



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



Bundesinstitut für Risikobewertung

BVL-Report · 13.2 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2017



Berichte zur Lebensmittelsicherheit

Zoonosen-Monitoring 2017

Gemeinsamer Bericht des Bundes und der Länder

IMPRESSUM

Das Werk ist urheberrechtlich geschützt. Die dadurch begründeten Rechte, insbesondere die der Übersetzung, des Nachdrucks, des Vortrags, der Entnahme von Abbildungen und Tabellen, der Funksendung, der Mikroverfilmung, der Wiedergabe auf fotomechanischem oder ähnlichem Weg und der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen bleiben, auch bei nur auszugsweiser Verwertung, vorbehalten. Eine Vervielfältigung dieses Werkes oder von Teilen dieses Werkes ist auch im Einzelfall nur in den Grenzen der gesetzlichen Bestimmungen des Urheberrechtsgesetzes in der jeweils geltenden Fassung zulässig. Sie ist grundsätzlich vergütungspflichtig. Zuwiderhandlungen unterliegen den Strafbedingungen des Urheberrechts.

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen usw. in diesem Werk berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürften.

© 2018 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

Herausgeber:	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Dienststelle Berlin Mauerstraße 39-42, D-10117 Berlin
Schlussredaktion:	Doris Schemmel, Dr. Marion Rukavina (BVL)
Koordination:	Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115)
Redaktionsgruppe:	Dr. Katja Alt (BfR), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 115), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR), Lars Wiehle (BVL, Ref. 133)
ViSdP:	Nina Banspach (BVL, Pressestelle)
Umschlaggestaltung:	Fink & Fuchs AG, Wiesbaden
Titelbild:	© Fotolia/countrypixel
Satz:	Fink & Fuchs AG, Wiesbaden

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Rechtliche Grundlagen und Ziele	2
3	Material und Methoden.....	3
3.1	Organisation und Durchführung.....	3
3.2	Zoonosen-Stichprobenplan 2017.....	3
3.3	Untersuchungsmethoden.....	8
3.3.1	Erregernachweis	8
3.3.2	Resistenztestung.....	10
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung.....	13
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse.....	13
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	15
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	16
4.1	<i>Salmonella</i> spp.	16
4.1.1	Einleitung	16
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	17
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	18
4.2	<i>Campylobacter</i> spp.....	19
4.2.1	Einleitung	19
4.2.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	20
4.2.3	Ergebnisse der Typisierung.....	22
4.3	<i>Listeria monocytogenes</i>	23
4.3.1	Einleitung	23
4.3.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	24
4.3.3	Ergebnisse der Typisierung.....	25
4.4	Shigatoxin-/verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (STEC/VTEC)	25
4.4.1	Einleitung	25
4.4.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	26
4.4.3	Ergebnisse der Typisierung.....	27
4.5	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	31
4.5.1	Einleitung	31
4.5.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	31
4.5.3	Ergebnisse der Typisierung	32
4.6	<i>Yersinia enterocolitica</i>	34
4.6.1	Einleitung	34
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	34
4.7	<i>Clostridium difficile</i>	35
4.7.1	Einleitung	35
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	36
4.7.3	Ergebnisse der Typisierung	36

4.8	Hepatitis-A-Virus.....	36
4.8.1	Einleitung	36
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	36
4.9	Norovirus	37
4.9.1	Einleitung	37
4.9.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	37
4.10	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	38
4.10.1	Einleitung	38
4.10.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	38
4.11	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen- (AmpC) bildende <i>E. coli</i>	39
4.11.1	Einleitung	39
4.11.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	39
4.11.3	Ergebnisse der Typisierung.....	41
4.12	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	42
4.12.1	Einleitung	42
4.12.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung.....	42
5	Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern	43
5.1	<i>Salmonella</i> spp.	43
5.2	<i>Campylobacter</i> spp.	44
5.3	Shigatoxin-/verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (STEC/VTEC)	46
5.4	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	48
5.5	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	50
5.6	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	53
6	Bewertung der Ergebnisse.....	54
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen.....	67
8	Literaturquellen	74

Einleitung

1

Zoonosen sind Krankheiten bzw. Infektionen, die auf natürlichem Weg direkt oder indirekt zwischen Menschen und Tieren übertragen werden können. Als Zoonoseerreger kommen Viren, Bakterien, Pilze, Parasiten oder Prionen in Betracht. Zoonoseerreger sind in Tierpopulationen weit verbreitet und können von Nutztieren, die in der Regel selbst keine Anzeichen einer Infektion oder Erkrankung aufweisen, z. B. während der Schlachtung und Weiterverarbeitung auf das Fleisch übertragen werden. Mit Zoonoseerregern kontaminierte Lebensmittel stellen eine wichtige Infektionsquelle für den Menschen dar. Die Kontamination mit Zoonoseerregern kann auf allen Stufen der Lebensmittelkette von der Erzeugung bis zum Verzehr erfolgen. Lebensmittelbedingte Infektionen verlaufen häufig mild. Je nach Virulenz des Erregers und Alter und Immunitätslage der infizierten Person können aber auch schwere Krankheitsverläufe mit zum Teil tödlichem Ausgang auftreten. Die Eindämmung von Zoonosen durch Kontrolle und Prävention ist ein zentrales nationales und europäisches Ziel. Um geeignete Maßnahmen zur Verringerung des Vorkommens von Zoonoseerregern bei Nutztieren und in Lebensmitteln festlegen und deren Wirksamkeit überprüfen zu können, ist die Überwachung von Zoonoseerregern auf allen

Stufen der Lebensmittelkette von grundlegender Bedeutung. Hierzu leistet das Zoonosen-Monitoring einen wichtigen Beitrag, indem repräsentative Daten über das Auftreten von Zoonoseerregern in Futtermitteln, lebenden Tieren und Lebensmitteln erhoben, ausgewertet, bewertet und veröffentlicht werden. Damit werden Kenntnisse über die Bedeutung verschiedener Lebensmittel als mögliche Infektionsquellen für den Menschen gewonnen. Mit der regelmäßigen Erfassung von Daten zu Zoonoseerregern gibt das Zoonosen-Monitoring außerdem Aufschluss über die Ausbreitungs- und Entwicklungstendenzen von Zoonoseerregern.

Durch antibiotikaresistente Bakterien wird die erfolgreiche Behandlung von Infektionskrankheiten zunehmend erschwert. Mit den Untersuchungen auf Resistenzen werden im Zoonosen-Monitoring repräsentative Daten für die Bewertung der aktuellen Situation sowie der Entwicklungstendenzen der Resistenz bei Zoonoseerregern und kommensalen Bakterien gegenüber antimikrobiellen Substanzen gewonnen. Eine Eindämmung der Resistenz von Bakterien gegenüber Antibiotika ist sowohl für den Erhalt der Gesundheit des Menschen als auch der Tiergesundheit von großer Bedeutung.

Rechtliche Grundlagen und Ziele

Die *Richtlinie 2003/99/EG zur Überwachung von Zoonosen und Zoonoseerregern* regelt das gemeinschaftliche Verfahren zur Überwachung von Zoonosen. Sie verpflichtet die Mitgliedstaaten der EU, repräsentative und vergleichbare Daten über das Auftreten von Zoonosen und Zoonoseerregern sowie diesbezüglicher Antibiotikaresistenzen in Lebensmitteln, Futtermitteln und lebenden Tieren zu erfassen, auszuwerten und zu veröffentlichen, um Aufschluss über Entwicklungstendenzen und Quellen von Zoonosen und Zoonoseerregern zu erhalten.

Die *Allgemeine Verwaltungsvorschrift über die Erfassung, Auswertung und Veröffentlichung von Daten über das Auftreten von Zoonosen und Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette (AVV Zoonosen Lebensmittelkette)* basiert auf der *Richtlinie 2003/99/EG* und bildet die Grundlage für das Zoonosen-Monitoring. Die *AVV Zoonosen Lebensmittelkette* regelt die Vorgehensweise bei der Planung, Koordinierung und Durchführung der Untersuchungen zum Zoonosen-Monitoring und für das anschließende Berichtswesen.

Vorrangig sollen diejenigen Zoonoseerreger überwacht werden, die eine besondere Gefahr für die menschliche Gesundheit darstellen. Im Anhang I, Teil

A der *Richtlinie 2003/99/EG* sind die in jedem Mitgliedstaat überwachungspflichtigen Zoonosen und Zoonoseerreger genannt. Weiterhin soll das Überwachungssystem das Erkennen aufkommender und neu aufkommender Zoonoseerreger erleichtern.

Die Überwachung erfolgt auf den Stufen der Lebensmittelkette einschließlich der Primärproduktion, die hinsichtlich des jeweiligen Zoonoseerregers am besten dafür geeignet sind. Die *Richtlinie 2003/99/EG* sieht vor, dass die Überwachung von Resistenzen gegen antimikrobiell wirksame Stoffe neben Zoonoseerregern auch andere Erreger erfasst, wenn diese eine Gefahr für die öffentliche Gesundheit darstellen. Insbesondere müssen die Mitgliedstaaten gewährleisten, dass das Überwachungssystem auf Grundlage des *Kommissionsbeschlusses 2013/652/EU zur Überwachung und Meldung von Antibiotikaresistenzen bei zoonotischen und kommensalen Bakterien* einschlägige Informationen über eine repräsentative Anzahl von Isolaten von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., kommensalen *E. coli* sowie ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* liefert, die von Rindern, Schweinen und Geflügel sowie von den von diesen Tieren gewonnenen Lebensmitteln stammen.

Material und Methoden

3.1 Organisation und Durchführung

Das Zoonosen-Monitoring wird von den Ländern im Rahmen der amtlichen Lebensmittel- und Veterinärüberwachung durchgeführt.

Der bundesweit gültige Zoonosen-Stichprobenplan wird vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) jährlich neu erstellt und nach Konsultation der Länder vom Ausschuss Zoonosen beschlossen. Er enthält konkrete Vorgaben über die zu untersuchenden Zoonoseerreger, die zu überwachenden Tierpopulationen, die zu überwachenden Stufen der Lebensmittelkette, die Anzahl der zu untersuchenden Proben, die Probenahmeverfahren und die anzuwendenden Analyseverfahren. Bei der Erstellung des jährlichen Stichprobenplans lässt sich das BfR von einer Expertengruppe, die aus Sachverständigen der Länder besteht, beraten und berücksichtigt Vorgaben der Europäischen Kommission und Empfehlungen der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA). Das BfR prüft, welche Proben aus sonstigen laufenden Monitoring-, Überwachungs- oder Bekämpfungsprogrammen dem Stichprobenplan angerechnet werden können. Von der Europäischen Kommission können für eine oder mehrere Zoonosen auch einheitliche Vorgaben für koordinierte Überwachungsprogramme festgelegt werden, wenn dies notwendig erscheint, um repräsentative und vergleichbare Daten zu erhalten. Die Länder, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL), das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und das Robert Koch-Institut (RKI) können Vorschläge zum Stichprobenplan machen. Die im Zoonosen-Monitoring von den Ländern ermittelten Untersuchungsergebnisse werden vom BVL gesammelt, ausgewertet, zusammengefasst und mit den Beiträgen des BfR im Bund-Länder-Bericht über die Ergebnisse des jährlichen Zoonosen-Monitorings veröffentlicht. Die Untersuchungseinrichtungen der Länder senden die bei den Untersuchungen gewonnenen Isolate an die im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Nationalen Referenzlaboratorien des BfR. Diese führen

im Rahmen der Risikobewertung eine weitergehende Charakterisierung der Isolate durch und untersuchen die Isolate auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen. Das BfR bewertet die Untersuchungsergebnisse und übermittelt sie gemäß den Bestimmungen des Artikels 9 der *Richtlinie 2003/99/EG* an die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA). Die EFSA fasst die Daten aller Mitgliedstaaten zusammen und veröffentlicht sie in ihren jährlichen Berichten zu Zoonosen und lebensmittelbedingten Ausbrüchen in der EU und zu Antibiotikaresistenzen bei Zoonoseerregern und Kommensalen von Menschen, Tieren und Lebensmitteln. Diese Berichte bilden die Grundlage für das Risikomanagement bezüglich Zoonoseerregern und resistenten Keimen aus der Lebensmittelkette in der Europäischen Gemeinschaft.

3.2 Zoonosen-Stichprobenplan 2017

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2017 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, der freien Wildbahn, Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und dem Einzelhandel vor. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelte es sich zum einen um die klassischen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes*, shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC) und *Yersinia enterocolitica* und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Clostridium difficile*, kommensale *Escherichia (E.) coli*, Extended-Spectrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-*E. coli*), Carbapenemase-bildende *E. coli* sowie um *Enterococcus faecium/faecalis*. Zudem wurden im Zoonosen-Monitoring 2017 auch erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von Viren (Noroviren und Hepatitis-A-Viren) durchgeführt. Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den beprobten Waren um Verpackungen für den Endver-

braucher handelte. Dies galt aber nicht für Proben von Schweine- und Rindfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU ausschließlich aus dem Einzelhandel stammen sollten. Auf der Ebene des Einzelhandels konnten auch importierte Lebensmittel berücksichtigt werden, wenn sie den Kriterien des Zoonosen-Stichprobenplans entsprachen. Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Matrices auf unterschiedlichen Stufen der Lebensmittelketten auf Bundesebene. Für die Probenahmen wurden jeweils die am besten geeigneten Stufen der Lebensmittelkette ausgewählt. Die Untersuchungen von Proben aus der Primärproduktion zielten darauf ab, die Prävalenz der Erreger bzw. ihre Resistenzeigenschaften in den Erzeugerbetrieben abzuschätzen. Probenahmen aus Schlachtbetrieben zu Beginn oder während des Schlachtprozesses zielten darauf ab, den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Mit der Beprobung am Ende des Schlachtprozesses (nach der Kühlung und vor der Weiterverarbeitung) sollte die Beurteilung der Übertragung der Erreger auf das Fleisch und in die weitere Verarbeitung ermöglicht werden. Die Untersuchungen im Einzelhandel waren darauf ausgerichtet, abzuschätzen, wie häufig kontaminierte Lebensmittel zum Verbraucher gelangen. Die Untersuchungen von Proben aus Mischfuttermittelwerken zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit Salmonellen und den möglichen Eintrag in die Tierbestände zu beurteilen. Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und STEC/VTEC erfolgen im Zoonosen-Monitoring, weil es sich bei diesen Bakterien um bedeutende über Lebensmittel übertragbare Zoonoseerreger handelt, die im Anhang I, Teil A der Richtlinie 2003/99/EG als überwachungspflichtige Erreger aufgelistet sind. Die Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA im Rahmen des Zoonosen-Monitorings dienen dazu, die Verbreitung von MRSA in den Lebensmittelketten zu beobachten und das Vorkommen neuer Stämme oder human-adaptierter Stämme in der Lebensmittelproduktion frühzeitig zu erkennen. Die Untersuchungen auf *Clostridium difficile* dienten dazu, erstmalig Daten für Deutschland zum Vorkommen dieses Erregers in Fleisch zu erheben, um das Risiko für eine Übertragung von *Clostridium difficile* über Lebensmittel auf den Menschen abschätzen zu können. Auf *Yersinia enterocolitica* wurde untersucht, da es sich hierbei um einen bedeutenden Zoonoseerreger handelt, über dessen Vorkommen in Lebensmitteln aber bisher keine repräsentativen Daten für Deutschland vorliegen. Die Untersuchungen auf Hepatitis-A-Viren und Noroviren erfolgten, da sie regelmäßig lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche verursachen, ihre Prävalenz in Lebensmitteln bisher in Deutschland aber nicht syste-

matisch erfasst wurde. Auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* wird im Zoonosen-Monitoring untersucht, um die Ausbreitung dieser resistenten Keime zu beobachten. Außerdem soll das Auftreten von neuen Resistenzen frühzeitig erkannt werden. Untersuchungen zu kommensalen *E. coli* werden im Zoonosen-Monitoring durchgeführt, um ergänzend zu den Zoonoseerregern auch die Resistenzsituation bei diesen Kommensalen zu überwachen, da sie als Indikatorkeime für den beim Wirtsorganismus vorliegenden Selektionsdruck gelten. Für den gesundheitlichen Verbraucherschutz sind sie von besonderem Interesse, weil sie ein Reservoir von Resistenzgenen bzw. Resistenzmechanismen darstellen, die im Zuge des horizontalen Gentransfers auf andere, auch pathogene Keime übertragen werden können. Ziel dieser regelmäßigen Untersuchungen von kommensalen *E. coli* hinsichtlich ihrer Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ist das Erkennen von Entwicklungstendenzen und neu auftretenden Resistenzen. Außerdem sollte bei den im Zoonosen-Monitoring 2017 zu beprobenden tiefgefrorenen Himbeeren eine quantitative Untersuchung auf kommensale *E. coli* durchgeführt werden, um die Belastung mit diesen Keimen, die auch als Hygieneindikator angesehen werden, abschätzen zu können. Untersuchungen von Proben auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis* erfolgten, um verstärkt die Resistenzsituation auch bei grampositiven Erregern zu untersuchen. Der Probenumfang wurde so gewählt, dass mit einer akzeptablen Genauigkeit und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % die Prävalenz des Erregers geschätzt werden kann. Für einige Programme wurde kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchungen von der Verfügbarkeit geeigneter Proben abhängen. Für diese Programme wird lediglich ein unverbindlicher Untersuchungsumfang vorgeschlagen. Für die Programme, deren Stichprobenumfang auf $n = 384$ festgelegt wurde, wurde der Berechnung eine Prävalenz von 50 % bei einer Genauigkeit von $\pm 5\%$ und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zugrunde gelegt. Im Zoonosen-Stichprobenplan wurden auch die Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU berücksichtigt, der die Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni* und kommensale *E. coli* im Hinblick auf Antibiotikaresistenzen sowie den selektiven Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* in ausgewählten Matrices verbindlich vorschreibt. Darüber hinaus wurde das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* auch in Bereichen untersucht, in denen hierzu bisher keine Daten vorliegen.

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern erfolgte bei den Programmen, für die ein Probenumfang festgelegt wurde, auf Ebene der Erzeugerbetrie-

be anteilig nach der Zahl der gehaltenen Tiere bzw. Haltungsplätze für die betreffende Tierart und auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachttierzahlen der jeweiligen Tierart, wobei in Bezug auf Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder ausschließlich die in Deutschland gemästeten und geschlachteten Tiere berücksichtigt werden sollten. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölkerungszahl der Bundesländer. Die Zuordnung

der Probenzahlen für Mischfuttermittel für Legehennen zu den Ländern richtete sich nach dem Produktionsvolumen von Mischfuttermitteln für Nutzgeflügel im Jahr 2013.

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2017 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2017.

Tab. 3.1 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2017 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	STEC/VTEC	MRSA	<i>Yersinia enterocolitica</i>	Hepatitis-A-Virus	Norovirus	Kommensale <i>E. coli</i>	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	<i>Clostridium difficile</i>	<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Erzeugerbetrieb	Mastschweine (< 50 kg): Kot	384								204	300	300		
	Sockentupfer					384								
Schlachthof	Masthähnchen: Halshaut		384 ⁴											
	Mastschweine: Blinddarminhalt	384	384							204	300	300		384
	Schlachtkörper	384 ¹												
	Mastkälber/Jungrinder: Blinddarminhalt									204	300	300		384
	Nasentupfer					384								
Futtermittelbetrieb	Mischfuttermittel (für Legehennen)	120												
Wildbahn	Rehwild ² : Kot		##		##					##	##			
	Einzelhandel	Schweinefleisch: frisches Fleisch (gekühlt)									384	384		
	Schweinefleisch: Hackfleisch	384								384			##	
	Mastkalb/Jungrind: frisches Fleisch (gekühlt)				##	##								
	Rindfleisch: frisches Fleisch (gekühlt)										384	384		
	Rindfleisch: Tatar/Schabefleisch			## ³	##	##				##				
	Hähnchenfleisch: frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)		384 ³											
	Fleisch von Wildwiederkäuern: frisches Fleisch (gekühlt oder tiefgefroren)	384	384		384					384	384	384		
	streichfähige Rohwürste	384		384 ³	384		384			384				
	pflanzliche Lebensmittel: tiefgefrorene Himbeeren							384	384	384 ⁴	384			

Kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchung je nach Verfügbarkeit von geeigneten Proben stattfindet. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, angestrebt werden.

¹ Diese Proben werden ergänzt um *Salmonella*-Isolate, die im Rahmen der Durchführung der VO (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel gewonnen wurden.

² erlegtes Wild

³ qualitative und quantitative Untersuchung

⁴ quantitative Untersuchung

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2017 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
Erzeugerbetrieb	
Mastschweine (Kot)	<i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Mastschweine (Sockentupfer)	MRSA
Schlachthof	
Mastschweine (Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mastschweine (Schlaktkörper)	<i>Salmonella</i> spp.
Mastkälber/Jungrinder (Blinddarminhalt)	kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mastkälber/Jungrinder (Nasentupfer)	MRSA
Futtermittelbetrieb	
Mischfuttermittel für Legehennen	<i>Salmonella</i> spp.
Freie Wildbahn	
Rehe (Kot)	<i>Campylobacter</i> spp., STEC/VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
Einzelhandel	
frisches Schweinefleisch	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Schweinehackfleisch	<i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
frisches Mastkalb- und Jungrindfleisch	VTEC, MRSA
frisches Rindfleisch	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Tatar/Schabefleisch	VTEC, MRSA, kommensale <i>E. coli</i>
frisches Wildwiederkäuerfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., STEC/VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
streichfähige Rohwürste	<i>Salmonella</i> spp., STEC/VTEC, kommensale <i>E. coli</i>
tiefgefrorene Himbeeren	kommensale <i>E. coli</i> und ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>

Salmonella spp.

In Mischfuttermittelwerken sollten Alleinfuttermittel für Legehennen für die Untersuchung auf das Vorkommen von Salmonellen gewonnen werden, wobei die Probenahme unmittelbar vor der Abgabe erfolgen sollte. Dieses Programm war auf zwei Jahre ausgelegt und wurde bereits im Zoonosen-Monitoring 2016 begonnen. Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mastschweinebetrieben Kotproben von jungen, unlängst eingestellten Mastschweinen bis zu einem Körpergewicht von 50 kg entnommen und auf Salmonellen untersucht werden. An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils einem in Deutschland gemästeten Schwein entnommen und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf Salmonellen untersucht werden. Darüber hinaus sollte von Schlachtschweinen je Schlachtcharge nach dem Zurichten, aber vor dem Kühlen die Haut eines Schlaktkörpers beprobt werden. Die Schlaktkörper- und Blinddarmproben sollten der gleichen Schlachtcharge entnommen werden, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlaktkörper verschleppten Erregern

vornehmen zu können. Bei der Probenahme in den Mastschweinebetrieben und am Schlachthof sollte der serologische Salmonellenstatus nach der Schweine-Salmonellenverordnung des Betriebes, aus dem die Mastschweine stammten, miterfasst werden, um Unterschiede in der Häufigkeit positiver Befunde bei Schweinen aus Betrieben mit unterschiedlicher Salmonellen-Kategorisierung zu identifizieren. Begleitend sollten Untersuchungen von Schweinehackfleisch und von streichfähigen Rohwürsten, die überwiegend aus Schweinefleisch hergestellt sind, aus dem Einzelhandel auf Salmonellen erfolgen. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben von gekühltem oder tiefgefrorenem frischem Wildwiederkäuerfleisch für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. gewonnen werden. Dabei sollte erfasst werden, ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutschland stammte oder importiert wurde.

Campylobacter spp.

Auf der Ebene des Schlachthofes sollte bei Mastschweinen, die in Deutschland gemästet wurden, je Schlacht-

charge der Blinddarminhalt von jeweils einem Tier auf das Vorkommen von *Campylobacter* spp. untersucht werden. Von Masthähnchen am Schlachthof sollte je Schlachtcharge die Haut eines Schlachtkörpers beprobt und auf *Campylobacter* spp. untersucht werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel erfolgen. Von in der freien Wildbahn erlegtem Rehwild sollten Kotproben für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. gewonnen werden. Ergänzend hierzu sollten Proben von gekühltem oder tiefgefrorenem frischem Wildwiederkäuerfleisch aus dem Einzelhandel auf *Campylobacter* spp. untersucht werden. Dabei sollte erfasst werden, ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutschland stammte oder importiert wurde.

Listeria monocytogenes

Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von Tatar/Schabefleisch und von streichfähigen Rohwürsten, die überwiegend aus Schweinefleisch hergestellt sind, für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* gewonnen werden.

Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Von in der freien Wildbahn erlegtem Rehwild sollten Kotproben für die Untersuchung auf STEC/VTEC gewonnen werden. Begleitend sollten Untersuchungen von gekühltem oder tiefgefrorenem frischem Wildwiederkäuerfleisch aus dem Einzelhandel auf STEC/VTEC erfolgen. Dabei sollte erfasst werden, ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutschland stammte oder anderer Herkunft war. Weiterhin sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern, von gekühltem Tatar/Schabefleisch sowie von streichfähigen Rohwürsten aus dem Einzelhandel auf STEC/VTEC untersucht werden.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mastschweinebetrieben Sockentupfer aus Bereichen, in denen junge, unlängst eingestellte Mastschweine bis zu einem Körpergewicht von 50 kg gehalten werden, entnommen und auf MRSA untersucht werden. An Schlachthöfen sollte bei Mastkälbern/Jungrindern, die in Deutschland gemästet wurden, je Schlachtcharge ein Nasentupfer eines Tieres nach der Betäubung genommen werden. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern und von Tatar/Schabefleisch aus dem Einzelhandel erfolgen.

Yersinia enterocolitica

Im Einzelhandel sollten Proben von streichfähigen Rohwürsten, die überwiegend aus Schweinefleisch hergestellt sind, entnommen und auf das Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* untersucht werden.

Clostridium difficile

Proben von Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel sollten auf das Vorkommen von *Clostridium difficile* untersucht werden.

Hepatitis-A-Virus

Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von tiefgefrorenen Himbeeren für die Untersuchung auf Hepatitis-A-Viren gewonnen werden.

Norovirus

Im Einzelhandel gewonnene Proben von tiefgefrorenen Himbeeren sollten in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vorkommen von Noroviren untersucht werden.

Kommensale *E. coli*

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten auf der Ebene der Primärproduktion Isolate von kommensalen *E. coli* aus Kotproben von jungen, unlängst eingestellten Mastschweinen bis zu einem Körpergewicht von 50 kg gewonnen werden. An Schlachthöfen sollten Isolate aus dem Blinddarminhalt von in Deutschland gemästeten Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern und im Einzelhandel aus Proben von Schweinehackfleisch, Tatar/Schabefleisch, streichfähigen Rohwürsten, frischem, gekühltem oder tiefgefrorenem Wildwiederkäuerfleisch und tiefgefrorenen Himbeeren gewonnen werden. Bei dem Wildwiederkäuerfleisch sollte erfasst werden, ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutschland stammte oder importiert wurde. Bei den Proben von tiefgefrorenen Himbeeren aus dem Einzelhandel sollte zudem eine quantitative Untersuchung auf kommensale *E. coli* erfolgen, um die Belastung mit diesem Indikator fäkaler Verunreinigung abschätzen zu können. Des Weiteren sollten Isolate von kommensalen *E. coli* aus dem Kot von in der freien Wildbahn erlegtem Rehwild gewonnen werden und auf ihre Resistenz gegenüber Antibiotika untersucht werden.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mastschweinebetrieben Kotproben von jungen, unlängst eingestellten Mastschweinen bis zu einem Körpergewicht von 50 kg entnommen und selektiv auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. An Schlacht-

höfen sollte der Blinddarminhalt von in Deutschland gemästeten Mastschweinen und Mastkälbern/Jung- rindern gewonnen werden und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* untersucht werden. Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweine- und Rindfleisch sowie von tiefgefrorenen Himbeeren auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. Des Weiteren sollten Kotproben von Rehwild, das in der freien Wildbahn erlegt wurde, und Proben von frischem, gekühltem oder tiefgefrorenem Wildwieder- käuferfleisch für die Untersuchung auf ESBL/AmpC- bildende *E. coli* gewonnen werden. Bei dem Wildwie- derkäuferfleisch sollte erfasst werden, ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutschland stammte oder importiert wurde.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mast- schweinebetrieben Kotproben von jungen, unlängst eingestellten Mastschweinen bis zu einem Körper- gewicht von 50 kg entnommen und selektiv auf Carba- penemase-bildende *E. coli* untersucht werden. An Schlachthöfen sollte der Blinddarminhalt von in Deutschland gemästeten Mastschweinen und Mast- kälbern/Jungrindern gewonnen werden und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vor- kommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* unter- sucht werden. Ergänzend hierzu sollten auf der Ebene des Einzelhandels entnommene Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweine- und Rind- fleisch auf Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden. Des Weiteren sollten Proben von frischem, ge- kühltem oder tiefgefrorenem Wildwiederkäuferfleisch für die Untersuchung auf Carbapenemase-bildende *E. coli* gewonnen werden. Dabei sollte erfasst werden,

ob es sich um Fleisch von frei lebendem Wild oder von Gatterwild handelte und ob das Fleisch aus Deutsch- land stammte oder importiert wurde.

Enterococcus faecium/faecalis

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resis- tenzen sollten an Schlachthöfen aus dem Blinddarm- inhalt von jeweils einem Mastschwein und einem Mastkalb/Jungrind je beprobter Schlachtcharge Isolate von *Enterococcus faecium/faecalis* gewonnen werden.

3.3 Untersuchungsmethoden

3.3.1 Erregernachweis

Der Zoonosen-Stichprobenplan enthält Vorgaben zu den anzuwendenden Untersuchungsverfahren. Dabei wurden, soweit vorhanden, international standardi- sierte mikrobiologische Nachweismethoden sowie Empfehlungen der EFSA als Referenzverfahren heran- gezogen. Grundsätzlich konnten auch andere gleich- wertige Untersuchungsverfahren angewendet werden.

Die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen- Monitorings erfolgten ländersseitig in den jeweiligen amtlichen Untersuchungseinrichtungen. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2017 vorgeschla- genen Untersuchungsmethoden können der Tabelle 3.3 entnommen werden.

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Salmonella</i> spp.	EN/ISO 6579:2002 + A1:2007 Anhang D (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben)	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof
	ASU § 64 LFGB, L00.00-20 (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben)	<ul style="list-style-type: none"> • Mischfuttermittel für Legehennen • Schlachtkörper von Mastschweinen • Schweinehackfleisch • streichfähige Rohwürste • frisches Wildwiederkäuerfleisch
<i>Campylobacter</i> spp.	Qualitativ: ISO 10272-1B:2013 (Entwurf), Anreicherung in Preston (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben: Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, L06.32-1_2013, Anhang A oder Anhang B) zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, L06.32-1_2013, Anhang B)	<ul style="list-style-type: none"> • frisches Hähnchenfleisch • frisches Wildwiederkäuerfleisch
	ISO 10272-2:2006: Durchführung der ersten Schritte als verkürzte Methode zum Direkt-nachweis – den Kot mit Peptonwasser oder PBS aufschwemmen (Volumen variabel ca. 1:2) und davon (wenn nötig – abhängig von Begleitflora) eine 1:10 Verdünnung anfertigen. Verdünnung auf mCCDA (3-fach Ösenausstrich) und qual. Nachweis von <i>Campylobacter</i> zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, L06.32-1_2013, Anhang B)	<ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof • Kot von Rehwild
	ISO 10272-2:2006 (Quantifizierung) (modifiziert wie für Grundlagenstudie gem. Entscheidung 2007/515/EG) zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, L06.32-1_2013, Anhang B)	<ul style="list-style-type: none"> • Halshaut von Masthähnchen am Schlachthof • frisches Hähnchenfleisch
<i>Listeria monocytogenes</i>	EN/ISO 11290-1 (ASU § 64 LFGB, L00.00-32) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren)	<ul style="list-style-type: none"> • Tatar/Schabefleisch • streichfähige Rohwürste
	EN/ISO 11290-2 (Quantifizierung) (ASU § 64 LFGB, L 00.00-22)	<ul style="list-style-type: none"> • Tatar/Schabefleisch • streichfähige Rohwürste
Shigatoxin-/verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (STEC/VTEC)	folgende Methoden können eingesetzt werden: <ul style="list-style-type: none"> • ISO/TS 13136: 2012 • ASU § 64 LFGB, L00.00-92 2006-12 (nach DIN 10118) • ASU § 64 LFGB L07.18-1 2002-05 • Real-time PCR-Systeme zum Nachweis der Shigatoxin-Gene <i>stx1</i> und <i>stx2</i> und des Intimin-Gens <i>eae</i> • Protokoll zur Isolierung von Shigatoxin-bildenden <i>E. coli</i> (STEC) nach Identifikation mittels Real-time PCR 	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Rehwild • frisches Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern • Tatar/Schabefleisch • frisches Wildwiederkäuerfleisch • streichfähige Rohwürste
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	nach Methodenvorschrift BfR, Fassung vom 29.07.2014 Hinweis: Mit dieser Methode werden MRSA-verdächtige <i>Staphylococcus aureus</i> nachgewiesen. Der endgültige Nachweis von MRSA erfolgt durch den Nachweis der Kombination eines speziesspezifischen Gens mit dem Resistenzgen*.	<ul style="list-style-type: none"> • Sockentupfer aus Mastschweinebetrieben • Nasentupfer von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof • frisches Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern • Tatar/Schabefleisch

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Yersinia enterocolitica</i>	ISO/TS 18867 Probenahme für PCR nach 24 h Bebrütungs- dauer	<ul style="list-style-type: none"> • streichfähige Rohwürste
<i>Clostridium difficile</i>	qualitative BfR-Hausmethode (Selektivanrei- cherung), die im Ringversuch validiert wurde	<ul style="list-style-type: none"> • Schweinehackfleisch
Hepatitis-A-Virus	ISO/TS 15216: 2013	<ul style="list-style-type: none"> • tiefgefrorene Himbeeren
Norovirus	ISO/TS 15216: 2013	<ul style="list-style-type: none"> • tiefgefrorene Himbeeren
Kommensale <i>E. coli</i>	Es wird keine spezifische Methode vorgeschrie- ben; für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen; für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode. quantitatives Verfahren nach ASU § 64 LFGB (L00.00-132/1 L00.00-132/2), ISO 16649 Teil 1 oder ISO 16649 Teil 2 oder vergleichbare akkreditierte Methode	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Rehwild • Kot aus Mastschweinebetrieben • Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/ Jungrindern am Schlachthof • Schweinehackfleisch • Tatar/Schabefleisch • frisches Wildwiederkäuerfleisch • streichfähige Rohwürste <ul style="list-style-type: none"> • tiefgefrorene Himbeeren
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/ AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Metho- denvorschrift des EURL-AR) Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode Für die Untersuchung von tiefgefrorenen Himbeeren empfiehlt das BfR, das Protokoll für Fleisch zu verwenden.	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Rehwild • Kot aus Mastschweinebetrieben • Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/ Jungrindern am Schlachthof • frisches Schweinefleisch • frisches Rindfleisch • frisches Wildwiederkäuerfleisch • tiefgefrorene Himbeeren
Carbapenemase- bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)	<ul style="list-style-type: none"> • Kot aus Mastschweinebetrieben • Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/ Jungrindern am Schlachthof • frisches Schweinefleisch • frisches Rindfleisch • frisches Wildwiederkäuerfleisch
<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>	Es wird keine spezifische Methode vorge- schrieben; für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeig- neten Selektivmedium empfohlen; Spezies- bestimmung mit Hausmethode.	<ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/ Jungrindern am Schlachthof

* Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate (96,8 %) wird im vorliegenden Bericht jeweils über MRSA berichtet, obwohl die Länder MRSA-verdächtige Befunde melden.

3.3.2 Resistenztestung

Alle für diesen Bericht ausgewählten Isolate von *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Escherichia coli* (kommensale und STEC/VTEC), *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* sowie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten quantitativen Verfahren für die Resistenz-

bestimmung (Bouillonmikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2006 bzw. CLSI M07-A10) im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Antibiotikaresistenz bzw. im NRL für *Campylobacter* untersucht.

Die Isolate wurden dem am BfR etablierten Untersuchungsspektrum antimikrobieller Substanzen unterzogen. Hierfür wurden die fertig konfektionierten Plattenformate EUVSEC und ggf. EUVSEC₂ (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken),

EUCAMP2 (*Campylobacter* spp.) und EUST (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems/Thermo Fisher Scientific verwendet.

Die Testung auf Resistenzen erfolgte unter Beachtung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU, in dem das Untersuchungsverfahren, die zu testenden Wirkstoffe sowie die Bewertungskriterien für die Mehrzahl der Erreger festgelegt sind. Soweit dort keine epidemiologischen Cut-Off-Werte beschrieben wurden, erfolgte die Bewertung anhand der Empfehlung

der European Food Safety Authority (EFSA) in Abstimmung mit dem Europäischen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz (EURL-AR).

