunkt in der Laktationsperiode, dem Alter und der Rasse der Kuh ab [1].

Bis vor einigen Jahren wurde diskutiert, ob Mastitis-Isolate von *E. coli* (MAEC) einen eigenen Pathotyp (Mamma-pathogene *E. coli* (MPEC)) wie z. B. die enteroaggregativen *E. coli* (EAEC) oder die enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) darstellen [2]. Um einen solchen Pathotyp zu definieren, wurden die Gesamtgenomsequenzen boviner Isolate von *E. coli* verglichen, die entweder aus an Mastitis erkrankten Kühen oder aus der Milch bzw. dem Kot gesunder Kühe isoliert worden waren [3]. Genetische Marker oder Virulenzfaktoren, die spezifisch für MPEC wären, konnten in dieser und anderen Studien jedoch nicht identifiziert werden [3–5], so dass es sich bei den MAEC nicht um einen umgrenzten Pathotyp von *E. coli* zu handeln scheint.

Im Rahmen der vorliegenden Stellungnahme sollen die in [3] charakterisierten Isolate einer Risikogruppe zugeordnet werden. *In vivo*-Daten zu einer möglichen Pathogenität der Isolate liegen nur in begrenztem Umfang vor:

- Der Stamm *E. coli* 1303 wird häufig als Modellstamm für die Erzeugung akuter Mastitis verwendet. Die Verabreichung 500 Kolonie-bildender Einheiten (KBE) über die Zitze in Euter gesunder Holsteiner Kühe rief bei allen Versuchstieren eine akute Mastitis hervor, die sich in erhöhter Körpertemperatur, Leukopenie, Schwellungen des Euters, purulenter Lymphadenitis und erhöhter somatischer Zellzahl in der Milch äußerten [6].
- Die Fähigkeiten der MAEC ECA-727, ECA-O157, ECC-1470 und ECC-Z zur Invasion und zur Vermehrung in der bovinen Euter-Epithelzelllinie MAC-T wurden in [7] untersucht. *E. coli* ECC-Z und ECC-1470 waren invasiver als ECA-727 und ECA-O157, wobei diese eine nur gering erhöhte Invasivität als der als Negativkontrolle verwendete *E. coli* K12-Stamm DH5 $\alpha$  zeigten. Alle vier Stämme waren aber im Gegensatz zu *E. coli* DH5 $\alpha$  dazu in der Lage, sich intrazellulär in MAC-T-Zellen zu vermehren [7].
- Daneben wurde das pathogene Potential der MAEC-Stämme D6-117.29 und O32:H37 P4 (der ebenfalls häufig als Mastitis-Modellstamm eingesetzt und oft auch nur als Stamm „*E. coli* P4“ bezeichnet wird) verglichen. Beide waren zur Invasion der bovinen Euter-Epithelzelllinie PS in der Lage. Bei Mäusen rief *E. coli* D6-117.29 nach Verabreichung von 10<sup>3</sup> KBE in die Brustdrüsen zwar Mastitis-Symptome hervor, diese waren jedoch weniger

schwerwiegend als die der durch *E. coli* O32:H37 P4 ausgelösten, schweren Mastitis und vergleichbar mit den Symptomen, die durch den als Negativkontrolle verwendeten *E. coli* K12-Stamm MG1655 ausgelöst wurden. Die durch *E. coli* O32:H37 P4 ausgelöste schwere Mastitis äußerte sich in einer erhöhten Bakterienlast, einer erhöhten Zahl von neutrophilen Granulozyten und der verstärkten Sekretion von Zytokinen [8].

Für die Stämme *E. coli* 131/07, 2772a, 3234/A, AA86, D6-113.11, D6-117.07, MPEC4839, MPEC4969, O157:H43 T22, P4-NR, RiKo 2299/09, RiKo 2305/09, RiKo 2308/09, RiKo 2331/09, RiKo 2340/09, RiKo 2351/09, UVM2 und W26 sind keine Daten zur Pathogenität im Tiermodell oder Zellkultur verfügbar.

