



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



BfR
Bundesinstitut für Risikobewertung

BVL-Report · 18.3 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2022



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 Strafbestimmungen 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.

© 2023 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

| | |
|-------------------|---|
| Herausgeber: | Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Dienststelle Berlin Gerichtstr. 49, D-13347 Berlin |
| E-Mail: | poststelle@bvl.bund.de |
| Schlussredaktion: | Doris Schemmel, Dr. Marion Rukavina (BVL, Ref. 012) |
| Koordination: | Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115) |
| Redaktionsgruppe: | Dr. Víctor Cristóbal López (BVL, Ref. 133), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 115), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), Dr. Carolina Plaza Rodriguez (BfR), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR) |
| ViSdP: | Harald Händel (BVL, Ref. Presse und Öffentlichkeitsarbeit) |
| Titelbild: | ©Fotolia - photoGrapHie |
| Satz: | fischerAppelt, Hamburg |

Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2022

Zoonosen-Monitoring 2022

Gemeinsamer Bericht des Bundes und der Länder

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 2022 | 3 |
| 3.3 | Untersuchungsmethoden..... | 9 |
| 3.3.1 | Erregernachweis | 9 |
| 3.3.2 | Resistenztestung..... | 11 |
| 3.3.2.1 | Bewertungskriterien bei der Resistenztestung | 14 |
| 3.3.3 | Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse | 14 |
| 3.3.4 | Kriterien für Isolate der Resistenztestung..... | 15 |
| 4 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern..... | 17 |
| 4.1 | <i>Salmonella</i> spp. | 17 |
| 4.1.1 | Einleitung | 17 |
| 4.1.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 18 |
| 4.1.3 | Ergebnisse der Typisierung..... | 20 |
| 4.2 | <i>Campylobacter</i> spp..... | 21 |
| 4.2.1 | Einleitung | 21 |
| 4.2.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 22 |
| 4.2.3 | Ergebnisse der Typisierung..... | 25 |
| 4.3 | <i>Listeria monocytogenes</i> | 26 |
| 4.3.1 | Einleitung | 26 |
| 4.3.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 28 |
| 4.3.3 | Ergebnisse der Typisierung..... | 29 |
| 4.4 | Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) | 30 |
| 4.4.1 | Einleitung | 30 |
| 4.4.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 31 |
| 4.4.3 | Ergebnisse der Typisierung..... | 32 |
| 4.5 | Hepatitis-E-Virus..... | 33 |
| 4.5.1 | Einleitung | 33 |
| 4.5.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 34 |
| 4.6 | <i>Echinococcus</i> spp..... | 35 |
| 4.6.1 | Einleitung | 35 |
| 4.6.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 36 |
| 4.7 | <i>Baylisascariasis procyonis</i> | 36 |
| 4.7.1 | Einleitung | 36 |
| 4.7.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 37 |

| | | |
|--------|--|----|
| 4.8 | <i>Bacillus cereus</i> | 38 |
| 4.8.1 | Einleitung | 38 |
| 4.8.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 38 |
| 4.8.3 | Ergebnisse der Typisierung | 39 |
| 4.9 | Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen (AmpC) bildende <i>E. coli</i> | 40 |
| 4.9.1 | Einleitung | 40 |
| 4.9.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen | 41 |
| 4.9.3 | Ergebnisse der Typisierung | 42 |
| 4.10 | Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> | 44 |
| 4.10.1 | Einleitung | 44 |
| 4.10.2 | Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung | 44 |
| 5 | Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern | 45 |
| 5.1 | <i>Salmonella</i> spp. | 45 |
| 5.1.1 | <i>Salmonella</i> spp., die ESBLs/AmpC/Carbapenemasen produzieren | 49 |
| 5.2 | <i>Campylobacter</i> spp. | 50 |
| 5.3 | Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) | 54 |
| 5.4 | Kommensale <i>Escherichia coli</i> | 56 |
| 5.4.1 | Kommensale <i>E. coli</i> , die ESBLs/AmpC/Carbapenemasen produzieren | 60 |
| 5.5 | <i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> | 61 |
| 6 | Bewertung der Ergebnisse | 64 |
| 7 | Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen | 82 |
| 8 | Literaturquellen | 91 |

Einleitung

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 weitverbreitet und können von Nutztieren, die in der Regel selbst keine Anzeichen einer Infektion oder Erkrankung aufweisen, beispielsweise 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 unter der wissenschaftlichen Mitarbeit des Bundesinstituts für Risikobewertung (BfR) 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 und der Wirksamkeit von Bekämpfungsmaßnahmen.

Durch antibiotikaresistente Bakterien wird die erfolgreiche Behandlung von Infektionskrankheiten 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.

2 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 Futtermitteln, lebenden Tieren und Lebensmitteln 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 allen

Mitgliedstaaten 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 *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien und zur Aufhebung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU* 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 für das Zoonosen-Monitoring wird gemeinsam vom Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) und vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) 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 Stichprobenplans lassen sich BVL und BfR von einer Expertengruppe beraten, die aus Sachverständigen der Länder besteht. Dabei wurden auch Vorgaben der Europäischen Kommission und Empfehlungen der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) berücksichtigt und geprüft, welche Proben aus sonstigen laufenden Monitoring-, Überwachungs- oder Bekämpfungsprogrammen dem Stichprobenplan angerechnet werden können. Die Länder, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und das Robert Koch-Institut (RKI) können Vorschläge zum Stichprobenplan machen. Die von den Bundesländern im Rahmen des Zoonosen-Monitorings gewonnenen Untersuchungsergebnisse werden an das BVL gemeldet. Das BVL sammelt die Daten, wertet sie aus und veröffentlicht sie zusammen mit den Ergebnissen der Typisierung der Erreger, der Resistenztestung sowie der Bewertung der Ergebnisse durch das BfR in den jährlichen Zoonosen-Monitoring-Berichten. Die Untersuchungseinrichtungen der Länder senden die bei den Untersuchungen gewonnenen Isolate an die 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.

BVL und BfR übermitteln die Untersuchungsergebnisse gemäß den Bestimmungen des Artikels 9 der Richtlinie 2003/99/EG an die 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 eine Grundlage für das Risikomanagement bezüglich Zoonoseerregern und resistenten Keimen aus der Lebensmittelkette in der Europäischen Gemeinschaft.

3.2 Zoonosen-Stichprobenplan 2022

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2022 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, Erzeugerbetrieben, Herstellerbetrieben, der freien Wildbahn und Schlachthöfen sowie von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel vor. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelte es sich zum einen um die klassischen bakteriellen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. und *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*) und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), präsumtive *Bacillus cereus* (*B. cereus*), kommensale *Escherichia (E.) coli*, Extended-Spektrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-bildende *E. coli*), Carbapenemase-bildende *E. coli* sowie um *Enterococcus faecium/faecalis* (Enterokokken). Erstmals wurde im Zoonosen-Monitoring zudem auf das Hepatitis-E-Virus und auf die parasitären Zoonoseerreger *Echinococcus* spp. und *Baylisascaris procyonis* (Waschbärspulwurm) untersucht. Im Zoonosen-Stichprobenplan wurden auch die Vorgaben des Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien und zur Aufhebung des Durchführungsbeschlusses 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. Um diese Vorgaben zu erfüllen, werden jährlich alternierend entweder Masthähnchen und Mastputen oder Mastkälber/Jungrinder und Mastschweine am Schlachthof sowie deren Fleisch im Einzelhandel und an Grenzkontrollstellen untersucht. Im Zoonosen-Monitoring 2022 wurden turnusmäßig die Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen betrachtet.

Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten auch Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den beprobten Waren um Verpackungen für Endverbraucherinnen und -verbraucher handelte. Dies galt aber nicht für Proben von Hähnchenfleisch und Putenfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729* ausschließlich aus dem Einzelhandel bzw. von Grenzkontrollstellen 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 sowie die Gewinnung von Isolaten für die Untersuchung auf Antibiotikaresistenzen. 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 von Erregern und deren Resistenzeigenschaften in den Erzeugerbetrieben abzuschätzen. Mit der Beprobung von Wildkarnivoren in der freien Wildbahn sollte der mögliche Eintrag von Zoonoseerregern in die Lebensmittelkette bzw. die Verbreitung dieser Erreger in der Umwelt abgeschätzt werden. Mit den Resistenzuntersuchungen bei den Wildkarnivoren sollten zudem Informationen über die Verbreitung von Resistenzen in der Umwelt gewonnen werden. Die Untersuchungen von Proben von eiweißreichen Ergänzungsfuttermitteln für Legehennen in Mischfuttermittelwerken zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit Salmonellen und den dadurch möglichen Eintrag in die Futtermittelbetriebe und Tierbestände zu beurteilen. Das Programm knüpft an das bereits im Zoonosen-Monitoring der Jahre 2016 und 2017 durchgeführte Programm zum Vorkommen von Salmonellen in Alleinfuttermitteln von Legehennen an. Hierdurch wird ein Vergleich der Prävalenz von Salmonellen in eiweißreichen Ergänzungsfuttermitteln und Alleinfuttermitteln von Legehennen möglich. Probenahmen aus Schlachtbetrieben zu Beginn oder

während des Schlachtprozesses zielten darauf ab, den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Hierbei werden auch mögliche Besiedlungen bzw. Infektionen bis zum Zeitpunkt des Ausstallens der Tiere aus dem Erzeugerbetrieb und während des Transportes zum Schlachthof berücksichtigt. 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 Probenentnahme am Wareneingang und am Waren Ausgang in Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen diente dazu, den Eintrag der Erreger in die Betriebe über die Rohware, ihre Verschleppung während des Herstellungsprozesses und den Eintrag von Kontaminationen in den Einzelhandel abzuschätzen. Die Untersuchungen im Einzelhandel waren darauf ausgerichtet, abzuschätzen, wie häufig kontaminierte Lebensmittel zu den Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangen. Mit den Untersuchungen von Hähnchen- und Putenfleisch von Grenzkontrollstellen sollten Erkenntnisse zum Eintrag von Erregern durch Rohware aus Drittländern gewonnen werden. Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und STEC erfolgen regelmäßig 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 dienten 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 präsumtive *Bacillus cereus*, die nicht als Zoonoseerreger gelten, jedoch lebensmittelbedingte Erkrankungen verursachen können, dienten dazu, die Verbreitung dieser Erreger in pflanzlichen Lebensmitteln abzuschätzen. Darüber hinaus sollten mit den Untersuchungen Gehalte an *Bacillus thuringiensis* aus Biopestiziden bestimmt werden. Die Untersuchungen auf das Hepatitis-E-Virus wurden durchgeführt, um Erkenntnisse über die Ausbreitung des Virus in der Schweinepopulation zu gewinnen, da repräsentative Studien zum Vorkommen des Virus in der Lebensmittelkette Schweinefleisch bisher fehlen. Auf *Echinococcus* spp. und *Baylisascaris procyonis* wurde untersucht, um Erkenntnisse über den Umfang des Vorkommens dieser parasitären Zoonoseerreger bei Füchsen und Marderhunden bzw. Waschbären zu erhalten. Bei der Echinokokkose handelt es sich nach der *Richtlinie 2003/99/EG* zudem um eine überwachungspflichtige Zoonose. Auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bil-