Die Testung von MRSA und *Enterococcus* spp. auf Resistenzen erfolgte auf Basis der Empfehlungen der EFSA (EFSA 2012a)

Eine Übersicht über die für die jeweiligen Erreger getesteten antimikrobiellen Substanzen findet sich in den Tabellen 3.4 bis 3.7.

Tab. 3.4 Resistenztestung von *Salmonella* spp. und *E. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2017. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off >		Konzentrationsbereich	
		<i>Salmonella</i> spp.	<i>E. coli</i>	Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	2	0,25	32
Amphenicole	Chloramphenicol	16	16	2	64
Cephalosporine	Cefotaxim	0,5	0,25	0,06	4
	Ceftazidim	2	0,5	0,25	16
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	16	16	4	64
	Ciprofloxacin	0,06	0,06	0,008	8
Aminopenicilline	Ampicillin	8	8	0,5	32
Polymyxine	Colistin	2	2	2	4
Folatsynthesehemmer	Sulfamethoxazol	256 ^a	64	8	1024
	Trimethoprim	2	2	0,5	32
Tetrazykline	Tetrazyklin	8	8	1	64
Azalide	Azithromycin	16 ^a	16 ^a	2	64
Carbapeneme	Meropenem	0,125	0,125	0,03	16
Glycylcycline	Tigecyclin	1	1	0,25	8

^a Werte nicht im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU.

Tab. 3.5 Resistenztestung von *Campylobacter jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2017. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off >	Konzentrationsbereich	
			Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	0,125	16
	Streptomycin	4	0,025	16
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	16	1	64
	Ciprofloxacin	0,5	0,125	16
Tetrazykline	Tetrazyklin	1* / 2**	0,5	64
Makrolide	Erythromycin	4* / 8**	1	128

* Cut-Off-Werte für *C. jejuni*

** Cut-Off-Werte für *C. coli*, Werte seit 2014 unverändert

Tab. 3.6 Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (epidemiologische Cut-Off-Werte von EUCAST) für 2017

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off >	Konzentrationsbereich	
			Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	1	16
	Kanamycin	8	4	64
	Streptomycin	16	4	32
Amphenicole	Chloramphenicol	16	4	64
Fluorchinolone	Ciprofloxacin	1	0,25	8
Penicilline	Penicillin G	0,12	0,12	2
Cephalosporine	Cefoxitin	4	0,5	16
Folatsynthesehemmer	Trimethoprim	2	2	32
Sulfonamide	Sulfamethoxazol	128	64	512
Tetrazykline	Tetrazyklin	1	0,5	16
Lincosamide	Clindamycin	0,25	0,12	4
Makrolide	Erythromycin	1	0,25	8
Pseudomonische Säuren	Mupirocin	1	0,5	256
Ansamycine	Rifampicin	0,03	0,016	0,5
Oxazolidinone	Linezolid	4	1	8
Triterpensäuren	Fusidinsäure	0,5	0,5	4
Streptogramine	Quinupristin/Dalfopristin	1	0,5	4
Pleuromutiline	Tiamulin	2	0,5	4
Glykopeptide	Vancomycin	2	1	16

Tab. 3.7 Resistenztestung von *Enterococcus faecalis* und *E. faecium*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2017. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Vorgaben im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off >		Konzentrationsbereich	
		<i>E. faecalis</i>	<i>E. faecium</i>	Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	32	32	8	1024
Amphenicole	Chloramphenicol	32	32	4	128
Fluorchinolone	Ciprofloxacin	4	4	0,12	16
Aminopenicilline	Ampicillin	4	4	0,5	64
Tetrazykline	Tetrazyklin	4	4	1	128
Makrolide	Erythromycin	4	4	1	128
Lipopeptide	Daptomycin	4	4	0,25	32
Oxazolidinone	Linezolid	4	4	0,5	64
Streptogramine	Quinupristin/Dalfopristin ¹	keine Angabe	1	0,5	64
Glycylcycline	Tigezyklin ²	0,25	0,25	0,03	4
Glykopeptide	Teicoplanin	2	2	0,5	64
	Vancomycin	4	4	1	128

¹ Gegen Quinupristin/Dalfopristin besteht bei *E. faecalis* eine intrinsische Resistenz. Deshalb wurden die Substanzen nicht ausgewertet.

² Bei der Testung gegen Tigezyklin kam es zu technischen Schwierigkeiten, sodass die Messwerte aus Gründen der Qualitätssicherung aus der Auswertung ausgeschlossen wurden.

3.3.2.1 Bewertungskriterien bei der Resistenztestung

Isolate wurden als mikrobiologisch resistent bewertet, wenn die minimale Hemmkonzentration oberhalb des angegebenen epidemiologischen Cut-Off-Wertes lag. Als mehrfach mikrobiologisch resistent wurde ein Isolat bezeichnet, wenn eine Resistenz gegenüber mehr als einer Wirkstoffklasse nachgewiesen wurde. Im vorliegenden Bericht werden aufgrund der besseren Lesbarkeit Bakterienstämme, die als „mikrobiologisch resistent“ bewertet wurden, als „resistent“ bezeichnet.

Die Bewertung minimaler Hemmkonzentrationen (MHK) von antimikrobiellen Substanzen gegenüber Bakterien kann nach verschiedenen Kriterien erfolgen. Dabei werden klinische Grenzwerte und epidemiologische Cut-Off-Werte unterschieden.

Mit der Bewertung nach klinischen Grenzwerten soll eine Aussage über die Wahrscheinlichkeit eines Therapieerfolges bei Behandlung einer bakteriellen Infektion getroffen werden. Anhand der klinischen Grenzwerte werden sensible, intermediäre und klinisch resistente Isolate unterschieden.

Der epidemiologische Cut-Off-Wert (ECOFF) trennt eine natürliche, empfindliche Population (Wildtyp) von einer Nicht-Wildtyp-Population. Die Nicht-Wildtyp-Population zeichnet sich durch eine erworbene oder eine durch Mutation bedingte, verminderte Empfindlichkeit aus. Diese Bakterienstämme werden als „mikrobiologisch resistent“ bezeichnet. Durch die Anwendung des epidemiologischen Cut-Off-Wertes können bereits frühzeitig Verschiebungen der Empfindlichkeit innerhalb der Bakterienpopulation erkannt werden und somit Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung gewonnen werden. Der epidemiologische Cut-Off-Wert wird unabhängig von der Herkunft des Erregers ermittelt. Im Vordergrund steht die Bewertung der Resistenzsituation im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz. Eine unmittelbare Aussage über die Wahrscheinlichkeit eines Therapieerfolges bei einer Infektion ist mithilfe des epidemiologischen Cut-Off-Wertes nicht möglich. Klinische Grenzwerte und epidemiologische Cut-Off-Werte können übereinstimmen, häufig sind jedoch die epidemiologischen Cut-Off-Werte niedriger als die entsprechenden klinischen Grenzwerte, sodass der Anteil als „mikrobiologisch resistent“ beurteilter Isolate in diesen Fällen höher liegt als der Anteil „klinisch resistenter“ Isolate.

3.3.3 Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse

Die Untersuchungsergebnisse wurden von den entsprechenden Einrichtungen der Länder an das BVL übermittelt. Die Übermittlung erfolgte nach den Vorgaben der AVV *DatA*. Für Informationen, die auf diesem Weg nicht übermittelt werden konnten, wurden Excel-Tabellen zur Übermittlung von sogenannten Zusatzinformationen genutzt.

Die Zuordnung der Datensätze zu den Programmen erfolgte anhand der angegebenen Programmnummer im Kommentarfeld. Datensätze, die keinem Programm zugeordnet werden konnten, sowie Ergebnisse, die zwar einem Programm zugeordnet werden konnten, bei denen z. B. die Matrix oder der Entnahmeort jedoch nicht den Vorgaben des Stichprobenplans entsprach, wurden nicht berücksichtigt. Für das Jahr 2017 konnten so insgesamt 38 Proben bei der Auswertung nicht berücksichtigt werden. Bei der Datenauswertung im Hinblick auf die Prävalenz wurde jede positive Probe nur einmal berücksichtigt, auch wenn verschiedene Subtypen (z. B. *Salmonella*-Serovare, *Campylobacter*-Spezies, STEC/VTEC-Serotypen, -Pathovare) nachgewiesen und berichtet wurden.

Die rohe Prävalenz der Erreger in den verschiedenen Matrixgruppen wurde als Anteil positiver Proben berechnet und mit dem dazugehörigen 95%-Konfidenzintervall dargestellt (s. Tabellen in Kapitel 4). Das 95%-Konfidenzintervall wurde nach dem Verfahren von Agresti und Coull ermittelt (Agresti und Coull 1998). Dieses Verfahren liefert bei kleiner Prävalenz und selbst bei fehlenden Nachweisen zuverlässige Konfidenzintervalle.

Es errechnet sich das 95%-Konfidenzintervall nach folgenden Formeln:

$$k_u = p' - 1,96 \cdot \sqrt{\frac{p' \cdot (1 - p')}{n'}}$$

$$k_o = p' + 1,96 \cdot \sqrt{\frac{p' \cdot (1 - p')}{n'}}$$

wobei k_u und k_o die Grenzen des Konfidenzintervalls, $n' = n + 1,96^2$ die korrigierte Anzahl der Untersuchungen, $k' = k + 1,96^2/2$ die korrigierte Anzahl der positiven Befunde und $p' = k'/n'$ die korrigierte Prävalenz darstellen.

Bei dem statistischen Vergleich von Prävalenzen wurden diejenigen Prävalenzen als signifikant verschieden gewertet, deren zugehörige Konfidenzintervalle sich nicht überlappen. Die Anzahl der für die Auswertung

herangezogenen Proben ist den Tabellen 3.8 und 3.9 zu entnehmen. Die Anzahl der Proben entspricht nicht der Anzahl der Untersuchungen, da eine Probe in der Regel auf mehrere Erreger untersucht wurde.

Tab. 3.8 Anzahl der Proben nach Ländern

Herkunft	Probenanzahl
Brandenburg	208
Berlin	152
Baden-Württemberg	641
Bayern	982
Bremen	46
Hamburg	299
Hessen	70
Mecklenburg-Vorpommern	179
Niedersachsen	1566
Nordrhein-Westfalen	1545
Rheinland-Pfalz	232
Schleswig-Holstein	217
Saarland	71
Sachsen	247
Sachsen-Anhalt	338
Thüringen	129
Gesamt	6922

Tab. 3.9 Anzahl der Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Mastschweine in Erzeugerbetrieben	684
Masthähnchen am Schlachthof	395
Mastschweine am Schlachthof	768
Mastkälber/Jungrinder am Schlachthof	702
Mischfuttermittel für Legehennen	111
Rehwild	576
frisches Schweinefleisch	463
frisches Schweinehackfleisch	418
frisches Mastkalb- und Jungrindfleisch	361
frisches Rindfleisch	412
Tatar/Schabefleisch	294
frisches Hähnchenfleisch	427
frisches Wildwiederkäuerfleisch	378
streichfähige Rohwürste	416
tiefgefrorene Himbeeren	517
Gesamt	6922

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Stichprobenplans 2017 gewonnen wurden, und zu denen die zugehörigen Daten dem BVL übermittelt wurden. *Campylobacter*-Isolate aus Hähnchenfleisch und von Masthähnchenschlachtkörpern wurden gemäß dem Beschluss der Länderarbeitsgemeinschaft Verbraucherschutz „Arbeitsgruppe Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft“ (AFL) in ihrer Sitzung vom 3.–4. Mai 2016 zur Schätzung der Keimzahl gewonnen, aber nicht für die Resistenztestung herangezogen, da es hierzu im Jahr 2017 keine Verpflichtung gemäß Durchführungsbeschluss 2013/652/EU gab.

Alle in der Auswertung berücksichtigten Isolate wurden dahingehend geprüft, ob es sich um einen Vertreter der im Zoonosen-Monitoring betrachteten Zoonoseerreger (z. B. *Salmonella* spp.) bzw. um *E. coli* han-

delt. Isolate mit fehlenden Angaben bzw. für die eine Zuordnung zu einem Programm nicht möglich war, wurden von dieser Auswertung ausgeschlossen. Ebenso wurden Impfstämme von *Salmonella* spp. ausgeschlossen. Nicht berücksichtigt wurden auch Isolate, die aufgrund der angegebenen Matrix, aus der sie stammten, keinem der Programme zugeordnet werden konnten, sowie im Rahmen der Programme zusätzlich eingesandte Isolate aus einer Probe. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation empfohlen wird, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Dieses Verfahren kam v. a. bei *E.-coli*-Isolaten aus Beständen von Mastschweinen und aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof sowie aus Kot von Rehen zum Einsatz.

Tabelle 3.10 gibt eine Übersicht über die Anzahl der getesteten und in diesem Bericht berücksichtigten Isolate.

Tab. 3.10 Übersicht über die Anzahl der Isolate, bei denen eine Resistenztestung durchgeführt wurde mit Zuordnung zum Programm

Ebene der Beprobung	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp. (<i>C. jejuni</i> + <i>C. coli</i>)	VTEC	MRSA	<i>Enterococcus</i> spp. <i>E. faecalis</i> + <i>E. faecium</i>	Kommensale <i>E. coli</i>
Gesamt	getestete Isolate	86*	259 (10 + 249)	266	307	171 (82 + 89)	1325
Erzeugerbetrieb	Mastschwein (Kot/Sockentupfer)	28	–	–	122	–	210
Schlachthof	Mastschwein (Blinddarminhalt)	21	255 (8 + 247)	–	–	80 (40 + 40)	227
	Mastschwein (Schlachtkörper)	31*	–	–	–	–	–
	Mastkalb/Jungrind (Nasentupfer)	–	–	–	133	–	–
	Mastkalb/Jungrind (Blinddarminhalt)	–	–	–	–	91 (42 + 49)	242
Wildtiere	Rehwild (Kot)	–	2 (2 + 0)	126	–	–	269
Einzelhandel	Hackfleisch vom Schwein	2	–	–	–	–	99
	Mastkalb/Jungrind frisches Fleisch	–	–	20	33	–	–
	Tatar/Schabefleisch	–	–	9	19	–	59
	Fleisch von Wildwiederkäuern	4	2 (0 + 2)	107	–	–	150
	streichfähige Rohwürste	–	–	4	–	–	69

– Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2017 nicht vorgesehen

* darunter 20 Isolate, die von Lebensmittelunternehmern im Rahmen der Untersuchung gemäß VO (EG) Nr. 2073/2005 gewonnen wurden

Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern

4.1 *Salmonella* spp.

4.1.1 Einleitung

Salmonella spp. sind gramnegative, stäbchenförmige Bakterien, welche beim Menschen eine akute Darm-entzündung auslösen können, die einige Tage anhalten kann und in der Regel auch ohne ärztliche Behandlung ausheilt. Bei Kleinkindern und älteren Erwachsenen kann ein lebensbedrohlicher Flüssigkeitsverlust des Körpers auftreten. In seltenen Fällen kann es auch zu einer schweren Allgemeininfektion mit zum Teil tödlichem Ausgang kommen (RKI 2009a).

Europaweit sind *Salmonella* Typhimurium inklusive der monophasischen Variante und *Salmonella* Enteritidis die Serovare, die beim Menschen am häufigsten Infektionen hervorrufen (EFSA und ECDC 2017). Die Salmonellose ist in Deutschland und europaweit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2017, RKI 2018). Der seit dem Jahr 2008 EU-weit zu beobachtende abnehmende Trend der gemeldeten Salmonellose-Fälle hat sich in den Jahren 2012 bis 2016 stabilisiert. Im Jahr 2016 liegt die Zahl der in der EU gemeldeten Salmonellose-Fälle beim Menschen mit 94.530 bestätigten Erkrankungen in derselben Größenordnung wie im Vorjahr (94.625 bestätigte Fälle) (EFSA und ECDC 2017). Der in einigen Mitgliedstaaten zu beobachtende Anstieg der gemeldeten Salmonellose-Fälle ist hauptsächlich auf Erkrankungsfälle durch *Salmonella* Enteritidis zurückzuführen und wird zum Teil mit einer verstärkten und umfassenderen Berichterstattung an ECDC sowie mit Verbesserungen bei der Überwachung der Salmonellose beim Menschen in einigen Mitgliedstaaten erklärt. Er könnte aber auch Ausdruck dafür sein, dass die Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den Geflügelbeständen mittlerweile weniger stark im Fokus der Überwachung stehen (EFSA und ECDC 2017).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und

die Salmonellen-Kontaminationsraten von frischem Geflügelfleisch in den letzten Jahren abgenommen haben, aktuell aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten zu verzeichnen ist (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2010 untersuchten Konsumeiern waren 0,7% der Poolproben von Eierschalen mit Salmonellen kontaminiert. In Proben vom Eiinhalt wurden keine Salmonellen nachgewiesen (BVL 2012a). In Schweinefleisch und Rindfleisch wurden Salmonellen deutlich seltener nachgewiesen als in Geflügelfleisch (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016b).

Im Jahr 2017 wurden 45% der dem RKI gemeldeten Erkrankungsfälle in Deutschland durch *Salmonella* Enteritidis ausgelöst. Bei 34% der übermittelten Fälle wurde die Erkrankung durch *Salmonella* Typhimurium verursacht. In weitem Abstand folgten *Salmonella* Infantis (2,5%) sowie *Salmonella* Derby und *Salmonella* Typhimurium (monophasisch), die zu jeweils 1,1% vertreten waren. Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 16% aus. Auch in Deutschland hat sich der seit dem Jahr 2001 zu beobachtende rückläufige Trend der gemeldeten Salmonellose-Fälle im letzten Jahr nicht weiter fortgesetzt: Gegenüber dem Jahr 2016 nahm die Anzahl der übermittelten *Salmonella*-Enteritidis-Erkrankungen um 16% und die der übermittelten *Salmonella*-Typhimurium-Erkrankungen um 3% zu. Insgesamt wurden im Jahr 2017 dem RKI 14.269 und damit im Vergleich zum Vorjahr 10% mehr Salmonellose-Fälle gemeldet. Die bundesweite Inzidenz lag bei 17 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018).

Salmonella spp. kommen im Magen-Darm-Trakt vieler Haus- und Wildtiere vor. Häufig verlaufen die Infektionen bei Tieren mild oder symptomlos, die infizierten Tiere können aber phasenweise oder andauernd Ausscheider sein und somit eine Infektionsquelle für andere Tiere und den Menschen darstellen. Insbesondere bei Rindern können auch klinisch erkennbare Darminfektionen und Aborte auftreten. Bei Kälbern ist die Infektion mit einer hohen Sterblichkeit verbunden.

Die Salmonellose ist eine klassische Lebensmittelinfektion. Insbesondere erhöhen ungenügend gekühlte Lebensmittel und ungenügend durchgegarnte Lebensmittel, in denen sich die Erreger vermehren konnten bzw. nicht abgetötet wurden, das Risiko für eine Infektion mit Salmonellen. Durch Kreuzkontaminationen können die Keime zudem von frischem Fleisch auf andere, verzehrfertige Lebensmittel übertragen werden.

4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Proben von Mischfuttermitteln für Legehennen, in Kotproben von Mast Schweinen, in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastschweinen, in Proben von frischem Schweinehackfleisch und streichfähigen Rohwürsten sowie in Proben von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern sind den Tabellen 4.1 bis 4.3 zu entnehmen.

Tab. 4.1 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Mischfuttermitteln für Legehennen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Mischfuttermittel	208	2	1,0 (0,0–3,7)

Tab. 4.2 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Mastschweinen aus Mastschweinebetrieben, in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastschweinen sowie in Proben von frischem Schweinehackfleisch und streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Kot gesamt	330	26	7,9 (5,4–11,3)
Kot Kat. I	220	11	5,0 (2,7–8,8)
Kot Kat. II	73	10	13,7 (7,4–23,6)
Kot Kat. III	10	3	30,0 (10,3–60,8)
Kot ohne Angabe des Salmonellenstatus	27	2	7,4 (1,0–24,5)
Schlachthof			
Blinddarminhalt gesamt	380	23	6,1 (4,0–9,0)
Schlachtkörper gesamt	385	11	2,9 (1,5–5,1)
Blinddarminhalt Kat. I	261	16	6,1 (3,7–9,8)
Blinddarminhalt Kat. II	67	6	9,0 (3,8–18,5)
Blinddarminhalt Kat. III	7	0	0,0 (0,0–40,4)
Blinddarminhalt ohne Angabe des Salmonellenstatus	45	1	2,2 (0,0–12,6)
Einzelhandel			
Hackfleisch (gekühlt)	401	3	0,7 (0,1–2,3)
streichfähige Rohwürste (überwiegend aus Schweinefleisch)	403	0	0,0 (0,0–1,1)

Tab. 4.3 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
frisches Fleisch (gekühlt oder tiefgefroren)	357	3	0,8 (0,2–2,6)
frisches Fleisch, freie Wildbahn	140	0	0,0 (0,0–3,2)
frisches Fleisch, Gatterwild	83	0	0,0 (0,0–5,3)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Haltungsform	134	3	2,2 (0,5–6,7)
frisches Fleisch, aus Deutschland	261	3	1,1 (0,2–3,5)
frisches Fleisch anderer Herkunft	91	0	0,0 (0,0–4,9)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Herkunft	5	0	0,0 (0,0–48,9)

Insgesamt wurden 2464 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. In 1,0 % der Proben von Mischfuttermitteln für Legehennen wurden Salmonellen nachgewiesen. In Mast Schweinebetrieben waren 7,9 % der Kotproben *Salmonella*-positiv, wobei Kotproben aus Betrieben der Kategorie I zu 5,0 %, aus Betrieben der Kategorie II zu 13,7 % und aus Betrieben der Kategorie III zu 30,0 % positiv für Salmonellen waren. Am Schlachthof wurden in 6,1 % der Proben von Blinddarminhalt von Mast Schweinen Salmonellen nachgewiesen. Dabei waren Proben, die aus Betrieben der Kategorie I stammten, zu 6,1 % und Proben aus Betrieben der Kategorie II zu 9,0 % *Salmonella*-positiv. In den 7 Proben von Blinddarminhalt von Mast Schweinen aus Betrieben der Kategorie III war keine Probe positiv für Salmonellen. Auf Schlachtkörpern von Mast Schweinen, die von denselben Schlachtchargen stammen sollten, wurden Salmonellen zu 2,9 % nachgewiesen. Frisches Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 0,7 % auf. In Proben von streichfähigen Rohwürsten wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Proben von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern aus dem Einzelhandel lag bei 0,8 %.

4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiv an das BVL übermittelten Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Salmonellen am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiv übermittelten Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei der Auswertung ausgeschlossen wurden.

Dadurch stimmt die Anzahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein.

Insgesamt standen 66 Isolate von *Salmonella* spp. für die Typisierung zur Verfügung (Tab. 4.4). Diese gehörten 10 Serovaren an. Die häufigsten Serovare waren *Salmonella* (*S.*) Typhimurium, inkl. der monophasischen Variante (43 Isolate) und *S.* Derby (11 Isolate).

Die allermeisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in Mast Schweinebeständen (28 Isolate) und von Schweinen am Schlachthof (32 Isolate). Die restlichen 6 Isolate wurden aus Schweinehackfleisch (N = 2) und Fleisch von Wildwiederkäuern (N = 4) gewonnen. Bei den Isolaten von Wildwiederkäuern handelte es sich um die Serovare *S.* Enteritidis (N = 3) und *S.* Choleraesuis (N = 1).

Tab. 4.4 Anzahl der *Salmonella*-Serovare aus den Programmen der Lebensmittelkette Mastschwein (N = 62)

	Mastschwein, Kot, Primärproduktion, N = 28	Mastschwein, Blinddarminhalt, Schlachthof, N = 21	Mastschwein, Schlachtkörper, Schlachthof, N = 11	Schweinehackfleisch, Einzelhandel, N = 2
S. Derby	2	6	2	1
S. Goldcoast		1		
S. Livingstone	1			
S. London	1			
S. Rissen			1	
S. Subspezies I Rauform	1		1	
S. Typhimurium	10	6	1	
S. 4,[5],12:i-	12	7	6	1
Subspezies I	1	1		
Gesamt	28	21	11	2

4.2 *Campylobacter* spp.

4.2.1 Einleitung

Campylobacter spp. sind gramnegative, thermophile, spiral- oder S-förmige stäbchenförmige Bakterien, die in der Natur nahezu überall verbreitet sind und den Darm verschiedener Wild-, Haus- und Nutztiere in der Regel symptomlos besiedeln.

Vögel stellen das wichtigste Reservoir von *Campylobacter* spp. dar. Die bei Vögeln im Vergleich zu anderen Tieren vorherrschende höhere Körpertemperatur von 42 °C stellt für *Campylobacter* spp. optimale Lebensbedingungen dar (Wysocki und Uradzinski 2009). *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* und *C. coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2017a, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt eher beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein nachgewiesen wird (BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2016b, BVL 2017 und Wassenaar und Laubenheimer-Preusse 2010). Eine Infektion des Menschen mit *Campylobacter* spp. kann zu einer akuten Darmentzündung führen, die mit starken Abdominalschmerzen und blutigen Durchfällen einhergehen kann. In der Regel klingt die Erkrankung nach wenigen Tagen von selbst wieder ab. Als seltene Komplikation können reaktive Gelenkentzündungen auftreten. Auch das Guillain-Barré-Syndrom, eine seltene, schwere neurologische Erkrankung, wird häufig mit einer vorhergegangenen *C. jejuni*-Infektion in Verbindung gebracht (RKI 2005, Zhang et al. 2010, Zautner et al. 2010).

Die Campylobacteriose ist in Deutschland und EU-weit die häufigste bakterielle Durchfallerkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2017, RKI 2018). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2017 insgesamt 69.414 Erkrankungen gemeldet, was einer Inzidenz von 84 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Erkrankungszahlen liegen damit auf dem Niveau der letzten fünf Jahre. Als Erreger überwog *C. jejuni* (74 % der auf Speziesebene identifizierten Infektionen) gegenüber *C. coli* (9 %) (RKI 2018). Seit dem Jahr 2005 wird ein europaweiter Anstieg der bestätigten *Campylobacter*-Erkrankungen beobachtet. Im Jahr 2016 wurden 246.307 bestätigte *Campylobacter*-Fälle EU-weit gemeldet. Dies entspricht einem Anstieg gegenüber dem Vorjahr von 6,1 % (EFSA und ECDC 2017). Die EFSA geht davon aus, dass die Campylobacteriose sehr häufig nicht erkannt und gemeldet wird und vermutet, dass in der EU mindestens 2 Millionen Fälle von klinischer Campylobacteriose pro Jahr auftreten (EFSA 2010).

Bei *Campylobacter*-Infektionen ist auffällig, dass neben Kleinkindern auch Erwachsene im Alter von 20 bis 29 Jahren vermehrt von der Erkrankung betroffen sind (RKI 2018). Im Unterschied zu den meisten anderen bakteriellen Zoonoseerregern, wie z. B. Salmonellen und pathogenen *E. coli*, können sich *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln nicht vermehren (Wysocki und Uradzinski 2009). Die zur Auslösung einer lebensmittelassoziierten Infektion des Menschen erforderliche Keimzahl (Dosis infectiosa minima) von *Campylobacter* spp. ist allerdings so gering, dass eine Erkrankung auch ohne Vermehrung der Keime im ursächlichen Lebensmittel möglich ist.

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA und ECDC 2017). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Hähnchenfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2017). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war in bisherigen Untersuchungen zu 30 % bis 54 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017). Proben von frischem Putenfleisch waren mit 15 % bis 27 % positiver Proben ebenfalls häufig mit *Campylobacter* verunreinigt (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2014, BVL 2016a). In Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch wurden *Campylobacter* dagegen bisher nur selten im Zoonosen-Monitoring nachgewiesen (< 1 % positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2016b). Auch mit *Campylobacter* spp. verunreinigte Rohmilch stellt ein mögliches Vehikel für die Übertragung der Erreger auf den Menschen dar und führte schon zu größeren lebensmittelbedingten Ausbrüchen (RKI 2017a). Im Zoonosen-Monitoring waren in den vergangenen Jahren 1 % bis 2 % der Proben von Tankmilch *Campylobacter*-positiv (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2016a, BVL 2016b). Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speisenzubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition des Verbrauchers gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011a). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls von Bedeutung (RKI 2005). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle jedoch häufig nicht

identifiziert (Hamedy et al. 2007). Aufgrund der Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* zu einer deutlichen Reduktion der menschlichen Infektionen führen könnte, wurde mit der Verordnung (EU) NR. 1495/2017 die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel um ein Prozesshygienekriterium bei der Schlachtung von Masthähnchen ergänzt. Das seit 01.01.2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1000 KBE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wird am 01.01.2020 auf 30 %, 5 Jahre später dann auf 20 % gesenkt werden.

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Kotproben von Rehwild, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen, in Halshautproben von Masthähnchenschlächtkörpern sowie in Proben von frischem Hähnchen- und Wildwiederkäuerfleisch sind den Tabellen 4.5 bis 4.8 zu entnehmen. Die qualitative Untersuchung auf *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchenschlächtkörpern war im Stichprobenplan nicht vorgesehen. Da dennoch zahlreiche Halshautproben in den Ländern entsprechend untersucht wurden, werden die Ergebnisse trotzdem berichtet (Tab. 4.7). Abbildung 4.1 zeigt die Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof.

Tab. 4.5 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Kotproben von Rehwild in der freien Wildbahn und von frischem Wildwiederkäuerfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	504	4	0,8 (0,2–2,1)
Einzelhandel			
frisches Wildwiederkäuerfleisch, gesamt	354	3	0,8 (0,2–2,6)
frisches Fleisch, freie Wildbahn	138	2	1,4 (0,1–5,5)
frisches Fleisch, Gatterwild	82	1	1,2 (0,0–7,2)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Haltungsform	134	0	0,0 (0,0–3,4)
frisches Fleisch, aus Deutschland	259	2	0,8 (0,0–3,0)
frisches Fleisch, importiert	90	1	1,1 (0,0–6,6)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Herkunft	5	0	0,0 (0,0–48,9)

Tab. 4.6 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	380	287	75,5 (71,0–79,6)

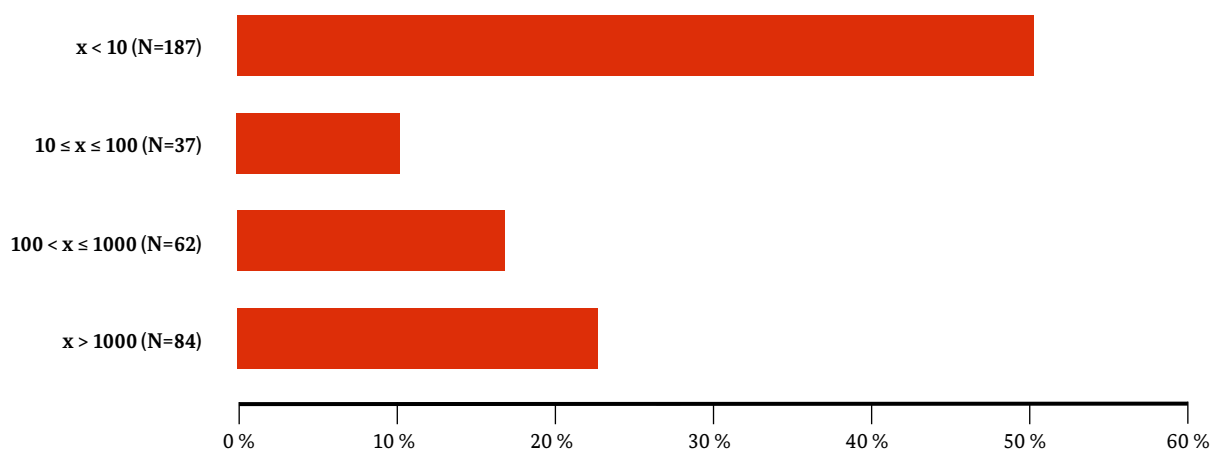
Tab. 4.7 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen (nicht im Stichprobenplan vorgesehen) und von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Halshaut	113	89	78,8 (70,3–85,3)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	407	211	51,8 (47,0–56,7)

Tab. 4.8 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Halshaut	370	183 (49,5)	10	850	280.000
frisches Fleisch	342	31 (9,1)	10	45	680

Abb. 4.1 Verteilung der Keimzahlen (x) aus der quantitativen Bestimmung (n = 370) von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (KbE/g)



Insgesamt wurden 2054 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In jeweils 0,8% der Kotproben von Rehwild und der Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch wurden *Campylobacter* spp. nachgewiesen. 75,5% der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof waren positiv für *Campylobacter* spp. Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern betrug 78,8%. In 49,5% der Halshautproben von Masthähnchen ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen. 10,0% der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 16,8% der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1000 KbE/g wurden in 22,7% der Proben nachgewiesen (s. Abb. 4.1). Die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 51,8%. In 9,1% der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen, wobei die höchste gemessene Keimzahl bei 680 KbE/g lag.

4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Campylobacter-Isolate aus Hähnchenfleisch und von Masthähnchenschlachtkörpern wurden aufgrund des AFFL-Beschlusses gewonnen (s. Kap. 3.3.4) und nicht typisiert, da für diese Programme im letzten Jahr keine Verpflichtung für weitergehende Untersuchungen gemäß Durchführungsbeschluss 2013/652/EU bestand und der Zoonosen-Stichprobenplan diese Untersuchung nicht vorsah.

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden aus Kot- und Blinddarmproben von Mastschweinen, Kotproben von erlegtem Rehwild sowie Fleischproben von Wildwiederkäuern wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Auch waren nicht alle eingesandten Isolate im Labor wieder anzüchtbar. Letzteres betraf ein Isolat aus einer Kotprobe von erlegtem Rehwild. *Campylobacter* spp. wurden überwiegend aus Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof eingesandt. Je zwei Isolate stammten aus Kot von Rehen und Wildwiederkäuerfleisch. Insgesamt wurde bei 259 Isolaten aus den genannten Programmen die Spezies bestimmt bzw. bestätigt. Von den 255 Isolaten aus Kotproben von Mastschweinen am Schlachthof gehörten die meisten Isolate der Spezies *C. coli* an (96,9%), nur acht Isolate waren *C. jejuni*. Beide Isolate aus Rehkot waren *C. jejuni*, die Isolate aus Wildwiederkäuerfleisch waren *C. coli*.

4.3 *Listeria monocytogenes*

4.3.1 Einleitung

Listerien sind grampositive, fakultativ anaerobe, stäbchenförmige Bakterien, die sich im Gegensatz zu den meisten anderen Keimen grundsätzlich auch noch bei Kühlschranktemperaturen vermehren können.

Erkrankungen des Menschen mit Listerien werden vornehmlich durch die Spezies *Listeria (L.) monocytogenes* hervorgerufen (RKI 2017a). Listerien können Tiere vieler Arten infizieren, führen aber verhältnismäßig selten zu klinischen Symptomen. Am häufigsten erkranken Wiederkäuer (v. a. Schafe und Ziegen), die sich in der Regel über mit Listerien kontaminierte Silage infiziert haben. Hier kann die Listeriose zu Hirnhautentzündungen, Septikämien, Milchdrüsenentzündungen, Durchfallerkrankungen und Fehlgeburten führen. *L. monocytogenes* und *L. ivanovii* sind die für Haustiere pathogenen Spezies (Brugère-Picoux 2008).