Die Einstufung der in [3] aufgeführten bovinen Isolate von *E. coli* erfolgt anhand von Virulenzfaktorgenen wie Kapselbiosynthese-, Toxin-, Pili-, Fimbrien- und Adhäsion- sowie Siderophor- und weiteren Virulenzfaktorgenen. Informationen zur An- oder Abwesenheit dieser Gene im Genom der einzelnen Isolate wurden einer binären Virulenzfaktormatrix entnommen, die die 556 von 1069 bekannten Virulenzfaktoren von *E. coli* auflistet, die im Genom mindestens eines der bovinen Isolate vorliegen (Dataset 7 im Additional File 14 in [3]). Im Anhang ist die An- bzw. Abwesenheit einiger Virulenzfaktorgene tabellarisch für die einzelnen Stämme dargestellt. Die Einstufung in die entsprechende Risikogruppe erfolgte anhand dieser Tabellen und wurde analog zur [Bewertung der ECOR-Sammlung von E. coli-Stämmen](#) durch die ZKBS durchgeführt (Az. 45241.0145, Juni 2015), um eine Vergleichbarkeit der Einstufungen zu ermöglichen.

## Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV werden *Escherichia coli* 131/07, 2772a, 3234/A, D6-117.07, D6-117.29, O157:H43 T22, RiKo 2299/09, RiKo 2305/09, RiKo 2308/09, RiKo 2331/09, RiKo 2340/09 und UVM2 als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet. *Escherichia coli* 1303, AA86, D6-113.11, ECA-727, ECA-O157, ECC-1470, ECC-Z, MPEC4839, MPEC4969, O32:H37 P4, P4-NR, RiKo 2351/09 und W26 werden der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

## Begründung

Nicht näher charakterisierte Umweltisolate von *E. coli* werden im Allgemeinen aufgrund ihres möglichen pathogenen Potentials der Risikogruppe 2 zugeordnet. Liegen ausreichende Daten zu den Isolaten vor, etwa zur genetischen Ausstattung mit Virulenzfaktoren oder zum pathogenen Potential der Isolate in Adhäsionsversuchen, Zytotoxizitätsuntersuchungen oder im Tierversuch, die gegen eine Pathogenität sprechen, können sie der Risikogruppe 1 zugeordnet werden (s. auch [Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von bakteriellen Umweltisolaten bei gentechnischen Arbeiten](#), Az. 6790-10-43, Februar 1996).

Für die Stämme *E. coli* 1303, ECA-727, ECA-O157, ECC-1470, ECC-Z, und O32:H37 P4 liegen darüber hinaus experimentelle Daten vor, die ein pathogenes Potential der Stämme nahelegen und damit ihre Einstufung in die Risikogruppe 2 gemäß der Analyse der Virulenzfaktormatrix unterstützen. Dies ist bei *E. coli* D6-117.29 hingegen nicht der Fall. Entsprechend der Analyse der Virulenzfaktormatrix würde der Stamm als Mastitis-Isolat, in dessen Genom mehrere Gene für Fimbrien und Adhäsine vorliegen, der Risikogruppe 2 zugeordnet. Tierversuchsdaten belegen jedoch, dass *E. coli* D6-117.29 im Maus-Mastitis-Modell nicht pathogener ist als ein als Negativkontrolle verwendetes *E. coli* K12-Derivat. Da das Genom von *E. coli* D6-117.29 auch nur sehr wenige weitere Virulenzfaktoren aufweist, darunter keine Toxingene,

wird dieser Stamm aufgrund der vorliegenden experimentellen Daten in die Risikogruppe 1 eingestuft.

