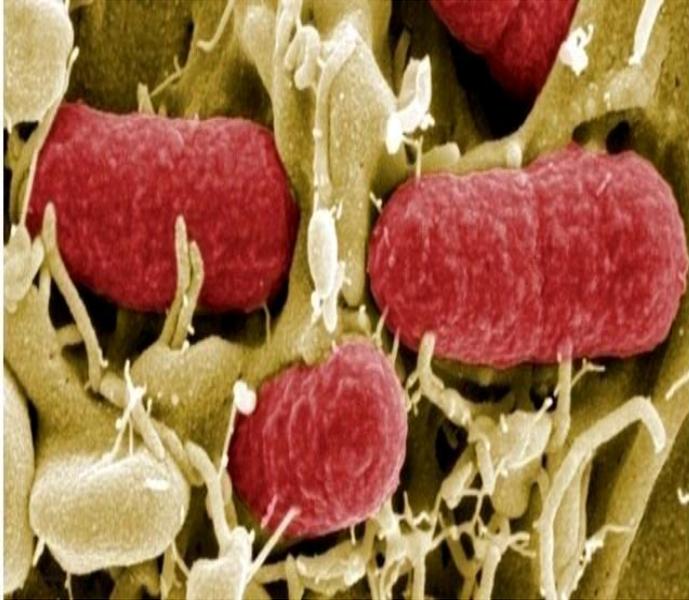


Allemagne : le profil de la bactérie tueuse se précise



La bactérie *E. coli* impliquée dans l'épidémie allemande serait une souche nouvelle, un **hybride** encore jamais rencontré, révèlent les premiers résultats du séquençage génétique. La source de l'infection demeure inconnue: les autorités allemandes remontent la piste du haricot mungo, cultivé en Allemagne.

Il s'agit d'une **bactérie *Escherichia coli***, productrice de toxines **Shiga** et provoquant des diarrhées hémorragiques –on parle donc d'*E. coli* entéro-hémorragique, ou **ECEH**. A l'intérieur de ce groupe de bactéries ECEH, les biologistes créent des sous-groupes d'après les réactions immunitaires que provoquent ces microbes (leurs antigènes déclenchant la production d'anticorps spécifiques par l'organisme humain). On parle alors de **sérotype**. O157:H7 est le sérotype le plus fréquemment rencontré dans les flambées épidémiques liées à l'alimentation.

La souche isolée dans le nord de l'Allemagne appartient au **sérotype O104**. Elle n'a jamais été impliquée dans une épidémie. Etonnamment, cette souche aurait 93% de séquences génétiques en commun avec une autre *E. coli*, isolée en République de Centre-Afrique, EAEC 55989. Cette dernière appartient au groupe des *Escherichia coli* entéro-agrégatifs (EAEC ou ECEAgg en français) : il s'agit de souches provoquant des diarrhées persistantes chez les enfants (plus de deux semaines), de plus en plus fréquentes dans les pays en développement.

Life Genomics estime également qu'il s'agit d'une **souche hybride** entre une ECEH et une ECEAgg, une « combinaison unique de différents facteurs de virulence »