Infektionen mit Listerien treten im Vergleich zu Salmonellen- und *Campylobacter*-Infektionen seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit einigen Jahren nimmt die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europa-weit zu, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über 60 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2017, RKI 2018). Im Jahr 2016 wurden EU-weit 2.536 Listeriose-Fälle gemeldet und damit 330 Erkrankungen mehr als im Vorjahr (2.206 gemeldete Fälle). Die Listeriose ist die zoonotische Erkrankung mit der höchsten Sterberate (16,2%), die in der EU überwacht wird (EFSA und ECDC 2017). In Deutschland ist es in der Zeit von 2011 bis 2017 zu einer Verdoppelung der Fallzahlen von 362 auf 770 gekommen. Die Inzidenz liegt damit bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018). Somit kommt der Kontamination von Lebensmitteln mit Listerien derzeit eine hohe Aufmerksamkeit zu. Gesunde Menschen erkranken in der Regel nicht oder weisen nur milde Symptome eines fieberhaften Infektes auf. Die Listeriose-Gastroenteritis geht mit Durchfall unterschiedlicher Schwere einher. Schwere Verlaufsformen treten vor allem bei abwehrgeschwächten Menschen wie älteren Personen, Neugeborenen, Patienten mit chronischen Erkrankungen und Schwangeren auf (Metelmann et al. 2010, RKI 2010, RKI 2018). Schwangere weisen in der Regel nur Symptome eines grippalen Infektes auf, können die Infektion aber auf das ungeborene Kind übertragen, mit der Gefahr einer Schädigung des Kindes bzw. einer Früh- oder Totgeburt. Bei älteren und abwehrgeschwächten Menschen manifes-

tiert sich die Listeriose häufiger mit Blutvergiftungen und eitrigen Hirnhautentzündungen. Die Inkubationszeit beträgt bei der Listeriose 3 bis 70 Tage, sodass Krankheitserscheinungen oft erst 3 Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2010). Listerien sind in der Umwelt weit verbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *L. monocytogenes* in erster Linie über kontaminierte Lebensmittel. Hierzu zählen nicht wärmebehandelte Lebensmittel tierischer Herkunft wie Rohmilchprodukte, Rohwürste, rohe Hackfleischzubereitungen (z. B. Mett) und unverarbeitete oder kaltgeräucherte Fischereierzeugnisse (z. B. Sushi, Räucherlachs), aber auch erhitzte und nachträglich kontaminierte Lebensmittel (BfR 2014). Verzehrfertige Lebensmittel, in denen sich Listerien unter bestimmten Umständen vermehren und eine hohe Keimzahl entwickeln, sind die häufigste Infektionsquelle für den Menschen (EFSA 2007). Die *Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel* enthält mikrobiologische Grenzwerte u. a. für verzehrfertige Lebensmittel, die vom Lebensmittelunternehmer eingehalten werden müssen. Bei Überschreitung eines Lebensmittelsicherheitskriteriums gilt ein Lebensmittel als inakzeptabel kontaminiert und muss – einhergehend mit entsprechenden Verbesserungen im Produktionsprozess – vom Markt genommen werden. Überschreitungen der Lebensmittelsicherheitskriterien für *L. monocytogenes* in verzehrfertigen Lebensmitteln im Einzelhandel wurden im Jahr 2016 EU-weit am häufigsten bei Fischereierzeugnissen, Schweinefleischerzeugnissen (außer fermentierten Würsten) und Weichkäse sowie halbfestem Schnittkäse aus Rohmilch festgestellt (EFSA und ECDC 2017). Dies war bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bisher berücksichtigten Untersuchungen von verzehrfertigen Lebensmitteln ebenfalls der Fall: Verpackter geräucherter Fisch oder Graved-Fisch war zu 6,1% (nach Entnahme) bzw. 8,0% (zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums), Weichkäse und halbfester Schnittkäse aus Rohmilch zu 1,6% und Pökelfleischerzeugnisse und Brühwurst/Brühwurstpastete zu 0,9% bzw. 2,7% mit dem Erreger kontaminiert. Die höchsten Keimgehalte an *L. monocytogenes* wurden in einzelnen untersuchten Fisch- ($6,4 \times 10^4$ KbE/g) und Käseproben aus Rohmilch ($6,2 \times 10^3$ KbE/g) zum Ende der Haltbarkeit gemessen (BVL 2013). Auch pflanzliche Lebensmittel können mit Listerien kontaminiert sein. Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten Proben von nicht vorgeschnittenen Blatt- und Kopfsalaten und frischen Erdbeeren im Einzelhandel waren zu 2,6% bzw. 1,1% mit *L. monocytogenes* kontaminiert. In Proben von vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* zu 2,0% nach-

gewiesen. Sprossen waren zu 1,8% mit *L. monocytogenes* kontaminiert. Allerdings wurden in keiner Probe Keimgehalte oberhalb des Grenzwertes von 100 KbE/g gemessen (BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2017).

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *L. monocytogenes* in Proben von Tatar/Schabefleisch und streichfähigen Rohwürsten sind in den Tabellen 4.9 bis 4.12 dargestellt.

Tab. 4.9 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von Tatar/Schabefleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Listeria-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>Listeria-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Tatar/Schabefleisch, gekühlt	278	31	11,2 (7,9–15,4)

Tab. 4.10 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Tatar/Schabefleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen und Großmarkt)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Tatar/Schabefleisch	251	5 (2,0)	10	30	35

Tab. 4.11 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
streichfähige Rohwürste	393	48	12,2 (9,3–15,8)

Tab. 4.12 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen und Großmarkt)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Listeria-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Listeria-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g	Ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>Listeria-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g
streichfähige Rohwürste	378	14 (3,7)	2 (0,5)	220 und 580 KbE/g

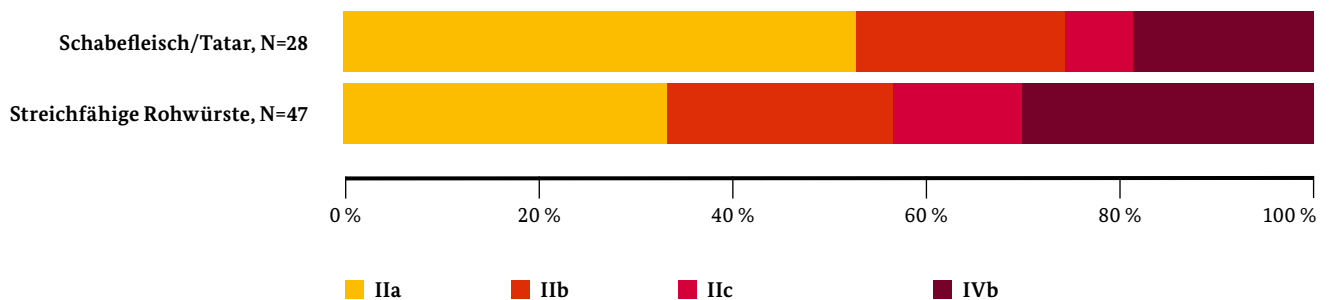
Insgesamt wurden 701 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In 11,2% der untersuchten Proben von Tatar/Schabefleisch aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. Bei der quantitativen Bestimmung ließen sich in 2,0% der Proben von Tatar/Schabefleisch Keimzahlen von *L. monocytogenes* oberhalb der Nach-

weisgrenze messen. Die höchste gemessene Keimzahl betrug 35 KbE/g. In Proben von streichfähigen Rohwürsten wurden *L. monocytogenes* zu 12,2% nachgewiesen. Bei der quantitativen Untersuchung ließen sich in zwei Proben (0,5%) Keimzahlen oberhalb von 100 KbE/g messen. Die Werte lagen bei 220 und 580 KbE/g.

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden aus den beiden Untersuchungsprogrammen 75 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. Achtundzwanzig Isolate stammten aus Tatar/Schabefleisch und gehörten überwiegend den molekularen Serotypen IIa und IIb an. Weitere 47 Isolate aus streichfähigen Rohwürsten wurden überwiegend den molekularen Serotypen IIa, IIb und IVb zugeordnet (Abb. 4.2).

Abb. 4.2 Übersicht über die Verteilung der molekularen Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus Proben im Einzelhandel



4.4 Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (STEC/VTEC)

4.4.1 Einleitung

Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (STEC/VTEC) sind gramnegative, stäbchenförmige Bakterien, die bestimmte Zytotoxine (Shigatoxine bzw. Verotoxine) bilden können. Diese Toxine können akute Darmentzündungen hervorrufen, die bei 10 % bis 20 % der Erkrankten einen schweren Verlauf mit einer hämorrhagischen Kolitis und krampfartigen Abdominalschmerzen nehmen können. Insbesondere bei Kindern kann eine Infektion mit STEC/VTEC das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auslösen (5 % bis 10 % der symptomatischen STEC/VTEC-Infektionen), bei dem es zur Ausbildung einer hämolytischen Anämie, Thrombozytopenie und eines akuten Nierenversagens kommt (RKI 2008a). HUS ist die häufigste Ursache für akutes Nierenversagen bei Kindern und macht bei etwa 66 % der Erkrankten eine Dialysebehandlung notwendig (Scheiring et al. 2010). Die bei Menschen weltweit am häufigsten isolierte Serogruppe von STEC/VTEC ist O157 (RKI 2008a, Wadl et al. 2010). Zwischen unter-

schiedlichen STEC/VTEC-Typen bestehen deutliche Virulenzunterschiede. Hochpathogene Stämme, die in der Lage sind, schwere Erkrankungen beim Menschen hervorzurufen, werden sowohl im Tierbestand als auch in Lebensmitteln seltener nachgewiesen als andere STEC/VTEC-Stämme (Blanco et al. 1996, Bülte und Heckötter 1997, Messelhäuser et al. 2008, Menrath 2009).

Im Jahr 2016 wurden EU-weit 6.378 bestätigte STEC/VTEC-Erkrankungen gemeldet. In den letzten fünf Jahren war die Anzahl der jährlich gemeldeten STEC/VTEC-Erkrankungen in etwa konstant, wobei die Meldequote insgesamt höher lag als vor dem großen lebensmittelbedingten EHEC-Krankheitsausbruch im Jahr 2011 (EFSA und ECDC 2017). Dem RKI wurden im Jahr 2017 insgesamt 2.020 STEC/VTEC-Erkrankungen gemeldet. Dies entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 2,5 Fällen pro 100.000 Einwohner. Der seit 2016 zu beobachtende Anstieg der gemeldeten Erkrankungen hat sich auch im Jahr 2017 fortgesetzt. Gegenüber dem Vorjahr wurden insgesamt 11 % mehr Fälle gemeldet. Bei den Erregern dominierte die O-Gruppe 91 (15 %), gefolgt von O103 (13 %), Ont (O-Antigen nicht typisierbar) (12 %) und O157 (11 %) (RKI 2018). Erkrankungen an HUS werden getrennt von STEC/VTEC an das RKI übermit-

telt, da in seltenen Fällen diese Erkrankung auch durch andere Erreger ausgelöst werden kann. Im Jahr 2017 trat die höchste Fallzahl an HUS-Erkrankungen seit dem großen EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 auf: Dem RKI wurden 95 Erkrankungen und damit deutlich mehr Fälle als in den Vorjahren (Median für die Jahre 2012 bis 2016: n = 71 Fälle) gemeldet. Bei den nachgewiesenen Erregern standen die Serogruppen O157 und O26 im Vordergrund. Wie in den Vorjahren waren überwiegend Kinder unter 5 Jahren von der Erkrankung betroffen. Die bundesweite Inzidenz für HUS lag bei 0,12 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018).

STEC/VTEC kommen vor allem im Darm von Wiederkäuern (Rinder, Schafe und Ziegen) und Wildwiederkäuern (Dam-, Reh-, Rot- und Sikawild) vor und werden über den Kot ausgeschieden, ohne dass die Tiere erkranken (Bülte und Heckötter 1997, Bülte 2002, Menrath 2009). In Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings waren in der Vergangenheit etwa 30 % der Kotproben von Mastkälbern bzw. Mastkälbern und Jungrindern sowie etwa 20 % der Kotproben von Mastrindern STEC/VTEC-positiv (BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Das Vorhandensein von STEC/VTEC im Darm von Wiederkäuern birgt die Gefahr einer fäkalen Kontamination des Fleisches mit den Erregern während des Schlachtprozesses bzw. der Rohmilch während der Milchgewinnung. Dies kann durch die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bestätigt werden: Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern sowie Mastrindern waren zu 2 % bis 6 % mit STEC/VTEC kontaminiert. Proben von frischem Kalb- sowie Kalb- und Jungrindfleisch waren zu jeweils 5,8 % und Proben von frischem Rindfleisch zu 1 % bis 2 % mit STEC/VTEC belastet (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Das Fleisch von Wildwiederkäuern war im

Vergleich hierzu mit 16,1 % positiver Proben deutlich häufiger mit STEC/VTEC kontaminiert (BVL 2014). In Proben von Rohmilch, die zur weiteren Bearbeitung bestimmt war, wurden STEC/VTEC zu 1,5 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012a). Verglichen damit war Rohmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben noch deutlich häufiger mit STEC/VTEC kontaminiert (BVL 2016b). Mit 6,9 % positiver Kotproben zeigen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings zudem, dass auch Wildschweine ein Reservoir für STEC/VTEC darstellen (BVL 2017). Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln wurden STEC/VTEC nur in Proben von Blatt- und Kopfsalaten nachgewiesen (1,3 % positive Proben) (BVL 2014). Bei der Ansteckung des Menschen mit STEC/VTEC spielt neben kontaminierten Lebensmitteln und Wasser insbesondere bei Kindern auch der direkte Kontakt zu Wiederkäuern, z.B. in Streichelzoos, eine bedeutende Rolle. Das Risiko, sich mit STEC/VTEC zu infizieren, ist für Menschen, die in ländlichen Regionen mit einer hohen Rinderdichte leben, deutlich erhöht (Frank et al. 2008). Eine Ansteckung von Mensch zu Mensch ist ebenfalls möglich und wird vermutlich durch die sehr geringe Infektionsdosis des Erregers (< 100 Erreger für STEC/VTEC O157) begünstigt (RKI 2004, RKI 2008a, Wadl et al. 2010).

4.4.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von STEC/VTEC in Kotproben von Rehwild, in Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch und frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern sowie in Proben von Tatar/Schabefleisch und streichfähigen Rohwürsten sind in den Tabellen 4.13 bis 4.15 dargestellt.

Tab. 4.13 Prävalenz von STEC/VTEC in Kotproben von Rehwild in der freien Wildbahn und in Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC/VTEC-positive Proben (n)	STEC/VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	358	144	40,2 (35,3–45,4)
Einzelhandel			
frisches Wildwiederkäuerfleisch, gesamt	356	106	29,8 (25,3–34,7)
frisches Fleisch, freie Wildbahn	141	42	29,8 (22,8–37,8)
frisches Fleisch, Gatterwild	83	15	18,1 (11,2–27,8)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Haltungsform	132	49	37,1 (29,3–45,6)
frisches Fleisch, aus Deutschland	260	88	33,8 (28,4–39,8)
frisches Fleisch anderer Herkunft	91	18	19,8 (12,8–29,2)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Herkunft	5	0	0,0 (0,0–48,9)

Tab. 4.14 Prävalenz von STEC/VTEC in Proben von frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern und von Tatar/Schabefleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC/VTEC-positive Proben (n)	STEC/VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
frisches Fleisch	341	21	6,2 (4,0–9,3)
Tatar/Schabefleisch	284	10	3,5 (1,8–6,4)

Tab. 4.15 Prävalenz von STEC/VTEC in Proben von streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC/VTEC-positive Proben (n)	STEC/VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
streichfähige Rohwürste	404	7	1,7 (0,8–3,6)

Es wurden insgesamt 1743 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von STEC/VTEC einbezogen. Kotproben von Rehwild waren zu 40,2 % positiv für STEC/VTEC. In Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch wurden STEC/VTEC zu 29,8 % nachgewiesen. Dabei war frisches Wildwiederkäuerfleisch von Tieren, die in der freien Wildbahn erlegt wurden, ebenfalls zu 29,8 % mit STEC/VTEC kontaminiert, während in frischem Wildwiederkäuerfleisch von Gatterwild 18,1 % der Proben STEC/VTEC-positiv waren. Die Nachweisrate von STEC/VTEC in Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch, das aus Deutschland stammte, betrug 33,8 %. In Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch anderer Herkunft wurden STEC/VTEC zu 19,8 % nachgewiesen. Die Nachweisrate von STEC/VTEC in Proben von frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern betrug 6,2 %. In Proben von Tatar/Schabefleisch wurden STEC/VTEC zu 3,5 % nachgewiesen. Streichfähige Rohwürste waren zu 1,7 % positiv für STEC/VTEC.

4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *E. coli* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate von der Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein.

Insgesamt wurden 266 Isolate als STEC im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 aus fünf Programmen eingesandt, die als STEC bestätigt werden konnten. Fast die Hälfte stammte aus Kotproben von Rehwild (47,4 %). Die meisten Isolate (79,0 %) wiesen ein *stx2*-Gen auf.

Insgesamt gehörten 242 Isolate 42 verschiedenen O-Serogruppen an. Vierundzwanzig Isolate konnten nicht typisiert werden. Von den Serogruppen waren O146, O27 und O21 am häufigsten vertreten. Innerhalb der Serogruppen wiesen die untersuchten Isolate jeweils ähnliche Muster bzgl. ausgewählter Virulenz-assoziiierter Gene auf (*stx1*, *stx2*, *eae* und *e-hly*) (Tab. 4.16). Die Serogruppe O157 wurde nicht nachgewiesen. Das *eae*-Gen kam insgesamt bei 8 Isolaten vor und in Kombination mit 6 unterschiedlichen Serogruppen.

Tab. 4.16 Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC-Isolate auf Shigatoxin einschließlich der Shigatoxin-kodierenden Gene (*stx1* und *stx2*) sowie des *eae*- und des *e-hly*-Gens

Ergebnis der Untersuchung							Anzahl Isolate aus Programm				
O-Gruppe	H-Gruppe	<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	Shiga-toxin	<i>eae</i> -Gen	<i>e-hly</i> -Gen	frisches Fleisch von Mastkalb/Jungrind	Tatar/Schabefleisch	frisches Fleisch von Wildwiederkäuern	streichfähige Rohwürste	Kot von Rehwild
6	[H49]	-	+	+	-	-					1
6	[H49]	-	+	+	-	+					1
8	[H19]	+	-	+	-	-					2
11	[H48]	+	-	-	-	-					1
11	[H48]	+	-	+	-	-					4
11	[H5]	-	+	+	-	+					1
12	[H45]	+	-	+	-	-					1
12	45	+	-	-	-	-					1
21	[H21]	-	+	-	-	+					1
26	[H11]	+	-	+	+	+					1
27	30	-	+	+	-	-					1
43	[H2]	-	+	-	-	+					1
79	[H23]	-	+	-	-	-					1
79	[H23]	+	-	-	-	-					3
88	[H8]	-	+	+	-	+					1
128	[H2]	+	+		-	-					1
128	[H2]	+	-	+	-	+					1
128	[H2]	+	+	+	-	+					1
146	[H28]	+	+	+	-	+					1
154	[H31]	+	-	-	-	-					8
154	[H31]	+	-	+	-	-					3
187	[H28]	-	+	-	-	-					1
NT	NT	+	-	+	-	-					1
NT	[H14]	+	-	+	-	-					1
NT	[H21]	-	+	+	-	+					1
NT	[H28]	-	+	+	-	-					1
NT	[H28]	-	+	+	-	+					1
NT	[H31]	-	+	-	-	+					1
NT	[H4]	-	+	+	-	+					1
NT	[H45]	-	+	+	-	+					1
NT	[H7]	-	+	+	-	+					1
rau	[H21]	-	+	+	-	+					1
rau	[H23]	+	-	-	-	-					2
rau	[H23]	+	-	+	-	-					1
rau	[H28]	-	+	+	-	-					1
rau	[H28]	-	+	+	-	+					1
rau	[H45]	+	-	+	-	-					1
rau	[H21]	-	+	+	-	+					1
8	[H9]	-	+	-	-	-				2	
8	19	-	+		-	-				1	
8	[H19]	-	+	+	-	-			1		
8	[H8]	-	+	+	-	+			2		
11	[H43]	+	+	+	-	+			1		

Ergebnis der Untersuchung							Anzahl Isolate aus Programm				
O-Gruppe	H-Gruppe	stx1	stx2	Shiga-toxin	eae-Gen	e-hly-Gen	frisches Fleisch von Mastkalb/Jungrind	Tatar/Schabefleisch	frisches Fleisch von Wildwiederkäuern	streichfähige Rohwürste	Kot von Rehwild
21	[H21]	-	+	-	-	-			1		
21	[H21]	-	+	+	-	-			6		
21	[H21]	-	+	+	-	+			7		
21	21	-	+	+	-	+			2		
22	[H8]	-	+	+	-	+			1		
23	[H8]	-	+	-	-	-			1		
23	[H8]	-	+	-	-	+			1		
27	[H30]	-	+	+	-	+			4		
36	[H14]	-	+	-	-	+			6		
38	[H26]	-	+	+	-	+			1		
39	[H48]	+	-	+	-	+			1		
43	[H2]	+	+	+	-	-			1		
43	[H2]	-	+	+	-	-			4		
43	[H2]	-	+	+	-	+			5		
43	2	-	+	+	-	+			1		
70	[H11]	-	+	+	+	+			1		
88	[H8]	-	+	+	-	+			2		
91	[H21]	-	+	-	-	+			1		
103	[H2]	+	-	+	+	-			1		
110	[H31]	-	+	+	-	-			1		
110	[H31]	-	+	+	-	+			3		
110	[H31]	+	-	+	-	+			2		
117	[H4]	-	+	+	-	+			1		
118	[H16]	+	-	+	+	+			1		
128	NT	+	-	+	-	-			1		
128	[H2]	-	+	+	-	+			1		
128	[H2]	+	+	+	-	+			4		
146	[H21]	-	+	+	-	+			1		
146	[H21]	+	+	+	-	+			1		
146	[H28]	-	+	-	-	-			2		
146	[H28]	-	+	-	-	+			1		
146	[H28]	-	+	+	-	-			43		
146	[H28]	-	+	+	-	+			16		
146	[H28]	+	+	+	-	-			4		
153	[H30]	-	+	+	-	+			1		
153	12	+	-	+	-	+			1		
153	25	-	+		-	+			1		
174	[H8]	+	-	+	-	+			3		
174	[H8]	+	+	+	-	+			1		
175	[H52]	+	-	+	-	-			1		
177	[H11]	+	-	+	+	+			1		
178	[H7]	+	-	+	-	-			1		
187	[H28]	-	+	+	-	+			7		
187	[H52]	+	-	+	-	-			1		

Ergebnis der Untersuchung							Anzahl Isolate aus Programm				
O-Gruppe	H-Gruppe	stx1	stx2	Shiga-toxin	eae-Gen	e-hly-Gen	frisches Fleisch von Mastkalb/Jungrind	Tatar/Schabefleisch	frisches Fleisch von Wildwiederkäuern	streichfähige Rohwürste	Kot von Rehwild
NT	[H45]	-	+	+	-	-			1		
NT	[H14]	-	+	+	-	+			1		
NT	[H14]	+	+	+	-	-			1		
NT	[H26]	+	-	+	-	+			1		
NT	[H31]	-	+	+	-	+			2		
NT	[H4]	-	+	-	-	+			1		
NT	[H8]	-	+	+	-	+			2		
rau	[H14]	+	-	+	-	-			1		
rau	[H2]	+	+	+	-	+			1		
rau	[H7]	-	+	+	+	+			1		
12	[H45]	+	-	-	-	-		2			
27	[H30]	-	+	+	-	-		14			
88	25	+	-	+	-	-		1			
100	[H30]	-	+	+	-	-		2			
113	[H21]	-	+	+	-	+		1			
149	[H1]	+	-	+	-	-		1			
NT	[H2]	-	+	+	-	-		1			
NT	[H8]	+	+	+	-	-		1			
59	[H21]	-	+	+	-	-	1				
100	[H30]	-	+	-	-	-	1				
113	[H4]	-	+	-	-	-	1				
113	[H4]	-	+	+	-	-	3				
116	[H28]	-	+		-	-	1				
125	45	+	-	+	-	-	1				
156	[H4]	-	+	+	-	-	3				
171	[H25]	+	+	+	-	-	1				
171	[H29]	-	+	+	-	-	2				
174	[H21]	-	+	+	-	-	1				
182	[H5]	+	-	+	-	-	1				
NT	[H12]	+	-	+	-	-	1				
NT	[H21]	+	+	+	-	-	1				
NT	[H7]	-	+	+	-	-	1				
NT	[H8]	-	+	+	-	-	1				
rau	[H2]	+	-	+	+	+	1				
rau	[H21]	+	-	+	-	+	1				
rau	[H25]	-	+	+	+	+	1				

NT: nicht typisierbar, rau: serologisch rau

H-Antigene in eckigen Klammern wurden molekularbiologisch, nicht serologisch bestimmt

4.5 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

4.5.1 Einleitung

Staphylokokken sind grampositive, fakultativ pathogene, kugelförmige Bakterien, die die Haut und Schleimhäute des Nasen-Rachen-Raums bei Menschen und Tieren besiedeln. *Staphylococcus aureus* ist die Staphylokokken-Spezies, die besonders häufig eine Erkrankung des Menschen auslöst (RKI 2009b). MRSA zeichnen sich durch eine Resistenz gegen sämtliche Beta-Laktam-Antibiotika (Penicilline und Cephalosporine) aus. Meist sind sie auch noch gegen weitere Klassen von antimikrobiellen Substanzen resistent (Layer et al. 2018). Sie spielen weltweit eine große Rolle als Verursacher von zum Teil schwerwiegenden Krankenhausinfektionen. Gesunde Menschen können persistierende oder vorübergehende Träger von MRSA sein, wobei eine Besiedlung mit dem Keim der Hauptrisikofaktor für eine Infektion ist (EFSA 2009b). Bei Infektion einer Wunde mit MRSA können lokale (oberflächliche), tiefgehende oder systemische Krankheitserscheinungen auftreten (RKI 2009b).

MRSA wurden auch bei Heim- und Nutztieren nachgewiesen (BfR 2009, EFSA 2009a). Während bei Heimtieren überwiegend ähnliche Stämme wie bei Menschen nachgewiesen werden, hat sich bei Nutztieren ein spezifischer Typ von MRSA ausgebreitet, der als „clonal complex CC398“ beschrieben wird. Diese sogenannten „livestock associated“ MRSA (la-MRSA) treten insbesondere bei Schweinen, Kälbern und Geflügel auf und sind lediglich für einen kleinen Teil der MRSA-Infektionen beim Menschen in der EU verantwortlich (Layer et al. 2018). Allerdings bestehen diesbezüglich große regionale Unterschiede (Köck et al. 2013). Im Rahmen von Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring wurden bisher die höchsten Nachweisraten von nutztierassoziierten MRSA in der Geflügelfleischkette gefunden. Schlachtkörper von Mastputen waren mit über 60 % und frisches Putenfleisch mit 30 % bis 40 % positiver Proben besonders häufig mit MRSA kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2017). Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in frischem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2017). Im Zoonosen-Monitoring 2016 ist die MRSA-Nachweisrate in Proben von frischem Hähnchenfleisch allerdings auf 13 % gesunken (BVL 2017). In der Lebensmittelkette Mastschwein kommen MRSA ebenfalls häufig vor: 26,3 % der Proben von Sockentupfern aus dem Wartebereich von Zuchtsauen waren im Jahr 2015 positiv für MRSA. Die Nachweisrate von

MRSA in Proben von Sockentupfern aus dem Aufzuchtbereich von Läufern war mit 41,3 % noch signifikant höher. Die Schlachtkörper von Mastschweinen und frisches Schweinefleisch waren zu etwa 20 % bzw. 13 % mit MRSA kontaminiert (BVL 2016b). Bei Mastkälbern und Jungrindern wurden MRSA auf allen Stufen der Lebensmittelkette häufiger nachgewiesen als bei Mastrindern (BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Während die Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu 35,0 % bis 45,0 % MRSA-positiv waren, waren nur etwa 8 % der Mastrinder zum Zeitpunkt der Schlachtung nasal mit MRSA besiedelt. Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren mit 30,8 % positiver Proben ebenfalls deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als Schlachtkörper von Mastrindern, die nur zu 5,0 % eine Verunreinigung mit MRSA aufwiesen. Frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern war zu etwa 10 % bis 12 % und frisches Rindfleisch zu 5 % bis 8 % positiv für MRSA (BVL 2010, BVL 2012a, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015 und BVL 2016b).

Der Verzehr oder die Handhabung von mit MRSA kontaminierten Lebensmitteln ist nach derzeitigem Kenntnisstand nicht mit einem erhöhten Risiko verbunden, zu einem Träger des Bakteriums zu werden oder durch dieses infiziert zu werden (EFSA 2009b). Ein erhöhtes Risiko, sich zu infizieren bzw. symptomloser Träger zu werden, besteht aber für Menschen, die einen vermehrten Kontakt mit Tieren haben wie Landwirte und Tierärzte (Bisdorff et al. 2012, Reynaga et al. 2016 und Reynaga et al. 2017). Durch diese Berufsgruppen könnte dann der Erreger weiter verbreitet und z. B. in Krankenhäuser eingetragen werden. Menschen, die mit „Nutztier-assoziierten“ MRSA kolonisiert sind, scheinen seltener zu einer Ausbreitung von MRSA in Krankenhäusern beizutragen als Träger von „Krankenhaus-assoziierten“ MRSA-Stämmen. Außerdem scheint eine Infektion des Menschen mit diesen „Nutztier-assoziierten“ MRSA-Stämmen nur in seltenen Fällen zu schweren Krankheitserscheinungen zu führen (EFSA 2009b, Van Cleef et al. 2011). Allerdings werden alle Krankheitsbilder von Hautinfektionen bis Sepsis beschrieben (Köck et al. 2013).

4.5.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von MRSA in Sockentupfern von Mastschweinen, in Nasentupfern von Mastkälbern/Jungrindern sowie in Proben von frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern und Tatar/Schabefleisch sind den Tabellen 4.17 bis 4.18 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder MRSA-verdächtige Isolate aus der Primärisolierung ein, die im Nationalen Referenzlabor für koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR bestätigt werden. Von den 317 eingesandten Isolaten konnten 307 (96,8 %) als MRSA bestätigt werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz MRSA-verdächtiger Isolate weitgehend der Prävalenz von MRSA entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über MRSA berichtet, obwohl nicht alle positiven Befunde durch die PCR bestätigt wurden.

Es wurden insgesamt 1332 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In 38,1 % der Proben von Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben wurden MRSA nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Nasentupfern von Mastkälbern/Jungrindern betrug 39,7 %. Proben von frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern waren zu 11,3 % mit MRSA kontaminiert. In Proben von Tatar/Schabefleisch wurden MRSA zu 6,9 % nachgewiesen.

Tab. 4.17 Prävalenz von MRSA-verdächtigen *Staphylococcus aureus* in Sockentupfern von Mastschweinen in Erzeugerbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Sockentupfer	341	130	38,1 (33,1–43,4)

Tab. 4.18 Prävalenz von MRSA-verdächtigen *Staphylococcus aureus* in Proben von Nasentupfern von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof und in Proben von frischem Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern sowie von Tatar/Schabefleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Nasentupfer	348	138	39,7 (34,7–44,9)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	354	40	11,3 (8,4–15,0)
Tatar/Schabefleisch	289	20	6,9 (4,5–10,5)

4.5.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus (S.) aureus* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei dieser Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Von den zur Bestätigung eingesandten 317 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 10 (3,3 %) nicht als MRSA bestätigt. Bei einem Isolat handelte es sich nicht um *S. aureus*, zwei Isolate trugen weder das *mecA*- noch das *mecC*-Gen. Die restlichen sieben Isolate waren sensibel gegen Cefoxitin.

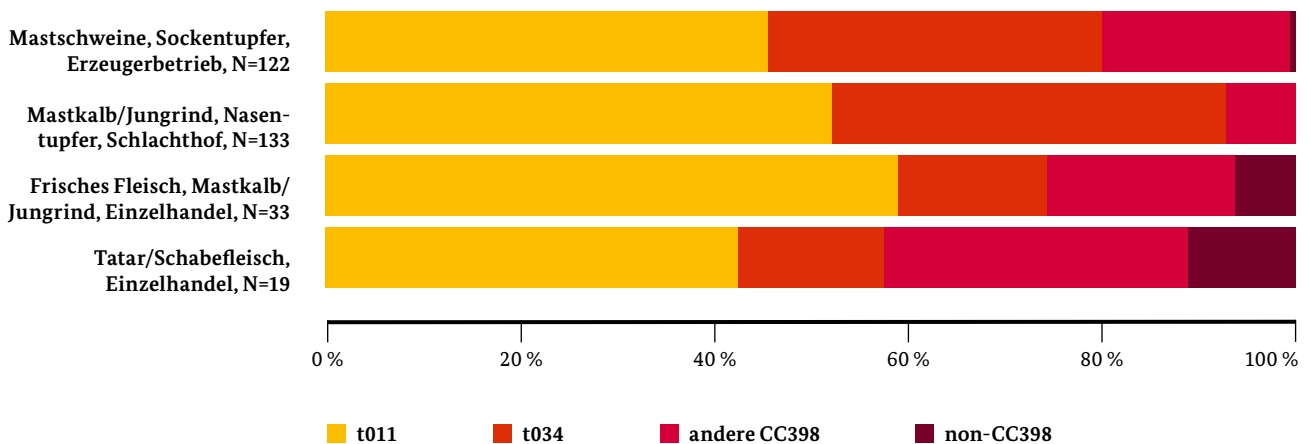
Die 307 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus den vier geplanten Programmen (Abb. 4.3). Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des für das Protein A von *S. aureus* kodierenden Gens *spa* für eine Unterteilung der Isolate genutzt, wodurch sich verwandtschaftliche Beziehungen ableiten lassen. Anhand des *spa*-Typs lassen sich die Isolate anschließend gut in die beiden aus epidemiologischer Sicht differenziert zu betrachtenden Gruppen von Isolaten einteilen: Isolate, die mit dem klonalen Komplex (CC) 398 assoziiert sind bzw. diesem Komplex nicht angehören (non-CC398).

Insgesamt wurden 25 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die Typen to11 (49,2 %) und to34 (33,6 %) am häufigsten waren. Beide *spa*-Typen, to11 und to34, sind mit dem CC398 assoziiert. Insgesamt wiesen über 97,4 % der Isolate *spa*-Typen auf, die dem

klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren, diese gehörten 22 verschiedenen *spa*-Typen an. Fünf Isolate gehörten zu drei *spa*-Typen (t032, t127 und t1430), die nicht dem CC398 zugeordnet werden. Abbildung 4.3 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate stammten aus Nasentupfern von Mastkälbern/Jungrindern (133 Isolate, 43,3%) und Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben (122 Isolate, 39,7%). Bei Mastkälbern/Jungrindern kamen nur CC398-assoziierte *spa*-Typen vor. In einem Mastschweinebetrieb wurde der non-CC398 *spa*-Typ t1430 (ST9) nachgewiesen. Zwei Isolate aus Fleischproben von Mastkälbern und ein Isolat aus Tatar erwiesen sich als non-CC398 *spa*-Typ t127 (ST1), ein weiteres Isolat aus Tatar als non-CC398 *spa*-Typ t032 (ST2).

Abb. 4.3 Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen (eingeteilt aufgrund ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398) bei den Isolaten aus den verschiedenen Herkünften



4.6 *Yersinia enterocolitica*

4.6.1 Einleitung

Yersinia (Y.) enterocolitica sind gramnegative, stäbchenförmige Bakterien, die weltweit verbreitet sind und beim Menschen eine enterale Yersiniose hervorrufen können, die sich in Form von Durchfällen, Bauchschmerzen und Fieber äußert. Die Symptome einer Yersinieninfektion klingen meist nach ein bis zwei Wochen ab. Insbesondere bei Kleinkindern können aber auch schwere, z.T. lebensbedrohliche Verlaufsformen auftreten. In seltenen Fällen kommt es zu Folgeerkrankungen wie reaktiven Gelenkentzündungen und Entzündungen des Unterhautgewebes (Erythema nodosum) (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999 und RKI 2017a). Innerhalb der Spezies der *Y. enterocolitica* werden die Stämme in verschiedene Sero- und Biotypen unterteilt, wobei die Serogruppen O:3, O:9 und O:5 in Europa am häufigsten Infektionen beim Menschen auslösen. Der Mensch infiziert sich mit *Y. enterocolitica* in der Regel über kontaminierte Lebensmittel (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999, RKI 2012a, RKI 2017a und Yeasmin et al. 2011). Der Verzehr von rohem Schweinehackfleisch, z. B. in Form von Mett oder Hackepeter, gilt hierbei als Hauptrisikofaktor (RKI 2012a). Rohes Schweinehackfleisch wird in Deutschland insbesondere in den östlichen Bundesländern und hier auch von Kleinkindern häufig verzehrt (RKI 2012a). Gesunde Hausschweine gelten als Hauptreservoir für humanpathogene *Y.-enterocolitica*-Serotypen, da der häufigste humanpathogene Serotyp O:3 vergleichsweise oft bei Schweinen (insbesondere in den Tonsillen) und in Schweinefleischprodukten nachgewiesen werden kann (Fredriksson-Ahomaa et al. 2001, Fredriksson-Ahomaa

et al. 2007, Niemann et al. 2016 und Vanantwerpen et al. 2014). Bei der Übertragung der Erreger über Lebensmittel ist von besonderer Bedeutung, dass sich *Y. enterocolitica* auch bei niedrigen Temperaturen noch vermehren und hohe Keimzahlen erreichen können, sodass eine Kühlung von Lebensmitteln keinen ausreichenden Schutz gegen Keimwachstum bietet (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999). Die Yersiniose ist europaweit die am dritthäufigsten gemeldete lebensmittelbedingte bakterielle Zoonose. Die Zahl der gemeldeten Yersiniose-Erkrankungen ist seit dem Jahr 2012 EU-weit und in Deutschland in etwa gleich geblieben (EFSA und ECDC 2017, RKI 2018). Im Jahr 2016 wurden in der EU 6.861 bestätigte Yersiniose-Erkrankungen gemeldet. Dem RKI wurden im Jahr 2017 insgesamt 2.586 Fälle von Yersiniose gemeldet. Dies entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 3,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen traten bei Kindern unter 5 Jahren sowie in den Bundesländern Thüringen, Sachsen und Sachsen-Anhalt auf. Bei den Erkrankten wurde am häufigsten der Serotyp O:3 (86% der Fälle) nachgewiesen. Die Serotypen O:9 und O:5,27 waren in 10% bzw. 2% der Erkrankungen Auslöser der Yersiniose (RKI 2018). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von *Y. enterocolitica*.