## Literatur

1. **Burvenich C, van Merris V, Mehrzad J, Diez-Fraile A, Duchateau L** (2003). Severity of *E. coli* mastitis is mainly determined by cow factors. *Vet Res* **34**(5):521–64.
2. **Shpigel NY, Elazar S, Rosenshine I** (2008). Mammary pathogenic *Escherichia coli*. *Curr Opin Microbiol* **11**(1):60–5.
3. **Leimbach A, Poehlein A, Vollmers J, Görlich D, Daniel R, Dobrindt U** (2017). No evidence for a bovine mastitis *Escherichia coli* pathotype. *BMC genomics* **18**(1):359.
4. **Leimbach A, Poehlein A, Witten A, Wellnitz O, Shpigel N, Petzl W, Zerbe H, Daniel R, Dobrindt U** (2016). Whole-Genome Draft Sequences of Six Commensal Fecal and Six Mastitis-Associated *Escherichia coli* Strains of Bovine Origin. *Genome Announc* **4**(4):e00753-16.
5. **Kempf F, Slugocki C, Blum SE, Leitner G, Germon P** (2016). Genomic Comparative Study of Bovine Mastitis *Escherichia coli*. *PloS one* **11**(1):e0147954.
6. **Petzl W, Zerbe H, Günther J, Yang W, Seyfert H-M, Nürnberg G, Schuberth H-J** (2008). *Escherichia coli*, but not *Staphylococcus aureus* triggers an early increased expression of factors contributing to the innate immune defense in the udder of the cow. *Vet Res* **39**(2):18.
7. **Dogan B, Klaessig S, Rishniw M, Almeida RA, Oliver SP, Simpson K, Schukken YH** (2006). Adherent and invasive *Escherichia coli* are associated with persistent bovine mastitis. *Vet Microbiol* **116**(4):270–82.
8. **Roussel P, Porcherie A, Répérant-Ferter M, Cunha P, Gitton C, Rainard P, Germon P** (2017). *Escherichia coli* mastitis strains: In vitro phenotypes and severity of infection in vivo. *PloS one* **12**(7):e0178285.

## Anhang: Bewertung boviner *E. coli*-Isolate, deren Gesamtgenomsequenz vorliegt

Die Informationen aus Dataset 7 (Additional File 14) von Leimbach *et al.* 2017 zum Vorliegen einzelner Virulenzfaktorgene im Genom der jeweiligen Stämme wurden in Tabellen nach dem Typ des Virulenzgens sortiert zusammengestellt (Siderophore u. a. Virulenzfaktoren, Toxine, Fimbrien, Pili und Adhäsine bzw. Kapselgene). Dabei wurden nur die Virulenzfaktorgene bewertet, die bei der [Bewertung der ECOR-Referenzstammsammlung](#) ebenfalls herangezogen wurden, um die Bewertungen miteinander vergleichen zu können. Die Bewertung aus den einzelnen Tabellen wurde in der folgenden Tabelle zusammengefasst.

Ein gelb hinterlegtes „pp“ bedeutet, dass der betreffende Stamm aufgrund der in seinem Genom enthaltenen Gene für Virulenzfaktoren möglicherweise pathogenes Potential hat. Sobald für den jeweiligen Stamm mindestens **zwei** „pp“ in den verschiedenen Virulenzfaktorkategorien erscheinen und es sich um ein Isolat aus dem **Kot oder der Milch** handelt, oder mindestens **ein** „pp“ erscheint und es sich um ein **MAEC** handelt, wird empfohlen, den Stamm in die Risikogruppe 2 einzustufen.

## Gesamtbewertung

Stammbezeichnung	Isolat <sup>1</sup>	Serotyp <sup>2</sup>	phylogenetische Gr. <sup>2</sup>	Siderophore u. a. Virulenzfaktoren	Toxine	Adhäsine, Pili und Fimbrien	Kapsel	Empfehlung Risikogruppe
1303	MAEC	O70:H32	A		pp			2
131/07	MAEC	Ont:H39	A					1
2772a	MAEC	O174:H28	B1					1
3234/A	MAEC	Ont:H39	A					1
AA86	Comm (fäkal)	O39:H4	B2	pp			pp	2
D6-113.11	MAEC	O80:H45	E	pp		pp		2
D6-117.07	MAEC	O45:H11	A					1
D6-117.29	MAEC	O28ac/O42:H37	A			pp		1 <sup>3</sup>
ECA-727	MAEC	O99:H9	A	pp				2
ECA-O157	MAEC	O29:H27	A		pp			2
ECC-1470	MAEC	Ont:H2	B1	pp				2
ECC-Z	MAEC	O74:H39	A	pp				2
MPEC4839	MAEC	O105:H32	A	pp	pp			2
MPEC4969	MAEC	O139:H19	B1		pp			2
O157:H43 T22	Comm (Milch)	O157:H43	B1		pp			1
O32:H37 P4	MAEC	O32:H37	A	pp				2
P4-NR	MAEC	O15:H21/H54	B1			pp		2
RiKo 2299/09	Comm (fäkal)	O8/O160:H8	B1	pp				1
RiKo 2305/09	Comm (fäkal)	O8:H21	B1	pp				1
RiKo 2308/09	Comm (fäkal)	O9a/O89:H9	A	pp				1
RiKo 2331/09	Comm (fäkal)	Ont:H23	B1					1
RiKo 2340/09	Comm (fäkal)	O89:H9	A	pp				1
RiKo 2351/09	Comm (fäkal)	O21:H4	B1	pp	2	pp		2
UVM2	MAEC	O53:H10	A					1
W26	Comm (fäkal)	O45:H14	B1	pp	pp	pp		2