denden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* wird im Zoonosen-Monitoring regelmäßig untersucht, um die Ausbreitung dieser resistenten Keime zu beobachten. Außerdem soll das Auftreten von neuen Resistenzen frühzeitig erkannt werden. Untersuchungen zu kommensalen *E. coli* und Enterokokken 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. Untersuchungen von Proben auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis* erfolgten, um auch bei grampositiven Erregern Resistenzen, insbesondere auch gegen humanmedizinisch besonders wichtige Antibiotika, erkennen zu können. Diese Daten sind wichtig, um die Bedeutung möglicher Quellen und Übertragungswege von resistenten Mikroorganismen entlang der Lebensmittelkette hin zum Menschen abschätzen zu können. Der selektive Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* dient dazu, die Ausbreitung von Keimen mit der Fähigkeit, Extended-Spektrum Beta-Laktamasen und/oder AmpC Beta-Laktamasen bilden zu können, zu beobachten. Zudem soll das Auftreten von neuen Resistenzen, insbesondere gegen Carbapeneme frühzeitig erkannt werden.

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, bei denen die Untersuchungen von der Verfügbarkeit geeigneter Proben abhängen, wurde 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 ± 5 % und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zugrunde gelegt.

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern erfolgte für die Erzeugerbetriebe von Mastenten anteilig nach der Zahl der gehaltenen Tiere und für die Erzeugerbetriebe von Kopfsalaten nach der Anbaufläche für Gemüse in Hektar im jeweiligen Bundesland im Jahr 2020. Die Verteilung der Proben auf Schlachthof-

ebene erfolgte anteilig nach den Schlachttierzahlen von Masthähnchen, Mastputen und Mastschweinen, wobei gemäß den Vorgaben des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729* in Bezug auf Masthähnchen und Mastputen ausschließlich in Deutschland gemästete und geschlachtete Tiere berücksichtigt werden sollten. Hierdurch ist es möglich, für die übergreifende Bewertung der Daten zu Antibiotikaresistenzen auch den Einsatz von Antibiotika bei den Tieren heranzuziehen. Es sollte eine repräsentative Stichprobe der Schlachthöfe ausgewählt werden, wobei die Schlachthöfe mindestens 80 % der im Vorjahr in Deutschland gemästeten und geschlachteten Tiere der jeweiligen Produktionsgruppe im jeweiligen Bundesland abdecken sollten. Die Verteilung der Proben auf Ebene der Herstellerbetriebe von Geflügelfleischerzeugnissen erfolgte anteilig nach deren Anzahl je Bundesland, wie sie durch die Länder ermittelt wurde. Beim Wildkarnivorenprogramm richtete sich der Stichprobenumfang je Bundesland nach der Verfügbarkeit geeigneter Tiere und der verfügbaren Laborkapazität seitens der Länder, weshalb kein verbindlich einzuhaltender Stichprobenumfang festgelegt wurde. Um dennoch eine für Deutschland repräsentative Stichprobe zu erreichen, orientierte sich die Verteilung auf die Bundesländer an einem nationalen Stichprobenumfang von 384 Proben. Für die Verteilung auf die Bundesländer wurde die Anzahl der untersuchten Wildkarnivoren (Dachse, Waschbären und Marderhunde zusammengenommen), die im Rahmen des Trendberichtes nach *Richtlinie 2003/99 EG* für das Jahr 2020 an das BVL berichtet wurde, als Richtwert herangenommen. Die Anzahl der an Grenzkontrollstellen zu entnehmenden Proben in den Ländern mit Einfuhrstellen für importiertes Frischfleisch ist im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Hiernach sind bei Hähnchenfleisch 3 % und bei Putenfleisch 15 % der Sendungen zufällig zu testen. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölkerungszahl der Bundesländer. Die Zuordnung der Probenzahlen für eiweißreiche Ergänzungsfuttermittel für Legehennen zu den Ländern richtete sich nach dem Produktionsvolumen von Mischfutter für Nutzgeflügel im Jahr 2014 (Futtermittel-Tabellarium des DVT, Ausgabe 2016).

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2022 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2022.

Tab. 3.1 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2022 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

| Stufe der Lebensmittelkette | Tierart, Matrix | Zoonosen | | | | | | | | | | | | |
|---|---|------------------------|---------------------------|-------------------------------|------|---------------------------|-----------------------------------|---------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|-------------------|--------------------------------|--------------------------|--|
| | | <i>Salmonella</i> spp. | <i>Campylobacter</i> spp. | <i>Listeria monocytogenes</i> | MRSA | Kommensale <i>E. coli</i> | ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> | Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> | <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> | Präsumtive <i>Bacillus cereus</i> | Hepatitis-E-Virus | <i>Baylisascaris procyonis</i> | <i>Echinococcus</i> spp. | |
| Erzeugerbetrieb | Mastenten: Kot | 384 | | | | 204 | 300 | | | | | | | |
| | pflanzliche Lebensmittel: Kopfsalat | 384 | | | | | 384 | | | 384 ¹ | | | | |
| Schlachthof | Masthähnchen: Blinddarminhalt | 384 | 432 | | | 204 | 300 | 300 | 384 | | | | | |
| | Masthähnchen: Halshaut | 384 | 384 ¹ | | 384 | | | | | | | | | |
| | Mastputen: Blinddarminhalt | 384 | 434 | | | 204 | 300 | 300 | 384 | | | | | |
| | Mastputen: Halshaut | 384 | 384 | | 384 | | | | | | | | | |
| Schlachthof | Mastenten: Blinddarminhalt | 384 | 384 | 384 ¹ | 384 | | | | | | | | | |
| | Mastenten: Halshaut | 384 | 384 ¹ | 384 ¹ | 384 | | | | | | | | | |
| Schlachthof | Mastschweine: frische Schlachtleber | 384 ² | 384 ² | | | | | | | | 384 | | | |
| | Hersteller von verzehrfertigen Geflügelfleisch-erzeugnissen | | | 384 | | | | | | | | | | |
| Hersteller von verzehrfertigen Geflügelfleisch-erzeugnissen | Fleisch (am Wareneingang) | | | 384 | | | | | | | | | | |
| | Verzehrfertige, hitzebehandelte und aufgeschnittene Brühwurst-erzeugnisse (am Warenausgang) | | | 384 ³ | | | | | | | | | | |
| Mischfutterwerk | Eiweißreiche Ergänzungsfuttermittel für Legehennen (unmittelbar vor Abgabe) | 120 | | | | | | | | | | | | |
| Freie Wildbahn | Füchse, Waschbären, Dachse, Marderhunde: Kot | # | | | | # | # | | | | # | # | | |
| | Nasentupfer | | | | # | | | | | | | | | |
| Grenzkontrollstelle | Hähnchenfleisch: frisches Fleisch | 384 | | | 384 | 384 | 384 | 384 | | | | | | |
| | Putenfleisch: frisches Fleisch | 384 | | | 384 | 384 | 384 | 384 | | | | | | |
| Einzelhandel | Hähnchenfleisch: frisches Fleisch | 384 | 384 ³ | | 384 | 384 | 384 | 384 | | | | | | |
| | Putenfleisch: frisches Fleisch | 384 | 384 | 384 | 384 | 384 | 384 | 384 | | | | | | |
| | Entenfleisch: frisches Fleisch | 384 | 384 | 384 | 384 | 384 | 384 | | | | | | | |
| | pflanzliche Lebensmittel: Kopfsalat | 384 | | | | 384 | | | | 384 ¹ | | | | |
| | pflanzliche Lebensmittel: Oliven, schwarz und geschwärzt | | | 384 ³ | | | | | | | | | | |
| | pflanzliche Lebensmittel: Kokosstückchen | 384 | | | | | | | | | | | | |

¹ quantitative Untersuchung

² Die Untersuchungen auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. in Schweinelebern sind freiwillig. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, wie vorgeschlagen, angestrebt werden.

³ qualitative und quantitative Untersuchung

Es wird kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchungen je nach Verfügbarkeit von geeigneten Proben stattfinden. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, angestrebt werden.

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2022 festgelegten Resistenzuntersuchungen

| Tierart bzw. Lebensmittel | Erreger |
|--|---|
| Erzeugerbetrieb | |
| Mastenten (Kot) | <i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> |
| Kopfsalat | <i>Salmonella</i> spp. |
| Schlachthof | |
| Masthähnchen (Blinddarminhalt) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> |
| Masthähnchen (Schlachtkörper) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA |
| Mastputen (Blinddarminhalt) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> |
| Mastputen (Schlachtkörper) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA |
| Mastenten (Blinddarminhalt) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp. |
| Mastenten (Schlachtkörper) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA |
| Mastschweine (frische Schlachtleber) | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp. |
| Mischfutterwerk | |
| eiweißreiche Ergänzungsfuttermittel für Legehennen | <i>Salmonella</i> spp. |
| Freie Wildbahn | |
| Wildkarnivoren (Kot) | <i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> |
| Wildkarnivoren (Nasentupfer) | MRSA |
| Grenzkontrollstellen | |
| frisches Hähnchenfleisch | <i>Salmonella</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> |
| frisches Putenfleisch | <i>Salmonella</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> |
| Einzelhandel | |
| frisches Hähnchenfleisch | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> |
| frisches Putenfleisch | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> |
| frisches Entenfleisch | <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> |
| Kopfsalat | <i>Salmonella</i> spp. |
| getrocknete Kokosstückchen | <i>Salmonella</i> spp. |

Erzeugerbetrieb

Auf Ebene der Primärproduktion sollten in Erzeugerbetrieben von Mastenten mit mindestens 100 Mastplätzen mittels Stiefelüberziehern oder Sockentupfern Kotproben für die Untersuchung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. und ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und für die Gewinnung von Isolaten von kommensalen *E. coli* für die Resistenztestung entnommen werden. Des Weiteren sollten auf Ebene der Erzeugerbetriebe Proben von Kopfsalat entnommen und auf *Salmonella* spp., ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und präsumtive *Bacillus cereus* untersucht werden. In Bezug auf präsumtive *Bacillus cereus* sollte ausschließlich eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden.