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Y. enterocolitica* in Proben von streichfähigen Rohwürsten sind der Tabelle 4.19 zu entnehmen.

In 0,3% der Proben von streichfähigen Rohwürsten wurden *Y. enterocolitica* nachgewiesen.

Tab. 4.19 Prävalenz von *Y. enterocolitica* in Proben von streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Yersinia-enterocolitica</i> -positive Proben (n)	<i>Yersinia-enterocolitica</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
streichfähige Rohwürste	399	1	0,3 (0,0–1,6)

4.7 *Clostridium difficile*

4.7.1 Einleitung

Clostridium (C.) difficile ist ein grampositives, sporenbildendes, anaerobes Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommt. Pathogene Stämme besitzen die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B) zu bilden, die bei einer Störung der Darmmikrobiota zu einer akuten Darmentzündung führen können (Lübbert et al. 2014, RKI 2016a). Seit einigen Jahren wird in Nordamerika und Europa eine Zunahme der besonders schwer verlaufenden *C.-difficile*-Infektionen beobachtet. Dies wird mit dem Auftreten sogenannter hypervirulenter Stämme etwa des Ribotyps 027 in Zusammenhang gebracht, die zusätzlich ein binäres Toxin produzieren und resistent gegenüber Fluorchinolonen sind (Lübbert et al. 2014, RKI 2008b, RKI 2009c, RKI 2016a, Schneider et al. 2007). In Deutschland werden Ribotyp-027-Stämme seit dem Jahr 2007 nachgewiesen, was zu der Einführung einer ärztlichen Meldepflicht bei schwer verlaufenden *C.-difficile*-Infektionen geführt hat, da diese als bedrohliche Krankheit mit Hinweis auf eine schwerwiegende Gefahr für die Allgemeinheit zu werten sind (RKI 2008b, RKI 2011). Mittlerweile wurde diese Meldepflicht auch auf ambulant erworbene Fälle, die stationär behandelt werden müssen, erweitert (RKI 2016c). Im Jahr 2017 wurden dem RKI insgesamt 2.803 schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankungen gemeldet. Die bundesweite Inzidenz betrug 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018). *C. difficile* ist der häufigste Erreger von im Krankenhaus erworbenen und Antibiotika-assoziierten Durchfallerkrankungen. Darüber hinaus ist *C. difficile* aber auch Verursacher von ambulant erworbenen Durchfallerkrankungen bei Patienten ohne die bekannten Risikofaktoren (Kuijper und van Dissel 2008, Lübbert et al. 2014, Schneider et al. 2007 und Weil et al. 2007). Zu den Hauptrisikofaktoren, an einer *C.-difficile*-Infektion zu erkranken, zählen eine Antibiotikatherapie, hohes Lebensalter (> 65 Jahre), Kran-

kenhausaufenthalte, das Vorkommen zusätzlicher Grunderkrankungen und eine eingeschränkte Immunkompetenz (Lübbert et al. 2014, RKI 2016a und Schneider et al. 2007). Eine *C.-difficile*-Infektion führt typischerweise zu einer akuten wässrigen Durchfallerkrankung mit krampfartigen Unterbauchschmerzen, die meist 5 bis 10 Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie auftritt (Schneider et al. 2007). Vorwiegend bei älteren Menschen (> 70 Jahre) kommen aber auch schwere lebensbedrohliche Verläufe vor, die u.a. mit der Ausbildung einer pseudomembranösen Colitis oder eines Megacolons einhergehen. Ebenso ist aber auch eine Kolonisation des Darms ohne Ausbildung von Symptomen möglich (RKI 2017a). Die Infektion erfolgt auf fäkal-oralem Weg u.a. durch direkten Patientenkontakt, über kontaminierte Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt (Lübbert et al. 2014, RKI 2016a und RKI 2018). Landwirtschaftliche Nutztiere stellen ein potenzielles Reservoir für *C. difficile* dar und werden daher als mögliche Quelle für Infektionen des Menschen diskutiert. Insbesondere wird der Ribotyp 078 häufig bei Tieren und Menschen nachgewiesen (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). Genetische Untersuchungen von *C.-difficile*-Isolaten des Ribotyps 078 – der besonders häufig bei ambulanten *C.-difficile*-Infektionen des Menschen auftritt – von Schweinen und Menschen in den Niederlanden zeigten, dass Menschen und Schweine identische Stämme tragen, was auf eine Übertragung zwischen diesen Populationen hindeutet (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). In einer kürzlich erschienenen Publikation wurde diese Beobachtung auch in einem größeren, überregionalen Maßstab bestätigt (Knetsch et al. 2018). Eine Übertragung durch Lebensmittel vom Tier oder der Umwelt auf den Menschen ist bislang nicht belegt, doch findet man auch hier Studien über das Vorkommen von *C.-difficile*-identischen MLST- und Ribotypen zu humanen Isolaten (Knight et al. 2015).

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von *C. difficile*.

Tab. 4.20 Prävalenz von *C. difficile* in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Clostridium-difficile</i> -positive Proben (n)	<i>Clostridium-difficile</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Hackfleisch	148	2	1,4 (0,1–5,1)

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *C. difficile* in Proben von frischem Schweinehackfleisch sind der Tabelle 4.20 zu entnehmen.

Proben von Schweinehackfleisch waren zu 1,4 % positiv für *C. difficile*.

4.7.3 Ergebnisse der Typisierung

Aus den durchgeführten Untersuchungen von Schweinehackfleisch auf *C. difficile* wurden zwei Isolate zur Typisierung an das BfR gesandt. Es handelt sich bei beiden um toxinogene Stämme, die je einmal den Ribotypen 078 und 001 zugeordnet werden konnten.

4.8 Hepatitis-A-Virus

4.8.1 Einleitung

Das Hepatitis-A-Virus ist ein einzelsträngiges RNA-Virus aus der Familie der Picornaviridae, das weltweit verbreitet und Ursache der Hepatitis-A-Infektion (Leberentzündung) beim Menschen ist. Der Mensch ist der Hauptwirt und scheidet das Virus nach einer Infektion bereits vor dem Auftreten klinischer Symptome mit dem Stuhl aus. Das Virus zeichnet sich durch eine ausgeprägte Umweltstabilität, hohe Thermostabilität und hohe Desinfektionsmittelresistenz aus. Die Übertragung des Virus auf den Menschen erfolgt fäkal-oral durch direkten Kontakt, verunreinigte Nahrungsmittel oder verunreinigtes Trinkwasser (RKI 2017b und RKI 2018). Bei einer Kontamination von Lebensmitteln gelangen die Viren mit menschlichen Ausscheidungen in die Produkte, z. B. durch mit Viren infizierte Menschen bei unzureichender Personalhygiene bei der Be- und Verarbeitung von Lebensmitteln, durch menschliche Abwässer (z. B. bei Muscheln) oder durch mit Viren kontaminiertes Wasser bzw. kontaminierten Dünger beim Anbau von Gemüse und Obst. Viren vermehren sich nicht in Nahrungsmitteln, können aber über längere Zeit als infektiöse Partikel in Lebensmitteln persistieren (EFSA 2011b und FAO/WHO 2008). Bei Kindern verläuft die Hepatitis-A-Infektion häufig leicht oder ohne erkennbare Symptome. Bei Erwachse-

nen tritt dagegen überwiegend eine klinisch erkennbare Hepatitis auf, die aber in der Regel komplikationslos ausheilt und weder chronisch wird noch zu einer Leberzirrhose oder einem hepatozellulären Karzinom führt. Bei 0,01 % bis 0,1 % der Patienten mit einer Hepatitis kommt es allerdings zu einem schweren und dann meist tödlichen Verlauf. Hiervon sind häufiger ältere und insbesondere Patienten mit vorgeschädigter Immunabwehr (z. B. Patienten mit chronischer Hepatitis B oder C) betroffen. Nach einer Infektion besteht eine lebenslange Immunität (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 2001 und RKI 2017b, RKI 2018). In Europa und Nordamerika kam es aufgrund der hohen Hygienestandards in den letzten Jahrzehnten zu einem kontinuierlichen Rückgang der Erkrankungshäufigkeit. Seit 2001 hatte die Zahl der übermittelten Erkrankungsfälle in Deutschland um 62 % abgenommen (RKI 2017a). Im Jahr 2017 wurden dem RKI jedoch mit 1.232 Hepatitis-A-Erkrankungen 67 % mehr Fälle als im Vorjahr übermittelt (736 Erkrankungen). Die bundesweite Inzidenz liegt nunmehr bei 1,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018). Viren spielen eine wichtige Rolle als Ursache für lebensmittelbedingte Erkrankungen, wobei der Anteil von viralen Erkrankungen, der auf eine Kontamination von Lebensmitteln zurückzuführen ist, nicht zuverlässig bestimmt werden kann. Schätzungen zufolge sind etwa 5 % der Hepatitis-A-Infektionen auf Lebensmittel zurückzuführen. Zu den am häufigsten mit lebensmittelbedingten Virusinfektionen assoziierten Lebensmitteln gehören frische Erzeugnisse, rohe Muscheln und verzehrfertige Lebensmittel (EFSA 2011b und FAO/WHO 2008). Kontaminierte tiefgefrorene gemischte Beeren (Johannisbeeren und Brombeeren), die überwiegend aus Polen und Bulgarien stammten, waren zwischen 2013 und 2014 Ursache für einen europaweiten Krankheitsausbruch von Hepatitis A mit über 1400 Erkrankten (EFSA 2014). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von Hepatitis-A-Virus.

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von Hepatitis-A-Viren in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren sind der Tabelle 4.21 zu entnehmen.

In keiner der untersuchten Proben von tiefgefrorenen Himbeeren wurden Hepatitis-A-Viren nachgewiesen.

Tab. 4.21 Prävalenz von Hepatitis-A-Virus in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	Hepatitis-A-Virus-positive Proben (n)	Hepatitis-A-Virus-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
tiefgefrorene Himbeeren	436	0	0,0 (0,0–1,1)

4.9 Norovirus

4.9.1 Einleitung

Noroviren sind einzelsträngige RNA-Viren, die der Familie der Caliciviridae zugeordnet werden. Sie werden in fünf Genogruppen (GG I bis V) unterteilt, wobei nur die Genogruppen I, III und V für den Menschen pathogen sind. Für diese humanpathogenen Viren ist der Mensch das einzige bekannte Reservoir. Noroviren sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich (RKI 2008c). Typische Symptome einer Norovirus-Infektion sind schwallartiges Erbrechen und Durchfall. In der Regel heilt die Infektion nach einigen Tagen von selbst wieder aus, es können aber auch erhebliche Flüssigkeitsverluste auftreten, die insbesondere bei Kindern und älteren Menschen einen Krankenhausaufenthalt notwendig machen. Tödliche Verläufe sind selten. Erkrankte scheiden das Virus in großen Mengen mit dem Erbrochenen und dem Stuhl aus. Für eine Infektion des Menschen reichen bereits geringe Viruszahlen (10–100 Viruspartikel) aus. Der Mensch infiziert sich auf fäkal-oralem Weg (z. B. über Kontakt mit verunreinigten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des Erbrechens entstehen (RKI 2008c). Eine weitere Infektionsquelle sind Lebensmittel, die durch menschliche Abwässer (z. B. bei Muscheln), verunreinigtes Bewässerungswasser (beim Anbau von Obst und Gemüse) oder durch mangelnde Personalhygiene bei der Ernte und Weiterverarbeitung mit Viren kontaminiert werden. Folglich wird eine Vielzahl an Lebensmitteln wie Gemüse, Obst, Schalentiere sowie Fertiggerichte wie Sandwiches und Aufschnitt mit lebensmittelbedingten Virusinfektionen in Verbindung gebracht, wobei insbesondere

Muscheln häufig an viralen lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen beteiligt sind (EFSA 2011b und FAO und WHO 2008). Mit Noroviren kontaminierte Tiefkühlerdbeeren, die aus China importiert wurden, führten im Jahr 2012 zu dem bislang größten lebensmittelbedingten Krankheitsausbruch in Deutschland, bei dem nahezu 11.000 Kinder und Jugendliche sowie Betreuungspersonal von Gemeinschaftseinrichtungen wie Kindertagesstätten und Schulen erkrankten. Die betroffenen Einrichtungen wurden durch ein bundesweit tätiges Catering-Unternehmen beliefert, das die kontaminierten Speisen abgegeben hat (BVL 2012b, RKI 2012b und RKI 2012c). In der EU sind Infektionen mit Noroviren die häufigste Ursache für Magen-Darm-Erkrankungen des Menschen. Allerdings ist nicht bekannt, wie viele Norovirus-Infektionen durch kontaminierte Lebensmittel verursacht werden. Schätzungen zufolge liegt der Anteil von Norovirus-Erkrankungen, der auf Lebensmittel zurückzuführen ist, zwischen 12 % und 47 % (FAO und WHO 2008). Die Norovirus-Gastroenteritis war im Jahr 2017 mit 73.273 gemeldeten Erkrankungen die zweithäufigste Infektionskrankheit nach Influenza. Dies entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 89 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2018). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von Noroviren.

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchung

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von Noroviren in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren sind der Tabelle 4.22 zu entnehmen.

Die Nachweisrate von Noroviren in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren lag bei 0,2 %.

Tab. 4.22 Prävalenz von Norovirus in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	Norovirus-positive Proben (n)	Norovirus-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
tiefgefrorene Himbeeren	432	1	0,2 (0,0–1,4)

4.10 Kommensale *Escherichia coli*

4.10.1 Einleitung

Kommensale *E. coli* gehören zum normalen Bestandteil der Darmflora von warmblütigen Tieren, Vögeln und des Menschen und haben in der Regel keine krankmachende Wirkung. Ihr Nachweis in Lebensmitteln gilt als Indikator für eine mögliche fäkale Verunreinigung der Ware. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden in der Vergangenheit in etwa 1% der Blatt- und Kopfsalate aus dem Einzelhandel und in keiner Probe von frischen Erdbeeren *E. coli* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen, was für eine gute hygienische Beschaffenheit dieser pflanzlichen Lebensmittel spricht (BVL 2014, BVL 2015). In vorgeschnittenen Blattsalaten und frischen Kräutern wurden *E. coli* mit 3,9% und 4,5% positiver Proben häufiger nachgewiesen. Proben von Sprossen waren zu 4,8% positiv für

kommensale *E. coli*. In den Proben traten vereinzelt auch höhere Keimzahlen von > 1000 KbE/g auf (BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2017). Auf Schlachtkörpern von Masthähnchen wurden zu 95,7% Keimgehalte an *E. coli* zwischen 10 KbE/g und $11,2 \times 10^5$ KbE/g gemessen (BVL 2015).

4.10.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der quantitativen Bestimmungen von *E. coli* in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren sind der Tabelle 4.23 zu entnehmen.

In keiner der Proben von tiefgefrorenen Himbeeren, die mit der quantitativen Methode untersucht wurden, lag die Keimzahl oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g.

Tab. 4.23 Quantitative Bestimmung von *E. coli* in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>E.-coli</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g
tiefgefrorene Himbeeren	418	0 (0,0)

4.11 Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen (AmpC) bildende *E. coli*

4.11.1 Einleitung

ESBL- und/oder AmpC-bildende Bakterien zeichnen sich dadurch aus, dass sie Enzyme bilden, die die Wirksamkeit von Penicillinen und Cephalosporinen herabsetzen bzw. aufheben können, sodass die Bakterien unempfindlich gegenüber diesen Antibiotika sind. Während ESBL auch gegen Cephalosporine der 4. Generation eine Resistenz vermitteln, beschränkt sich die Resistenz von AmpC Beta-Laktamasen auf Cephalosporine der 2. und 3. Generation. Die Resistenz kann auf einer Vielzahl unterschiedlicher Gene basieren, deren jeweilige Anteile sich zwischen unterschiedlichen Populationen von Enterobacteriaceae stark unterscheiden können. Diese Gene können, wenn sie auf mobilen Elementen, wie z. B. Plasmiden lokalisiert sind, leicht innerhalb einer Spezies und zwischen verschiedenen Spezies übertragen werden (BfR 2015, Canton et al. 2008, Cullik et al. 2010). ESBL/AmpC-Bildner können in nahezu allen gramnegativen Bakterien-Spezies auftreten, d. h. sowohl in Bakterien der physiologischen Darmflora wie kommensalen *E. coli* als auch in potenziell krank machenden Bakterien wie z. B. Salmonellen. Durch den Einsatz von Antibiotika wird die Verbreitung von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* begünstigt (BfR 2011, BfR 2015). In den letzten zehn Jahren ist es zu einer deutlichen Zunahme der Nachweise von ESBL-bildenden Bakterien beim Menschen in Deutschland und anderen EU-Staaten gekommen (ECDC 2017). Im Rahmen einer Studie, die in den Jahren 2009 bis 2012 in Bayern durchgeführt wurde, wurden bei etwa 7 % der Normalbevölkerung ESBL-bildende *E. coli* nachgewiesen (Pfeifer und Eller 2012, Valenza et al. 2014). Im Rahmen der Antibiotikaresistenzsurveillance des RKI erwiesen sich 2016 etwa 8 % der *E.-coli*-Isolate aus dem ambulatorischen Bereich als resistent gegen Cefotaxim. Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2009 nur 3,5 % der *E.-coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>). Eine Rolle spielen ESBL/AmpC-bildende Bakterien insbesondere als Verursacher von Krankenhausinfektionen. Vor allem bei Risikopatienten wie Neugeborenen kann eine Besiedlung mit ESBL-bildenden Bakterien schwerwiegende Infektionen mit Todesfolge auslösen (Pfeifer und Eller 2012). Auch bei landwirtschaftlichen Nutztieren werden ESBL/AmpC-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2015, Friese et al. 2013). Im Zoonosen-Monitoring wurden in bisherigen Untersuchungen ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren in Betrieben von Zuchthühnern der Mastrichtung

(45,2 % positive Kotproben) und Masthähnchen (50,2 % bzw. 64,9 % positive Kotproben) sowie in frischem Hähnchenfleisch (66,0 % bzw. 49,8 % positive Proben) häufig nachgewiesen (BVL 2015, BVL 2017). Auffällig war, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in ökologischen Masthähnchenbetrieben (25,7 % positive Kotproben) signifikant seltener nachgewiesen wurden als in konventionellen Masthähnchenbetrieben (50,2 % positive Kotproben) (BVL 2017). Im Blinddarminhalt von Mastputen (36,5 % positive Proben) und in frischem Putenfleisch (38,8 % positive Proben) wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* seltener nachgewiesen als in den entsprechenden Proben aus der Lebensmittelkette Masthähnchen. Etwa die Hälfte der Kotproben von Zuchtsauen (53,9 % positive Proben) und Läufern (47,6 % positive Proben) sowie der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen (46,3 % positive Proben) waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Frisches Schweinefleisch wies eine Kontaminationsrate an ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 5,7 % auf (BVL 2016b). Mastkälber und Jungrinder waren mit 60,6 % positiver Proben von Blinddarminhalt noch häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Masthähnchen und Schweine. Bei Mastrindern (17,7 % positive Kotproben) traten ESBL/AmpC-bildende *E. coli* deutlich seltener auf. Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von etwa 4 % auf (BVL 2016b). Kotproben von Wildschweinen waren zu 6,4 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* (BVL 2017). In frischen Kräutern, Sprossen und vorgeschnittenen Blattsalaten wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu jeweils etwa 2 % nachgewiesen (BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2017).

4.11.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Rehwild und Mastschweinen, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern, in Proben von frischem Schweine-, Rind- und Wildwiederkäuerfleisch sowie in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren sind den Tabellen 4.24 bis 4.27 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ein. Diese werden im Nationalen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz bestätigt. Von den 622 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2017 entnommen wurden, konnten 606 (97,4 %) phänotypisch als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz von mutmaßlich ESBL/AmpC-bildenden

E.-coli-Isolaten weitgehend der Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über ESBL/AmpC-bildende *E. coli* berichtet, obwohl nicht alle gemeldeten positiven Befunde bestätigt wurden.

Tab. 4.24 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Rehwild in der freien Wildbahn und in Proben von frischem Wildwiederkäuerfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	573	13	2,3 (1,3–3,9)
Einzelhandel			
frisches Wildwiederkäuerfleisch gesamt	353	16	4,5 (2,8–7,3)
frisches Fleisch, freie Wildbahn	139	10	7,2 (3,8–12,9)
frisches Fleisch, Gatterwild	80	1	1,3 (0,0–7,4)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Haltungsform	134	5	3,7 (1,4–8,7)
frisches Fleisch, aus Deutschland	259	13	5,0 (2,9–8,5)
frisches Fleisch anderer Herkunft	89	2	2,2 (0,1–8,3)
frisches Fleisch, ohne Angabe der Herkunft	5	1	20,0 (2,0–64,0)

Tab. 4.25 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastschweinen in Erzeugerbetrieben, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Schweinefleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Kot	342	156	45,6 (40,4–50,9)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	351	165	47,0 (41,8–52,2)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	458	25	5,5 (3,7–8,0)

Tab. 4.26 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof sowie in Proben von frischem Rindfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	350	238	68,0 (62,9–72,7)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	406	18	4,4 (2,8–6,9)

Tab. 4.27 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von tiefgefrorenen Himbeeren im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E.-coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
tiefgefrorene Himbeeren	418	0	0,0 (0,0–1,1)

Insgesamt wurden 3251 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. In 2,3 % der Kotproben von Rehwild aus der freien Wildbahn wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Frisches Wildwiederkäuerfleisch war zu 4,5 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. In 45,6 % der untersuchten Kotproben aus Mastschweinebetrieben und in 47,0 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in frischem Schweinefleisch betrug 5,5 %. Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof waren zu 68,0 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Frisches Rindfleisch aus dem Einzelhandel war zu 4,4 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. In Proben von tiefgefrorenen Himbeeren wurden keine ESBL-bildenden *E. coli* nachgewiesen.

4.11.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate aus dieser Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der der positiven Befunde überein. Insgesamt wurden 622 Isolate im Zusammenhang mit einer selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* eingesandt, die den geplanten Programmen im Zoonosen-Monitoring 2017 zugeordnet werden konnten. Von den 622 Isolaten wurden 606 als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt (97,4 %). Die Verteilung der Isolate auf die Matrizes/Programme gibt Tabelle 4.28 wieder.

Tab. 4.28 Ergebnisse der phänotypischen Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E.-coli*-Isolate

Matrix	Anzahl Isolate	AmpC-verdächtig	Carbapenemase-verdächtig	ESBL- und AmpC-verdächtig	ESBL-verdächtig	Phänotyp nicht ermittelt
Mastschweine, Kot, Bestand	154	19	4	9	121	1
frisches Schweinefleisch, Einzelhandel	19	2		2	15	
frisches Rindfleisch, Einzelhandel	14	1	1		12	
frisches Fleisch von Wildwiederkäuern, Einzelhandel	14	1	1		12	
Mastschweine, Blinddarminhalt, Schlachthof	162	17	3	9	133	
Mastkälber/Jungrinder, Blinddarminhalt, Schlachthof	231	4	4	18	205	
Rehwild, Kot	12	3			9	
Gesamtergebnis	606	47	13¹	38	507	1

¹ Von den 13 phänotypisch als Carbapenemase-verdächtigen Isolaten (erhöhte Werte in der MHK-Testung gegenüber Meropenem) konnte ein Isolat per PCR bestätigt werden. Es handelte sich hier um ein Isolat aus einer Blinddarmprobe eines Mastschweines am Schlachthof.

4.12 Carbapenemase-bildende *E. coli*

4.12.1 Einleitung

Carbapenemase-bildende Enterobacteriaceae zeichnen sich durch eine Resistenz gegenüber Beta-Laktam-Antibiotika der Carbapenem-Gruppe aus. Carbapeneme sind Antibiotika mit einem breiten Wirkungsspektrum, die in erster Linie bei Infektionen mit gramnegativen Bakterien eingesetzt werden. Sie gelten als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen, da sie bisher auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam waren, wenn andere antibiotische Substanzen bereits keine Wirkung mehr zeigten. Carbapeneme werden oft als letztes Mittel der Wahl, insbesondere bei der Behandlung von schweren Krankenhausinfektionen, eingesetzt (BfR 2016, Kaase 2012, Nordmann et al. 2011). Bei einer Infektion mit Carbapenemase-bildenden gramnegativen Krankheitserregern sind Carbapeneme jedoch unwirksam. Diese Resistenz entsteht durch die Bildung des Enzyms Carbapenemase, das Carbapenem-Antibiotika und in der Regel auch fast alle anderen Beta-Laktam-Antibiotika zerstört. Die Gene für die Synthese von Carbapenemasen sind meistens auf Plasmiden lokalisiert und somit von Bakterium zu Bakterium durch horizontalen Gentransfer übertragbar (Kaase 2012). Im Humanbereich wird in Deutschland und weltweit in den letzten Jahren eine Zunahme von Carbapenemase-bildenden gramnegativen Bakterien beobachtet (Kaase 2012, Nordmann et al. 2011, Nordmann et al. 2012, Pfeifer 2010, RKI 2013, RKI 2016). Carbapenemase-bildende Bakterien wurden in Deutschland anfänglich insbesondere bei im Ausland erworbenen Infektionen nachgewiesen, mittlerweile sind aber auch Ausbrüche in Krankenhäusern mit Carbapenemase-bildenden Bakterien aufgetreten, die keinen Auslandsbezug aufweisen (Pfeifer 2010). Bakte-

rienarten, bei denen die Fähigkeit zur Bildung von Carbapenemase beobachtet wird, sind häufig normale Darmbewohner des Menschen wie z.B. *E. coli* und *Klebsiella pneumoniae*, die in der Regel nicht krank machen. Allerdings können sie insbesondere bei immunsupprimierten Menschen mit einer schweren Grunderkrankung zu Infektionen führen, die dann im Falle einer Carbapenemase-Bildung nur schwer zu therapieren sind (Ruhr-Universität Bochum 2017). Auch im Darm von Nutztieren wurden bereits Carbapenemase-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2016, Irrgang et al. 2017 und Roschanski 2017). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten bisher selektive Untersuchungen auf Carbapenemase-bildende *E. coli* in Proben aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen. Allerdings wurden in keiner Probe Carbapenemase-bildende Bakterien nachgewiesen.

4.12.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

Insgesamt wurden 2248 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastschweinen, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern sowie in Proben von frischem Schweine-, Rind- und Wildwiederkäuerfleisch einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Von den 16 verdächtigen eingesandten Isolaten aus dem spezifischen Monitoring für Carbapenemase-bildende *E. coli* konnte nur eines aus dem Kot von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben im Nationalen Referenzlabor phänotypisch als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt werden.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 2414 Isolaten von *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni* und *C. coli*, STEC/VTEC, MRSA, *Enterococcus faecium*, *E. faecalis* sowie *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der ermittelten minimalen Hemmkonzentrationen erfolgte wie im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen (EFSA 2012a und EFSA 2012b).

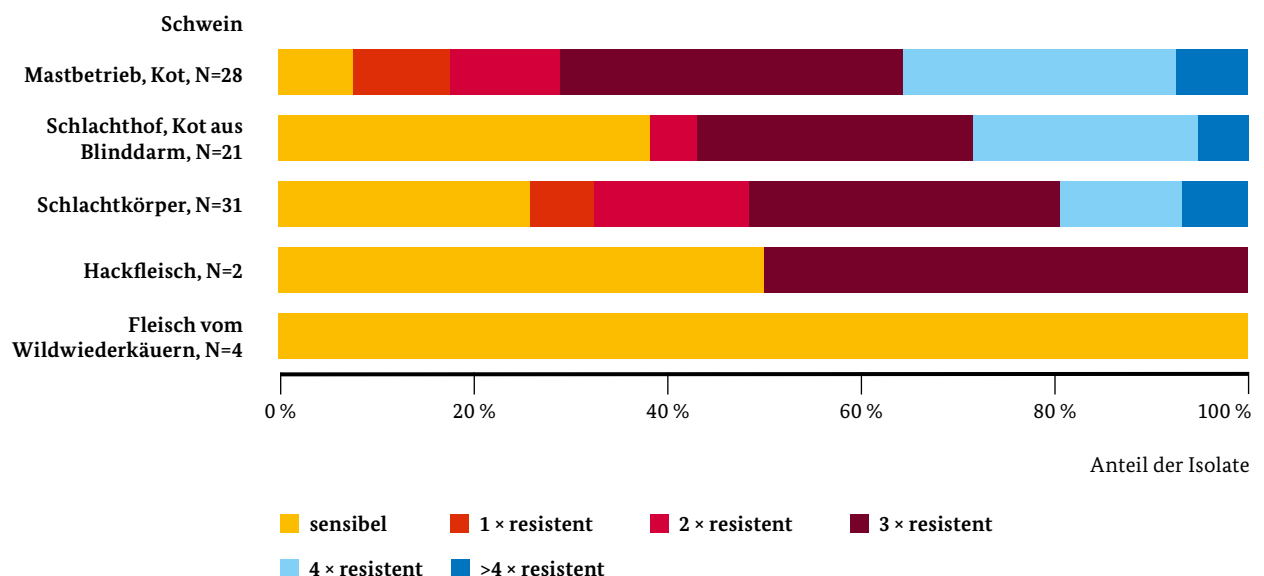
5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 86 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Stichprobenplans 2017 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1, Tab. 5.1). Die überwiegende Anzahl der Isolate (N = 82) stammte aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch. Vier Isolate wurden aus Fleisch von Wildwiederkäuern eingeschickt.

Von den Isolaten aus der Schweinefleischkette waren nur 23,2% sensibel gegen alle Testsubstanzen. Die höchsten Resistenzraten wurden bei Isolaten aus Kotproben aus Mastschweinebeständen festgestellt. Hier waren nur 7,1% sensibel gegen alle Testsubstanzen. Insgesamt waren die meisten Isolate aus der Schweinefleischkette resistent gegen Ampicillin, Tetracyclin und Sulfamethoxazol (je zwischen 50% und 62%, bei Isolaten aus dem Bestand zwischen 70% und 82%) (Tab. 5.1). Nur gegenüber Meropenem wurden keine Resistenzen festgestellt. Gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation war ein Isolat von einem Schlachtkörper resistent, gegenüber Ciprofloxacin je 2 Isolate aus Mastschweinebeständen und von Schlachtkörpern sowie ein Isolat aus einer Blinddarmprobe. Bei 4 Isolaten aus Mastschweinebeständen und einem von einem Schlachtkörper wurde eine Resistenz gegen Tigecyclin beobachtet.

Die 4 Isolate aus Fleisch von Wildwiederkäuern waren sensibel gegen alle Testsubstanzen.

Abb. 5.1 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp.; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.1 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Schweinefleisch

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Erzeugerbetrieb Kot		Mastschwein Schlachthof Blinddarmkot		Mastschwein Schlachthof Schlachtkörper		Schweinefleisch Einzelhandel Hackfleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	28		21		31		2	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	1	3,2	0	0,0
Chloramphenicol	7	25,0	5	23,8	4	12,9	0	0,0
Cefotaxim	1	3,6	0	0,0	1	3,2	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	1	3,2	0	0,0
Nalidixinsäure	1	3,6	0	0,0	1	3,2	0	0,0
Ciprofloxacin	2	7,1	1	4,8	2	6,5	0	0,0
Ampicillin	22	78,6	13	61,9	19	61,3	1	50,0
Colistin	0	0,0	1	4,8	4	12,9	0	0,0
Sulfamethoxazol	23	82,1	13	61,9	19	61,3	1	50,0
Trimethoprim	9	32,1	1	4,8	5	16,1	0	0,0
Tetrazyklin	23	82,1	12	57,1	16	51,6	1	50,0
Azithromycin	1	3,6	0	0,0	1	3,2	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	4	14,3	0	0,0	1	3,2	0	0,0
sensibel	2	7,1	8	38,1	8	25,8	1	50,0
1 × resistent	3	10,7	0	0,0	2	6,5	0	0,0
2 × resistent	3	10,7	1	4,8	5	16,1	0	0,0
3 × resistent	10	35,7	6	28,6	10	32,3	1	50,0
4 × resistent	8	28,6	5	23,8	4	12,9	0	0,0
>4 × resistent	2	7,1	1	4,8	2	6,5	0	0,0

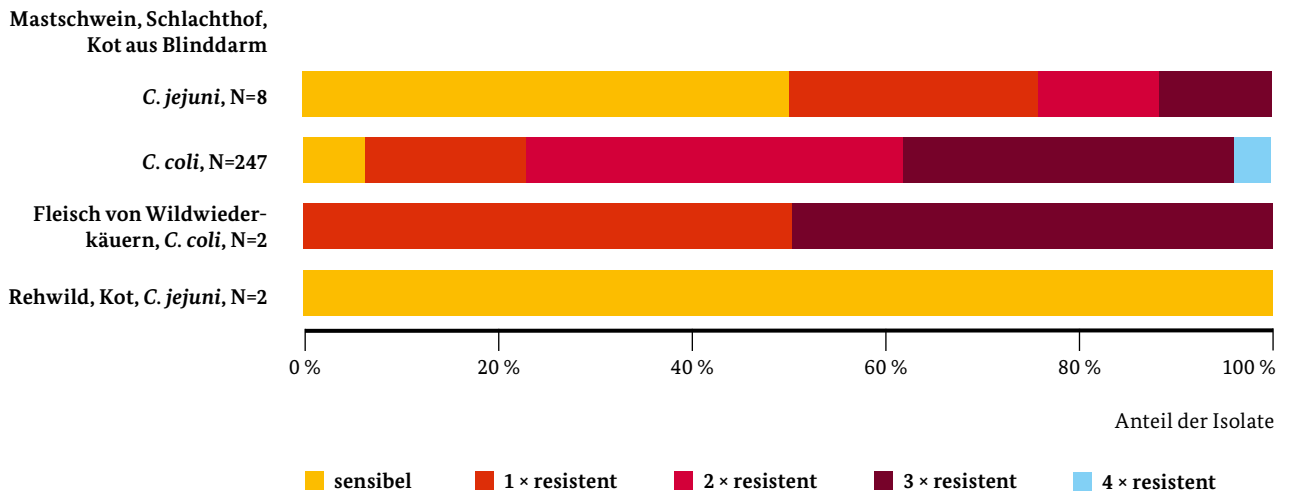
5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 259 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 10 Isolate von *C. jejuni* und 249 Isolate von *C. coli*. Die Isolate stammten aus den Lebensmittelketten Schweinefleisch und Fleisch von Wildwiederkäuern.

Die Darstellung und Bewertung der Untersuchungsergebnisse erfolgte getrennt für die beiden Spezies *C. jejuni* und *C. coli*. Abbildung 5.2 zeigt die Untersuchungsergebnisse (Anzahl der Resistenzen je Isolat) der eingesandten *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolate. In beiden Lebensmittelketten waren Isolate von *C. coli* häufiger resistent als solche von *C. jejuni*, wobei aus der Lebensmittelkette Fleisch von Wildwiederkäuern nur insge-

samt 4 Isolate zur Untersuchung eingesandt wurden. Von den 8 *C. jejuni*-Isolaten aus Blinddarminhalt vom Schwein waren 4 sensibel gegenüber allen Testsubstanzen (Tab. 5.2). Von den 247 *C. coli*-Isolaten waren nur 15 (6,1%) sensibel gegenüber allen Testsubstanzen. Zwölf (4,9%) der 247 Isolate waren gegen 4 der 5 Substanzklassen resistent. Resistenzen gegen Gentamicin wurden nicht beobachtet. Bei den Isolaten von *C. jejuni* (N = 10) wurden auch keine Resistenzen gegenüber Erythromycin beobachtet. Die höchsten Resistenzraten bei *C. jejuni* wurden gegen Ciprofloxacin, Nalidixinsäure und Tetrazyklin (je 37,5%) beobachtet. Bei *C. coli* vom Schwein wurden die höchsten Resistenzraten gegenüber Streptomycin (74,9%) und Tetrazyklin (74,1%) festgestellt. Gegen Ciprofloxacin waren 53,8% dieser Isolate resistent. Gegenüber Erythromycin waren 12,6% der *C. coli*-Isolate resistent.

Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli*.; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.2 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

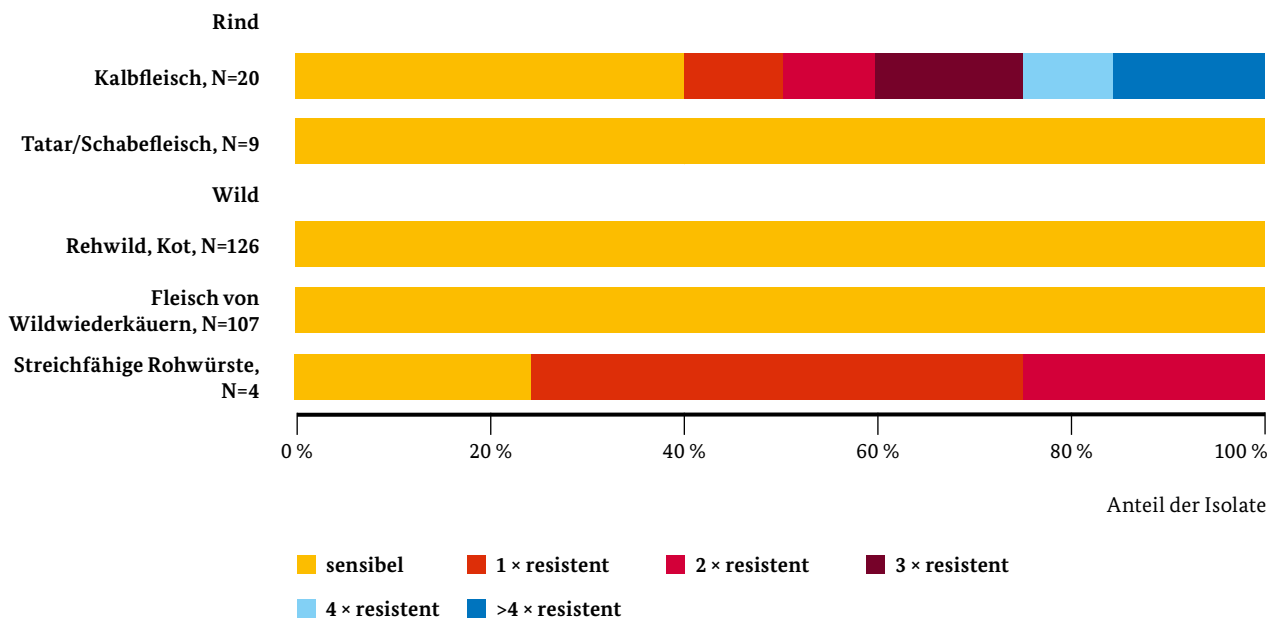
Tierart Probenahmeort Matrix Erreger	Mastschwein Schlachthof Kot aus Blinddarm				Rehwild Wildtiere Kot		Wildwiederkäuer Einzelhandel frisches Fleisch	
	<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	8		247		2		2	
Gentamicin	0	0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	1	12,5	185	74,9	0	0,0	2	100,0
Ciprofloxacin	3	37,5	133	53,8	0	0,0	1	50,0
Nalidixinsäure	3	37,5	130	52,6	0	0,0	1	50,0
Erythromycin	0	0	31	12,6	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	3	37,5	183	74,1	0	0,0	1	50,0
sensibel	4	50	15	6,1	2	100,0	0	0,0
1 × resistent	2	25	40	16,2	0	0,0	1	50,0
2 × resistent	1	12,5	96	38,9	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	1	12,5	84	34,0	0	0,0	1	50,0
4 × resistent	0	0	12	4,9	0	0,0	0	0,0

5.3 Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Insgesamt wurden 266 STEC/VTEC-Isolate auf ihre Resistenz getestet. Diese stammten überwiegend (233/266) aus Kot erjagter Rehe (N = 126) und aus Fleisch von Wildwiederkäuern im Einzelhandel (N = 107). Wie in Abbildung 5.3 und Tabelle 5.4 dargestellt, waren diese Isolate fast ausnahmslos sensibel gegen alle Testsubstanzen. Ein Isolat von einem Reh war resistent gegenüber Gentamicin. Drei Isolate aus Fleisch von Wildwiederkäuern waren je einmal resistent gegen Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin.

Auch die Isolate aus Tatar waren voll sensibel, während von den 20 Isolaten aus Kalbfleisch 60,0 % resistent gegen mindestens eine Substanz war. Diese resistenten Isolate waren ausnahmslos resistent gegen Tetrazyklin, häufig auch gegen Sulfamethoxazol und/oder Trimethoprim. Gegen die Cephalosporine der 3. Generation war ein Isolat resistent, gegen Ciprofloxacin waren es 4. Keines der STEC/VTEC-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern war resistent gegen Colistin, Meropenem oder Tigecyklin. Von den 4 STEC/VTEC-Isolaten aus streichfähigen Rohwürsten waren 3 resistent gegen Sulfamethoxazol und je eines gegen Ampicillin und Trimethoprim (Abb. 5.3, Tab. 5.3).

Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei verotoxinbildenden *E. coli*; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.3 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter STEC/VTEC-Isolate von Mastkälbern/Jungrindern, aus Tatar/Schabefleisch und aus streichfähigen Rohwürsten im Einzelhandel sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastkalb/Jungrind Einzelhandel frisches Fleisch		Rindfleisch Einzelhandel Tatar/Schabefleisch		Schwein/Rind Einzelhandel streichfähige Rohwürste	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	20		9		4	
Gentamicin	2	10,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	5	25,0	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	1	5,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	1	5,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	3	15,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	4	20,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	2	10,0	0	0,0	1	25,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	9	45,0	0	0,0	3	75,0
Trimethoprim	8	40,0	0	0,0	1	25,0
Tetrazyklin	12	60,0	0	0,0	0	0,0
Azithromycin	2	10,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	8	40,0	9	100,0	1	25,0
1 × resistent	2	10,0	0	0,0	2	50,0
2 × resistent	2	10,0	0	0,0	1	25,0
3 × resistent	3	15,0	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	2	10,0	0	0,0	0	0,0
5 × resistent	3	15,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.4 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter STEC/VTEC-Isolate aus dem Kot erjagter Rehe sowie aus Fleisch von Wildwiederkäuern im Einzelhandel und Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Rehwild erlegte Wildtiere Kot		Wildwiederkäuer Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	126		107	
Gentamicin	1	0,8	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	1	0,9
Colistin	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	1	0,9
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	0	0,0	1	0,9
Azithromycin	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.4 Fortsetzung

Tierart Probenahmeort Matrix	Rehwild erlegte Wildtiere Kot		Wildwiederkäuer Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%
sensibel	125	99,2	104	97,2
1 × resistent	1	0,8	3	2,8
2 × resistent	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0
5 × resistent	0	0,0	0	0,0

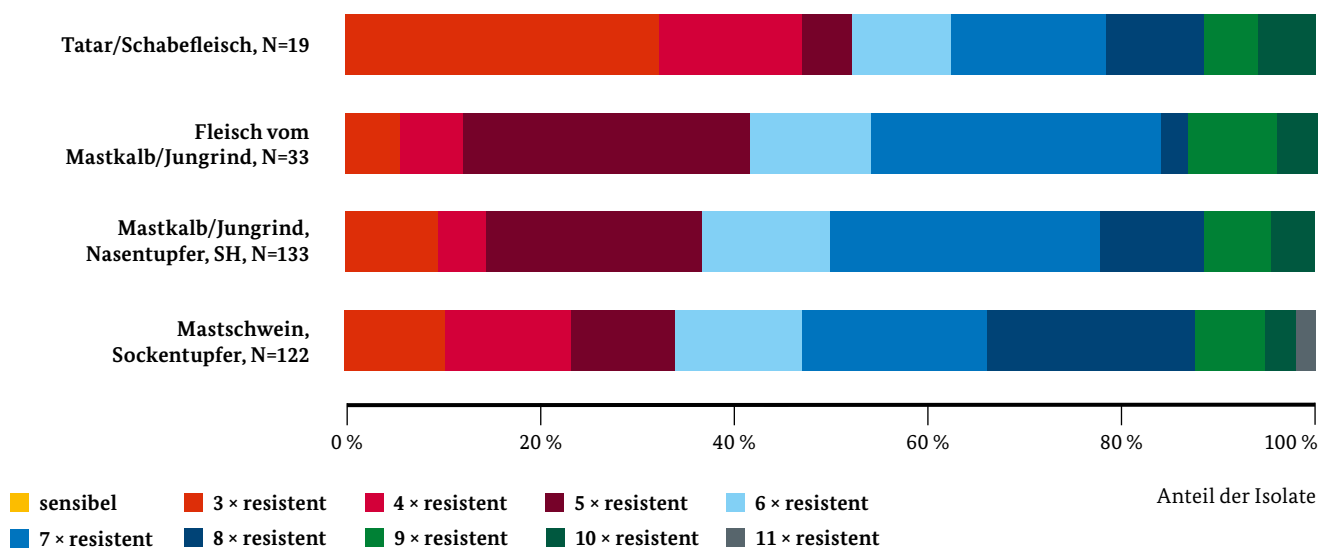
5.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 307 MRSA-Isolate getestet, die einem der vier vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in Tabelle 5.5 zusammengefasst.

Alle Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 3 der 16 getesteten Substanzklassen (Abb. 5.4, Tab. 5.5). Sensible Isolate wurden aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt. Die höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus Mastschweinebeständen

gefunden, die niedrigsten in Tatar/Schabefleisch (Abb. 5.4). Bis auf Vancomycin und Linezolid wurde für jede Substanz mindestens ein resistentes Isolat identifiziert. Dabei wurde gegenüber Rifampin und Mupirocin nur je ein resistentes Isolat identifiziert. Gegenüber Sulfamethoxazol waren es zwei Isolate vom Mastkalb/Jungrind am Schlachthof. Gegen Cefoxitin und gegenüber Penicillin waren alle Isolate resistent, was der Definition von MRSA entspricht. Gegenüber Tetrazyklin waren mehr als 90 % der Isolate resistent. Hier war der Anteil resistenter Isolate bei Tatar/Schabefleisch mit 84,2% am geringsten, bei Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof am höchsten (98%).

Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* 2017; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.5 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter MRSA-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Erzeugerbetrieb Sockentupfer		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Nasentupfer		Mastkalb/Jungrind Einzelhandel frisches Fleisch		Rindfleisch Einzelhandel Tatar/Schabefleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	122		133		33		19	
Gentamicin	11	9,0	32	24,1	13	39,4	4	21,1
Kanamycin	12	9,8	34	25,6	13	39,4	2	10,5
Streptomycin	33	27,0	18	13,5	7	21,2	4	21,1
Chloramphenicol	9	7,4	4	3,0	0	0,0	1	5,3
Cefoxitin	122	100,0	133	100,0	33	100,0	19	100,0
Ciprofloxacin	31	25,4	32	24,1	7	21,2	5	26,3
Benzylpenicillin	122	100,0	133	100,0	33	100,0	19	100,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	2	1,5	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	77	63,1	92	69,2	24	72,7	10	52,6
Tetrazyklin	113	92,6	131	98,5	31	93,9	16	84,2
Clindamycin	90	73,8	93	69,9	21	63,6	8	42,1
Erythromycin	78	63,9	85	63,9	20	60,6	7	36,8
Mupirocin	1	0,8	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Rifampin	1	0,8	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Fusidic acid	3	2,5	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Quinupristin/ Dalfopristin	28	23,0	23	17,3	5	15,2	4	21,1
Tiamulin	56	45,9	56	42,1	8	24,2	8	42,1
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	12	9,8	13	9,8	2	6,1	6	31,6
4 × resistent	16	13,1	6	4,5	2	6,1	3	15,8
5 × resistent	14	11,5	30	22,6	10	30,3	1	5,3
6 × resistent	16	13,1	18	13,5	4	12,1	2	10,5
7 × resistent	23	18,9	37	27,8	10	30,3	3	15,8
8 × resistent	27	22,1	14	10,5	1	3,0	2	10,5
9 × resistent	9	7,4	10	7,5	3	9,1	1	5,3
10 × resistent	3	2,5	5	3,8	1	3,0	1	5,3
11 × resistent	2	1,6	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.5 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1325 *E.-coli*-Isolate getestet, die den vorgeschlagenen neun Programmen zugeordnet werden konnten. Falls deutlich mehr als 170 Isolate (von EFSA für die Resistenzbestimmung gefordert) eingesandt wurden, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Testung ausgewählt. Dies war bei den Isolaten aus Blinddarminhalten vom Schlachthof der Fall, sowie bei den Isolaten aus Kot von Rehen. Aus den übrigen Matrizes wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Abbildung 5.5 zeigt die Untersuchungsergebnisse der kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der einzelnen Programme sind in den Tabellen 5.6 bis 5.8 gegenübergestellt.

Der Anteil sensibler Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch lag zwischen 48,1% (Mastschweine im Bestand) und 63,6% (Hackfleisch vom Schwein im Einzelhandel (Tab. 5.6). Der höchste Anteil von Isolaten, die gegenüber 3 oder mehr Substanzklassen resistent waren, fand sich ebenfalls bei den Mastschweinen im Bestand (27,1% gegenüber 22,0% und 18,2% aus den anderen Herkünften). Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Tetrazyklin, Ampicillin und Sulfamethoxazol beobachtet, gefolgt von Trimethoprim. Keine Resistenzen wurden gegenüber Tigezyklin und Meropenem beobachtet. Gegen die Cephalosporine der 3. Generation und gegen Colistin waren nur einzelne Isolate resistent (0% bis 2,2%). Gegenüber dem Fluorchinolon Ciprofloxacin waren es 3,0% bis 6,6%.

Isolate aus streichfähigen Rohwürsten (Tab. 5.7) waren ähnlich häufig sensibel wie solche aus Schweine-

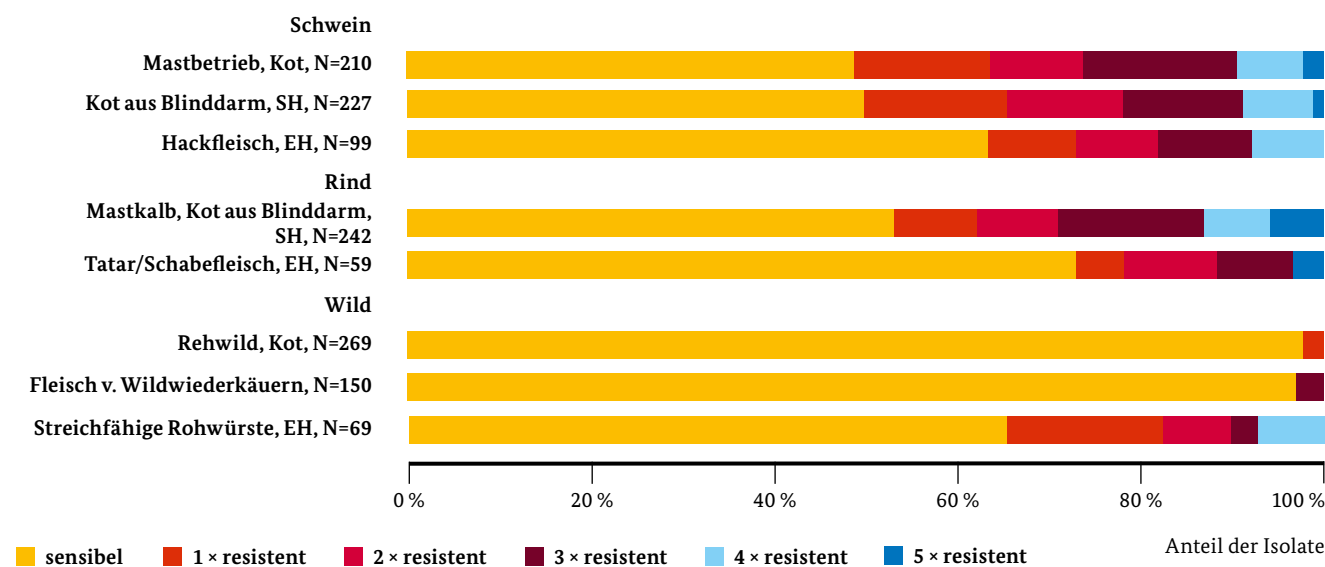
fleisch und wiesen auch gegen dieselben Substanzen Resistenzen auf.

Die Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof waren in über der Hälfte der Fälle (53,3%) sensibel gegen alle Substanzen. Eine Resistenz gegen mehr als 3 Substanzklassen fand sich bei 29,7% der Isolate. Es wurden gegen dieselben Substanzen hohe Resistenzraten gefunden wie bei den Isolaten aus der Schweinefleischkette. Allerdings war die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin (9,1%) und Colistin (2,5%) etwas höher als bei den Schweinen, nicht aber die gegen die Cephalosporine der 3. Generation.

Isolate aus Tatar/Schabefleisch waren zu 72,9% voll sensibel und nur 11,9% der Isolate wiesen eine Resistenz gegen mehr als 2 Substanzklassen auf. Es waren wiederum Tetrazyklin, Ampicillin, Trimethoprim und Sulfamethoxazol, die die höchsten Resistenzraten aufwiesen. 5,1% der *E.-coli*-Isolate aus Tatar/Schabefleisch waren gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation resistent.

Im Wildbereich waren die Resistenzen gering. Sechs *E.-coli*-Isolate (2,2%) aus dem Kot erjagter Rehe und 5 Isolate (3,3%) aus dem Fleisch von Wildwiederkäuern waren gegen mindestens eine der Testsubstanzen resistent (Tab. 5.8). Fünf dieser Isolate waren nur gegen eine Substanzklasse resistent, 5 Isolate waren gegen 3 oder mehr Substanzklassen resistent. Je ein Isolat aus dem Kot von Rehen war gegen die Cephalosporine der 3. Generation und gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin resistent. Resistenzen gegen Gentamicin, Colistin, sowie Meropenem und Tigezyklin wurden nicht beobachtet.

Abb. 5.5 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli*; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



SH: Schlachthof EH: Einzelhandel

Tab. 5.6 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Erzeugerbetrieb Kot		Mastschwein Schlachthof Kot aus Blinddarm		Schwein Einzelhandel Hackfleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	210		227		99	
Gentamicin	7	3,3	3	1,3	0	0,0
Chloramphenicol	17	8,1	22	9,7	10	10,1
Cefotaxim	3	1,4	5	2,2	0	0,0
Ceftazidim	3	1,4	3	1,3	0	0,0
Nalidixinsäure	5	2,4	10	4,4	1	1,0
Ciprofloxacin	12	5,7	15	6,6	3	3,0
Ampicillin	73	34,8	66	29,1	22	22,2
Colistin	3	1,4	2	0,9	1	1,0
Sulfamethoxazol	67	31,9	68	30,0	20	20,2
Trimethoprim	51	24,3	54	23,8	21	21,2
Tetrazyklin	85	40,5	83	36,6	30	30,3
Azithromycin	4	1,9	2	0,9	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	101	48,1	112	49,3	63	63,6
1 × resistent	31	14,8	36	15,9	9	9,1
2 × resistent	21	10,0	29	12,8	9	9,1
3 × resistent	36	17,1	29	12,8	10	10,1
4 × resistent	15	7,1	18	7,9	8	8,1
> 4 × resistent	6	2,9	3	1,3	0	0,0

Tab. 5.7 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E. coli*-Isolate von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof, aus Rindfleisch sowie aus streichfähigen Rohwürsten sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastkalb/Jungrind Schlachthof Kot aus Blinddarm		Rind Einzelhandel Tatar/Schabefleisch		Schwein/Rind Einzelhandel streichfähige Rohwürste	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	242		59		69	
Gentamicin	8	3,3	0	0,0	1	1,4
Chloramphenicol	18	7,4	2	3,4	2	2,9
Cefotaxim	5	2,1	3	5,1	1	1,4
Ceftazidim	5	2,1	3	5,1	1	1,4
Nalidixinsäure	17	7,0	1	1,7	5	7,2
Ciprofloxacin	22	9,1	4	6,8	5	7,2
Ampicillin	87	36,0	11	18,6	14	20,3
Colistin	6	2,5	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	75	31,0	5	8,5	10	14,5
Trimethoprim	64	26,4	6	10,2	9	13,0
Tetrazyklin	90	37,2	11	18,6	16	23,2
Azithromycin	12	5,0	1	1,7	2	2,9
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.7 Fortsetzung

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastkalb/Jungrind Schlachthof Kot aus Blinddarm		Rind Einzelhandel Tatar/Schabefleisch		Schwein/Rind Einzelhandel streichfähige Rohwürste	
	N	%	N	%	N	%
sensibel	129	53,3	43	72,9	44	63,8
1 × resistent	21	8,7	3	5,1	12	17,4
2 × resistent	20	8,3	6	10,2	5	7,2
3 × resistent	40	16,5	5	8,5	2	2,9
4 × resistent	17	7,0	0	0,0	5	7,2
> 4 × resistent	15	6,2	2	3,4	1	1,4

Tab. 5.8 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus Kot erjagter Rehe und aus Fleisch von Wildwiederkäuern sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Rehwild erlegte Wildtiere Kot		Wildwiederkäuer Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	269		150	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	2	1,3
Cefotaxim	1	0,4	0	0,0
Ceftazidim	1	0,4	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	1	0,4	0	0,0
Ampicillin	4	1,5	3	2,0
Colistin	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	3	1,1	4	2,7
Trimethoprim	2	0,7	2	1,3
Tetrazyklin	2	0,7	3	2,0
Azithromycin	1	0,4	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0
sensibel	263	97,8	145	96,7
1 × resistent	4	1,5	1	0,7
2 × resistent	0	0,0	1	0,7
3 × resistent	1	0,4	3	2,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	1	0,4	0	0,0

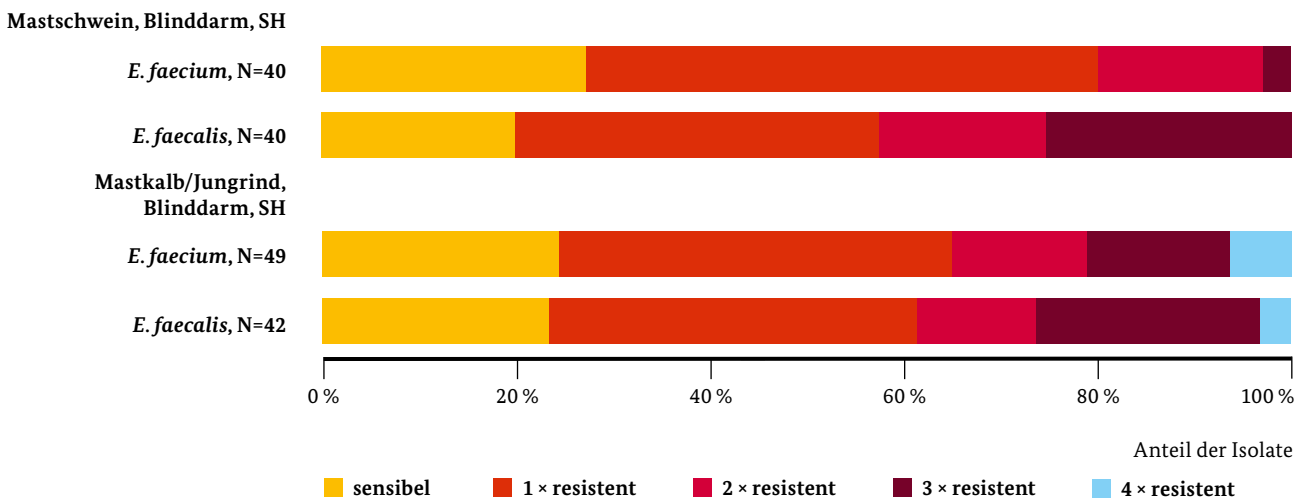
5.6 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

In die Resistenztestung wurden 171 Enterokokken-Isolate (82 *E. faecalis*, 89 *E. faecium*) aus Blinddarminhalten von Mastkälbern/Jungrindern und Mastschweinen am Schlachthof einbezogen. Aus den Proben von Schweinen stammten 80 Isolate, aus den Proben von Mastkälbern/Jungrindern 91 Isolate (Abb. 5.6, Tab. 5.9). Der Anteil der sensiblen Isolate lag bei beiden Entero-

kokken-Spezies und beiden Herkünften zwischen 20 % und 27,5 %. Bei *E. faecalis* aus beiden Herkünften wurde die höchste Resistenzrate gegenüber Tetrazyklin ermittelt. Bei *E. faecium* wurde jeweils die höchste Resistenzrate gegenüber Erythromycin beobachtet, wobei diese bei den Isolaten aus Mastkälbern und Jungrindern mit 61 % höher war als bei den Isolaten von Schweinen (42,5 %).

Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin und Vancomycin wurden bei beiden Spezies nicht beobachtet.

Abb. 5.6 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.9 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter Enterokokken-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren¹

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastschwein Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Kot aus Blinddarm	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	40		42		40		49	
Gentamicin	1	2,5	2	4,8	0	0,0	1	2,0
Chloramphenicol	9	22,5	10	23,8	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0	5	12,5	8	16,3
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	5	12,5	8	16,3
Tetrazyklin	32	80,0	32	76,2	10	25,0	18	36,7
Erythromycin	17	42,5	16	38,1	17	42,5	30	61,2
Daptomycin	0	0,0	0	0,0	1	2,5	2	4,1
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Teicoplanin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	8	20,0	10	23,8	11	27,5	12	24,5
1 × resistent	15	37,5	16	38,1	21	52,5	20	40,8
2 × resistent	7	17,5	5	11,9	7	17,5	7	14,3
3 × resistent	10	25,0	10	23,8	1	2,5	7	14,3
4 × resistent	0	0,0	1	2,4	0	0,0	3	6,1

¹ Quinupristin/Dalfopristin wurde bei der Zählung der Mehrfachresistenzen nicht berücksichtigt, da es bei *E. faecalis* eine natürliche Resistenz gegen diese Substanzkombination gibt. Bei der Testung gegen Tigazyklin kam es zu technischen Schwierigkeiten, sodass die Messwerte aus Gründen der Qualitätssicherung aus der Auswertung ausgeschlossen wurden.

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2017

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2017 (ZSP 2017). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend dem ZSP 2017 war insgesamt gut. Abweichungen vom Probensoll sind unter zwei Aspekten problematisch. Zum einen steigt bei zu geringen Probenzahlen die Ungenauigkeit der Schätzung, zum anderen können deutliche Abweichungen vom Probensoll vor allem dann zu Verzerrungen des Schätzers führen, wenn sie Länder mit einem hohen Anteil am Soll betreffen. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Bei den Programmen im Mastschweinebetrieb wurden die für die einzelnen Erreger erforderlichen Probenumfänge zu mindestens 85,9% erreicht. Dabei wurden in den einzelnen Ländern die Probenumfänge zu 45% bis 300% erreicht. 300% des Probensolls wurden von einem Land genommen, das nur 3 Proben nehmen sollte, sodass dieser hohe Wert kaum Einfluss auf das Ergebnis gehabt hat.

Bei den Programmen mit Probenahmen am Schlachthof war die Beteiligung insgesamt gut. Das angestrebte Probensoll wurde für fast alle Tierarten, Erreger und Probenarten zu mehr als 95% erreicht. Lediglich die Programme bei Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zur Gewinnung von Enterokokken für die Resistenztestung (72,9%) und zur Bestimmung der Prävalenz von MRSA bei diesen Tieren (90,6%) erreichten diesen Wert nicht. Alle Länder, die mehr als fünf Proben nehmen sollten, haben sich an den Programmen beteiligt. Dies galt auch für das Programm zur quantitativen Bestimmung von *Campylobacter* auf Schlachtkörpern von Masthähnchen.

Bei den Programmen im Einzelhandel wurde meistens der vorgesehene Stichprobenumfang übertroffen. Weniger als die anvisierten 384 Proben wurden für die Matrizes frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern sowie für Tatar und Schabefleisch erreicht. Hier waren aufgrund der begrenzten Verfügbarkeit solcher Lebensmittel im Einzelhandel schon im Stichprobenplan die Probenzahlen nur als unverbindliche Zielvorgaben genannt worden. Trotzdem wurde in diesen Programmen der Probenumfang zu 65% (Tatar/Schabefleisch) bzw. ca. 90% (Fleisch von Kälbern und Jungrindern) erreicht und nur wenige Länder meldeten keine Untersuchungen (ein Land für Tatar/Schabefleisch, zwei Länder für Fleisch von Kälbern und Jungrindern). Die Anteile pro Land reichten bei Kalb- und Jungrindfleisch von 40,5% bis 170% der Empfehlung, bei Tatar und Schabefleisch von 8%, bei der quantitativen Untersuchung auf *L. monocytogenes* bis 190%. Anhand der verfügbaren Analysen lässt sich nicht abschätzen, ob bzw. in welchem Umfang diese Abweichungen die Ergebnisse beeinflusst haben.

Auch das Wildfleischprogramm konnte mit 90% bis 98% des Probensolls durchgeführt werden. Die Zielerreichung nach Ländern schwankte zwischen 63,9% und 190%. Die deutliche Überschreitung des Probensolls betraf ein Land, das nur einen mäßigen Anteil an der Gesamtprobenmenge hatte.

Auch in den Programmen, in denen das Probensoll insgesamt erfüllt wurde, kam es zu Abweichungen zwischen Soll und tatsächlich gemeldeten Untersuchungen auf Ebene der Länder. Für die Programme Schweinefleisch bzw. Rindfleisch im Einzelhandel übermittelten aber alle Länder Daten und es wurden pro Land mindestens 67% der angestrebten Proben untersucht. Bei der Untersuchung von Hackfleisch vom Schwein übermittelte ein Land keine Daten zu Salmonellen. Die freiwillige Untersuchung von Hackfleisch auf *C. difficile* wurde von neun Ländern durchgeführt, wobei insgesamt nur 38% des angestrebten Probenumfangs erreicht wurden. Die meisten der Länder (6/9), die diese Untersuchung durchführten, untersuchten mehr Proben als für sie im Stichprobenplan vorgegeben waren.

Im Wildprogramm wurden, wie im letzten Jahr, von einem Land deutlich mehr Proben genommen als im Stichprobenplan vorgesehen. Dies hatte jedoch keinen nennenswerten Einfluss auf die geschätzte Prävalenz, da die Prävalenzen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und *Campylobacter* spp. im Kot von erjagten Rehen ohnehin sehr niedrig waren und dies auch in diesem Bundesland der Fall war. Auch im Hinblick auf die Resistenz der isolierten *E. coli* wurden sehr wenig Resistenzen gefunden, was den Ergebnissen in diesem Bundesland entsprach.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2017 unter dem Gesichtspunkt des gesundheitlichen Verbraucherschutzes

Das Ziel des Zoonosen-Monitorings gemäß Zoonosen-Stichprobenplan war, für ausgewählte Erreger und Lebensmittelketten das Vorkommen von Zoonoseerregern und spezifischen resistenten Mikroorganismen (Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* [MRSA], Extended-Spektrum Beta-Laktamase bzw. AmpC Beta-Laktamase oder Carbapenemase [ESBL/AmpC-/Carbapenemase] bildende *E. coli*) für das Jahr 2017 zu schätzen. Ferner sollte die Resistenzsituation bei Zoonoseerregern und kommensalen *E. coli* sowie kommensalen *E. faecalis* und *E. faecium* in verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette für das Jahr 2017 geschätzt werden. Diese Ziele wurden insgesamt erreicht. Die Ergebnisse ergänzen die verfügbaren Kenntnisse und tragen so zur verbesserten Bewertung der derzeitigen Situation sowie zur Bewertung künftiger Entwicklungstendenzen nach erneuter Durchführung der Programme bei.

Mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings 2017 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus neun Jahren (2009–2017) vor. Für einige Erreger/Matrix-Kombinationen stehen erstmals Daten zur Verfügung.

Durch die Durchführung der Monitoringprogramme konnten erneut wichtige Erfahrungen gesammelt werden, die zu einer verbesserten Realisierung und Aussagekraft künftiger Zoonosen-Stichprobenpläne beitragen werden. Dies betrifft die Auswahl der zu untersuchenden Proben und Parameter, die detaillierte Beschreibung der Probenahme und Untersuchung, die Festlegung des Probenumfangs sowie Details zur Datenerhebung, -übermittlung und -auswertung.

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern bzw. kommensaler Indikatorbakterienspezies und deren Eigen-

schaften gewonnen werden. Zudem war es möglich, Isolate dieser Zoonoseerreger sowie kommensaler Indikatorbakterienspezies und ESBL/AmpC-verdächtiger *E. coli* für die Resistenztestung bereitzustellen. Nachfolgend werden die erzielten Ergebnisse für die einzelnen Erreger bewertet.

Bei der weitergehenden Analyse der Ergebnisse müssen die Einschränkungen bei der Durchführung der Programme berücksichtigt werden. Erst nach sorgfältiger Berücksichtigung der Abweichungen vom Stichprobenplan ist eine abschließende Bewertung möglich. Allerdings ist nach derzeitigem Analysestand nicht zu erwarten, dass die Abweichungen vom Stichprobenplan zu einer grundlegenden Verschiebung der Ergebnisse geführt haben. Im Einzelfall könnte es jedoch zu Verzerrungen gekommen sein, die für die Bewertung von Bedeutung sind.

Aus den Ergebnissen der hier dargestellten Querschnittsstudien allein können keine Schlussfolgerungen hinsichtlich ursächlicher Zusammenhänge oder Empfehlungen für Vermeidungs- und Reduktionsstrategien abgeleitet werden. Die hier dargestellten Ergebnisse können aber zur Generierung von Hypothesen bzgl. der ursächlichen Zusammenhänge und Einflussfaktoren auf die ermittelte Prävalenz der einzelnen Erreger auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette genutzt und ggf. in weiterführenden Studien untermauert werden.

Die Ergebnisse aus den ersten neun Jahren zeigen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelkette. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger und kommensalen Indikatorbakterienspezies können auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette. Die Ergebnisse zeigen auch die Exposition der Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern und kommensalen Indikatorbakterienspezies über verschiedene Arten vom Tier stammender Lebensmittel aus dem Einzelhandel. Die Ergebnisse der Charakterisierung der eingesandten Isolate durch die Nationalen Referenzlabore (NRL) unterstützen die Hypothese, dass die Erreger entlang der Lebensmittel- und Produktionsketten verschleppt werden. Sie weisen aber auch darauf hin, dass im Rahmen der Verarbeitung auch Erreger anderer Herkunft die Lebensmittel kontaminieren bzw. die Erreger aus Tiergruppen im Rahmen des Schlachtprozesses auf Schlachtkörper anderer Tiergruppen übertragen werden können.

Im Rahmen dieser Bewertung werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2017 zu den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre und der Literatur in Beziehung gesetzt. Bei der Literatur werden insbesondere die Ergebnisse der risikoorientierten Lebensmittelüberwachung der Vorjahre mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings verglichen, um festzustellen, ob sich die Ergebnisse der Überwachung, die jährlich vorliegen, deutlich von den im Rahmen des Monitorings erzielten Ergebnissen unterscheiden.

Die Bewertung der Antibiotikaresistenzen erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-off-Werte (www.eucast.org). Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (s. Kap. 3.3.2.1). Bei der Bewertung der Resistenzuntersuchungen über längere Zeiträume hinweg ist zu berücksichtigen, dass sich mit dem Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652 ab dem Jahr 2014 die Rechtsgrundlage und in Folge auch das Panel der untersuchten Substanzen gegenüber den Vorjahren verändert hat. Bei den Untersuchungen von *E. coli* und Salmonellen wurden seit 2014 die antimikrobiellen Substanzen Kanamycin und Streptomycin sowie Florfenicol nicht mehr getestet. Hinzugekommen sind Azithromycin, Meropenem und Tigecyclin.

Salmonella spp.