<sup>1</sup> MAEC: aus Kühen mit Mastitis; Comm: kommensale Isolate aus Kot oder Milch klinisch unauffälliger Kühe; Leimbach *et al.* 2017

<sup>2</sup> Leimbach *et al.* 2017

<sup>3</sup> Aufgrund vorliegender experimenteller Daten wurde das Isolat D6-117.29 der Risikogruppe 1 zugeordnet (s. Begründung).

## Siderophore u. a. Virulenzfaktoren

Sobald Stämme **mehr als einmal positiv** für eines der unten aufgeführten Virulenzgene waren, wurden sie in dieser Kategorie mit einem „pp“ versehen.

Stamm-bezeichnung	Isolat <sup>1</sup>	Serotyp <sup>2</sup>	phylogenet. Gr. <sup>2</sup>	<i>fyuA</i> <sup>4</sup>	<i>iutA</i> <sup>4</sup>	<i>ibeA</i> <sup>5</sup>	<i>traT</i> <sup>6</sup>	<i>ompT</i> <sup>7</sup>	Siderophore u. a. Virulenzfaktoren
1303	MAEC	O70:H32	A	0	0	0	1	0	
131/07	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	1	0	
2772a	MAEC	O174:H28	B1	0	0	0	1	0	
3234/A	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	1	0	
AA86	Comm (fäkal)	O39:H4	B2	1	0	1	1	1	pp
D6-113.11	MAEC	O80:H45	E	0	0	0	1	1	pp
D6-117.07	MAEC	O45:H11	A	0	0	0	0	0	
D6-117.29	MAEC	O28ac/O42:H37	A	0	0	0	1	0	
ECA-727	MAEC	O99:H9	A	0	1	0	1	0	pp
ECA-O157	MAEC	O29:H27	A	0	0	0	0	0	
ECC-1470	MAEC	Ont:H2	B1	0	0	0	1	1	pp
ECC-Z	MAEC	O74:H39	A	1	0	0	1	0	pp
MPEC4839	MAEC	O105:H32	A	0	0	0	1	1	pp
MPEC4969	MAEC	O139:H19	B1	0	0	0	1	0	
O157:H43 T22	Comm (Milch)	O157:H43	B1	0	0	0	1	0	
O32:H37 P4	MAEC	O32:H37	A	0	0	0	1	1	pp
P4-NR	MAEC	O15:H21/H54	B1	0	0	0	0	0	
RiKo 2299/09	Comm (fäkal)	O8/O160:H8	B1	0	1	0	1	0	pp
RiKo 2305/09	Comm (fäkal)	O8:H21	B1	0	1	0	1	0	pp
RiKo 2308/09	Comm (fäkal)	O9a/O89:H9	A	0	1	0	1	0	pp
RiKo 2331/09	Comm (fäkal)	Ont:H23	B1	0	0	0	0	0	
RiKo 2340/09	Comm (fäkal)	O89:H9	A	0	1	0	1	0	pp
RiKo 2351/09	Comm (fäkal)	O21:H4	B1	1	1	0	1	1	pp
UVM2	MAEC	O53:H10	A	0	0	0	1	0	
W26	Comm (fäkal)	O45:H14	B1	0	1	0	1	0	pp

4 Siderophorgen  
5 *Invasion of brain epithelium*-Gen  
6 Komplementresistenz-Gen  
7 *outer membrane protein* (Protease)-Gen

## Toxine

Sobald Stämme **einmal** positiv für eines der unten aufgeführten Virulenzgene waren, wurden sie in dieser Kategorie mit einem „pp“ versehen. Wurden **mehrere Toxingene** identifiziert, wurden sie mit einer „2“ markiert. Diese Stämme sollten in die Risikogruppe 2 eingestuft werden.