Schlachthof

Von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen und von Mastenten, die auch von Enten aus Erzeugerbetrieben in anderen EU-Staaten stammen konnten, sollten an Schlachthöfen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von zehn Tieren und die Haut ei-

nes oder gegebenenfalls mehrerer Schlachtkörper gewonnen werden. Der Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen sollte auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* untersucht werden. Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten zudem Isolate von kommensalen *E. coli* und *Enterococcus faecium/faecalis* aus den Blinddarmproben gewonnen werden. Der Blinddarminhalt von Mastenten sollte auf das Vorkommen von *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. untersucht werden.

Die Halshautproben von Masthähnchen und Mastputen sollten auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. sowie bei Mastputen zusätzlich auf MRSA untersucht werden. Bei den Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern sollte ausschließlich eine Keimzahlbestimmung von *Campylobacter* spp. erfolgen. Die Halshautproben von Mastenten sollten auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und MRSA untersucht werden. In Bezug auf *Campylobacter*

spp. und *Listeria monocytogenes* sollte ausschließlich eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden.

Alle Proben am Schlachthof sollten aus einer Schlachtcharge stammen, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Die Auswahl der Schlachtstage sollte nach dem Zufallsprinzip erfolgen. Zudem sollte möglichst nur eine Charge an einem Schlachttag beprobt werden, um die Unabhängigkeit der Ergebnisse zu gewährleisten, d.h., um zu verhindern, dass positive Ergebnisse eine Kreuzkontamination zwischen den beprobten Chargen reflektieren.

Am Warenausgang von Schlachthöfen sollten des Weiteren Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen für die Untersuchung auf das Hepatitis-E-Virus sowie auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. entnommen werden. Bei der Probenahme sollte der serologische *Salmonella*-Status nach der *Verordnung zur Verminderung der Salmonellenverbreitung durch Schlachtschweine (Schweine-Salmonellen-Verordnung)* von dem Betrieb, aus dem die Schlachtschweine stammten, miterfasst werden, um Unterschiede in der Häufigkeit positiver Befunde bei Schweinen aus Betrieben mit unterschiedlicher *Salmonella*-Kategorisierung zu identifizieren.

Herstellerbetrieb von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen

In Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen sollten zum einen frisches Geflügelfleisch (Hähnchen- und Putenfleisch) am Wareneingang und zum anderen verzehrfertige hitzebehandelte und aufgeschnittene Brühwursterzeugnisse aus Geflügelfleisch (Hähnchen- und/oder Putenfleisch) am Warenausgang für Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* beprobt werden. Neben der Prävalenzbestimmung sollte bei den Proben von Brühwursterzeugnissen auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden.

Mischfutterwerk

An Mischfuttermittelwerken sollten Proben von eiweißreichen Ergänzungsfuttermitteln für Legehennen unmittelbar vor Abgabe als Sack oder lose Ware für die Untersuchung auf das Vorkommen von *Salmonella* spp. gewonnen werden. Dieses Programm ist auf zwei Jahre ausgelegt und wird im Zoonosen-Monitoring 2023 fortgeführt.

Freie Wildbahn

Von in der freien Wildbahn frisch erlegten sowie im Rahmen des Tollwutmonitorings als Indikatortiere (auch Fallwild) zur Untersuchung kommenden Wild-

karnivoren (Fuchs, Waschbär, Dachs und Marderhund) sollten Kotproben bzw. Darmproben für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* entnommen werden. Bei Füchsen und Marderhunden sollten die Proben zudem auf *Echinococcus* spp. und bei Waschbären auf den Waschbärenspulwurm (*Baylisascaris procyonis*) untersucht werden. Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Proben gewonnen werden. Des Weiteren sollten Nasentupfer entnommen und auf MRSA untersucht werden. Die Kot- bzw. Darmproben und Nasentupfer sollten vom selben Tier stammen.

Grenzkontrollstelle

An Grenzkontrollstellen sollte frisches, gekühltes oder tiefgefrorenes Hähnchen- und Putenfleisch für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., MRSA, ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* beprobt werden. Darüber hinaus sollten für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Proben gewonnen werden.

Einzelhandel

Im Einzelhandel sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., MRSA, ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* gewonnen werden. Frisches Putenfleisch sollte zudem auf *Listeria monocytogenes* untersucht werden und bei den Hähnchenfleischproben sollte in Bezug auf *Campylobacter* spp. neben der Prävalenzbestimmung auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Des Weiteren sollten für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Proben gewonnen werden.

Von gekühltem oder tiefgefrorenem Entenfleisch mit oder ohne Haut sollten Proben auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes*, MRSA und ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* untersucht werden. Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Proben gewonnen werden.

Im Einzelhandel sollten zudem Proben von Kopfsalat für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und präsumtive *Bacillus cereus* entnommen werden. In Bezug auf präsumtive *Bacillus cereus* sollte ausschließlich eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden.

Als weitere pflanzliche Lebensmittel sollten schwarze und geschwärzte lose, insbesondere in Holzfässern gelagerte Oliven im Einzelhandel beprobt und qualitativ und quantitativ auf *Listeria monocytogenes* untersucht werden.

Des Weiteren sollten Proben von getrockneten Kokostückchen bzw. Kokoserzeugnissen ohne Überzug, die als Snack verzehrt werden, auf *Salmonella* spp. untersucht werden.

3.3 Untersuchungsmethoden

3.3.1 Erregernachweis

Der Zoonosen-Stichprobenplan enthält Vorgaben zu den anzuwendenden Untersuchungsverfahren. Dabei wurden, soweit vorhanden, international standardisierte mikrobiologische Nachweismethoden sowie Empfehlungen der EFSA und des BfR als Referenzverfahren herangezogen. Grundsätzlich konnten auch andere gleichwertige Untersuchungsverfahren angewendet werden.

Die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten länderseitig in den jeweiligen amtlichen Untersuchungseinrichtungen. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2022 vorgeschlagenen 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. | DIN EN ISO 6579-1:2020-08 ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben | <ul style="list-style-type: none"> • eiweißreiche Ergänzungsfuttermittel für Legehennen • Kot von Mastenten • Blinddarminhalt und Halshaut von Masthähnchen, Mastputen und Mastenten • frische Schlachtleber von Mastschweinen • Kot von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden • frisches Hähnchenfleisch, Putenfleisch und Entenfleisch • Kopfsalat • Kokostückchen |
| <i>Campylobacter</i> spp. | <p>qualitativ : DIN EN ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren B, Anreicherung in Preston Bouillon (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben: Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang A oder Anhang B); zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)</p> <p>quantitativ : DIN EN ISO 10272-2:2017</p> <p>zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)</p> | <ul style="list-style-type: none"> • Halshaut von Masthähnchen und Mastenten • frische Schlachtleber von Mastschweinen • frisches Hähnchenfleisch (nur Einzelhandel), frisches Putenfleisch (nur Einzelhandel) und Entenfleisch |
| | DIN EN ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren C: 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> | <ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Masthähnchen, Mastputen und Mastenten |
| | zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B) | |

Fortsetzung auf nächster Seite

| Erreger | Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung | Tierart/Matrix/Probenahmeort |
|--|--|---|
| <i>Listeria monocytogenes</i> | <p>qualitativ: DIN EN ISO 11290-1:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-32/1:2018-03)</p> <p>ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren</p> <p>quantitativ: DIN EN ISO 11290-2:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-22:2018-03)</p> | <ul style="list-style-type: none"> • Halshaut von Mastenten • Brühwurstaufschnitt aus Geflügelfleisch • frisches Geflügelfleisch (Herstellerbetrieb) • frisches Putenfleisch (nur Einzelhandel) und Entenfleisch • schwarze und geschwärzte Oliven |
| Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) | <p>nach Methodenvorschrift des BfR, Fassung von 2021</p> <p>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.¹</p> | <ul style="list-style-type: none"> • Halshaut von Masthähnchen, Mastputen und Mastenten • Nasentupfer von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden • frisches Hähnchenfleisch, Putenfleisch und Entenfleisch |
| Kommensale <i>E. coli</i> | <p>Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben.</p> <p>Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen.</p> <p>Für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen.</p> <p>Für pflanzliche Lebensmittel wird die ISO 16649 Teil 1 oder ISO 16649 Teil 2 oder eine vergleichbare akkreditierte Methode empfohlen.</p> <p>ggf. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode</p> | <ul style="list-style-type: none"> • Kot von Mastenten • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen • Kot von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden • frisches Hähnchenfleisch, Putenfleisch und Entenfleisch |
| ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> | <p>qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)</p> <p>Für alle Kotproben wird das Protokoll für Zäkalkot empfohlen.</p> <p>Für alle Lebensmittel wird das Protokoll für Fleisch empfohlen.</p> <p>Bei den Kotproben von Mastenten und bei den Proben von Kopfsalat kann die Anreicherung auf Salmonellen auch für den Nachweis von ESBL-/AmpC-bildenden <i>E. coli</i> genutzt werden</p> <p>Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode</p> | <ul style="list-style-type: none"> • Kot von Mastenten • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen • Kot von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden • frisches Hähnchenfleisch, Putenfleisch und Entenfleisch • Kopfsalat |