Futtermittel

In den untersuchten Mischfuttermitteln für Legehennen wurden 2016 und 2017 in 2 von 208 (1,0 %) der Proben Salmonellen nachgewiesen. Dies zeigt, dass es über Futtermittel auch zu einem Eintrag von Salmonellen in Legehennenbestände kommen kann. Durch die Entnahme der Proben im Futtermittelwerk ist auszuschließen, dass es sich um eine sekundäre Kontamination des Futtermittels im Legehennenbetrieb handelt. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass es im Rahmen der Herstellung der Futtermittel nicht zu einer vollständigen Elimination der Salmonellen kommt oder die Kontamination mit Salmonellen nach der thermischen Behandlung z. B. während des Mischens oder der Lagerung stattfindet. Bei dem einen eingesandten Isolat wurde das Serovar *Salmonella* (*S.*) *Agona* ermittelt. *S. Agona* wurde in den letzten fünf Jahren (2013–2017) bei ca. 0,5 % der gemeldeten Fälle beim Menschen identifiziert, mit zwischen 66 und 138 Fällen pro Jahr (SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Datenstand Infektionsepidemiologisches Jahrbuch 2017, Abfrage vom 28.06.2018). *S. Agona* wurde im Rahmen der Überwachung von Legehennenbeständen im Jahr 2017 sechsmal an das NRL eingesandt. Somit ist es möglich,

dass die in den Futtermitteln festgestellte Kontamination mit *S. Agona* mit den Nachweisen in Legehennenbeständen in Verbindung steht. Über das Rapid Alert System for Food and Feed (RASFF) der Europäischen Kommission wurden Ende 2017 zwei Schnellwarnungen zu Futtermitteln veröffentlicht. *S. Agona* wurde in Deutschland sowohl in Sojaextraktionsschrot (RASFF: 2017/2193) als auch in Rapskuchen (RASFF: 2017/2204) gefunden. Aktuell wird *S. Agona* mit einem internationalen lebensmittelbedingten Krankheitsausbruch in Verbindung gebracht, wobei das Vehikel verzehrfertige Lebensmittel sein sollen (EFSA and ECDC, 2018).

Lebensmittelkette Schweinefleisch

Untersuchungen auf Salmonellen erfolgten bei jungen Mastschweinen (< 50 kg) in Mastbetrieben, bei Mastschweinen am Schlachthof (Blinddarminhalte und Schlachtkörper) sowie bei Hackfleisch im Einzelhandel. Dabei war die Prävalenz von Salmonellen in Kotproben aus den Mastbeständen etwas höher als in den Blinddarmproben am Schlachthof. Allerdings handelte es sich in den Mastbeständen um Sammelkotproben, während die Blinddarmproben von Einzeltieren stammten. Die Prävalenz war etwas geringer als die im Zoonosen-Monitoring 2015 festgestellte Prävalenz bei Läuferschweinen (BVL, 2016b). In beiden Fällen war der Unterschied in der Prävalenz aber nicht signifikant. Auch gegenüber der Prävalenz in jungen Mastschweinen aus dem Zoonosen-Monitoring 2011 ergab sich kein signifikanter Unterschied (BVL, 2013).

Es zeigte sich allerdings eine deutliche Abstufung in der Prävalenz für die Kategorien der Mastbetriebe nach der Schweinesalmonellenverordnung. Betriebe der Kategorie I wiesen eine geringere Prävalenz auf als solche der Kategorie II und Kategorie III, wobei der Unterschied zwischen Kategorie I und III trotz der geringen Anzahl überprüfter Betriebe in Kategorie III signifikant war. Die Differenzen zwischen den Kategorien bestätigen die Ergebnisse früherer Monitoringprogramme, auch wenn diese durch die geringe Anzahl beprobter Betriebe im Hinblick auf die Ergebnisse für die Kategorie-III-Betriebe variabel sind (BVL 2013, 2016b). Obwohl die serologische Untersuchung insgesamt die Situation in den Beständen widerspiegelt, trifft dies nicht für das Einzeltier am Schlachthof zu (EFSA 2008). Die Ergebnisse aus 2017 bestätigen erneut, dass auch Betriebe der Kategorie I nicht frei von Salmonellen sind, die Prävalenz des Erregers aber geringer als in den Kategorien II und III ist.

Die Untersuchung der Blinddarminhalte von Schlachtschweinen zeigten mit 6,1 % positiven Proben ein mit 2015 vergleichbares Niveau (BVL 2016b), was

darauf hindeutet, dass sich in der Schweinehaltung die Belastung mit Salmonellen nicht verändert hat. Der Unterschied in der Salmonellen-Prävalenz bei Berücksichtigung der Kategorie der Herkunftsbetriebe war bei den Untersuchungen am Schlachthof weniger deutlich ausgeprägt als in der Primärproduktion. Die Ursache dieses Unterschieds kann anhand der verfügbaren Daten nicht ermittelt werden. Er könnte jedoch mit dem Unterschied in der Kinetik der Infektionen und der serologischen Antwort auf diese Infektionen zusammenhängen.

Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Karkassen zeigten sich 2,9 % als positiv für *Salmonella* spp. Dieser Wert ist deutlich geringer als 2015 (4,5 %) (BVL 2016b). Da der Eintrag von Salmonellen in den Schlachthof über positive Schweine sich nicht wesentlich verändert hat, könnte dies auf Verbesserungen im Schlachtprozess hindeuten. Derselbe Trend wird auch bei den Daten beobachtet, die von den Lebensmittelunternehmern im Rahmen der Eigenkontrollen generiert werden. Hier wurden im Jahr 2015 2,2 % positive Proben gemeldet, 2017 jedoch 0,9 % (noch nicht veröffentlicht). Allerdings liegen beide Werte der Eigenkontrolluntersuchungen unter den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings festgestellten. Die Ursache für die Differenzen ist nicht bekannt und sollte Gegenstand weiterer Untersuchungen sein. Hackfleisch vom Schwein im Einzelhandel war nur in Ausnahmefällen (3/401 Proben, 0,7 %) positiv für *Salmonella* spp. Auch dieser Wert liegt unter den Werten im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2011: 1,3 %, 2009: 5,0 %) (BVL 2011, 2013). Im Rahmen der Überwachung werden z. T. höhere Nachweisraten berichtet (z. B. 2016: 3,3 %; Hartung et al. 2018b), was möglicherweise auf die risikoorientierte Probenahme im Rahmen der Überwachung zurückzuführen ist. Allerdings schwanken auch die Werte im Rahmen der Überwachung in den letzten Jahren zwischen den genannten 3,3 % aus dem Jahr 2016 und 0,7 % im Jahr 2015 (Hartung et al. 2015, 2016, 2018a). Auch in der EU wurden durchschnittlich höhere Werte für Hackfleisch vom Schwein nachgewiesen (EFSA 2017).

Bei der Typisierung der *Salmonella*-Isolate zeigte sich, dass in den Mastschweinebeständen *S. Typhimurium* und seine monophasische Variante nach wie vor die klar dominierenden Serovare sind (79 % der Isolate), gefolgt von *S. Derby* (7,1 %). Sie dominierten auch in den Blinddarmproben am Schlachthof (61,9 %) und auf den Schlachtkörpern (63,6 %), wobei hier der Anteil von *S. Derby* jeweils etwas höher war (28,6 % bzw. 18,2 %). *S. Derby* wurde 2015 vor allem bei Zuchtsauen beobachtet, während das Serovar bei den Mastläufern und am Schlachthof eher selten war.

Auch bei den beiden im Jahr 2017 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings an das NRL eingesandten Isolaten aus Hackfleisch im Einzelhandel handelte es sich um monophasische *S. Typhimurium* und *S. Derby*. Beim Menschen waren *S. Typhimurium* und seine monophasische Variante im Jahre 2017 das zweithäufigste Serovar bei den gemeldeten Erkrankungen, wobei die monophasische Variante bei den Meldedaten nur einen sehr geringen Anteil ausmacht. *S. Derby* wurde in den Jahren 2013 bis 2017 für ca. 1,2 % der menschlichen Erkrankungsfälle verantwortlich gemacht (SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfrage vom 28.06.2018) und wird ganz überwiegend beim Schwein nachgewiesen (Schroeter und Käsbohrer 2010).

Sonstige Lebensmittel

Im Fleisch von Wildwiederkäuern wurden in drei Fällen Salmonellen nachgewiesen, wobei es sich in allen drei Fällen um *S. Enteritidis* handelte, ein Serovar, das vor allem bei Legehennen beobachtet wird. In einer der Proben wurde ein weiteres Isolat als *S. Choleraesuis* identifiziert. In der Literatur wird Wildfleisch eher selten mit Salmonellen in Verbindung gebracht, obwohl Wildtiere auch Träger der Erreger sein können (Paulsen et al. 2012). Allerdings kommt es vereinzelt immer wieder zu Nachweisen im Rahmen der Überwachung (Hartung et al. 2018a, b). Die Wildtiere selbst wurden im Zoonosen-Monitoring 2017 nicht auf Salmonellen untersucht. Die Quelle der Salmonellen im Wildfleisch ist nicht bekannt. Einerseits könnte es sich um einen Eintrag aus der Wildtierpopulation handeln, andererseits ist auch eine Kontamination in der Verarbeitung denkbar, wie sie im Monitoring 2011 bei Fleisch von Wildschweinen gezeigt werden konnte (BVL 2013, Kraushaar und Fetsch 2014).

Resistenzsituation bei Salmonellen

Der Vergleich der Resistenzraten von Salmonellen gegenüber antimikrobiellen Substanzen ist sehr stark auch vom Spektrum der nachgewiesenen Serovare geprägt (Schroeter und Käsbohrer 2010, 2012). Der Anteil der Isolate mit einer Resistenz gegenüber mindestens einem Antibiotikum war im Zoonosen-Monitoring 2017 bei *Salmonella*-Isolaten aus Mastschweinebeständen am höchsten. Nur 7,1 % der Isolate waren vollständig sensibel. Dies erklärt sich einerseits durch den hohen Anteil von *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante, die für ihre hohen Resistenzraten bekannt sind (Schroeter und Käsbohrer 2010, 2012). Andererseits wurden bei Mastschweinen auch für an-

dere Erreger hohe Resistenzraten festgestellt (vgl. Kap. 5.5 über *E. coli*). *Salmonella*-Isolate von Läufer Schweinen aus dem Zoonosen-Monitoring 2015 zeigten ebenfalls hohe Resistenzraten bzw. geringe Anteile sensibler Isolate (13,8 %) (BVL 2016b). Im Jahr 2011 waren ebenfalls Isolate von Mastschweinen zur Untersuchung gekommen. Auch hier lag der Anteil voll sensibler Isolate sehr niedrig (11,9 %) (BVL 2013), allerdings wurden hier unterschiedliche Altersgruppen von Mastschweinen einbezogen, was die Vergleichbarkeit einschränkt.

Eine konkrete Vergleichbarkeit ist bei den *Salmonella*-Isolaten aus den Blinddarmproben von Schlachtschweinen zum Jahr 2015 gegeben. Hier war der Anteil der gegen alle Testsubstanzen sensiblen Isolate im Jahr 2015 deutlich niedriger als in 2017 (17,4 % vs. 38,1 %). Auch hier ist zu bedenken, dass das Spektrum der Serovare großen Einfluss auf die Resistenzlage hat. Im Jahr 2015 waren 20 (87 %) von 23 Isolaten *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante zuzuordnen, während es 2017 nur 61,9 % waren. Wegen der geringen Zahl an Isolaten und der Unterschiede in den Serovarverteilungen sind die Ergebnisse nur sehr vorsichtig zu interpretieren.

Aufgrund des geringen Anteils *Salmonella*-positiver Schlachtkörper beim Schwein wird von dieser Matrix immer nur eine sehr begrenzte Anzahl von Isolaten eingesandt. Hier wurden in beiden Jahren (2015 und 2017) etwa ein Viertel der Isolate als empfindlich gegen alle Testsubstanzen identifiziert, wobei der Anteil der *S. Typhimurium*-Isolate 2017 höher lag. Die höchsten Resistenzraten wurden unabhängig von der Herkunft bei allen Isolaten gegenüber Ampicillin, Sulfamethoxazol und gegenüber Tetrazyklin festgestellt, was sich mit den Ergebnissen älterer Untersuchungen deckt (Schroeter und Käsbohrer 2010, 2012).

Insgesamt wurde bei einem der 82 Isolate aus der Schweinefleischkette eine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation festgestellt. Jeweils fünf Isolate wiesen eine Resistenz gegen Ciprofloxacin bzw. Colistin auf. Resistenzen gegen diese drei Substanzen sind von besonderer Bedeutung, weil diese Wirkstoffe von der WHO als „highest priority critically important antimicrobials“ klassifiziert worden sind. Im Zoonosen-Monitoring 2015 wurden solche Resistenzen bei den Isolaten vom Schwein bzw. aus Schweinefleisch nicht festgestellt. Aufgrund der geringen Anzahl der untersuchten Isolate muss diese Veränderung vorsichtig interpretiert werden, sie spricht jedoch insgesamt nicht für eine Verbesserung der Resistenzsituation bei Salmonellen in der Schweinefleischkette.

Im Gegensatz zu den Isolaten aus der Schweinefleischkette waren die Isolate aus Wildfleisch alle empfindlich gegen alle Testsubstanzen. Auch hier ist aber ein Einfluss des Serovars nicht auszuschließen, da *S. Enteritidis* für geringe Resistenzraten bekannt ist (Schroeter und Käsbohrer 2010, 2012).

***Campylobacter* spp.**

Lebensmittelkette Schweinefleisch

Campylobacter spp. wurden wie im Monitoring 2015 häufig im Blinddarm geschlachteter Schweine (75,5 % der Proben) nachgewiesen. Im Gegensatz dazu wurden sie im Monitoring 2011 und 2015 im Schweinefleisch im Einzelhandel nur vereinzelt nachgewiesen (BVL 2013, 2016b). Dies spricht dafür, dass der Schlachtprozess bei Schweinen und die Verarbeitung des Fleisches dessen Kontamination mit *Campylobacter* spp. trotz der hohen Ausgangsbelastung der Schlachttiere sehr wirkungsvoll verhindert.

Wie in der Vergangenheit gehörten die nachgewiesenen *Campylobacter*-Isolate vom Schwein v. a. der Spezies *Campylobacter (C.) coli* an (247/255, 96,9 %). Nur vereinzelt (8/255) wurde auch *C. jejuni* identifiziert. Beim Menschen spielt hingegen vor allem *C. jejuni* als Erreger der Campylobacteriose eine Rolle, aber auch durch *C. coli* verursachte Infektionen werden berichtet (RKI 2016, 2017). Aufgrund der geringen Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. und der Dominanz von *C. coli* ist davon auszugehen, dass Schweinefleisch als Quelle für die Campylobacteriose des Menschen von untergeordneter Bedeutung ist. Dies entspricht auch den Ergebnissen von Source-Attribution-Modellen (Kittl et al. 2013; Rosner et al. 2017). Allerdings kommt es vereinzelt zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen verursacht durch *C. coli*, bei denen Hackfleisch vom Schwein als Vehikel identifiziert wurde. Dies ist vermutlich auf den Rohverzehr dieses Lebensmittels zurückzuführen (Sifczyk et al. 2017).

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Die Ergebnisse der qualitativen und quantitativen Untersuchungen von Schlachtkörpern von Hähnchen und Hähnchenfleisch im Einzelhandel unterstreichen die bereits in den Vorjahren beobachteten hohen Kontaminationsraten. Die Verteilung der Keimzahlen bei den Schlachtkörpern entspricht weitestgehend der

Verteilung aus dem Jahr 2016 mit 22,7% Proben über 1000 KbE/g (2016: 24,1%). Die Keimzahlen auf dem Fleisch im Einzelhandel liegen, wie in früheren Untersuchungen, deutlich niedriger. Hier wurde in keiner Probe die Zahl von 1000 KbE/g überschritten.

Das von der VO (EG) Nr. 2073/2005 seit August 2017 (Verordnung (EU) Nr. 1495/2017) vorgegebene und seit 01.01.2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40% der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wird am 01.01.2020 auf 30%, fünf Jahre später dann auf 20% gesenkt werden. Im Rahmen des Monitorings wurden die aktuellen Vorgaben von den Schlachthöfen im Durchschnitt erfüllt. Allerdings bedarf es einer näheren räumlich-zeitlichen Analyse, ob dies auch in den Sommermonaten in allen Schlachthöfen der Fall ist. Werden diese Werte in einem Schlachthof nicht erreicht, so müssen jeweils hygienische Maßnahmen seitens des Schlachtbetriebs ergriffen werden. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 war seitens des BfR keine Speziesbestimmung von *Campylobacter* aus Hähnchenfleisch vorgesehen, jedoch dominierten in den letzten Jahren auf Hähnchenfleisch immer *C. jejuni* (BVL 2016a, 2017)

Sonstige Herkünfte

In Kot von Rehen wurden nur selten *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Dabei ist unklar, ob es aufgrund des geringen Wassergehalts von Rehkot zu Problemen beim Nachweis kommen kann. Auf eine kompliziertere Probenahme (z.B. Entnahme von Darmabschnitten) wurde aus technischen Gründen verzichtet, um eine einheitliche Probenahme unter den beschränkten Möglichkeiten bei der Jagd sicherzustellen. Allerdings wurden auch in anderen Studien, in denen z.T. molekularbiologische Methoden für den *Campylobacter*-Nachweis verwendet wurden, selten *Campylobacter* im Kot von Wildwiederkäuern gefunden (Carbonero et al. 2014, Rogers et al. 2018), was die Ergebnisse dieses Monitorings unterstützt.

Auch im Fleisch von Wildwiederkäuern wurde sehr selten *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Damit und aufgrund des insgesamt geringen Verzehrs von Wildfleisch ist es sehr unwahrscheinlich, dass Fleisch von Wildwiederkäuern nennenswert zu den humanen Infektionen mit *Campylobacter* spp. beiträgt.

Resistenzsituation bei *Campylobacter* spp.

Für das Jahr 2017 wurden vor allem *Campylobacter*-Isolate aus Schlachtschweinen auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet. Wie in den vergangenen Jahren waren die Isolate von *C. coli* häufiger und gegen mehr Substanzen resistent als die Isolate von *C. jejuni*. Allerdings standen aufgrund des geringen Anteils von *C. jejuni* an den *Campylobacter*-Isolaten vom Schwein aus der Schweinefleischkette nur 8 Isolate von *C. jejuni* für die Resistenztestung zur Verfügung, sodass der Vergleich der Resistenzen zwischen den beiden *Campylobacter*-Spezies vorsichtig zu bewerten und ein statistischer Vergleich nicht sinnvoll ist.

Die Isolate von *C. coli* aus Schlachtschweinen waren 2017 insgesamt ähnlich häufig resistent wie die Isolate aus derselben Matrix aus dem Jahr 2015 (93,9% vs. 94,7%) Während die Resistenzrate gegenüber Streptomycin 2017 etwas niedriger war als 2015 (74,9% vs. 79,0%), war sie gegenüber Ciprofloxacin deutlich höher (53,8% vs. 42,8%, $p < 0,05$). Die Unterschiede bei den anderen Substanzen waren gering.

Die Ursache für die erhöhte Resistenzrate gegenüber Ciprofloxacin ist nicht bekannt.

Da Ciprofloxacin zu den von der WHO als besonders wichtig eingestuften Antibiotika gehört (WHO 2017), sollte diese Veränderung weiter beobachtet werden. Zwar sind die Resistenzraten bei *C. coli* von Schweinen gegenüber Ciprofloxacin geringer als bei Mastkälbern oder beim Geflügel, allerdings ist der Anstieg der Resistenz nicht wünschenswert.

Aus dem Kot von Rehen und aus Fleisch von Wildwiederkäuern standen nur je zwei Isolate zur Verfügung, wobei die beiden Isolate von *C. jejuni* aus dem Kot von Rehen gegen alle Testsubstanzen sensibel waren. Dies stimmt mit den Ergebnissen hinsichtlich der Resistenz von *E. coli* aus derselben Herkunft überein. Die beiden Isolate von *C. coli* aus dem Fleisch von Wildwiederkäuern wiesen Resistenzen gegen eine bzw. drei Substanzklassen auf. Ob diese resistenten Isolate aus den Wildtieren stammen oder ob es sich um eine sekundäre Kontamination im Rahmen der Fleischgewinnung und Verarbeitung handelt, kann aus den vorliegenden Daten nicht abgeleitet werden.

Listeria monocytogenes

Listeria monocytogenes wurde in Tatar/Schabefleisch und in streichfähigen Rohwürsten sowohl qualitativ als auch quantitativ nachgewiesen. Beide Lebensmittelgruppen wurden erstmalig im Rahmen des Zoono-

sen-Monitorings 2017 auf diesen Erreger untersucht, sodass keine Vergleichsdaten aus Vorjahren vorliegen. Da beide Lebensmittel zum Rohverzehr gedacht sind, ist davon auszugehen, dass es durch diese Lebensmittel regelmäßig auch zu einer Exposition des Menschen kommt. Zwar wurden in Tatar/Schabefleisch nur Keimzahlen unter 100 KbE/g (max. 35 KbE/g) nachgewiesen, allerdings ist nicht auszuschließen, dass es bei der Lagerung der Lebensmittel im Haushalt zu einer weiteren Vermehrung der Keime kommt.

In zwei Proben von streichfähigen Rohwürsten wurde der Grenzwert von 100 KbE/g deutlich überschritten (220 bzw. 580 KbE/g), sodass nicht auszuschließen ist, dass es insbesondere bei besonders vulnerablen Personen zur Auslösung einer Infektion kommen kann. Auch hier ist durch eine weitere Lagerung der Lebensmittel im Einzelhandel oder im Haushalt mit einer weiteren Vermehrung und damit einer Erhöhung des Risikos für Verbraucherinnen und Verbraucher zu rechnen.

Durch die Möglichkeiten der molekularen Typisierung wurden in den vergangenen Jahren mehrfach protrahierte Ausbrüche durch kontaminierte Lebensmittel retrograd identifiziert. Daher ist zu empfehlen, insbesondere Isolate, die in Lebensmitteln in Konzentrationen oberhalb von 100 KbE/g nachgewiesen wurden, regelmäßig zur Typisierung und Sequenzierung an das nationale Referenzlabor für Listerien einzusenden. Die Ergebnisse können dann mit denen von Isolaten aus menschlichen Erkrankungsfällen verglichen werden, um mögliche Zusammenhänge und letztendlich die Quellen der vermehrten Erkrankungsfälle zu identifizieren (EFSA 2018).

Die molekularbiologisch nachgewiesenen Serotypen entsprechen denen der vergangenen Jahre und werden auch bei Infektionen des Menschen regelmäßig beschrieben (RKI 2016, 2017). Dies untermauert die getroffene Bewertung im Hinblick auf eine Gefährdung des Menschen.

Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC) können regelmäßig bei Rindern und anderen Wiederkäuern nachgewiesen werden (Hartung et al. 2018a, BVL 2015, BVL 2016b). Im Jahr 2017 wurden Kotproben erlegter Rehe und das Fleisch von Wildwiederkäuern auf STEC untersucht. Es zeigte sich, dass sowohl im Kot der Tiere (40,2%, 144/358 Proben) als auch im Fleisch aus dem Einzelhandel (29,8%, 106/356 Proben) ausgesprochen

häufig STEC nachgewiesen werden konnten. Ersteres war bei Wiederkäuern zu erwarten. Die Kontaminationsrate des Wildfleisches war darüber hinaus deutlich höher als dies in der Vergangenheit für Rindfleisch oder Kalbfleisch (je etwa 5 % positive Proben) beschrieben wurde. Zudem war die Kontaminationsrate höher als die für Fleisch von Wildwiederkäuern in der Vergangenheit beschriebene STEC-Prävalenz von 16,2 % (BVL 2014; Tenhagen 2009). Hinsichtlich der Kontaminationsrate zeigten sich auch numerische Unterschiede zwischen Fleisch von Gatterwild und solchem von Wild aus freier Wildbahn. Diese Unterschiede waren allerdings nicht signifikant ($p < 0,1$). Eine mögliche Ursache könnte in Unterschieden in der Lebensmittelgewinnung zwischen Gatterwild und Wild in freier Wildbahn liegen, da die Rahmenbedingungen bei Gatterwild deutlich besser kontrollierbar sind als in freier Wildbahn und es so möglicherweise zu einer geringeren Kontamination des Fleisches kommt.

Die Typisierung der STEC erfolgte vor allem anhand der O- und H-Antigene sowie des Vorkommens der Shigatoxin-kodierenden Gene *stx1* und *stx2*, des *eae*-Gens, welches das Adhäsin Intimin kodiert, sowie des Enterohämolysin-kodierenden Gens *e-hly*. Enterohämolysin ist neben Intimin ein weiterer wichtiger Virulenz-assoziiertes Faktor von STEC (Bielaszewska et al. 2014).

Eine serologische Typisierung aller Stämme ist nicht möglich, was sich in einem gewissen Anteil von Stämmen niederschlägt, die als serologisch rau, nicht typisierbar (NT) oder nicht motil (NM) charakterisiert werden. Solche Stämme müssen deshalb nicht unbedeutend sein, da sie auch in den Fallstatistiken des Robert Koch-Instituts prominent vertreten sind (RKI 2016).

Die Isolate aus dem Kot von Rehen und dem Fleisch von Wildwiederkäuern zeigten eine erhebliche Diversität bezüglich der O-Serogruppen. Dabei wurde die Serogruppe O157 nicht nachgewiesen, was mit jüngeren Ergebnissen aus anderen Ländern übereinstimmt (Rogers et al. 2018). Auch die beim Menschen häufig nach Angaben von Survstat (SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Datenstand Infektionsepidemiologisches Jahrbuch 2017, Abfrage vom 04.07.2018) im Zusammenhang mit EHEC-Erkrankungen und Fällen des hämolytisch-urämischen Syndroms (HUS) isolierten Serogruppen O26, O91 und O103 (je ein Isolat) sowie O76 (kein Isolat) wurden selten oder nicht nachgewiesen. Hingegen wurde O146 häufig im Fleisch von Wildwiederkäuern identifiziert (68/107 Isolaten, 63,6%), jedoch kaum im Kot der Rehe (ein Isolat). Ähnlich verhält es sich mit O128, das ebenfalls im Fleisch der Wildwiederkäuer häufiger (sechs Isolate) als im Kot der Rehe (drei Isolate) nachgewiesen wurde. Sowohl bei O146 als

auch bei O128 zeigten sich mehrere Isolate mit derselben Kombination an Shigatoxin-kodierenden Genen und anderen untersuchten Virulenzfaktoren (*eae*, *e-hly*). Allerdings war weder bei O146 noch bei O128 *eae* nachweisbar. Die Häufigkeit dieser Serogruppen wirft die Frage nach möglichen Kontaminationsquellen auf, da diese Serogruppen im Kot der Rehe selten identifiziert wurden. Hier sind weitergehende molekularbiologische Untersuchungen erforderlich, um festzustellen, inwieweit es sich um einen Klon handelt und ob die Quelle der Bakterien möglicherweise gar nicht das Tier ist.

Das Intimin-kodierende Gen *eae* wiesen insgesamt acht Isolate (3 % aller 266 Isolate) auf, davon ein Isolat aus Rehkot (0,8 % der 126 Isolate dieser Herkunft; Serotyp O26:H11) und fünf Isolate aus dem Fleisch von Wildwiederkäuern (4,7 % der 107 Isolate dieser Herkunft), die jeweils einem anderen Serotyp angehörten. Die beiden übrigen Isolate stammten aus Kalb- und Jungrindfleisch (10 % der 20 Isolate dieser Herkunft).

Das *e-hly*-Gen wiesen deutlich mehr Isolate auf (42,5 %, 113/266 Isolaten). Hier war der Anteil positiver Isolate bei den Isolaten aus Rehkot (42,9 %, 54/126) und Fleisch von Wildwiederkäuern (50,5 %, 54/107) am höchsten. Shigatoxin wurde mittels ELISA in etwa 84 % der 266 Isolate nachgewiesen. Bei allen Herkunftstypen dominierte *stx2* (78,9 % positive Isolate, 210/266), während *stx1* in 28,9 % der Isolate (77/266) nachgewiesen werden konnte. In insgesamt 20/266 Isolaten (7,5 %) konnten sowohl *stx1* als auch *stx2* nachgewiesen werden, wobei der Anteil bei den Isolaten aus Rehkot bei 4,8 % (6/126 Isolaten), bei den Isolaten anderer Herkunft hingegen bei 10 % (14/140) lag.

Insgesamt weisen die Ergebnisse darauf hin, dass die Erreger bei Rehen und im Fleisch von Wildwiederkäuern weit verbreitet sind.

Antibiotikaresistenz bei STEC

Die Mehrzahl der auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersuchten STEC-Isolate stammte aus Kot von erlegtem Rehwild und aus Fleisch von Wildwiederkäuern im Einzelhandel. Diese Isolate waren fast ausnahmslos (99,2 % bzw. 97,2 %) sensibel gegenüber allen Testsubstanzen. Dies entspricht den Ergebnissen anderer *E. coli* aus Rehwild (s. u.).

Auch alle Isolate (N = 9), die aus Tatar und Schabefleisch eingeschickt wurden, waren sensibel, sodass im Hinblick auf die Antibiotikaresistenz diese Produkte nicht mit einer nennenswerten Exposition des Verbrauchers einhergehen. Hingegen waren die Isolate aus Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern im Einzel-

handel (N = 20) nur zu 40 % voll sensibel. Hier wurden vor allem Resistenzen gegen Tetrazyklin (60 %; N = 12), Sulfamethoxazol (45 %; N = 9) sowie Trimethoprim (40 %; N = 8) beobachtet. Allerdings wurde auch eine Resistenz gegenüber den von der WHO als besonders wichtig eingestuften Antibiotika Ciprofloxacin (20 %) und den Cephalosporinen der 3. Generation (5 %) festgestellt. Keines der STEC-Isolate war resistent gegen das ebenfalls als besonders wichtig eingestufte Colistin. Die im Vergleich zum Rindfleisch höhere Belastung von Kalbfleisch mit resistenten Bakterien bestätigt frühere Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings (BVL 2011) und ist vermutlich nicht zuletzt auf den häufigen Einsatz von antimikrobiellen Substanzen bei Mastkälbern zurückzuführen (Niedersächsisches Ministerium für Ernährung und Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz 2011).

Von den vier STEC-Isolaten aus streichfähigen Rohwürsten waren drei resistent gegenüber Sulfamethoxazol, jedoch keines gegenüber den oben genannten von der WHO als besonders wichtig klassifizierten Substanzen.

Die Resistenz von STEC gegenüber Antibiotika ist von begrenzter klinischer Bedeutung, da Infektionen mit diesen Erregern in der Regel nicht antibiotisch therapiert werden, weil befürchtet wird, dass der Einsatz antimikrobieller Substanzen die Produktion und Freisetzung der Toxine noch fördern könnte. Allerdings wurde in jüngerer Zeit der Einsatz bestimmter Antibiotika bei Infektionen mit diesen Keimen erneut diskutiert und es wurde darauf hingewiesen, dass es offenbar Unterschiede hinsichtlich dieser unerwünschten Nebenwirkung zwischen den Antibiotika aber auch zwischen den unterschiedlichen Serotypen von STEC gibt (Rahal et al. 2015).

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 96,8 % als MRSA bestätigt. In der Bewertung der Ergebnisse wird daher wie im Ergebnisteil auf MRSA referenziert, obwohl sich die gemeldeten Prävalenzen auf das Vorkommen von MRSA-verdächtigen Isolaten beziehen.

Im Zoonosen-Monitoring 2017 wurden gemäß dem Stichprobenplan Sockentupfer aus Mastschweinebeständen sowie Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof, frisches Fleisch dieser Tiere im Einzelhandel sowie Tatar und Schabefleisch auf MRSA untersucht.

Die Nachweisraten in Sockentupferproben aus Mastschweinebeständen (38,1 %) bestätigen, dass diese

Bakterien in Mastschweinebeständen noch immer häufig sind. Verglichen mit einer Studie aus dem Jahr 2008, in der auch Mastschweinebestände untersucht wurden (Alt et al. 2011), war die Nachweisrate in 2017 etwas geringer (38,1% vs. 51%). Allerdings war in der Studie 2008 ein Pool aus fünf Staubproben untersucht worden und es ist nicht ausgeschlossen, dass dieses Probenahmeverfahren eine höhere Sensitivität hat als die Sockentupfer. Verglichen mit den Sockentupfern, die im Zoonosen-Monitoring im Jahr 2015 in Gruppen von Zuchtschweinen (26,3%) und Mastläufern (41,3%) genommen wurden, lag die nachgewiesene Prävalenz zwischen den beiden Werten, was die Hypothese untermauert, dass die Prävalenz von MRSA bei den abgesetzten Läufer Schweinen am höchsten ist (Bangerter et al. 2016).

Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wurden zuletzt 2012 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings auf MRSA untersucht. Die Nachweisrate war 2017 (39,7%) etwas niedriger als 2012 (45,0%) (BVL 2014), aber etwas höher als 2009 (35,1%) (BVL 2011). Diese Unterschiede zu 2009 und 2012 waren aber jeweils nicht signifikant.

Frisches Kalb- und Jungrindfleisch im Einzelhandel war in etwa so häufig positiv (11,3%) für MRSA wie 2009 (12,4%) und 2012 (10,5%) (BVL 2011, 2014). Tatar und Schabefleisch waren etwas seltener positiv (6,9%), was aber die geringen Nachweisraten auf Rindfleisch in den Jahren 2010 und 2013 bestätigt (BVL 2012, 2015).

Die meisten nachgewiesenen Isolate von MRSA waren anhand ihres *spa*-Typs dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 zuzuordnen, was die Ergebnisse der vergangenen Jahre bestätigt. Bei den Isolaten von Mastkälbern galt dies ausnahmslos, auch Isolate aus Mastschweinebeständen wiesen – bis auf ein Isolat, das den *spa*-Typ t1430 (CC9) aufwies – diesen klonalen Komplex auf. Wie in den vergangenen Jahren waren Isolate anderer klonaler Komplexe im Zoonosen-Monitoring 2017 vor allem im Fleisch im Einzelhandel nachzuweisen. Hier wurden drei Isolate mit dem *spa*-Typ t127 (CC1) und ein Isolat mit dem *spa*-Typ to32 (Multi-Lokus-Sequenztyp 22) nachgewiesen. Während t127 bei Rindern (Tenhagen et al. 2014, BVL 2015) und auch bei Schweinen (EFSA 2009, Franco et al. 2011) häufiger beschrieben wird, deutet der Nachweis des beim Menschen häufigen to32 auf eine sekundäre Kontamination des Fleisches möglicherweise über Beschäftigte in der Lebensmittelverarbeitung hin. Ähnliches wurde auch für in Wildschweinfleisch nachgewiesenen MRSA postuliert (Kraushaar und Fetsch 2014).

Die Bedeutung der Kontamination des Lebensmittels mit MRSA wird aus der Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes nach wie vor als gering eingeschätzt. Grundsätzlich ist jedoch immer die Möglich-

keit gegeben, dass der Erreger über Lebensmittel in den Haushalt von Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangt und dort verschleppt wird. Hierbei spielen vor allem Kreuzkontaminationen bei der Zubereitung von Rohfleisch eine Rolle (Fetsch et al. 2015).

Resistenzsituation bei MRSA

MRSA sind definitionsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Hinsichtlich ihrer Resistenz gegen Antibiotika unterschieden sich die Isolate zwischen den Isolaten von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof und den Isolaten aus Mastschweinebeständen kaum. Lediglich gegenüber den Aminoglykosiden Gentamicin und Kanamycin waren die Resistenzraten bei Isolaten von Schweinen geringer (9% bis 10%) als bei denen von Kälbern (je ca. 25%). Gegenüber Streptomycin verhielt es sich jedoch umgekehrt (27,0% vs. 13,5%).

Die Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wiesen im Vergleich zur Erhebung aus dem Jahr 2012 gegenüber den meisten Substanzen numerisch geringere Resistenzraten auf. Ein leichter Anstieg wurde nur bei der Resistenz gegenüber Ciprofloxacin beobachtet (von 20,5% in 2012 auf 24,1% in 2017).

Die Isolate aus Mastschweinebeständen wiesen gegenüber den Isolaten von Läufer Schweinen und Zuchtsauen aus dem Jahr 2015 bei vielen Substanzen jeweils geringfügig geringere Resistenzraten auf (BVL 2016b). Etwas höhere Resistenzraten wurden gegenüber Clindamycin und Quinupristin/Dalfopristin beobachtet. Die Ursachen für diese geringfügigen Verschiebungen sind nicht bekannt.

Der Anteil Tetrazyklin-resistenter Isolate lag in allen Herkunftsnach wie vor hoch (zwischen 84,2% und 98,5%), was im Gegensatz zur Situation in der Humanmedizin steht, wo dieser Anteil deutlich niedriger ist. In den letzten Jahren steigt der Anteil Tetrazyklin-resistenter Isolate in der Humanmedizin allerdings an (Layer et al. 2018). Ob diese Tendenz mit dem Anstieg des Anteils der Einsendungen von humanen CC398-Isolaten an das Nationale Referenzzentrum (NRZ) in Wernigerode (7,0% in 2017 gegenüber 4,7% in 2014/15) zu erklären ist, ist nicht bekannt (Layer et al. 2018).