Stammbezeichnung	Isolat <sup>1</sup>	Serotyp <sup>2</sup>	phylogenet. Gr. <sup>2</sup>	astA <sup>8</sup>	hlyA <sup>9</sup>	cnf1 <sup>10</sup>	cdtB <sup>11</sup>	Toxine
1303	MAEC	O70:H32	A	1	0	0	0	pp
131/07	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	0	
2772a	MAEC	O174:H28	B1	0	0	0	0	
3234/A	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	0	
AA86	Comm (fäkal)	O39:H4	B2	0	0	0	0	
D6-113.11	MAEC	O80:H45	E	0	0	0	0	
D6-117.07	MAEC	O45:H11	A	0	0	0	0	
D6-117.29	MAEC	O28ac/O42:H37	A	0	0	0	0	
ECA-727	MAEC	O99:H9	A	0	0	0	0	
ECA-O157	MAEC	O29:H27	A	1	0	0	0	pp
ECC-1470	MAEC	Ont:H2	B1	0	0	0	0	
ECC-Z	MAEC	O74:H39	A	0	0	0	0	
MPEC4839	MAEC	O105:H32	A	0	1	0	0	pp
MPEC4969	MAEC	O139:H19	B1	0	1	0	0	pp
O157:H43 T22	Comm (Milch)	O157:H43	B1	0	0	0	1	pp
O32:H37 P4	MAEC	O32:H37	A	0	0	0	0	
P4-NR	MAEC	O15:H21/H54	B1	0	0	0	0	
RiKo 2299/09	Comm (fäkal)	O8/O160:H8	B1	0	0	0	0	
RiKo 2305/09	Comm (fäkal)	O8:H21	B1	0	0	0	0	
RiKo 2308/09	Comm (fäkal)	O9a/O89:H9	A	0	0	0	0	
RiKo 2331/09	Comm (fäkal)	Ont:H23	B1	0	0	0	0	
RiKo 2340/09	Comm (fäkal)	O89:H9	A	0	0	0	0	
RiKo 2351/09	Comm (fäkal)	O21:H4	B1	0	1	1	0	2
UVM2	MAEC	O53:H10	A	0	0	0	0	
W26	Comm (fäkal)	O45:H14	B1	0	0	0	1	pp

<sup>8</sup> Gen für Hitzestabiles Enterotoxin;

<sup>9</sup> Gen für α-Hämolysin;

<sup>10</sup> Gen für *cytotoxic necrotizing factor*

<sup>11</sup> Gen für *cytolethal distending toxin*

## Fimbrien, Adhäsine und Pili

Sobald Stämme **mehr als einmal positiv** für eines der unten aufgeführten Virulenzgene waren, wurden sie in dieser Kategorie mit einem „pp“ versehen. Nicht berücksichtigt wurde dabei – wie bei der Bewertung der Stämme der ECOR-Sammlung – das Ergebnis für das Fimbriengen *fimH*, das im Genom nahezu aller Stämme vorhanden ist.