Fortsetzung auf nächster Seite

| Erreger | Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung | Tierart/Matrix/Probenahmeort |
|---|--|---|
| Carbapenemase- bildende <i>E. coli</i> | qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR) Für alle Kotproben wird das Protokoll für Zäkalkot empfohlen. Für alle Lebensmittel wird das Protokoll für Fleisch empfohlen. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode | <ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen • frisches Hähnchenfleisch und Putenfleisch |
| <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> | Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben. Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Speziesbestimmung mit Hausmethode | <ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen |
| Präsumtive <i>Bacillus cereus</i> | DIN EN ISO 7932:2005-03 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-33: 2006-09; Untersuchung von Lebensmitteln – Horizontales Verfahren zur Zählung von präsumtiven <i>Bacillus cereus</i> – Koloniezählverfahren bei 30 °C | <ul style="list-style-type: none"> • Kopfsalat |
| Hepatitis-E-Virus | ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L06.17.01-1 | <ul style="list-style-type: none"> • frische Schlachtleber von Mastschweinen |
| <i>Echinococcus</i> spp. | Amtliche Methodensammlung des FLI, Stand 21.02.2014 oder eine andere validierte Methode | <ul style="list-style-type: none"> • Kot von Füchsen und Marderhunden |
| <i>Baylisascaris procyonis</i> | Flotationsverfahren, ggf. in Kombination mit PCR nach Dangoubiyam et al. (2009) https://doi.org/10.1645/GE-1905.1 | <ul style="list-style-type: none"> • Kot von Waschbären |

¹ Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate 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* (*C.*) *jejuni*, *C. coli*, *Escherichia* (*E.*) *coli*, *Enterococcus* (*E.*) *faecalis* und *E. faecium* sowie von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten quantitativen Verfahren für die Resistenzbestimmung (Bouillon-Mikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2006 bzw. CLSI M07) im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Antibiotikaresistenz bzw. nach CLSI VET06 und M45 im NRL für *Campylobacter* untersucht.

Die Isolate wurden dem am BfR etablierten Untersuchungsspektrum antimikrobieller Substanzen unterzogen. Hierfür wurden die fertig konfektionierten Plattenformate EUVSEC₃ (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken), EUCAMP₃ (*Campylobacter*

spp.) und EUST₂ (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems/Thermo Fisher Scientific verwendet.

Die Testung auf Resistenzen erfolgte unter Beachtung des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729*, 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 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 2022. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

| Wirkstoffklasse | Antimikrobielle Substanz | Cut-off-Wert > | | Konzentrationsbereich | |
|---------------------|--------------------------|------------------------|-----------------|-----------------------|---------|
| | | <i>Salmonella</i> spp. | <i>E. coli</i> | Minimum | Maximum |
| | | µg/ml | µg/ml | µg/ml | µg/ml |
| Aminoglykoside | Amikacin | 4 | 8 | 4 | 128 |
| | Gentamicin | 2 | 2 | 0,5 | 16 |
| Amphenicole | Chloramphenicol | 16 | 16 | 8 | 64 |
| Cephalosporine | Cefotaxim | 0,5 | 0,25 | 0,25 | 4 |
| | Ceftazidim | 2 | 0,5 | 0,25 | 8 |
| (Fluor)chinolone | Nalidixinsäure | 8 | 8 | 4 | 64 |
| | Ciprofloxacin | 0,06 | 0,06 | 0,015 | 8 |
| Aminopenicilline | Ampicillin | 8 | 8 | 1 | 32 |
| Polymyxine | Colistin | 2 ¹ | 2 | 1 | 16 |
| Folatsynthesehemmer | Sulfamethoxazol | 256 ¹ | 64 | 8 | 512 |
| | Trimethoprim | 2 | 2 | 0,25 | 16 |
| Tetrazykline | Tetrazyklin | 8 | 8 | 2 | 32 |
| Azalide | Azithromycin | 16 ¹ | 16 ¹ | 2 | 64 |
| Carbapeneme | Meropenem | 0,125 | 0,125 | 0,03 | 16 |
| Glycylcycline | Tigecyclin | 0,5 ¹ | 0,5 | 0,25 | 8 |

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA supporting publication 2021: EN-6652).

Tab. 3.5 Resistenztestung von *C. jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2022. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Festlegung im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

| Wirkstoffklasse | Antimikrobielle Substanz | Cut-off-Wert > | | Konzentrationsbereich | |
|-----------------|--------------------------|------------------|------------------|-----------------------|---------|
| | | <i>C. jejuni</i> | <i>C. coli</i> | Minimum | Maximum |
| | | µg/ml | µg/ml | µg/ml | µg/ml |
| Aminoglykoside | Gentamicin | 2 | 2 | 0,25 | 16 |
| Carbapeneme | Ertapenem | 0,5 ¹ | 0,5 ¹ | 0,125 | 4 |
| Fenicole | Chloramphenicol | 16 | 16 | 2 | 64 |
| Fluorchinolone | Ciprofloxacin | 0,5 | 0,5 | 0,125 | 32 |
| Tetrazykline | Tetrazyklin | 1 | 2 | 0,5 | 64 |
| Makrolide | Erythromycin | 4 | 8 | 1 | 512 |

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA supporting publication 2021: EN-6652).

Tab. 3.6 Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (Epidemiologische Cut-off-Werte von EUCAST¹) für 2022

| Wirkstoffklasse | Antimikrobielle Substanz | Cut-off-Wert > | Konzentrationsbereich | |
|-----------------------|---------------------------|----------------|-----------------------|----------|
| | | | Minimum | Maximum |
| | | µg/ml | µg/ml | µg/ml |
| Aminoglykoside | Gentamicin | 4 | 0,5 | 16 |
| | Kanamycin | 8 | 4 | 32 |
| | Streptomycin | 16 | 4 | 32 |
| Amphenicole | Chloramphenicol | 16 | 4 | 64 |
| Fluorchinolone | Ciprofloxacin | 1 | 0,25 | 8 |
| Penicilline | Penicillin G | 0,12 | 0,06 | 1 |
| Cephalosporine | Cefoxitin | 4 | 0,5 | 16 |
| Folatsynthesehemmer | Trimethoprim | 2 | 1 | 16 |
| 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 | 2 (+256) |
| Ansamycine | Rifampicin | 0,03 | 0,016 | 0,5 |
| Oxazolidinone | Linezolid | 4 | 1 | 8 |
| Triterpensäuren | Fusidinsäure | 0,5 | 0,25 | 4 |
| Streptogramine | Quinupristin/Dalfopristin | 1 | 0,5 | 4 |
| Pleuromutiline | Tiamulin | 2 | 0,5 | 4 |
| Glykopeptide | Vancomycin | 2 | 1 | 8 |

¹ nach EFSA (2019)**Tab. 3.7** Resistenztestung von *Enterococcus faecalis* und *E. faecium*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2022. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Vorgaben im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

| Wirkstoffklasse | Antimikrobielle Substanz | Cut-off-Wert > | | Konzentrationsbereich | |
|------------------|---------------------------|--------------------|-------------------|-----------------------|---------|
| | | <i>E. faecalis</i> | <i>E. faecium</i> | Minimum | Maximum |
| | | µg/ml | µg/ml | µg/ml | µg/ml |
| Aminoglykoside | Gentamicin | 64 | 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 | 8 | 0,25 | 32 |
| Oxazolidinone | Linezolid | 4 | 4 | 0,5 | 64 |
| Streptogramine | Quinupristin/Dalfopristin | 0,5 ^{1,2} | 1 ¹ | 0,5 | 64 |
| Glycylcycline | Tigecyclin | 0,25 | 0,25 | 0,03 | 4 |
| Glykopeptide | Teicoplanin | 2 | 2 | 0,5 | 64 |
| | Vancomycin | 4 | 4 | 1 | 128 |

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA supporting publication 2021: EN-6652).² *E. faecalis* ist intrinsisch resistent gegenüber der Kombination aus Quinopristin/Dalfopristin. Der ECOFF wurde ausschließlich für die Meldung der Daten an EFSA eingeführt (EFSA supporting publication 2021: EN-6652).

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 drei Wirkstoffklassen 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 *Allgemeinen Verwaltungsvorschrift über den Austausch von Daten im Bereich der Lebensmittelsicherheit und des Verbraucherschutzes (AVV Data)*. Für Informationen, die auf diesem Weg nicht übermittelt werden konnten, wurden Excel-Tabellen zur Bereitstellung von sogenannten Zusatzinformationen genutzt. Alternativ konnten diese programmspezifisch wechselnden Zusatzinformationen über das neue Datenformat für die Übermittlung der Zusatzangaben im BVL-Datenmeldeportal gesendet werden. Bei der Zusammenstellung der Daten wurden folgende Festlegungen getroffen, die bei der Interpretation der Einzeldaten zu beachten sind: 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 2022 konnten so insgesamt 11 Proben bei der Auswertung nicht berücksichtigt werden. Im Rahmen der Auswertung für das Zoonosen-Monitoring werden Plausibilitätsprüfungen auf der Grundlage der bestehenden Anforderungen gemäß den Vorgaben des Zoonosen-Stichprobenplans durchgeführt. Die korrigierten Daten sind die Grundlage für die Auswertung. 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-Serotypen, -Pathovare) nachgewiesen und berichtet wurden. Verschiedene Subtypen zu einer Probe wurden jedoch in den Typisierungsergebnissen berücksichtigt.

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 Kap. 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 untere und obere Grenze 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 ist kleiner als die Anzahl der Untersuchungen, da eine Probe in der Regel auf mehrere Erreger untersucht wurde.