Kommensale *E. coli*

Kommensale *E. coli* werden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 bei pflanzlichen Lebensmitteln als Indikator möglicher fäkaler Kontamination betrachtet. Die Untersuchung weiterer Populationen

dient der Gewinnung von Isolaten zur Resistenztestung. Die quantitative Untersuchung tiefgefrorener Himbeeren auf *E. coli* als Hygieneindikator ergab keine positiven Ergebnisse. Dies deutet einerseits darauf hin, dass die hygienische Qualität tiefgefrorener Himbeeren im Einzelhandel zufriedenstellend ist und andererseits tiefgefrorene Himbeeren als Überträger möglicherweise resistenter *E. coli* eine sehr untergeordnete Rolle spielen. In Übereinstimmung damit wurden auch in der Vergangenheit keine *E. coli* auf Erdbeeren (Zoonosen-Monitoring 2014) und Tomaten (Zoonosen-Monitoring 2016) nachgewiesen (BVL 2015, 2017). In einer italienischen Studie wurden vereinzelt auf Brombeeren *E. coli* nachgewiesen, ohne dass die Autoren eindeutige Hinweise auf die mögliche Kontaminationsquelle hatten. In einem Fall wurden *E. coli* mit einer Keimzahl von 45.000 KbE/g nachgewiesen, was die möglicherweise punktuelle Kontamination solcher Lebensmittel unterstreicht (Macori et al. 2018).

Kommensale *E. coli* zur Resistenztestung wurden aus verschiedensten Herkünften untersucht und wie in den vergangenen Jahren gab es erhebliche Unterschiede in der Resistenz dieser Isolate gegenüber antimikrobiellen Substanzen (BVL 2016b, 2017). Besonders niedrige Resistenzraten wurden bei Isolaten aus Rehwild und Wildfleisch nachgewiesen. Dies entspricht den Erwartungen, weil die Mikrobiota dieser Tiere in der Regel keinem oder im Falle des Eintrags antimikrobieller Substanzen über Dung/Gülle oder Abwässer nur einem geringen Selektionsdruck ausgesetzt sind. So wurden auch bei den *E.-coli*-Isolaten aus Wildschweinen im Jahr 2016 geringe Resistenzraten beobachtet (BVL 2017), ebenso wie bei Isolaten aus Fleisch von Wildschweinen aus dem Jahr 2011 (BVL 2013).

Im Hinblick auf ihr Resistenzmuster unterschieden sich Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch kaum nach ihrer Herkunft von Mastschweinen im Bestand bzw. aus Blinddarminhalt von Schlachtschweinen. Isolate aus beiden Herkünften waren zu etwa der Hälfte (48,1% bzw. 49,8%) empfindlich gegen alle Testsubstanzen. Damit waren sie häufiger sensibel als die Isolate von Zuchtschweinen (45,2%) und Mastläufern (29,6%, $p < 0,05$) sowie Schlachtschweinen (38,2%, $p < 0,05$), die im Jahr 2015 untersucht wurden. Auch gegenüber Isolaten von Mastschweinen aus dem Jahr 2011 war der Anteil sensibler Isolate deutlich erhöht. Allerdings ist hier zu berücksichtigen, dass sich zwischen 2011 und 2014 das Panel untersuchter Substanzen leicht veränderte, was zu der Differenz beigetragen haben könnte.

Im Hinblick auf die Einzelsubstanzen ergaben sich bei den Mastschweinen im Bestand im Vergleich zu den Befunden bei Zuchtschweinen aus dem Jahr 2015

kaum Unterschiede. Gegenüber den Mastläufern ergab sich mit Ausnahme von Gentamicin für jede Substanz eine numerisch geringere Resistenzrate.

Bei den Ergebnissen für Schlachtschweine der Jahre 2015 und 2017 ergaben sich geringfügige Unterschiede für die Substanzen mit geringen Resistenzraten, aber etwas deutlichere Unterschiede für Ampicillin (29,1% vs. 33,0%), Sulfamethoxazol (30,0% vs. 35,4%) und Tetrazyklin (36,6% vs. 44,8%). Diese waren aber statistisch nicht signifikant.

Gegenüber den Mastschweinen aus dem Jahr 2011 waren Unterschiede ebenfalls vor allem für die Substanzen festzustellen, die 2011 besonders hohe Resistenzraten aufwiesen (v. a. Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin), während der Unterschied bei den Substanzen mit tendenziell niedrigen Resistenzraten ($< 10\%$) gering war, darunter auch die besonders wichtigen Cephalosporine der 3. Generation, die Fluorchinolone und Colistin. Insgesamt deutet sich damit ein mäßiger Rückgang der Resistenzraten bei *E.-coli*-Isolaten aus Mastschweinen an.

Zwischen den Isolaten aus Schweinefleisch 2015 und denen aus Hackfleisch 2017 ergaben sich Unterschiede vor allem für die Substanzen Ampicillin (22,2% vs. 34,0%) und Sulfamethoxazol (20,2% vs. 26,0%) (BVL 2016b). Ähnlich verhält es sich im Vergleich zu Isolaten aus Schweinefleisch aus dem Zoonosen-Monitoring 2011 (BVL 2013). Kleine Unterschiede in den Resistenzraten sind bei den Isolaten aus Schweinefleisch vorsichtig zu bewerten, weil die Zahl der Isolate deutlich geringer ist als bei denen aus Kot- und Blinddarmproben im Bestand und am Schlachthof.

Isolate aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof unterschieden sich 2017 kaum von denen aus dem Jahr 2015. Von den Isolaten waren 53,3% sensibel für alle Testsubstanzen (2015: 53,9%). Größere numerische Unterschiede ergaben sich bei der Resistenz gegen Ampicillin, die häufiger war als 2015 (36,0% vs. 31,9% in 2015), und Sulfamethoxazol, die etwas seltener war als 2015 (31,0% vs. 37,2%). Gegenüber 2012 (BVL 2014) waren mehr Isolate sensibel gegen alle Testsubstanzen (53,3% vs. 45,6%), allerdings ist hier wieder das veränderte Untersuchungspanel zu berücksichtigen. Verringerte Resistenzraten in 2017 gegenüber 2012 ergaben sich v. a. für Ciprofloxacin (9,1% vs. 15,1%), Ampicillin (36,0% vs. 54,4%), Sulfamethoxazol (31,0% vs. 53,4%), Trimethoprim (26,4% vs. 46,6%) und Tetrazyklin (37,2% vs. 44,7%), während die Resistenzraten gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation (2,1% vs. 1,0%) und gegenüber Colistin (2,5% vs. 0,9%) numerisch höher waren.

Die Resistenzraten der Isolate aus Tatar und Schabefleisch waren weniger häufig sensibel gegen alle Testsubstanzen (72,9 %) als Rindfleischisolate aus dem Jahr 2015 (88,5 %). Sie wiesen häufiger eine Resistenz gegen die Cephalosporine der 3. Generation (5,1 % vs. 0 %) sowie gegen Ciprofloxacin (6,8 % vs. 1,9 %) auf. Auch die Resistenz gegen Ampicillin und Tetrazyklin war häufiger als 2015 (jeweils 18,6 % vs. 3,8 % bzw. 9,6 %). Dabei ist zu bedenken, dass Tatar und Schabefleisch stärker bearbeitet sind als das Rindfleisch 2015 und es in diesem Zusammenhang möglicherweise auch zu einer sekundären Kontamination des Fleisches aus dem Umfeld kommen kann.

Die Isolate aus streichfähigen Rohwürsten waren ähnlich häufig sensibel gegen alle Substanzen wie die Hackfleischisolate vom Schwein. Auch bei den einzelnen Substanzen ergaben sich geringe Abweichungen, die jedoch statistisch nicht signifikant waren.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und/oder Carbapenemase-bildende *E. coli*

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2017 bestätigten bisherige Erkenntnisse aus nationalen Forschungsprojekten (www.reset-verbund.de) und dem Zoonosen-Monitoring 2013 bis 2016 (BVL 2015, 2016a, b, 2017), dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in der landwirtschaftlichen Tierhaltung weit verbreitet sind. Nach Anwendung selektiver Nachweisverfahren konnten in allen Stufen der untersuchten Schweinefleischkette, der Rindfleischkette sowie im Kot von Rehen und im Fleisch von Wildwiederkäuern *E. coli* nachgewiesen werden, die gegen die Cephalosporine der 3. Generation resistent und damit verdächtig waren, diese Enzyme zu bilden. Aufgrund der besonderen Bedeutung der Cephalosporine der 3. und 4. Generation für die Therapie des Menschen (highest priority critically important antimicrobials) (WHO 2017) ist dieser Befund besorgniserregend, weil er für eine häufige Exposition des Menschen gegenüber solchen Bakterien über das Lebensmittel spricht.

In etwa der Hälfte der Kotproben aus den Mast Schweinebeständen (45,6 %) und den Blinddarminhalten von Schlachtschweinen (47,0 %) wurden ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* gefunden. Dieser Wert liegt in derselben Größenordnung wie die Nachweisraten in Kot aus Zuchtschweinebeständen (53,9 %) und von Läufer Schweinen (47,6 %) sowie in Blinddarminhalten von Schlachtschweinen in 2015 (46,3 %). Wie im Jahr 2015 war die Nachweisrate in Schweinefleisch deutlich ge-

ringer (5,5 %, 2015: 5,7 %). Dies unterstreicht, dass der Schlachtprozess beim Schwein die Übertragung von Keimen aus dem Darm auf den Schlachtkörper wirkungsvoll begrenzt. Es zeigt aber auch, dass es im Hinblick auf die Häufigkeit des Vorkommens dieser Bakterien beim Schwein keinen Fortschritt gibt.

Ähnlich verhält es sich bei den Proben von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof. Hier wurden 2017 sogar häufiger ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* nachgewiesen (68,0 %) als 2015 (60,6 %). Im Rindfleisch unterschied sich die Nachweisrate (4,4 %) nicht deutlich von der aus dem Jahr 2015 (4,0 %).

Aus tiefgefrorenen Himbeeren konnten keine ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* isoliert werden. Dies entspricht den geringen Nachweisraten für solche *E. coli* in frischem Obst, die auch in den vergangenen Jahren beobachtet wurden (BVL 2015, 2017) bzw. dem fehlenden Nachweis von *E. coli* auf Himbeeren im diesjährigen Zoonosen-Monitoring (s.o.). Im Gegensatz dazu wurden auf frischen Kräutern, Blattsalaten und Sprossen im Monitoring 2014 bis 2016 bei etwa 2 % der Proben ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* nachgewiesen (BVL 2016a, b, 2017). Dies stimmt auch mit Berichten aus der Literatur überein (Zurfluh et al. 2015, Freitag et al. 2018).

Hinsichtlich der Typisierung der Cephalosporin-resistenten *E. coli* auf Basis der Ergebnisse der phänotypischen Resistenztestung entsprechend den EFSA-Kriterien zeigten sich die meisten Isolate unabhängig von ihrer Herkunft als vermutliche ESBL-Bildner (83,7 %). Ein kleiner Teil der Isolate wies „nur“ die Fähigkeit auf, AmpC Beta-Laktamasen zu bilden (7,8 %). Bei weiteren 5,8 % der Isolate deuteten die Ergebnisse der phänotypischen Resistenztestung darauf hin, dass sie beide Enzymarten bilden können. Insgesamt wiesen damit 89,9 % der Isolate die Fähigkeit auf, ESBL zu bilden, und 13,5 % die Fähigkeit, AmpC Beta-Laktamasen zu bilden.

Von den 13 Isolaten, die phänotypisch verdächtig waren, eine Carbapenemase bilden zu können, wurden zwei als echte Carbapenemase-Bildner bestätigt. Beide Isolate besitzen das Gen zur Produktion des Enzyms VIM-1.

Dabei war das Schlachthofisolat nicht im Rahmen des spezifischen Carbapenemasen-Monitorings, sondern im Rahmen des spezifischen ESBL/AmpC-Monitorings identifiziert worden. Dies erklärt sich dadurch, dass Isolate, die Carbapenemasen bilden können, in der Regel auch resistent gegen die Cephalosporine der 3. Generation sind und somit auch bei der selektiven Isolierung von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* wach-

sen. Bemerkenswert ist allerdings, dass das spezifische Carbapenemase-Monitoring in derselben Probe keinen Nachweis erbrachte. Dies deutet auf Schwächen in der Sensitivität dieser Methode hin, die auch schon vorher beschrieben wurden (Irrgang et al. 2017a).

Im Zoonosen-Monitoring 2017 wurden nur in den beiden oben beschriebenen Fällen Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen, während in den Programmen zur Untersuchung von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof und von frischem Rind- und Schweinefleisch im Einzelhandel diese Bakterien nicht nachgewiesen wurden bzw. die isolierten verdächtigen Bakterien im NRL nicht als Carbapenemase-bildende *E. coli* bestätigt werden konnten. Dies stimmt mit den Untersuchungen der vergangenen Jahre überein. Hier wurden Carbapenemase-bildende *E. coli* nur in einem Fall im Blinddarminhalt von Schweinen im Rahmen der selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2016b, Irrgang et al. 2017b).

Clostridium difficile

Clostridium (C.) difficile ist der häufigste Erreger nosokomialer Durchfallerkrankungen des Menschen (von Müller 2016). *C. difficile* vermehrt sich im Darm von Warmblütern. Die Sporen lassen sich fast überall in der Umwelt nachweisen. Nach oraler Aufnahme keimen die Sporen im Intestinaltrakt aus und können vorübergehend oder chronisch den Dickdarm besiedeln (von Müller 2016). Altersabhängig sind viele Menschen mit diesem Keim kolonisiert ohne zu erkranken. Bei der Entstehung der Erkrankung spielen die Toxine des Erregers zusammen mit einer Dysbiose eine entscheidende Rolle (von Müller 2016).

C. difficile wurde im Zoonosen-Monitoring 2017 erstmals freiwillig in Proben von Hackfleisch vom Schwein untersucht. Zwei der untersuchten 148 Proben waren positiv für *C. difficile*. Beide Stämme waren toxinogen. Sie gehörten den Ribotypen (RT) 078 und 001 an, die beide auch 2017 beim Menschen im Rahmen von *C.-difficile*-Erkrankungen nachgewiesen wurden (SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Datenstand Infektionsepidemiologisches Jahrbuch 2017, Abfrage vom 11.07.2018). Der RT001 stellt einen der häufigsten Ribotypen bei humanen *C.-difficile*-Infektionen (CDI) in Deutschland dar (von Müller et al. 2015). Der RT078 ist dagegen ein bei Isolaten vom Schwein sehr häufig anzutreffender Ribotyp (Schneeberg et al. 2013), sodass hier eine Verschleppung aus dem Tierbestand denkbar wäre. Für genauere Aufschlüsse bedarf es jedoch weitergehender Untersuchungen entlang der Lebensmittelkette. Da Hackfleisch in Deutschland auch häufig

roh verzehrt wird, ist von einer Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber diesem Keim über das Lebensmittel Hackfleisch auszugehen. Ob und ggf. wie häufig dies zur Besiedlung des Menschen oder gar zu Erkrankungen des Menschen führt, ist derzeit nicht bekannt und bedarf weiterer Untersuchungen.

Hepatitis A und Norovirus

Viren in pflanzlichen Lebensmitteln waren in der jüngeren Vergangenheit mehrfach Ursache von lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen mit z.T. erheblichen Erkrankungszahlen (Tavoschi et al. 2015). Insbesondere das Hepatitis-A-Virus wurde in einem großen internationalen Ausbruch über Beeren übertragen (Scavia et al. 2017), aber auch Noroviren wurden mit dem Vehikel Beeren in einem großen Ausbruch in Deutschland auf den Menschen übertragen (Mäde et al. 2013). Im Zoonosen-Monitoring 2017 wurden tiefgefrorene Himbeeren auf Hepatitis-A-Viren untersucht, aber in keiner Probe gefunden. Dies deutet darauf hin, dass Hepatitis-A-Viren sehr selten auf Beeren gefunden werden können, und stimmt mit dem fehlenden Nachweis auf italienischen Beeren im Rahmen einer kürzlich publizierten Untersuchung überein (Macori et al. 2018). Aufgrund des häufig rohen Verzehrs dieser Beeren kann es jedoch in Ausnahmefällen zu lebensmittelbedingten Erkrankungen oder Erkrankungshäufungen kommen. Um die mögliche Rolle von Beeren als Vehikel verschiedener Viren besser abschätzen zu können, sollten ggf. risikoorientierte Probenahmen mit deutlich erhöhter Probenzahl durchgeführt werden. Zu empfehlen wäre auch eine gesteigerte Wachsamkeit, wenn Hepatitis-A-Infektionen beim Menschen gehäuft auftreten.

Im Gegensatz zu Hepatitis-A-Viren wurden Noroviren in einer Probe gefunden. Dies bestätigt, dass Beeren Überträger dieser Viren sein können und im Falle lebensmittelbedingter Krankheitsausbrüche als verursachendes Lebensmittel unbedingt in Betracht gezogen werden müssen, insbesondere da diese Lebensmittel häufig ohne Erhitzung verzehrt werden. Es unterstreicht auch die Notwendigkeit einer ausreichenden Hygiene bei Gewinnung, Lagerung, Transport und Zubereitung von rohen Früchten. Das BfR empfiehlt, Tiefkühlbeeren vor dem Verzehr immer gut durchzu-erhitzen (BfR 2013). In der bereits zitierten italienischen Studie waren Noroviren nicht auf Beeren nachgewiesen worden (Macori et al. 2018).

Enterokokken

Enterokokken der Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* werden für das Monitoring der Resistenzsituation im grampositiven Bereich als Indikatoren herangezogen. Der Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU sieht ihre Untersuchung im Blinddarminhalt von Schlachttieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2017 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Mastkälbern und von Mastschweinen bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Dabei zeigten sich, wie im Vorjahr, Unterschiede in den Resistenzen zwischen den Bakterienspezies: höhere Resistenzraten von *E. faecalis* gegenüber Tetrazyklin (78,0% vs. 32,5% bei *E. faecium*) und gegenüber Chloramphenicol (23,2% vs. 0%). Andererseits wiesen *E. faecium* Resistenzen gegenüber Ciprofloxacin und Ampicillin auf (je 14,6%), die bei *E. faecalis* nicht beobachtet wurden. Dies stimmt mit den Ergebnissen zu Isolaten von Masthähnchen und Mastputen aus dem Zoonosen-Monitoring 2016 überein, bei dem die Teilnahme an dem Programm noch freiwillig war (BVL 2017). Eine Resistenz gegen das Makrolid Erythromycin war bei beiden Spezies häufig vorhanden, wobei die höchste Nachweisrate von *E. faecium* bei Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof beobachtet wurde. Bei dieser Herkunft war der Anteil resistenter Isolate bei *E. faecium* signifikant höher als bei *E. faecalis*, während er 2016 bei *E. faecalis* aus Masthähnchen am höchsten war (allerdings war 2016 aufgrund der begrenzten Zahl untersuchter Isolate kein signifikanter Unterschied festzustellen).

Gegenüber Linezolid, Teicoplanin und Vancomycin wurde 2017 bei beiden Spezies aus beiden Herkünften keine Resistenz nachgewiesen. Auch in der Humanmedizin sind Resistenzen gegenüber Teicoplanin und Vancomycin mit weniger als 0,1% der untersuchten *E.-faecalis*-Isolate selten. Bei *E. faecium* kommen sie jedoch häufiger vor (Teicoplanin 8,1%, Vancomycin 12,0%, <https://ars.rki.de>, Daten zu 2016, Datenstand 11.08.2017, Abfrage vom 11.07.2018). Auch Resistenzen gegenüber Gentamicin, die bei *E. faecalis* vereinzelt vorkamen (insgesamt 3,7%), sind in der Humanmedizin bei *E. faecalis* (27,7%) und *E. faecium* (18,4%) deutlich häufiger. Allerdings handelte es sich bei den insgesamt vier resistenten Isolaten (3 × *E. faecalis*, 1 × *E. faecium*) jeweils um Resistenzen mit einer MHK von > 1024 mg/l.

Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Salmonella spp.

Proben von Mischfuttermitteln für Legehennen aus Mischfutterwerken waren zu 1,0 % mit *Salmonella* spp. verunreinigt. Die Ergebnisse zeigen, dass durch die Verfütterung von Mischfuttermitteln an Legehennen ein Eintrag von Salmonellen in die Legehennenbestände möglich ist. Hierauf weisen auch die Typisierungsergebnisse der eingeschickten *Salmonella*-Isolate hin. Das in den Futtermitteln gefundene Serovar *Salmonella* Agona wurde auch im Rahmen der amtlichen Überwachung in Legehennenbetrieben wiederholt nachgewiesen. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass eine hohe Sorgfalt bei der Be- und Verarbeitung von Futtermitteln notwendig ist, da trotz der thermischen Behandlung in den Futtermittelwerken eine Kontamination bzw. Rekontamination der Futtermittel mit Salmonellen nicht ausgeschlossen werden kann.

In Kotproben von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben wurden *Salmonella* spp. zu 7,9 % und in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof zu 6,1 % nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre. Die Nachweisrate von Salmonellen in Kotproben von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben der Kategorie I (5,0 %) war deutlich geringer als die Salmonellen-Nachweisrate in Kotproben von Mastschweinen aus Betrieben der Kategorie III (30,0 %). Damit bestätigen die Untersuchungen, dass die serologische Kategorisierung der Mastbetriebe nach der Schweine-Salmonellen-Verordnung eine Beziehung zu den bakteriologischen Befunden der Schweine in diesen Betrieben aufweist. Sie zeigen aber, dass auch von Mastschweinen aus Betrieben der Kategorie I ein Risiko für eine Kontamination des Fleisches im Rahmen der Schlachtung ausgeht, da auch in diesen Betrieben mit infizierten Schweinen zu rechnen ist. Vergleichbare Ergebnisse wurden bereits im Zoonosen-Monitoring 2011 und 2015 erzielt. Schweineschlachtkörper waren im Zoonosen-Monitoring 2017 mit 2,9 % positiver Proben tendenziell seltener mit *Salmonella* spp. kontaminiert als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2011:

4,0 % positive Proben; 2015: 4,5 % positive Proben). Dasselbe gilt für Schweinehackfleisch. Während im Zoonosen-Monitoring 2009 und 2011 jeweils 5 % bzw. 1,3 % der Hackfleischproben positiv für Salmonellen waren, betrug die Salmonellen-Nachweisrate in Schweinehackfleisch im Zoonosen-Monitoring 2017 nur noch 0,7 %. Trotz der relativ geringen Kontaminationsrate mit Salmonellen stellt Schweinefleisch aufgrund des teilweise üblichen Rohverzehrs (z. B. als Mett) eine wichtige Infektionsquelle für den Menschen mit Salmonellen dar.

In Proben von streichfähigen Rohwürsten wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Somit lässt sich eine besondere Bedeutung von streichfähigen Rohwürsten als Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Salmonella* spp. aus diesen Ergebnissen nicht ableiten. Wie die Ergebnisse vor dem Hintergrund nachgewiesener Salmonellose-Ausbrüche durch streichfähige Rohwürste einzuordnen ist, sollte gegebenenfalls Gegenstand weiterer Untersuchungen sein.

Wildwiederkäuerfleisch scheint als Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Salmonella* spp. von untergeordneter Bedeutung zu sein, da nur 0,8 % der Proben *Salmonella*-positiv waren. Dies konnte bereits im Zoonosen-Monitoring 2012 gezeigt werden, da hier in keiner Probe von Wildwiederkäuerfleisch Salmonellen nachgewiesen wurden.

Die höchsten Resistenzraten traten bei den *Salmonella*-Isolaten aus Kotproben von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben auf: 92,9 % der Isolate waren gegenüber mindestens einem Antibiotikum resistent. Ähnlich hohe Resistenzraten wurden auch bei *Salmonella*-Isolaten aus Kotproben von Mastschweinen und Läufern im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre gesehen. Im Vergleich hierzu wiesen *Salmonella*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof eine geringere Resistenzrate (61,9 % resistente Isolate) auf. Dieser Unterschied steht im Zusammenhang mit dem höheren Anteil an Isolaten des Serovars *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante – die

sich durch hohe Resistenzraten auszeichnen – in Kotproben im Vergleich zu Proben von Blinddarminhalt. Die Resistenzrate der *Salmonella*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mast Schweinen war im Zoonosen-Monitoring 2017 geringer (61,9%) als im Jahr 2015, in dem sie bei 82,6% lag. Auch dies ist auf den niedrigeren Anteil an *S. Typhimurium* im Blinddarminhalt von Schlachtschweinen im Zoonosen-Monitoring 2017 im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2015 zurückzuführen. *Salmonella*-Isolate von den Schlachtkörpern von Schweinen waren wie im Zoonosen-Monitoring 2015 zu etwa 75% resistent. Vereinzelt traten bei *Salmonella*-Isolaten aus der Lebensmittelkette Mast Schweine Resistenzen gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation, Ciprofloxacin und Colistin auf. Dies bedarf der weiteren Beobachtung, da es sich hierbei um in der Humanmedizin wichtige Antibiotika handelt.

Die *Salmonella*-Isolate aus Wildfleisch, bei denen es sich überwiegend um *S. Enteritidis* handelte, waren gegenüber allen Testsubstanzen sensibel.

***Campylobacter* spp.**

In Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 78,8% und damit etwa genauso häufig wie im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres (76,9% positive Halshautproben) nachgewiesen. Auch der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1000 KbE/g ist mit 22,7% etwa gleich geblieben (2013: 19,4%; 2016: 24,1%). Das trifft auch für die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch zu. Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 51,5% und damit auf demselben Niveau wie in den Jahren zuvor (2014: 54,0% positive Proben, 2016: 47,2% positive Proben). In 9,1% der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen. Bereits in vorherigen Untersuchungen konnte gezeigt werden, dass in Fleischproben deutlich niedrigere Keimzahlen auftreten als auf Schlachtkörpern. Die höchste gemessene Keimzahl lag hier bei 680 KbE/g. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass Verbesserungen bei der Geflügelfleischhygiene weiterhin unbedingt erforderlich sind, um das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in der Geflügelfleischkette zu verringern. Hierzu soll das seit dem Jahr 2018 geltende Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern von 1000 KbE/g beitragen, da bei Nichteinhaltung der Anforderungen entsprechende Maßnahmen zur Sicherstellung der Prozesshygiene eingeleitet werden müssen.

Im Blinddarminhalt geschlachteter Schweine wurden *Campylobacter* spp. häufig nachgewiesen (75,5% positive Proben). Die Ergebnisse liegen in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2015 (73,1% positive Proben) und bestätigen, dass Schweine ein Reservoir für *Campylobacter* darstellen. Allerdings scheint der Schlachtprozess bei Schweinen die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. sehr wirkungsvoll zu verhindern, da frisches Schweinefleisch nur sehr selten mit *Campylobacter* kontaminiert ist, wie die Ergebnisse aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre zeigen (0,2% bis 0,5% positive Proben).

Wildwiederkäuer sind nur selten Träger von *Campylobacter* spp.: Lediglich 0,8% der Kotproben waren *Campylobacter*-positiv. Entsprechend selten war auch das Fleisch mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (0,8% positive Proben). Frisches Wildwiederkäuerfleisch, das im Zoonosen-Monitoring 2012 untersucht wurde, wies eine vergleichbare Kontaminationsrate von 0,5% auf. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass Wildwiederkäuerfleisch als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Campylobacter* von untergeordneter Bedeutung zu sein scheint.

Wie in den vergangenen Jahren wiesen *Campylobacter coli*-Isolate – die Spezies, die bei Schweinen überwiegend nachgewiesen wird – höhere Resistenzraten auf als Isolate von *Campylobacter jejuni*. Die Resistenzrate der *C. coli*-Isolate von Schlachtschweinen lag bei 93,9% und deckt sich fast mit dem im Zoonosen-Monitoring 2015 beobachteten Wert von 94,7%. Auffallend war aber, dass 2017 mehr Isolate (53,8%) gegenüber Ciprofloxacin resistent waren als im Jahr 2015 (42,8%). Die Ursache hierfür ist nicht bekannt.

Listeria monocytogenes

Tatar/Schabefleisch war mit 11,2% positiver Proben häufig mit *L. monocytogenes* kontaminiert. Mittels der quantitativen Methode wurden allerdings keine Keimgehalte an *L. monocytogenes* gemessen, die den kritischen Wert von 100 KbE/g für verzehrfertige Lebensmittel nach der Verordnung 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel überschritten haben (max. 35 KbE/g). Dennoch zeigen die Ergebnisse, dass Tatar/Schabefleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *L. monocytogenes* darstellt, zumal Tatar in der Regel roh verzehrt wird und eine Vermehrung vorhandener Listerien im Fleisch während der Lagerung nicht ausgeschlossen werden kann. Von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten

Menschen sowie Schwangeren sollte Tatar/Schabefleisch nur nach gründlicher Durcherhitzung verzehrt werden.

In 12,2% der Proben von streichfähigen Rohwürsten wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. In einzelnen Proben wurden Keimgehalte an *L. monocytogenes* gemessen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen (220 KBE/g und 550 KBE/g). Somit stellen streichfähige Rohwürste ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit *L. monocytogenes* dar. Empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sollten auf den Verzehr dieser Produkte verzichten.

Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli* (STEC/VTEC)

Mit 40,2% positiver Kotproben waren Rehe häufig Träger von STEC/VTEC. Die Nachweisrate von STEC/VTEC in frischem Fleisch von Wildwiederkäuern lag bei 29,8% und war damit nahezu doppelt so hoch wie im Zoonosen-Monitoring 2012, in dem 16,1% der Proben von Wildwiederkäuerfleisch positiv für STEC/VTEC waren. Im Vergleich hierzu lag die STEC/VTEC-Nachweisrate von frischem Rindfleisch, das im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre untersucht wurde, bei nur etwa 2%, obwohl ebenfalls ein erheblicher Teil der untersuchten Mastrinder mit STEC/VTEC besiedelt war (etwa 20% positive Kotproben). Höhere Kontaminationsraten von Wildfleisch im Vergleich zu Fleisch von Nutztieren stehen vermutlich mit den besonderen Bedingungen bei der Wildfleischgewinnung im Zusammenhang, die im Vergleich zum Schlachtprozess mit einem erhöhten Risiko einer Kontamination mit Keimen einhergeht (z. B. durch schussbedingte Verletzungen des Verdauungstrakts, geringeren Ausblutungsgrad im Vergleich zu Schlachttieren und verzögertes Ausweiden der Wildkörper). Hiermit ließen sich auch die tendenziell höheren Kontaminationsraten von Wildwiederkäuerfleisch erjagter Tiere (29,8%) gegenüber Fleisch von Gatterwild (18,1%) erklären, da dieses ebenfalls unter besser kontrollierbaren Bedingungen gewonnen wird und somit einem geringeren Kontaminationsrisiko ausgesetzt ist. Wildwiederkäuerfleisch deutscher Herkunft (33,8% positive Proben) war deutlich häufiger mit STEC/VTEC kontaminiert als Wildwiederkäuerfleisch anderer Herkunft (19,8% positive Proben). Um die Übertragung von Zoonoseerregern auf die Wildkörper und damit auf das Fleisch zu verhindern, muss deshalb eine besonders sorgfältige Hygiene bei der Gewinnung und der weiteren Behand-

lung und Vermarktung von Wildbret eingehalten werden. Die Ergebnisse zeigen, dass von Fleisch von Wildwiederkäuern ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC/VTEC ausgeht.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Fleisch von Mastkälbern/Jungrindern auf das Vorkommen von STEC/VTEC liegen in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre. In 6,3% der Proben von frischem Kalb- und Jungrindfleisch wurden STEC/VTEC nachgewiesen (2012: 5,5% positive Proben). In Proben von frischem Rindfleisch wurden STEC/VTEC im Rahmen des Zoonosen-Monitorings der Vorjahre regelmäßig deutlich seltener nachgewiesen (1% bis 2% positive Proben). Der Nachweis des *eae*-Gens bei den Isolaten – einer der Hauptvirulenzfaktoren von STEC/VTEC – unterstreicht die Bedeutung von Mastrindern und Mastkälbern bzw. Jungrindern als mögliche Quelle für schwerwiegende STEC/VTEC-Infektionen beim Menschen. Empfindlichen Verbrauchergruppen, wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren, sollte vom Verzehr von rohem Rindfleisch und daraus erzeugten Rohwurstprodukten abgeraten werden.

In Proben von Tatar/Schabefleisch wurden STEC/VTEC zu 3,5% nachgewiesen. Damit stellt Tatar ein Vehikel für die Übertragung von STEC/VTEC auf den Menschen dar, was aufgrund des üblichen Rohverzehrs von Schabefleisch besonders problematisch ist.

Streichfähige Rohwürste stellen ebenso eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit STEC/VTEC dar: 1,7% der untersuchten Proben waren positiv für STEC/VTEC.

Die STEC/VTEC-Isolate aus dem Kot von Rehen und aus Wildwiederkäuerfleisch waren fast ausnahmslos empfindlich gegenüber den getesteten antibiotischen Substanzen. Dies trifft auch für die aus Tatar/Schabefleisch gewonnenen Isolate zu. Dagegen waren etwa 60% der STEC/VTEC-Isolate aus Proben von Mastkälbern und Jungrindern resistent gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen, was mit den Ergebnissen aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre übereinstimmt und die häufige Anwendung von Antibiotika bei diesen Tiergruppen widerspiegelt. STEC/VTEC-Isolate aus streichfähigen Rohwürsten waren ebenfalls z. T. resistent gegenüber den getesteten Substanzen. Anders als bei den Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern traten hier aber keine Resistenzen gegenüber den in der Humanmedizin besonders wichtigen Antibiotika Ciprofloxacin und Cephalosporinen der 3. Generation auf.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

MRSA kommen bei Mastschweinen häufig vor: 38,1% der Proben von Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben waren positiv für MRSA. Die Nachweisrate von MRSA in Proben von Sockentupfern von Läufern im Zoonosen-Monitoring 2015 lag in derselben Größenordnung (41,3% positive Proben). Frisches Schweinefleisch wurde im Zoonosen-Monitoring der Jahre 2009 und 2015 untersucht und war zu 11,7% bzw. 13,1% mit MRSA kontaminiert.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Mastkälbern und Jungrindern sowie von frischem Kalb- und Jungrindfleisch decken sich im Wesentlichen mit den Daten der Vorjahre und bestätigen, dass MRSA bei Mastkälbern und Jungrindern häufiger nachgewiesen werden als bei Mastrindern: 39,7% der Nasentupferproben und 11,3% der Fleischproben waren positiv für MRSA. Die entsprechenden Werte bei Mastrindern aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre liegen bei etwa 8% positiver Nasentupferproben und 5% bis 8% positiver Proben von frischem Rindfleisch. Tatar/Schabefleisch wies mit 6,9% positiver Proben eine mit frischem Rindfleisch vergleichbare Nachweisrate von MRSA auf.

Die eingesandten Isolate waren erwartungsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Außerdem wiesen nahezu alle untersuchten Isolate eine für nutztierassoziierte MRSA-Stämme typische Resistenz gegenüber Tetrazyklin auf. Die Isolate von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern wiesen im Vergleich zu den Vorjahren insgesamt etwas geringere Resistenzraten auf. Allerdings hat die Resistenzrate von MRSA-Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern gegenüber dem in der Humanmedizin wichtigen Wirkstoff Ciprofloxacin leicht zugenommen.

Yersinia enterocolitica

In 0,3% der Proben streichfähiger Rohwürste wurden *Y. enterocolitica* nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass von streichfähigen Rohwürsten ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit *Y. enterocolitica* ausgeht, und unterstützen die Empfehlung, dass streichfähige Rohwürste nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden sollten.

Clostridium difficile

Mit 1,4% positiver Proben stellt Schweinehackfleisch ein potenzielles Vehikel für die Übertragung von *C. difficile* auf den Menschen dar. Die beiden aus Schweinehackfleisch stammenden *C. difficile*-Isolate waren toxinogen und vom Ribotyp 078 und 001, wobei der Ribotyp 078 häufig beim Schwein vorkommt, sodass hier Mastschweine als Quelle der Verunreinigung denkbar sind. Die Bedeutung von *C. difficile*-Stämmen von Schweinen als Auslöser für Erkrankungen beim Menschen ist derzeit Gegenstand von Forschungsaktivitäten.