Stammbezeichnung	Isolat <sup>1</sup>	Serotyp <sup>2</sup>	phylogenet. Gr. <sup>2</sup>											Fimbrien, Pili und Adhäsine
				<i>lpfA</i>	<i>lpfA1</i>	<i>papA</i> <sup>12</sup>	<i>papC</i> <sup>13</sup>	<i>papE</i> <sup>14</sup>	<i>papGIII</i> <sup>15</sup>	<i>focX</i> <sup>16</sup>	<i>afaA</i> <sup>17</sup>	<i>iha</i> <sup>18</sup>	<i>fimH</i> <sup>19</sup>	
1303	MAEC	O70:H32	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
131/07	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
2772a	MAEC	O174:H28	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
3234/A	MAEC	Ont:H39	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
AA86	Comm (fäkal)	O39:H4	B2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
D6-113.11	MAEC	O80:H45	E	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	pp
D6-117.07	MAEC	O45:H11	A	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	
D6-117.29	MAEC	O28ac/O42:H37	A	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	pp
ECA-727	MAEC	O99:H9	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
ECA-O157	MAEC	O29:H27	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
ECC-1470	MAEC	Ont:H2	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
ECC-Z	MAEC	O74:H39	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
MPEC4839	MAEC	O105:H32	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
MPEC4969	MAEC	O139:H19	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
O157:H43 T22	Comm (Milch)	O157:H43	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
O32:H37 P4	MAEC	O32:H37	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
P4-NR	MAEC	O15:H21/H54	B1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	pp
RiKo 2299/09	Comm (fäkal)	O8/O160:H8	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
RiKo 2305/09	Comm (fäkal)	O8:H21	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
RiKo 2308/09	Comm (fäkal)	O9a/O89:H9	A	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	
RiKo 2331/09	Comm (fäkal)	Ont:H23	B1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
RiKo 2340/09	Comm (fäkal)	O89:H9	A	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	
RiKo 2351/09	Comm (fäkal)	O21:H4	B1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	pp
UVM2	MAEC	O53:H10	A	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
W26	Comm (fäkal)	O45:H14	B1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	pp

<sup>12</sup> Hauptuntereinheit des Pilus, der mit Pyelonephritis assoziiert ist (P-Fimbrien);

<sup>13</sup> Pilus assembly;

<sup>14</sup> verbindet PapG mit Schaft;

<sup>15</sup> P-Fimbrien Pilusspitzenadhäsine;

<sup>16</sup> Zentrale Region der Operons von S-Fimbrien und F1C-Fimbrien;

<sup>17</sup> Zentrale Region von Dr-Antigen-spezifischen Fimbrien und Adhäsine-Operons;

<sup>18</sup> Nicht-Hämagglutinin-Adhäsine von EHEC und UPEC;

<sup>19</sup> D-Mannose-spez. Adhäsine, Typ-I-Fimbrien;

## Kapsel

Sobald Stämme **mehr als einmal positiv** für eines der unten aufgeführten Virulenzgene waren, wurden sie in dieser Kategorie mit einem „pp“ versehen.

Stammbezeichnung	Isolat <sup>1</sup>	Serotyp <sup>2</sup>	phylogenet. Gr. <sup>2</sup>	kpsM-II-K5	kpsD-II	Kapsel
1303	MAEC	O70:H32	A	0	0	
131/07	MAEC	Ont:H39	A	0	0	
2772a	MAEC	O174:H28	B1	0	0	
3234/A	MAEC	Ont:H39	A	0	0	
AA86	Comm (fäkal)	O39:H4	B2	1	1	pp
D6-113.11	MAEC	O80:H45	E	0	0	
D6-117.07	MAEC	O45:H11	A	0	0	
D6-117.29	MAEC	O28ac/O42:H37	A	0	0	
ECA-727	MAEC	O99:H9	A	0	0	
ECA-O157	MAEC	O29:H27	A	0	0	
ECC-1470	MAEC	Ont:H2	B1	0	0	
ECC-Z	MAEC	O74:H39	A	0	0	
MPEC4839	MAEC	O105:H32	A	0	0	
MPEC4969	MAEC	O139:H19	B1	0	0	
O157:H43 T22	Comm (Milch)	O157:H43	B1	0	0	
O32:H37 P4	MAEC	O32:H37	A	0	0	
P4-NR	MAEC	O15:H21/H54	B1	0	0	
RiKo 2299/09	Comm (fäkal)	O8/O160:H8	B1	0	0	
RiKo 2305/09	Comm (fäkal)	O8:H21	B1	0	0	
RiKo 2308/09	Comm (fäkal)	O9a/O89:H9	A	0	0	
RiKo 2331/09	Comm (fäkal)	Ont:H23	B1	0	0	
RiKo 2340/09	Comm (fäkal)	O89:H9	A	0	0	
RiKo 2351/09	Comm (fäkal)	O21:H4	B1	0	0	
UVM2	MAEC	O53:H10	A	0	0	
W26	Comm (fäkal)	O45:H14	B1	0	0	