Tab. 3.8 Anzahl Proben nach Ländern

| Herkunft | Probenanzahl |
|------------------------|--------------|
| Brandenburg | 215 |
| Berlin | 102 |
| Baden-Württemberg | 452 |
| Bayern | 1.054 |
| Bremen | 93 |
| Hamburg | 59 |
| Hessen | 298 |
| Mecklenburg-Vorpommern | 187 |
| Niedersachsen | 1.811 |
| Nordrhein-Westfalen | 770 |
| Rheinland-Pfalz | 155 |
| Schleswig-Holstein | 126 |
| Saarland | 58 |
| Sachsen | 230 |
| Sachsen-Anhalt | 853 |
| Thüringen | 141 |
| Gesamt | 6.604 |

Tab. 3.9 Anzahl Proben nach Programmen

| Herkunft | Probenanzahl |
|--|--------------|
| Kopfsalat in Erzeugerbetrieben | 209 |
| Mastenten in Erzeugerbetrieben | 229 |
| Masthähnchen am Schlachthof | 880 |
| Mastputen am Schlachthof | 882 |
| Mastenten am Schlachthof | 699 |
| Mastschweine am Schlachthof | 366 |
| frisches Geflügelfleisch und Brühwurstzeugnisse aus Geflügelfleisch in Herstellerbetrieben | 267 |
| Ergänzungsfuttermittel für Legehennen in Mischfutterwerken | 26 |
| Füchse, Waschbären, Dachse und Marderhunde in der freien Wildbahn | 516 |
| frisches Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen | 64 |
| frisches Putenfleisch an Grenzkontrollstellen | 0 |
| frisches Hähnchenfleisch im Einzelhandel | 491 |
| frisches Putenfleisch im Einzelhandel | 467 |
| frisches Entenfleisch im Einzelhandel | 375 |
| Kopfsalat im Einzelhandel | 403 |
| schwarze oder geschwärzte Oliven im Einzelhandel | 362 |
| Kokosstückchen im Einzelhandel | 368 |
| Gesamt | 6.604 |

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Stichprobenplans 2022 gewonnen wurden, und zu denen auch dem BVL Daten übermittelt wurden. Alle in der Auswertung berücksichtigten Isolate wurden auch dahingehend geprüft, ob es sich um einen Vertreter der im Zoonosen-Stichprobenplan betrachteten Zoonoseerreger (inkl. MRSA) bzw. um *E. coli*, *E. faecium* oder *E. faecalis* handelte. Isolate, für die eine Zuordnung zu einem Programm nicht möglich war, wurden von dieser Auswertung 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. Je Probe wurde nur ein Isolat der jeweiligen Bakterienspezies bzw. des Typs (bei MRSA) in die Resistenztestung einbezogen. Mehrere Isolate wurden dann untersucht, wenn es sich um unterschiedliche Serovare (bei *Salmonella*) oder unterschiedliche Spezies (bei *Campylobacter*) handelt. Von *E. coli* sollten

je Probe bis zu 3 Isolate in die Testung eingehen, jeweils ein nicht selektiv gewonnenes Isolat, ein Isolat aus der selektiven Anzucht von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* sowie ein Isolat aus der selektiven Anzucht von Carbanemase-bildenden *E. coli*. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation als Minimum

empfohlen wird, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Dieses Verfahren kam bei *E.-coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen zur Anwendung.

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>) | MRSA | <i>Enterococcus</i> spp. (<i>E. faecalis</i> + <i>E. faecium</i>) | Kommensale <i>E. coli</i> |
|-------------------------|---|------------------------|---|------------|---|---------------------------|
| Gesamt | Getestete Isolate | 501 | 1.717 (1.230 + 487) | 452 | 576 (309 + 267) | 1.414 |
| Erzeugerbetrieb | Mastenten, Kot/Staub | 97 | - | - | - | 158 |
| | Blattgemüse, Kopfsalat | 0 | - | - | - | - |
| Schlachthof | Masthähnchen, Blinddarminhalt | 3 | 151 (120 + 31) | - | 226 (112 + 114) | 274 |
| | Masthähnchen, (Hals)haut | 20 | 150 (130 + 20) | 60 | - | - |
| | Mastputen, Blinddarminhalt | 0 | 288 (140 + 148) | - | 350 (197 + 153) | - |
| | Mastputen, (Hals)haut | 98 | - | 219 | - | - |
| | Mastenten, Blinddarminhalt | 93 | 317 (210 + 107) | - | - | 230 |
| | Mastenten, (Hals)haut | 101 | 321 (284 + 37) | 1 | - | - |
| | Mastschwein, Leber | 0 | 12 (1 + 11) | - | - | - |
| Grenzkontrollstellen | Masthähnchen, frisches Fleisch | 5 | - | 0 | - | 28 |
| | Mastputen, frisches Fleisch | 0 | - | 0 | - | 0 |
| Hersteller und Abpacker | Mastgeflügel, frisches Fleisch | - | - | - | - | - |
| | Mastgeflügel, verzehrfertige Brühwurstzeugnisse | - | - | - | - | - |
| Einzelhandel | Masthähnchen, frisches Fleisch | 26 | 219 (172 + 47) | 24 | - | 170 |
| | Mastputen, frisches Fleisch | 18 | 40 (25 + 15) | 143 | - | 196 |
| | Mastenten, frisches Fleisch | 18 | 219 (148 + 71) | 4 | - | 150 |
| | Blattgemüse, Kopfsalat | 1 | - | - | - | - |
| | Gemüse, Oliven | - | - | - | - | - |
| | Obst, Kokosstückchen | 0 | - | - | - | - |
| Wildbahn | Wildkarnivoren, Kot | 21 | - | - | - | 208 |
| | Wildkarnivoren, Nasenschleimhaut | - | - | 1 | - | - |

- Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2022 nicht vorgesehen

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 2019a).

Die Serovare *Salmonella* Enteritidis und *Salmonella* Typhimurium (inkl. seiner monophasischen Variante) werden europaweit am häufigsten im Zusammenhang mit Salmonellose-Erkrankungen beim Menschen gemeldet und sind zusammen für über 70 % der in der EU erworbenen Fälle verantwortlich. Neben diesen klar dominierenden Serovaren sind *Salmonella* Infantis und *Salmonella* Derby die nächsthäufigen Serovare, die bei menschlichen Salmonellose-Erkrankungen in der EU gemeldet werden (EFSA und ECDC 2022). Im Jahr 2021 belief sich die Zahl der bestätigten Salmonellose-Fälle beim Menschen in der EU auf 60.050, was einer Inzidenz von 15,7 pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Melderate ist damit gegenüber dem Vorjahr, in dem – bedingt durch die COVID-19-Pandemie und den Austritt Großbritanniens aus der EU – die geringste Zahl an Erkrankten seit dem Jahr 2007 gemeldet wurde, um 14,3 % gestiegen. Dieser leichte Anstieg der Salmonellose-Fälle im Jahr 2021 könnte mit dem Rückgang der Einschränkungen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie und der langsamen Normalisierung der täglichen Aktivitäten (gesellschaftliche Veranstaltungen, Arztbesuche, Reisen) zusammenhängen. Verglichen mit der EU-Melderate vor der COVID-19-Pandemie (Jahresdurchschnitt 2017–2019) ist die Melderate im Jahr 2021 um 19,6 % gesunken. Berücksichtigt man die Daten aus Großbritannien nicht, lag der Rückgang bei 23,1%. Trotz dieser Abnahme zeigte der Gesamttrend der Salmonellose in den Jahren

2017 bis 2021 statistisch gesehen keinen deutlichen Anstieg oder Rückgang.

Die Salmonellose ist nach der Campylobacteriose nach wie vor die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen in der EU (EFSA und ECDC 2022). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2022 insgesamt 9.013 Salmonellose-Fälle gemeldet. Damit war die Zahl der gemeldeten Salmonellose-Erkrankungen höher als im Vorjahr, in dem 8.220 Fälle gemeldet wurden, aber niedriger als vor der COVID-19-Pandemie im Jahr 2019 (13.693 Erkrankungen) (RKI 2023).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von Geflügelschlachtkörpern und frischem Geflügelfleisch in den Jahren 2009 bis 2014 abgenommen haben, seitdem aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten zu verzeichnen ist (BVL 2021, BVL 2022b). Bei Putenschlachtkörpern ist seit 2016 sogar eine deutliche Zunahme der Salmonellen-Nachweisrate zu beobachten (BVL 2021, BVL 2022b). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln, wurden Salmonellen vereinzelt in Proben von frischen Kräutern, vorgeschnittenen Blattsalaten, frischen Sprossen und getrockneten Blatt- und Grasprodukten nachgewiesen (BVL 2021, BVL 2022b). Der Nachweis von Salmonellen in pflanzlichen Lebensmitteln ist von Bedeutung, weil diese häufig ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden, sodass vorhandene Keime nicht abgetötet werden. *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 durchgegartes 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 aus Erzeugerbetrieben, von Schlachthöfen und Grenzkontrollstellen sowie aus der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.1 bis 4.7 zu entnehmen.

Tab. 4.1 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und 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 | | | |
| Kopfsalat | 209 | 1 | 0,5 (0,0–2,9) |
| Einzelhandel | | | |
| Kopfsalat | 402 | 1 | 0,2 (0,0–1,5) |

Tab. 4.2 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Mastenten aus Erzeugerbetrieben, in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastenten am Schlachthof sowie in Proben von frischem Entenfleisch 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 | 228 | 98 | 43,0 (36,7–49,5) |
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 348 | 93 | 26,7 (22,3–31,6) |
| Halshaut | 350 | 100 | 28,6 (24,1–33,5) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Entenfleisch | 375 | 19 | 5,1 (3,2–7,8) |

Tab. 4.3 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (n) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|--------------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 429 | 2 | 0,5 (0,0–1,8) |
| Halshaut | 416 | 23 | 5,5 (3,7–8,2) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Hähnchenfleisch | 64 | 4 | 6,3 (2,0–15,4) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut) | 489 | 25 | 5,1 (3,5–7,5) |

Tab. 4.4 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Putenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (n) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 409 | 0 | 0,0 (0,0–1,1) |
| Halshaut | 417 | 98 | 23,5 (19,7–27,8) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Putenfleisch | – | – | – |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Putenfleisch (ohne Haut) | 463 | 17 | 3,7 (2,3–5,8) |

Tab. 4.5 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (n) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|--|--|
| Schlachthof | | | |
| frische Schlachtleber | 170 | 0 | 0,0 (0,0–2,7) |

Tab. 4.6 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (n) | <i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Freie Wildbahn | | | |
| Kot gesamt | 266 | 29 | 10,9 (7,7–15,3) |
| Kot von Jungtieren | 45 | 7 | 15,6 (7,4–29,1) |
| Kot von ausgewachsenen Tieren | 221 | 22 | 10,0 (6,6–14,7) |

Tab. 4.7 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Kokosstückchen 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) |
|---------------------|--------------------------------|--|--|
| Einzelhandel | | | |
| Kokosstückchen | 368 | 0 | 0,0 (0,0–1,2) |

Insgesamt wurden 5.403 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. In 0,5 % der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 0,2 % der Kopfsalatproben im Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen. In Proben von Kokosstückchen im Einzelhandel wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Kotproben aus Erzeugerbetrieben von Mastenten betrug 43,0 %. Bei Mastenten und Masthähnchen am Schlachthof waren 26,7 % bzw. 0,5 % der Blinddarmproben positiv für Salmonellen. Im Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof wurden keine Salmonellen nachgewiesen. In Halshautproben von Mastenten, Masthähnchen und Mastputen, die von

Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen wie die Blinddarmproben entnommen werden sollten, wurden Salmonellen zu 28,6 %, 5,5 % bzw. 23,5 % nachgewiesen. Frisches Entenfleisch und Hähnchenfleisch im Einzelhandel wies jeweils eine Kontaminationsrate von 5,1 % auf. Frisches Putenfleisch im Einzelhandel war zu 3,7 % positiv für Salmonellen. In frischem Hähnchenfleisch, das an Grenzkontrollstellen beprobt wurde, wurden Salmonellen zu 6,3 % nachgewiesen. Von frischem Putenfleisch wurden an Grenzkontrollstellen keine Proben entnommen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Kotproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn betrug 10,9 %. Dabei waren Kotproben von Jungtieren zu 15,6 %

und Proben von ausgewachsenen Wildkarnivoren zu 10,0 % positiv für Salmonellen. In Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen im Einzelhandel wurden keine Salmonellen nachgewiesen.