Hepatitis-A-Virus

In keiner der untersuchten Proben von tiefgefrorenen Himbeeren wurden Hepatitis-A-Viren nachgewiesen, sodass sich aus diesen Ergebnissen keine größere Bedeutung von tiefgefrorenen Himbeeren als Ansteckungsquelle für den Menschen mit Hepatitis-A-Virus ableiten lässt. Trotz des günstigen Ergebnisses sollten vor dem Hintergrund nachgewiesener Hepatitis-A-Ausbrüche durch tiefgekühlte Beeren empfindliche Verbrauchergruppen Tiefkühlbeeren vor dem Verzehr gut durcherhitzen.

Norovirus

In einer Probe (0,2%) tiefgefrorener Himbeeren wurden Noroviren nachgewiesen. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass tiefgefrorene Himbeeren eine mögliche Ansteckungsquelle des Menschen mit Noroviren darstellen. Die Ergebnisse unterstreichen, wie wichtig die Einhaltung einer guten Hygienepraxis beim Anbau, der Ernte und der weiteren Verarbeitung von Beeren ist.

Kommensale *Escherichia coli*

In keiner der untersuchten Proben von tiefgefrorenen Himbeeren wurden *E. coli* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen. Da kommensale *E. coli* als Indikatorkeime für eine fäkale Kontamination gelten, sprechen die Ergebnisse für eine im Allgemeinen zufriedenstellende hygienische Qualität von tiefgefrorenen Himbeeren.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen von *E. coli*-Isolaten bestätigen die bereits in den Vorjahren beobachteten Unterschiede der Resistenzraten in Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate. Die *E. coli*-Isolate aus Kotproben von Mastschweinen aus

Erzeugerbetrieben und aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen waren jeweils zu etwa 50 % resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Damit wiesen sie eine niedrigere Resistenzrate als *E.-coli*-Isolate von Zuchtsauen (54,8 %), Läufern (70,4 %) und Schlachtschweinen (61,8 %) aus dem Zoonosen-Monitoring 2015 sowie von Mastschweinen aus dem Zoonosen-Monitoring 2011 (etwa 77 %) auf. *E.-coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern waren im Zoonosen-Monitoring 2017 zu 46,7 % und damit genauso häufig gegenüber mindestens einem Antibiotikum resistent wie im Zoonosen-Monitoring 2015 (46,1 %). Im Vergleich hierzu war die Resistenzrate der *E.-coli*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern im Zoonosen-Monitoring 2012 höher (54,4 %). *E.-coli*-Isolate aus Tatar/Schabefleisch waren zu 27,1 % und damit häufiger resistent als *E.-coli*-Isolate aus Rindfleisch aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (11,5 %). Dies hängt möglicherweise mit sekundären Kontaminationen von Tatar/Schabefleisch zusammen, zu denen es im Rahmen der Bearbeitung des Fleisches kommen kann. *E.-coli*-Isolate von Rehen und aus Wildwiederkäuerfleisch wiesen eine geringe Resistenzrate von 2 % bis 3 % auf.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden mittels selektiver Verfahren in 45,6 % der untersuchten Kotproben aus Mastschweinebetrieben und in 47,0 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, in dem ebenfalls etwa die Hälfte der Proben von Kot und Blinddarminhalt von Läufern und Mastschweinen positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* war. Frisches Schweinefleisch wies eine Kontaminationsrate an ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 5,5 % auf. Auch dieses Ergebnis stimmt mit den Werten aus 2015 überein (5,7 % positive Proben).

Im Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mit 68,0 % positiver Proben erneut deutlich häufiger nachgewiesen als im Blinddarminhalt von Mastschweinen. Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2015, in dem 60,6 % der Proben von Blinddarminhalt positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, ist die Nachweisrate noch gestiegen. Die Ergebnisse der Untersuchungen von frischem Rindfleisch (4,4 % positive Proben) stimmen mit den Werten aus 2015 überein

(4,0 % positive Proben).

Rehe waren mit 2,3 % positiver Kotproben nur selten Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*. Die im Verhältnis dazu hohe Kontaminationsrate von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* weist wiederum auf mögliche Hygienemängel bei der Wildfleischgewinnung hin.

In tiefgekühlten Himbeeren wurden keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen, was mit dem fehlenden Nachweis von kommensalen *E. coli* in den Proben korreliert.

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Von den mit Verdacht auf ESBL/AmpC-Bildung bzw. Carbapenem-Resistenz eingesandten Isolaten wurden zwei Isolate, die aus dem Kot von Mastschweinen aus Betrieben bzw. aus dem Blinddarm von Mastschweinen am Schlachthof stammten, phänotypisch als Carbapenem-resistente *E. coli* bestätigt. Im Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern sowie in Proben von frischem Schweine-, Rind- und Wildwiederkäuerfleisch wurden keine Carbapenem-resistenten *E. coli* nachgewiesen.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Isolate von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* aus den Lebensmittelketten Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder waren zu 73 % bis 80 % resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Die im Zoonosen-Monitoring 2016 von Masthähnchen und Mastputen stammenden Isolate wiesen vergleichbare Resistenzraten auf. Wie im Vorjahr traten bei Isolaten von *E. faecalis* höhere Resistenzraten gegenüber Tetrazyklin und Chloramphenicol als bei *E.-faecium*-Isolaten auf. Resistenzen gegenüber Ciprofloxacin wurden dagegen nur bei *E.-faecium*-Isolaten beobachtet. Bei beiden Spezies traten hohe Resistenzraten gegenüber Erythromycin auf.

Fazit

Im Zoonosen-Monitoring werden repräsentative und vergleichbare Daten zum Vorkommen von Zoonoseerregern bei den wichtigsten Lebensmittel liefernden Tierarten und Produkten gewonnen, die es ermöglichen, das Infektionsrisiko für Verbraucher durch den Verzehr von Lebensmitteln abzuschätzen. Die Resistenzuntersuchungen verbessern die Datenlage in diesem Bereich und tragen dazu bei, Beziehungen zwischen dem Antibiotikaeinsatz in der Tierproduktion und der Entwicklung von Antibiotikaresistenzen besser analysieren zu können. Die fortlaufenden Untersuchungen erlauben es, Tendenzen und Entwicklungen in der Ausbreitung von Zoonoseerregern und Antibiotikaresistenzen zu beurteilen. Die Untersuchungen auf den verschiedenen Produktionsstufen ermöglichen es zudem, die Wege der Verschleppung von Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette zu erkennen.

Die Ergebnisse der Untersuchungen in den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder liegen im Wesentlichen in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren.

Bei Schweinehackfleisch setzt sich allerdings der positive Trend im Hinblick auf die Belastung mit Salmonellen fort: Im Zoonosen-Monitoring 2017 ist die Salmonellen-Nachweisrate in den Hackfleischproben weiter gesunken.

Auch auf Schweineschlachtkörpern wurden im Vergleich zu den Vorjahren seltener Salmonellen nachgewiesen, was auf Verbesserungen bei der Schlachthygiene hinweist.

Bei der Reduzierung von *Campylobacter* spp. in der Lebensmittelkette Masthähnchen wurden weiterhin keine Fortschritte erzielt. Etwa ein Viertel der Hautproben von Masthähnchen am Schlachthof wiesen hohe Keimzahlen von über 1000 KBE/g auf. Inwieweit die Einführung des Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* spp. auf Masthähnchenschlachtkörpern im Jahr 2018 zu einer Verbesserung der Situation führen wird, werden die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen.

Die Ergebnisse belegen, dass streichfähige Rohwürste und Tatar/Schabefleisch ein Vehikel für die Übertragung verschiedener Zoonoseerreger auf den Menschen darstellen: Insbesondere wurden *Listeria monocytogenes* häufig und in Rohwürsten z. T. auch in Mengen nachgewiesen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen. Aufgrund der Häufigkeit

positiver Befunde sollten diese Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in regelmäßigen Abständen wiederholt werden und im Rahmen der amtlichen Überwachung Betriebe, die solche Lebensmittel herstellen oder vermarkten, regelmäßig beprobt werden.

Die Ergebnisse zeigen eine hohe Belastung von Rehen mit STEC/VTEC. Die hohe und im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2012 noch deutlich gestiegene Kontaminationsrate von Wildwiederkäuerfleisch mit STEC/VTEC verdeutlicht, dass Verbesserungen bei der Wildbrethygiene unbedingt erforderlich sind, um die Übertragung von Zoonoseerregern auf das Fleisch zu verhindern.

Hepatitis-A-Viren und Noroviren treten offenbar nur selten in nachweisbaren Mengen in Tiefkühlbeeren auf. Da es jedoch nachweislich bereits zu Infektionen des Menschen mit Viren über den Verzehr von Tiefkühlbeeren gekommen ist, sollten empfindliche Verbrauchergruppen diese nur ausreichend erhitzt verzehren. Für zukünftige Programme sollte erwogen werden, größere Probemengen heranzuziehen, um die Nachweisrate zu verbessern.

MRSA wurden bei Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern sehr häufig nachgewiesen. Im Vergleich zu den Vorjahren wurden keine Fortschritte bei der Reduzierung des Vorkommens dieser multiresistenten Keime bei den Tieren erzielt. Die Übertragung von MRSA auf den Menschen scheint über den Verzehr von Lebensmitteln von untergeordneter Rolle zu sein. Verbraucher sollten dennoch im Umgang mit Lebensmitteln die auch im Hinblick auf andere Zoonoseerreger erforderliche Sorgfalt aufwenden.

Der häufige Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei Nutztieren ist aufgrund der besonderen Bedeutung der Cephalosporine der 3. und 4. Generation für die Therapie des Menschen besorgniserregend, zumal nach derzeitigem wissenschaftlichem Kenntnisstand davon auszugehen ist, dass diese resistenten Keime auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können.

Die Resistenzraten bei Isolaten aus der Lebensmittelkette Mastschweine waren im Zoonosen-Monitoring 2017 insgesamt gegenüber den Vorjahren eher rückläufig. Bei von Mastkälbern/Jungrindern stammenden Bakterien wurden im Hinblick auf das Vorkommen von Resistenzen im selben Zeitraum keine Verbesserungen beobachtet.

Als problematisch wird aber die zu beobachtende zunehmende Resistenz von Isolaten gegenüber dem in der Humanmedizin wichtigen Wirkstoff Ciprofloxacin und gegenüber weiteren wichtigen Antibiotika gesehen.

Die niedrigen Resistenzraten von Isolaten von Rehen und aus Wildwiederkäuerfleisch spiegeln den geringen antimikrobiellen Selektionsdruck wider, dem die Darmbakterien von Wild unterliegen.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings geben Hinweise darauf, welche Schwerpunkte in der Überwachung zu setzen sind. Sie liefern wichtige Informationen, die die Behörden unterstützen, geeignete Maßnahmen zur Senkung des Vorkommens von Zoonoseerregern zu ergreifen.

Mit dem übergreifenden Ziel, die Exposition von Verbrauchern mit Zoonoseerregern zu vermindern, leistet das Zoonosen-Monitoring einen wichtigen Beitrag für den gesundheitlichen Verbraucherschutz.

Verbraucher können sich vor lebensmittelbedingten Infektionen schützen, indem sie das Fleisch gründlich durcherhitzen und eine strenge Küchenhygiene einhalten, die die Übertragung der Erreger vom rohen Fleisch auf verzehrfertige Lebensmittel (z.B. Salat) während der Speisenzubereitung verhindert. Um einer Vermehrung der Erreger im Fleisch und in bestimmten verzehrfertigen Lebensmitteln entgegenzuwirken, sollten insbesondere die Kühlketten aufrechterhalten und angemessen kurze Haltbarkeits- bzw. Verbrauchsfristen festgelegt werden. Rohes Hackfleisch und rohe Fleisch- und Milchprodukte sowie bestimmte verzehrfertige Lebensmittel sollten von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen und Schwangeren nicht verzehrt werden, da sie ein potenzielles gesundheitliches Risiko darstellen. Das BfR hat Hinweise zur Minimierung des Risikos einer Infektion mit *Campylobacter*, *STEC/VTEC* bzw. Listerien sowie zum Schutz vor Lebensmittelinfektionen im Privathaushalt herausgegeben.

Literaturquellen

- Agresti, A. und B. A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119–126
- Alt, K., A. Fetsch, A. Schroeter, B. Guerra, J. A. Hammerl, S. Hertwig, N. Senkov, A. Geinets, C. Mueller-Graf, J. Braeunig, A. Kaesbohrer, B. Appel, A. Hensel und B. A. Tenhagen (2011): Factors associated with the occurrence of MRSA CC398 in herds of fattening pigs in Germany. *BMC.Vet Res* 7(1):69. doi: 1746-6148-7-69
- Bangerter, P. D., X. Sidler, V. Perreten und G. Overesch (2016): Longitudinal study on the colonisation and transmission of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in pig farms. *Veterinary microbiology* 183: 125–134
- Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (1999): *Yersinia enterocolitica*. Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 42: 613–621
- Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (2001): Hepatitis-A-Virus (HAV). Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 44:844–850
- BfR (2009): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_zuchtschweinebestaenden_vorgelegt.pdf
- BfR (2011): ESBL-bildende Bakterien in Lebensmitteln und deren Übertragbarkeit auf den Menschen. Stellungnahme Nr. 002/2012 des BfR vom 5. Dezember 2011. http://www.bfr.bund.de/de/a-z_index/esbl_bildende_bakterien-127699.html
- BfR (2014): Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbraucher-tipps_schutz_vor_lebensmittelbedingten_infektionen_mit_listerien.pdf
- BfR (2015): Fragen und Antworten zu ESBL- und/oder AmpC-bildenden antibiotikaresistenten Keimen. www.bfr.bund.de
- BfR (2016): Antibiotikaresistenz: Carbapenemase-bildende Keime in Nutztierbeständen. Aktualisierte Mitteilung Nr. 036/2016 des BfR vom 23.12.2016. <http://www.bfr.bund.de/cm/343/antibiotikaresistenz-carbapenemase-bildende-keime-in-nutztierbestaenden.pdf>
- Bielaszewska, M., T. Aldick, A. Bauwens und H. Karch (2014): Hemolysin of enterohemorrhagic *Escherichia coli*: structure, transport, biological activity and putative role in virulence. *International journal of medical microbiology: IJMM* 304: 521–529
- Bisdorff, B., J. Scholholter, K. Claußen et al. (2012): MRSA-ST398 in livestock farmers and neighbouring residents in a rural area in Germany. *Epidemiology and Infection*. 140(10):1800–1808
- Blanco, M., J. E. Blanco, J. Blanco, E. A. Gonzales, A. Mora, C. Prado, L. Fernandez, M. Rio, J. Ramos und M. P. Alonso (1996): Prevalence and characteristics of *Escherichia coli* serotype O157:H7 and other verotoxin-producing *E. coli* in healthy cattle. *Epidemiol. Infect.*, (7), 251–257
- Brugère-Picoux, J. (2008): Ovine listeriosis. *Small Ruminant Res* 76:12–20
- Bülte, M. (2002): Veterinärmedizinische Aspekte der Infektionen durch enterohämorrhagische *E.-coli*-Stämme (EHEC). *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 45:484–490

- Bülte, M. und S. Heckötter (1997): Vorkommen und Bedeutung von O157 und anderen verotoxinbildenden *E. coli* bei Tieren und in Lebensmitteln – Occurrence and significance of O157 and other verocytotoxigenic *E. coli* in animals and food. Mitt Gebiete der Lebensm Hyg 88:665-680
- BVL (2010): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2009 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2012a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2012b): Tätigkeitsbericht der Task Force „Lebensmittel- und Futtermittelsicherheit“ bei der lebensmittelseitigen Aufklärung des Gastroenteritis-Ausbruchsgeschehens. (https://www.bvl.bund.de/SharedDocs/Downloads/01_Lebensmittel/Krisenmanagement/Task_Force_Gastroenteritis_Bericht.html?nn=1401078)
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2011. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2017): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- Canton, R., A. Novais, A. Valverde, E. Machado, L. Peixe, F. Baquero und T. M. Coque (2008): Prevalence and spread of extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae in Europe. Clinical Microbiology and Infection 14: 144-153
- Carbonero, A., J. Paniagua, A. Torralbo, A. Arenas-Montes, C. Borge und I. Garcia-Bocanegra (2014): *Campylobacter* infection in wild artiodactyl species from southern Spain: occurrence, risk factors and antimicrobial susceptibility. Comp Immunol Microbiol Infect Dis 37(2):115-121
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds bla_{CTX-M} genes in different plasmids from German clinical Escherichia coli isolates. J Med Microbiol 59: 580-587
- Debast, S., A. L. van Leengoed, A. Goorhuis, C. Harnanus, E. Kuijper und A. Bergwerff (2009): Clostridium difficile PCR ribotype 078 toxinotype V found in diarrhoeal pigs identical to isolates from affected humans. Environmental Microbiology 11: 505-511
- EFSA (2007): Request for updating the former SCVPH opinion on *Listeria monocytogenes* risk related to ready-to-eat foods and scientific advice on different levels of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods and the related risk for human illness. Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards. EFSA Journal 599:1-42. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/599>
- EFSA (2008): Report of the Task Force on Zoonoses Data Collection on the Analysis of the baseline survey on the prevalence of Salmonella in slaughter pigs, in the EU, 2006-2007 [1] - Part A: Salmonella prevalence estimates. <http://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/doc/135r.pdf>
- EFSA (2009a): Analysis of the baseline survey on the prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in holdings with breeding pigs in the EU, 2008. Part A: MRSA prevalence estimates. EFSA Journal 7(11):1376 <http://www.efsa.europa.eu/de/scdocs/doc/1376.pdf>
- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. EFSA Journal 993:1-73. <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2009.993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. EFSA-Journal 2010 (8 (1)): 1437
- EFSA (2011a): Scientific Opinion on Campylobacter in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. EFSA Journal 9(4): 2105. http://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/scientific_output/files/main_documents/2105.pdf

- EFSA (2011b): EFSA Scientific Opinion on an update on the present knowledge on the occurrence and control of foodborne viruses. *EFSA Journal* 2011;9(7):2190
- EFSA (2012a): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. *EFSA Journal* 10 (10):289.7
- EFSA (2012b): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in *Salmonella*, *Campylobacter* and indicator *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. bacteria transmitted through food. *EFSA Journal* 10(6):2742
- EFSA (2014): Tracing of food items in connection to the multinational hepatitis A virus outbreak in Europe. *EFSA Journal* 12(9):3821
- EFSA und ECDC (2017): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2016. *EFSA-Journal* 15(12):5077
- EFSA (2018): *Listeria monocytogenes* contamination of ready-to-eat foods and the risk for human health in the EU. *EFSA Journal* 16(1):5134
- EFSA und ECDC (2018): Multi-country outbreak of *Salmonella Agona* infections possibly linked to ready-to-eat food. EFSA supporting publication 2018:EN-1465. doi: 10.2903/sp.efsa.2018.EN-1465
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>
- FAO und WHO (2008): Viruses in food: Scientific advice to support risk management activities meeting report. <http://www.who.int/foodsafety>
- Fetsch, A., B. A. Tenhagen, D. Leiser, K. Steege, A. Schabanowski, B. Kraushaar, C. Thoens, A. Kaesbohrer und Y. Kelner-Burgos (2015): High risk of cross-contamination with ESBL *E. coli* and MRSA during handling with contaminated fresh chicken meat in household kitchens. In: 4th ASM conference on Antimicrobial Resistance in Zoonotic Bacteria and Foodborne Pathogens, Washington D.C.
- Franco, A., H. Hasman, M. Iurescia, R. Lorenzetti, M. Stegger, A. Pantosti, F. Feltrin, A. Ianzano, M. C. Porrero, M. Liapi und A. Battisti (2011): Molecular characterization of spa type t127, sequence type 1 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from pigs. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* 66(6):1231-1235
- Frank, C., S. Kapfhammer, D. Werber, K. Stark und L. Held (2008): Cattle Density and Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Infection in Germany: Increased Risk for Most but Not All Serogroups. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 8:635-644
- Fredriksson-Ahomaa, M., M. Bucher, C. Hank, A. Stolle und H. Korekala (2001): High Prevalence of *Yersinia enterocolitica* 4:O3 on Pig Offal in Southern Germany: A Slaughtering Technique Problem. *System. Appl. Microbiol.* 24, 457-463
- Fredriksson-Ahomaa, M., A. Stolle und R. Stephan (2007): Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pigs slaughtered at a Swiss abattoir. *International Journal of Food Microbiology* 119, 207-212
- Freitag, C., G. B. Michael, J. Li, K. Kadlec, Y. Wang, M. Hassel und S. Schwarz (2018): Occurrence and characterisation of ESBL-encoding plasmids among *Escherichia coli* isolates from fresh vegetables. *Veterinary microbiology* 219:63-69
- Friese, A., J. Schulz, H. Laube et al. (2013): Faecal occurrence and emissions of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (laMRSA) and ESBL/AmpC-producing *E. coli* from animal farms in Germany. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 126: 175-180
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2015): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2013. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2016): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2014. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018a): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018b): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2016. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

- Irrgang, A., J. Fischer, M. Grobbel, S. Schmoger, T. Skladnikiewicz-Ziemer, K. Thomas, A. Hensel, B. A. Tenhagen und A. Käsbohrer (2017a): Recurrent detection of VIM-1-producing *Escherichia coli* clone in German pig production. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* 72(3):944-946. doi: 10.1093/jac/dkw479
- Irrgang, A., J. Fischer, S. Schmoger, B. A. Tenhagen, M. Grobbel, J. Hammerl und A. Käsbohrer (2017b): New occurrence of VIM-1 producing *E. coli* in German pig production. In: RESET & MedVet-Staph – Final Scientific Symposium – Abstracts, Berlin. p 48-49
- Kaase, M. (2012): Carbapenemasen bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhausreger. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 55:1401-1404
- Kittl, S., G. Heckel, B. M. Korczak und P. Kuhnert (2013): Source attribution of human *Campylobacter* isolates by MLST and *fla*-typing and association of genotypes with quinolone resistance. *Plos One* 8(11):e81796. doi: 10.1371/journal.pone.0081796
- Knetsch, C., T. Connor, A. Mutreja, S. van Dorp, I. Sanders, H. Browne, D. Harris, L. Lipman, E. Keessen, J. Corver et al (2014): Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Euro Surveill.* 19:1-12. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.45.20954
- Knetsch, C. W., N. Kumar, S. C. Forster, T. R. Connor, H. P. Browne, C. Harmanus, I. M. Sanders und S. R. Harris (2018): Zoonotic Transfer of *Clostridium difficile* Harboring Antimicrobial Resistance between Farm Animals and Humans. *J Clin Microbiol.* 22;56(3). pii: e01384-17. doi: 10.1128/JCM.01384-17
- Knight, D., B. Elliott, B. Chang, T. Perkins, T. Riley (2015): Diversity and Evolution in the Genome of *Clostridium difficile*. *Clinical Microbiology Reviews* 28, 721-741 doi:10.1128/CMR.00127-14
- Köck, R., F. Schaumburg, A. Mellmann et al. (2013): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS. One* 8(2):e55040
- Kraushaar, B. und A. Fetsch (2014): First description of PVL-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in wild boar meat. *Int J Food Microbiol* 186:68-73
- Kuijper, E. und J. van Dissel (2008): Spectrum of *Clostridium difficile* infections outside health care facilities. *CMAJ* 179(8): 747-748
- Layer, F., B. Strommenger, C. Cuny, I. Noll, M. Abu Sin, T. Eckmanns und G. Werner (2018): Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016. *Epidemiologisches Bulletin* 2018 (Nr. 5):57-62
- Lübbert, C., E. John und L. von Müller (2014): *Clostridium-difficile*-Infektion. Leitliniengerechte Diagnostik- und Behandlungsoptionen. *Dtsch Arztebl*; 111: 723-31. DOI: 10.3238/arztebl.2014.0723:
- Macori, G., G. Gilardi, A. Bellio, D. M. Bianchi, S. Gallina, N. Vitale, M. L. Gullino und L. Decastelli (2018): Microbiological Parameters in the Primary Production of Berries: A Pilot Study. *Foods* 7(7)doi: 10.3390/foods7070105
- Mäde, D., K. Trubner, E. Neubert, M. Hohne und R. John (2013): Detection and Typing of Norovirus from Frozen Strawberries Involved in a Large-Scale Gastroenteritis Outbreak in Germany. *Food Environ Virol* doi: 10.1007/s12560-013-9118-0
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin
- Messelhäuser, U., H. Beck, P. Gallien, B. Schalch und U. Busch (2008): Presence of Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* and thermophilic *Campylobacter* spp. in cattle, food and water sources on Alpine pastures in Bavaria. *Arch. Lebensmittelhyg.* 59:103-106
- Metelmann, C., K. Schulz, R. Geldschläger-Canda, S. Plötz und W. Handrick (2010): Listeriose bei Erwachsenen – Fallberichte und Literatur-Übersicht. *Wien Klin Wochenschr* 122:354-359
- Niedersächsisches Ministerium für Ernährung und Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz (2011): Bericht über den Antibiotikaeinsatz in der landwirtschaftlichen Nutztierhaltung in Niedersachsen
- Niemann, J.-K., T. Alter, G. Gölz, E. Tietze, A. Fruth, W. Rabsch, C. Münchhausen, R. Merle und L. Kreienbrock (2016): Simultaneous occurrence of *Salmonella enterica*, *Campylobacter* spp. and *Yersinia enterocolitica* along the pork production chain from farm to meat

processing in five conventional fattening pig herds in Lower Saxony.

Berliner und Münchener tierärztliche Wochenschrift, 129, 296-303

Nordmann, P., T. Naas und L. Poirel (2011): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Emerging Infectious Diseases* 17, 1791-1798

Nordmann, P., L. Poirel und L. Dortet (2012): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. Rapid Detection of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Emerging Infectious Diseases* 18, 1503-1507

Paulsen, P., F. J. M. Smulders und F. Hilbert (2012): Salmonella in meat from hunted game: A Central European perspective. *Food Research International* 45(2):609-616

Pfeifer, Y. (2010): ESBL, AmpC und Carbapenemasen: Vorkommen, Verbreitung und Diagnostik β -Lactamase-bildender Gram-negativer Krankheitserreger *J Lab Med* 34:205-215

Pfeifer, Y. und C. Eller (2012): Aktuelle Daten und Trends zur β -Lactam-Resistenz bei gramnegativen Infektionserregern. *Bundesgesundheitsblatt* 55: 1405-2409

Rahal, E. A., S. M. Fadlallah, F. J. Nassar, N. Kazzi und G. M. Matar (2015): Approaches to treatment of emerging Shiga toxin-producing *Escherichia coli* infections highlighting the O104:H4 serotype. *Front Cell Infect Microbiol* 5:24

Reynaga, E., M. Navarro, A. Vilamala, P. Roure, M. Quintana, M. Garcia-Nunez, R. Figueras, C. Torres, G. Lucchetti und M. Sabria (2016): Prevalence of colonization by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in pigs and pig farm workers in an area of Catalonia, Spain. *BMC Infect Dis* 16, 716

Reynaga, E., C. Torres, M. Garcia-Nunez, M. Navarro, A. Vilamala, E. Puigoriol, G. E. Lucchetti und M. Sabria (2017): Clinical impact and prevalence of MRSA CC398 and differences between MRSA-TetR and MRSA-TetS in an area of Spain with a high density of pig farming: a prospective cohort study. *Clin Microbiol Infect* 23, 678 e671-678 e674

RKI (2004): Risikofaktoren für sporadische STEC (EHEC)-Erkrankungen, Ergebnisse einer bundesweiten Fall-Kontroll-Studie. *Epidemiologisches Bulletin* 50,

433-436. http://www.rki.de/cln_048/nn_196658/DE/Content/Infekt/EpidBull/Archiv/2004/50_04,templateId=raw,property=publicationFile.pdf/50_04.pdf

RKI (2005): *Campylobacter*-Infektionen, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. http://www.rki.de/cln_178/nn_466816/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber__Mbl__Campylobacter.html

RKI (2008a): Erkrankungen durch Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. http://www.rki.de/nn_196878/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber__Mbl__EHEC.html#doc200722bodyText1

RKI (2008b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2007. Robert Koch-Institut, Berlin

RKI (2008c): Norovirus-Gastroenteritis, RKI-Ratgeber für Ärzte. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Noroviren.html

RKI (2009a): Salmonellose (Salmonellen-Gastroenteritis), RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber__Mbl__Salmonellose.html

RKI (2009b): Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Staphylokokken_MRSA.html

RKI (2009c): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2008. Robert Koch-Institut, Berlin

RKI (2010): Listeriose, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. http://www.rki.de/cln_151/nn_468498/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber__Mbl__Listeriose.html#doc208346bodyText7

RKI (2011): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2010. Robert Koch-Institut, Berlin

RKI (2012a): Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 6

- RKI (2012b): Darstellung und Bewertung der epidemiologischen Erkenntnisse im Ausbruch von Norovirus-Gastroenteritis in Einrichtungen mit Gemeinschaftsverpflegung, Ostdeutschland, September-Oktober 2012.
- RKI (2012c): Großer Gastroenteritis-Ausbruch durch eine Charge mit Noroviren kontaminierter Tiefkühlerbeeren in Kinderbetreuungseinrichtungen und Schulen in Ostdeutschland, 09 – 10/2012. Epidemiologisches Bulletin Nr. 41
- RKI (2013): Zur aktuellen Situation bei Carbapenemase-bildenden gramnegativen Bakterien. Ein Bericht des NRZ für gramnegative Krankenhauserreger. Epidemiologisches Bulletin Nr. 19, 197-171
- RKI (2016a): Clostridium difficile. RKI-Ratgeber für Ärzte. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Clostridium.html#doc-2393684bodyText2
- RKI (2016b): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger. Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. Epidemiologisches Bulletin Nr. 25, 213-225
- RKI (2016c): IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung: Zur Umsetzung der neuen Meldepflichten. Epidemiologisches Bulletin Nr. 16, 135-136
- RKI (2017a): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2017b): Hepatitis A. RKI-Ratgeber für Ärzte. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_HepatitisA.html
- RKI (2018): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2017. Robert Koch-Institut, Berlin
- Rogers, S. W., C. E. Shaffer, T. A. Langen, M. Jahne und R. Welsh (2018): Antibiotic-Resistant Genes and Pathogens Shed by Wild Deer Correlate with Land Application of Residuals. Ecohealth doi: 10.1007/s10393-018-1316-7
- Roschanski, N., A. Friese, C. von Salviati-Claudius, J. Hering, A. Kaesbohrer, L. Kreienbrock und U. Roesler: (2017): Prevalence of carbapenemase producing Enterobacteriaceae isolated from German pig-fattening farms during the years 2011–2013. Veterinary Microbiology 200, 124-9
- Rosner, B. M., A. Schielke, X. Didelot, F. Kops, J. Breidenbach, N. Willrich, G. Golz, T. Alter, K. Stingl, C. Josenhans, S. Suerbaum und K. Stark (2017): A combined case-control and molecular source attribution study of human Campylobacter infections in Germany, 2011–2014. Sci Rep 7(1):5139
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading__1533_1257451891
- Scavia, G., V. Alfonsi, S. Taffon, M. Escher, R. Bruni, D. Medici, S. D. Pasquale, S. Guizzard, B. Cappelletti, S. Iannazzo, N. M. Losio, E. Pavoni, L. Decastelli, A. R. Ciccaglione, M. Equestre, M. E. Tosti, C. Rizzo und National Italian Task Force On Hepatitis A (2017): A large prolonged outbreak of hepatitis A associated with consumption of frozen berries, Italy, 2013–14. J Med Microbiol 66(3):342-349
- Scheiring, J., A. Rosales und L. B. Zimmerhackl (2010): Clinical practice – Today's understanding of the haemolytic uraemic syndrome. Eur J Pediatr 169:7-13
- Schneeberg, A., H. Neubauer, G. Schmoock, S. Baier, J. Harlizius, H. Nienhoff, K. Brase, S. Zimmermann und C. Seyboldt (2013): Clostridium difficile genotypes in piglet populations in Germany. J Clin Microbiol 51(11):3796-3803
- Schneider, T., T. Eckmanns, R. Ignatius, K. Weist und O. Liesenfeld (2007): Clostridium-difficile-assoziierte Diarrhö. Ein zunehmendes klinisches Problem durch neue hochvirulente Erreger. Dtsch Arztebl 104: 1588-1594
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2010): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2012): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette - DARLink 2009. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Siffczyk, C., M. Smuskiewicz, K. Weise, B. Rosner, A. Fruth, R. Prager, W. Rabsch, M. Hausner, C. Friedrich und G. Ellsäßer (2017): The largest Campylobacter coli outbreak in Germany, associated with mincemeat consumption, May 2016 National Symposium on Zoonoses Research 2017, Berlin

- Tavoschi, L., E. Severi, T. Niskanen, F. Boelaert, V. Rizzi, E. Liebana, J. Gomes Dias, G. Nichols, J. Takkinen und D. Coulombier (2015): Food-borne diseases associated with frozen berries consumption: a historical perspective, European Union, 1983 to 2013. *Euro Surveill* 20(29):21193
- Tenhagen, B. A. (2009): Pathogene Mikroorganismen in Wildfleisch. In: Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit. Bundesweiter Überwachungsplan 2008. *Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2008*, Berlin, S. 30–32
- Tenhagen, B. A., B. Vossenkuhl, A. Käsbohrer, K. Alt, B. Kraushaar, B. Guerra, A. Schroeter und A. Fetsch (2014): Methicillin-resistent *Staphylococcus aureus* in cattle food chains – prevalence, diversity, and antimicrobial resistance in Germany. *Journal of Animal Science* 92(6):2741-2751
- Van Cleef, B. A., D. L. Monnet et al. (2011): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans. Europe. *Emerg Infect Dis* 17:502-505
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner-Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Vanantwerpen, G., I. Van Damme, L. De Zutter und K. Houf (2014): Within-batch prevalence and quantification of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Y. pseudotuberculosis* in tonsils of pigs at slaughter. *Veterinary Microbiology* 169, 223-227
- von Müller, L. (2016): Aktuelles zu Clostridium-difficile-Infektionen. *Deutsche medizinische Wochenschrift* 141(16):e157
- von Müller, L., M. Mock, A. Halfmann, J. Stahlmann, A. Simon und M. Herrmann (2015): Epidemiology of *Clostridium difficile* in Germany based on a single center long-term surveillance and German-wide genotyping of recent isolates provided to the advisory laboratory for diagnostic reasons. *International journal of medical microbiology: IJMM* 305(7):807-813
- Wadl, M., D. E. Müller-Wiefel, K. Stark, A. Fruth, H. Karch und D. Werber (2010): Enteropathisches hämolytisch-urämisches Syndrom. Sporadischer Einzelfall oder Teil eines Krankheitsausbruchs? *Monatsschr Kinderheilkd* 159:152-160
- Wassenaar, T. M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. *Arch. Lebensmittelhgy.* 61, 85-90
- Weil, H. P., U. Fischer-Brugge, C. Harmanus, F. Mattner, P. Gastmeier, E. J. Kuijper (2007): O329 High incidence of *Clostridium difficile* associated diarrhoea with a community onset in a hyperendemic region in Germany. *International Journal of Antimicrobial Agents* Volume 29:69
- WHO (2017): Critically Important Antimicrobials for Human Medicine, 5th Revision 2016, World Health Organisation, Genf, CH
- Wysok, B. und J. Uradzinski (2009): *Campylobacter* spp. – a significant microbiological hazard in food. I. Characteristics of *Campylobacter* species, infection source, epidemiology. *Pol J Vet Science* 12:141-148
- Yeasmin S., A. Rahman, R. C. Ray und D. Montet (2011): Review Article. *Yersinia enterocolitica*: Mode of Transmission, Molecular Insights of Virulence, and Pathogenesis of Infection. *Journal of Pathogens* Volume 2011, 10 pages, doi:10.4061/2011/429069
- Zautner, A. E., S. Herrmann und U. Gross (2010): *Campylobacter jejuni* – Die Suche nach Virulenz-assoziierten Faktoren. *Arch Lebensmittelhyg* 61:91-101
- Zhang, M., Q. Li, L. He, F. Meng, Y. Gu, M. Zheng, Y. Gong, P. Wang, F. Ruan, L. Zhou, J. Wu, L. Chen, C. Fitzgerald und J. Z. Zhang (2010): Association Study Between an Outbreak of Guillain-Barre Syndrome in Jilin, China, and Preceding *Campylobacter jejuni* Infection. *Foodborne Pathog Dis* 7:913-919
- Zurfluh, K., M. Nuesch-Inderbinen, M. Morach, A. Zihler Berner, H. Hachler und R. Stephan (2015): Extended-spectrum-beta-lactamase-producing Enterobacteriaceae isolated from vegetables imported from the Dominican Republic, India, Thailand, and Vietnam. *Appl Environ Microbiol* 81(9):3115-3120. doi: 10.1128/AEM.00258-15