4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiv an das BVL übermittelten Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Salmonella* 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 501 Isolate von *Salmonella enterica* für die Typisierung zur Verfügung (Tabellen 4.8 und 4.9). Diese gehörten 34 Serovaren und mehreren monophasischen Varianten bzw. rauen und O-Formen an. Mit Ausnahme von 2 Isolaten gehörten die meisten Isolate zu *Salmonella enterica* subsp. *enterica*. Das häufigste Serovar war *Salmonella* (*S.*) *Meleagridis* mit 73 (14,6 %) Isolat, alle aus Mastenten. Zahlenmäßig folgt *S. Hadar* mit 49 (9,6 %) Isolat, davon 47 aus Mastenten. *S. Enteritidis* kam in 20 (4 %) und *S. Typhimurium*, einschließlich der monophasischen Variante, in 37 (7,4 %) Isolat vor.

Die meisten Isolate (61,6 %) stammten aus den Untersuchungen bei Mastenten: 97 Isolate im Erzeugbetrieb,

Tab. 4.8 Anzahl der *Salmonella*-Serovare und ihrer Varianten von Masthähnchen und Mastputen aus den Programmen des Zoonosen-Monitorings 2022 (N = 170)

| Tierart/Lebensmittel Matrix | Masthähnchen (Hals)haut | Masthähnchen Blinddarm-inhalt | Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel | Masthähnchen frisches Fleisch Grenzkontroll-stelle | Mastputen (Hals)haut | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | Summe |
|------------------------------------|-------------------------|-------------------------------|--|--|----------------------|---|---------|
| Probenahmeort | Schlachthof | Schlachthof | Einzelhandel | Grenzkontroll-stelle | Schlachthof | Einzelhandel | |
| Anzahl untersucht | N = 20 | N = 3 | N = 26 | N = 5 | N = 98 | N = 18 | N = 170 |
| <i>S. Agona</i> | | | | | | 4 | 4 |
| <i>S. Brandenburg</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Coeln</i> | | | | | 13 | 3 | 16 |
| <i>S. Enteritidis</i> | | | | | 2 | 2 | 4 |
| <i>S. Give</i> | | | | 2 | | | 2 |
| <i>S. Hadar</i> | | | | | 1 | 1 | 2 |
| <i>S. Heidelberg</i> | | | | 1 | | | 1 |
| <i>S. Indiana</i> | 1 | | | | 3 | 1 | 5 |
| <i>S. Infantis</i> | 8 | | 21 | | | | 29 |
| <i>S. Minnesota</i> | | | | 1 | | | 1 |
| <i>S. Newport</i> | | | | | 6 | | 6 |
| <i>S. Ohio</i> | 1 | | | | | | 1 |
| <i>S. Paratyphi B</i> | 9 | 1 | 3 | | | | 13 |
| <i>S. Reading</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Regent</i> | | | | | 2 | | 2 |
| <i>S. Schwarzengrund</i> | | | | | 14 | 1 | 15 |
| <i>S. Senftenberg</i> | | | | | 2 | | 2 |
| <i>S. Stanleyville</i> | | | | | 21 | | 21 |
| <i>S. Subsp. I O-Form</i> | 1 | 2 | 1 | | | | 4 |
| <i>S. Subsp. I Rauform</i> | | | 1 | 1 | 10 | | 12 |
| <i>S. Subsp. I monophasisch</i> | | | | | 17 | 4 | 21 |
| <i>S. Typhimurium</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Typhimurium monophasisch</i> | | | | | | 2 | 2 |
| <i>S. Westhampton</i> | | | | | 4 | | 4 |

Tab. 4.9 Anzahl der *Salmonella*-Serovare und ihrer Varianten von Mastenten, Wildkarnivoren und Kopfsalat aus den Programmen des Zoonosen-Monitorings 2022 (N = 331)

| Tierart/Lebensmittel Matrix | Mastenten Kot/Staub | Mastenten (Hals)haut Schlachthof | Mastenten Blinddarm-inhalt Schlachthof | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | Wildkarnivoren Kot Wildbahn | Blattgemüse Kopfsalat Einzelhandel | Summe |
|------------------------------------|---------------------|----------------------------------|--|---|-----------------------------|------------------------------------|---------|
| Anzahl untersucht | N = 97 | N = 101 | N = 93 | N = 18 | N = 21 | N = 1 | N = 331 |
| <i>S. Agona</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Amsterdam</i> | | 5 | 3 | | | | 8 |
| <i>S. Anatum</i> | 4 | 4 | 13 | | | | 21 |
| <i>S. Coeln</i> | | | | | 2 | | 2 |
| <i>S. Enteritidis</i> | 8 | | 2 | 5 | 1 | | 16 |
| <i>S. Give</i> | 2 | 2 | | | | | 4 |
| <i>S. Hadar</i> | 3 | 31 | 12 | 1 | | | 47 |
| <i>S. Hessarek</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Indiana</i> | 2 | 6 | 11 | | | | 19 |
| <i>S. Infantis</i> | 1 | | | 1 | | | 2 |
| <i>S. Kottbus</i> | 2 | 1 | 3 | 1 | 2 | | 9 |
| <i>S. London</i> | 1 | 7 | 8 | | | | 16 |
| <i>S. Meleagridis</i> | 37 | 15 | 18 | 3 | | | 73 |
| <i>S. Newport</i> | 12 | 7 | 10 | | | | 29 |
| <i>S. Senftenberg</i> | 5 | 20 | 10 | 3 | | | 38 |
| <i>S. Stourbridge</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Subsp. I Rauform</i> | 5 | 1 | 1 | | | | 7 |
| <i>S. Subsp. I monophasisch</i> | | | | | 1 | | 1 |
| <i>S. Subsp. II</i> | | | | | 1 | 1 | 2 |
| <i>S. Typhimurium</i> | 13 | 2 | 2 | 4 | 11 | | 32 |
| <i>S. Typhimurium monophasisch</i> | 2 | | | | | | 2 |

194 am Schlachthof (101 aus Halshautproben und 93 aus Blinddarminhalt) und 18 Isolate aus frischem Fleisch im Einzelhandel. Weitere 116 Isolate (23,2 %) wurden aus Proben von Mastputen gewonnen. Davon wurden 98 am Schlachthof gewonnen (darunter 21 *S. Stanleyville*), die restlichen 18 Isolate stammten aus frischem Putenfleisch ohne Haut, welches im Einzelhandel beprobt wurde. Die 54 (10,8 %) Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (davon 29 *S. Infantis*) stellten den drittgrößten Anteil nach Herkünften dar. Die restlichen 22 Isolate (4,4 %) verteilten sich auf 21 Isolate (davon 11 *S. Typhimurium*) aus Kotproben von Wildkarnivoren und ein Isolat (*S. Subsp. II*) aus Kopfsalat im Einzelhandel.

Aus Untersuchungen von Proben von Kopfsalat im Erzeugerbetrieb, Blinddarminhalt von Mastputen und Leber von Mastschwein am Schlachthof, frischem Fleisch von Mastputen an Grenzkontrollstellen und Kokosstückchen im Einzelhandel wurden keine Isolate eingesandt.

4.2 *Campylobacter* spp.

4.2.1 Einleitung

Campylobacter spp. sind gramnegative, thermophile, spiral- oder helikal geformte Bakterien, die 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 (Wysok und Uradzinski 2009). Beim Menschen gehören *Campylobacter* spp. jedoch nicht zur enteralen Normalflora (REF). *Campylobacter (C.) jejuni* und *C. coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2020, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt häufiger beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein

nachgewiesen wird (BVL 2022a, BVL 2022b, 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. Allerdings werden in ca. 30 % der akuten Fälle zur Behandlung Antibiotika eingesetzt (Rosner et al. 2017). Als seltene Komplikation können reaktive Gelenkentzündungen auftreten. Auch das Guillain-Barré-Syndrom, eine seltene, schwere neurologische Erkrankung, wird mit einer vorhergegangenen *C.-jejuni*-Infektion in Verbindung gebracht (RKI 2018a, Zhang et al. 2010, Zautner et al. 2010).

Die Campylobacteriose ist seit dem Jahr 2007 die häufigste gemeldete Zoonose beim Menschen in der EU (EFSA und ECDC 2022). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2022 insgesamt 43.166 *Campylobacter*-Erkrankungen gemeldet (RKI 2023). Die Zahl liegt damit unter der des Vorjahres (48.130 *Campylobacter*-Fälle) und deutlich unter der im Jahr 2019 gemeldeten Anzahl von *Campylobacter*-Erkrankungen, die bei 61.526 lag (RKI 2020, RKI 2022). In der EU belief sich im Jahr 2021 die Zahl der bestätigten Campylobacteriose-Fälle beim Menschen auf 127.840, was einer Inzidenz von 41,1 pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Melderate ist damit gegenüber dem Vorjahr, in dem – bedingt durch die COVID-19-Pandemie und den Austritt Großbritanniens aus der EU – die geringste Zahl an Erkrankten seit dem Jahr 2007 gemeldet wurde, um 2,1 % gestiegen. Dieser leichte Anstieg der Campylobacteriose-Fälle im Jahr 2021 könnte mit dem Rückgang der Einschränkungen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie und dem Austritt Großbritanniens aus der EU zusammen hängen (s. Kapitel 4.1.1). Verglichen mit der EU-Melderate vor der COVID-19-Pandemie (Jahresdurchschnitt 2017–2019) ist die Melderate im Jahr 2021 um 36,1 % gesunken. Berücksichtigt man die Daten aus Großbritannien nicht, lag der Rückgang bei 28,1 %. Trotz dieses Rückgangs zeigte der Gesamttrend der Campylobacteriose in den Jahren 2017 bis 2021 statistisch gesehen keine deutliche Zu- oder Abnahme (EFSA und ECDC 2022). Die EFSA geht davon aus, dass die Campylobacteriose sehr häufig nicht erkannt und gemeldet wird, und vermutet, dass in der EU mindestens zwei 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 2020). Im Unterschied zu den meisten anderen bakteriellen Zoonoseerregern, wie z. B. Salmonellen und pathogenen *E. coli*, können sich *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln nicht vermehren (Wysok und

Uradzinski 2009). Die zur Auslösung einer lebensmittelassoziierten Infektion des Menschen erforderliche Keimzahl (*Dosis infectiosa minima*) von *Campylobacter* spp. ist allerdings so gering (nur wenige Hundert Keime reichen aus), 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 2010). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Geflügelfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2022). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war in bisherigen Untersuchungen zu etwa 30 % bis 55 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2021, BVL 2022a, BVL 2022b). Proben von frischem Putenfleisch waren mit 15 % bis 32,7 % positiver Proben ebenfalls häufig mit *Campylobacter* verunreinigt (BVL 2022b). Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speisenzubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition der Verbraucherinnen und der Verbraucher gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls möglich (RKI 2018a). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007). Die Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* eine deutliche Reduktion der menschlichen Infektionen bedeuten könnte, führte dazu, dass 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 wurde. Das seit 1. Januar 2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1.000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wurde am 1. Januar 2020 auf 30 % reduziert und wird am 1. Januar 2025 auf 20 % gesenkt werden.

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben aus Schlachthöfen, der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.10 bis 4.17 zu entnehmen.

Abbildungen 4.1 und 4.2 zeigen die Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen bzw. Mastenten am Schlachthof.

Tab. 4.10 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof und von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (n) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|--------------------------------------|--------------------------------|---|---|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 458 | 157 | 34,3 (30,1–38,7) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut) | 489 | 225 | 46,0 (41,6–50,4) |

Tab. 4.11 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

| 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 | 413 | 146 (35,4) | 10 | 1,1 × 10 ³ | 5,0 × 10 ⁵ |
| frisches Hähnchenfleisch | 477 | 10 (2,1) | 10 | 10 | 100 |

Tab. 4.12 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (KbE/g)

| Matrix | Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und ≤ 100 KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 100 KbE/g und ≤ 1.000 KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 1.000 KbE/g |
|--------------------------------------|---|---|--|--|
| Halshaut | 413 | 22 (5,3) | 48 (11,6) | 76 (18,4) |
| frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut) | 477 | 10 (2,1) | – | – |

Tab. 4.13 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof und in Proben von frischem Putenfleisch im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (n) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------------------|--------------------------------|---|---|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 465 | 293 | 63,0 (58,5–67,3) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Putenfleisch (ohne Haut) | 413 | 44 | 10,7 (8,0–14,0) |

Tab. 4.14 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastenten am Schlachthof und von frischem Entenfleisch 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 | | | |
| Blinddarminhalt | 349 | 328 | 94,0 (90,9–96,1) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Entenfleisch | 373 | 226 | 60,6 (55,5–65,4) |

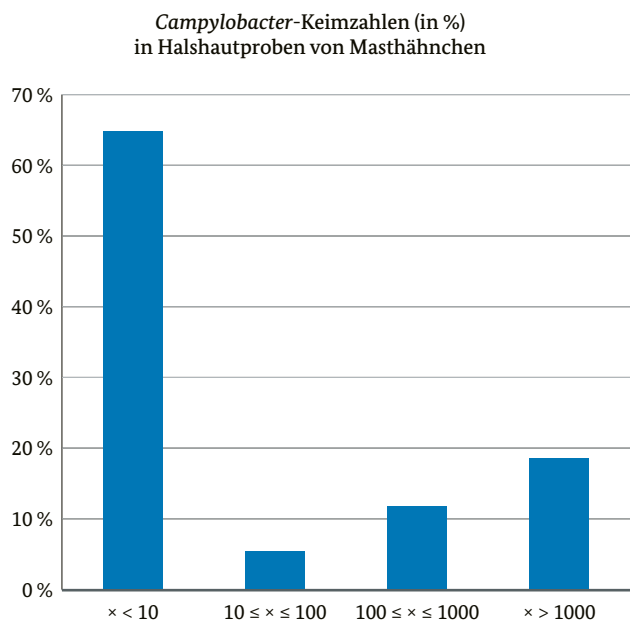


Abb. 4.1 Verteilung der Keimzahlen (x) aus der quantitativen Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (KbE/g)

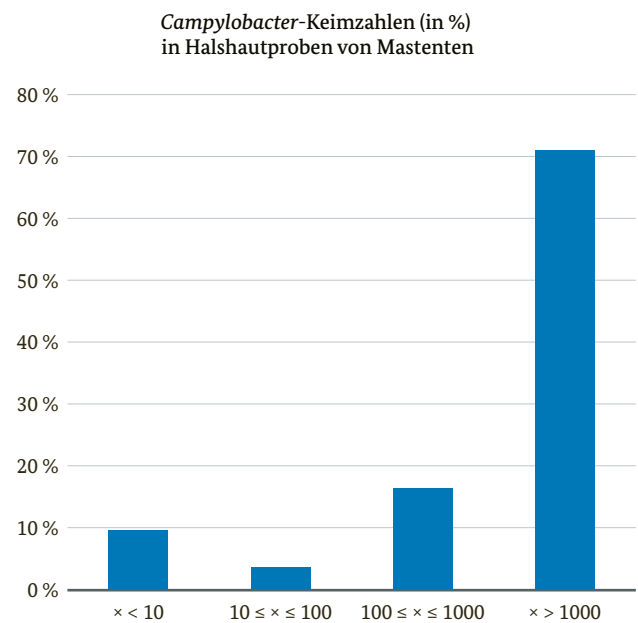


Abb. 4.2 Verteilung der Keimzahlen (x) aus der quantitativen Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Mastenten am Schlachthof (KbE/g)

Tab. 4.15 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Mastenten am Schlachthof (KbE/g)

| 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 | 350 | 317 (90,6) | 10 | $2,7 \times 10^3$ | $7,5 \times 10^4$ |

Tab. 4.16 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Mastenten am Schlachthof (KbE/g)

| Matrix | Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und ≤ 100 KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 100 KbE/g und ≤ 1.000 KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 1.000 KbE/g |
|----------|---|---|---|--|
| Halshaut | 350 | 12 (3,4) | 57 (16,3) | 248 (70,9) |

Tab. 4.17 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (n) | <i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|---|---|
| Schlachthof | | | |
| frische Schlachtleber | 152 | 12 | 7,9 (4,5-13,4) |

Insgesamt wurden 3.462 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 34,3% nachgewiesen. In 35,4% der Halshautproben von Masthähnchen, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylo-*

bacter spp. nachweisen. 5,3% der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 11,6% der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1.000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1.000 KbE/g wurden in 18,4% der Proben nachgewiesen. Die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 46,0%. In 2,1% der Proben von frischem Hähn-

chenfleisch ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode nachweisen, wobei die höchste gemessene Keimzahl bei 100 KbE/g lag. In Poolproben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof wurden *Campylobacter* zu 63,0% nachgewiesen. Die Kontaminationsrate von frischem Putenfleisch im Einzelhandel mit *Campylobacter* spp. betrug 10,7%. Im Blinddarminhalt von Mastenten am Schlachthof wurden *Campylobacter* zu 94,0% nachgewiesen. In Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. zu 90,6% nachweisen. 3,4% der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 16,3% der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1.000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1.000 KbE/g wurden in 70,9% der Proben nachgewiesen. Die Kontaminationsrate von frischem Entenfleisch im Einzelhandel mit *Campylobacter* spp. betrug 60,6%. In Proben von frischer Schlacht-leber von Mastschweinen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 7,9% nachgewiesen.

4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden 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. 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. Auch waren insgesamt 66 eingesandte Isolate mit Zuordnung zu einem Programm im NRL nicht anzüchtbar.

Von 1.721 berücksichtigten Isolaten von *Campylobacter* (*C.*) spp. wurde der überwiegende Anteil aus Mastenten gewonnen (49,8%): 638 am Schlachthof (321 aus Halshautproben und 317 aus Blinddarminhalt) und 220 Isolate aus frischem Fleisch im Einzelhandel. Weitere 520 Isolate (30,2%) wurden aus Proben von Masthähnchen gewonnen. Davon wurden 301 am Schlachthof gewonnen (150 aus Halshautproben und 151 aus Blinddarminhalt), die restlichen 219 Isolate stammten aus frischem Hähnchenfleisch ohne Haut, welches im Einzelhandel beprobt wurde. Aus der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden insgesamt 331 (19,2%) Isolate eingeschickt, davon 290 aus Blinddarminhalt am Schlachthof und 41 aus frischem Fleisch im Einzelhandel. Von Mastschweineleber am Schlachthof wurden insgesamt 12 Isolate zur Typisierung eingesandt.

Die Abbildungen 4.3 und 4.4 geben die Speziesverteilung unter den Isolaten für das Jahr 2022 wieder. 4 Isolate (2 aus Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof, eines aus frischem Putenfleisch und ein weiteres Isolat aus frischem Entenfleisch im Einzelhandel) wurden als *Campylobacter lari* im NRL be-

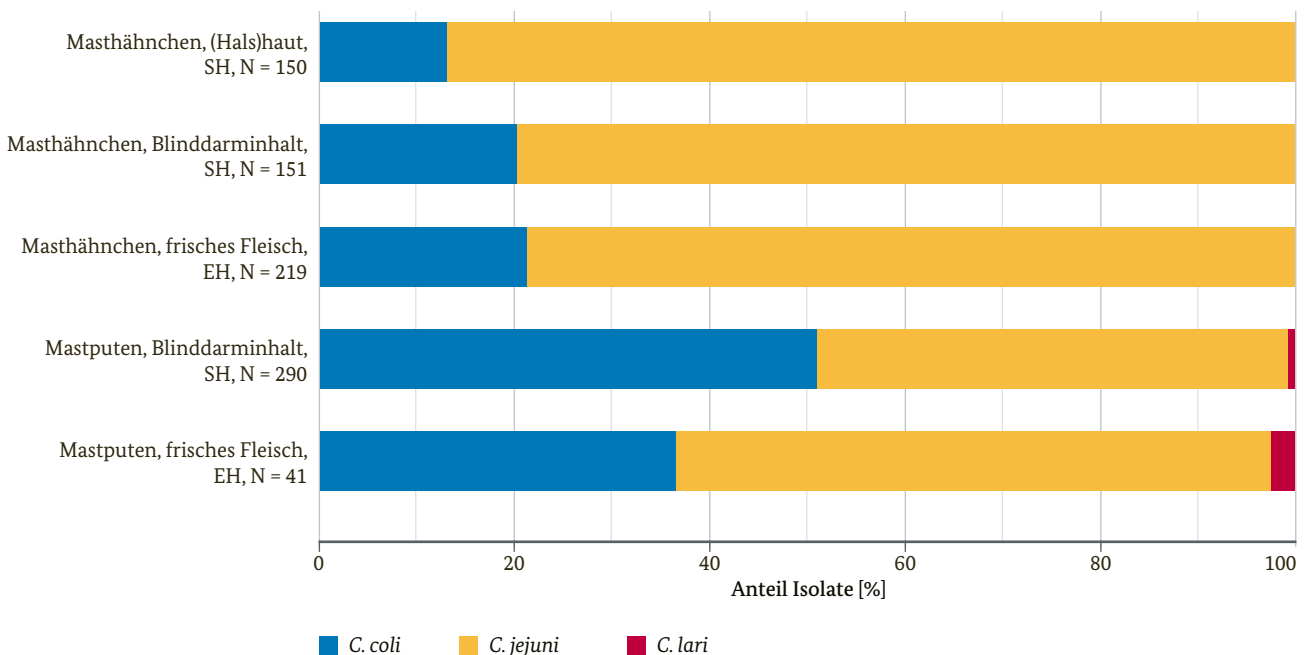


Abb. 4.3 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus Masthähnchen und Mastputen im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 851) (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

stimmt. Mit Ausnahme von Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastputen und aus Leber vom Mastschwein am Schlachthof gehörten die meisten Isolate der Spezies *C. jejuni* an. So waren 79,5% der Isolate von Blinddarminhalt von Masthähnchen, 86,7% von Halshautproben von Masthähnchen und 78,5% von frischem Hähnchenfleisch *C. jejuni*. Das Gleiche gilt für Isolate von Mastenten, bei denen 66,2% der Isolate von Blind-

darminhalt, 84,5% von Halshautproben und 67,3% von frischem Entenfleisch als *C. jejuni* typisiert wurden. Aus Proben von Blinddarminhalt von Mastputen waren 140 Isolate (48,3%) *C. jejuni*, während 51% der Isolate als *C. coli* identifiziert wurde. Unter den 41 Isolaten aus frischem Putenfleisch gehörten wiederum 36,6% der Spezies *C. coli* an. Aus Leber von Mastschwein am Schlachthof waren 11 der 12 Isolate (91,7%) *C. coli*.

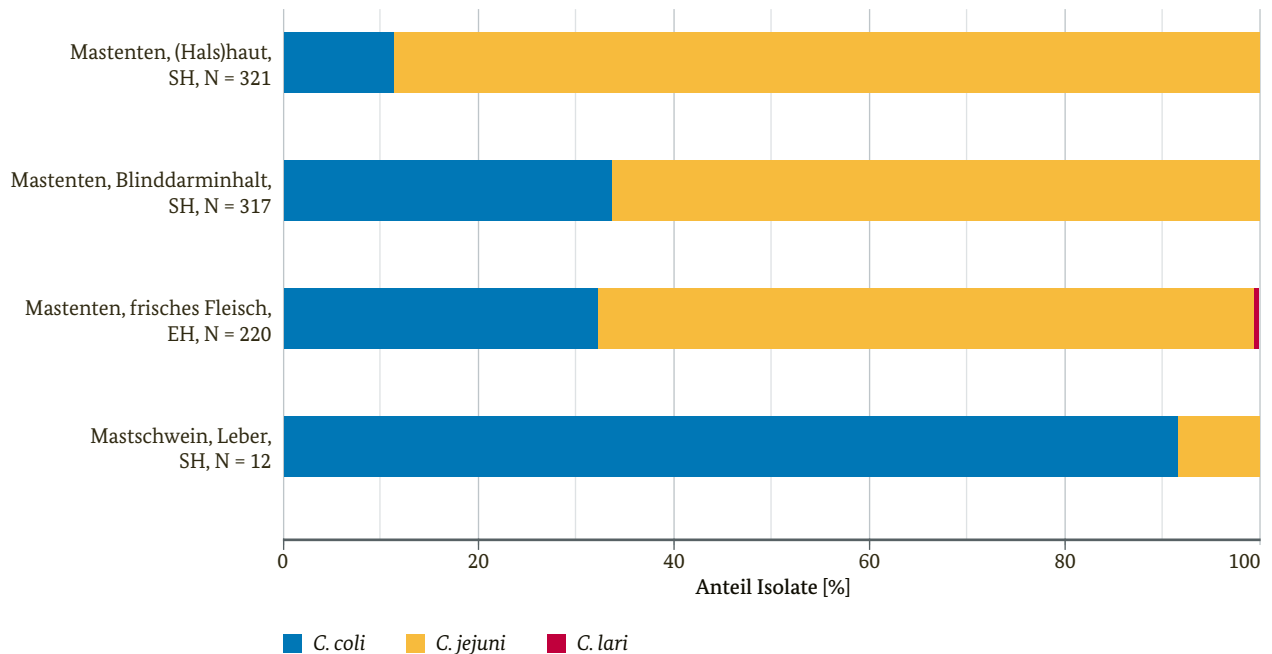


Abb. 4.4 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus Mastenten und Mastschwein im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 870) (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

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 2020). Listerien können Tiere vieler Arten infizieren, führen aber verhältnismäßig selten zu klinischen Symptomen. Am häufigsten erkranken Wiederkäuer (vor allem 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 Fehlge-

burten 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 deutlich seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit Beginn der Überwachung auf EU-Ebene im Jahr 2008 hat die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europaweit zugenommen, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über 64 und dabei insbesondere von Menschen im Alter von über 84 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2021, EFSA und ECDC 2022, RKI 2020). Der Gesamttrend der Listeriose zeigte im Zeitraum 2017 bis 2021 allerdings statistisch gesehen keine deutliche Zu- oder Abnahme (EFSA und ECDC 2022). Aufgrund der zunehmenden Alterung der Gesellschaft in den meisten Mitgliedstaaten ist es wichtig, das Bewusstsein und das Risiko für die Listeriose-Erkrankung insbesondere bei den älte-

ren Menschen zu schärfen, zumal sie oftmals zu bestimmten Kosumgewohnheiten, wie z. B. dem Verzehr von verpackten Fischprodukten, neigen, die mit einem erhöhten Risiko einhergehen, an einer Listeriose zu erkranken (EFSA und ECDC 2022).

Im Jahr 2021 wurden EU-weit 2.183 bestätigte invasive Listeriose-Fälle gemeldet. Die Listeriose war somit die am fünfthäufigsten gemeldete Zoonose beim Menschen in der EU. Die Inzidenz lag bei 0,49 pro 100.000 Einwohner und damit 14,0% höher als die Melderate im Jahr 2020 (0,43 pro 100.000 Einwohner), die den geringsten Wert seit Beginn der Listeriose-Überwachung im Jahr 2007 aufwies, was teilweise durch die COVID-19-Pandemie und den Austritt Großbritanniens aus der EU bedingt ist (EFSA und ECDC 2022). Verglichen mit der EU-Melderate vor der COVID-19-Pandemie (Jahresdurchschnitt 2017–2019) ist die Melderate im Jahr 2021 um 4,3% gestiegen. Berücksichtigt man die Daten aus Großbritannien nicht, ist es dagegen zu einem Rückgang um 2,0% gekommen. Der Gesamttrend der Listeriose zeigte in den Jahren 2017 bis 2021 statistisch gesehen aber keine deutliche Zu- oder Abnahme (EFSA und ECDC 2022). Die Melderate für Listeriose war selbst während der COVID-19-Pandemie im Vergleich zu anderen lebensmittelbedingten Krankheiten relativ stabil, was unter anderem damit zusammenhängt, dass an Listeriose erkrankte Menschen aufgrund der Schwere der Erkrankung häufig ambulant oder stationär behandelt werden müssen, sodass die Fälle erfasst und an das nationale Gesundheitssystem gemeldet werden. Darüber hinaus sind Ausbrüche, die hauptsächlich durch den Verzehr von verzehrfertigen Lebensmitteln ausgelöst werden, nicht unbedingt mit sozialen und gesellschaftlichen Ereignissen verbunden, sodass sich diesbezügliche Einschränkungen während der COVID-19-Pandemie, verglichen mit anderen lebensmittelbedingten Erkrankungen, vermutlich weniger stark ausgewirkt haben (EFSA und ECDC 2022).

Die Listeriose ist auch 2021 eine der lebensmittelbedingten Infektionen mit der höchsten Mortalität gewesen. Damit gehört sie zu den schwerwiegendsten durch Lebensmittel übertragbaren Krankheiten. Die Sterberate lag 2021 bei 13,7% und damit ähnlich hoch wie im Vorjahr (13,0%) (EFSA und ECDC 2022).

In Deutschland ist es in der Zeit von 2011 bis 2017 zu einer Verdopplung der Fallzahlen von 362 auf 769 gekommen. 2018 waren die Erkrankungszahlen mit 701 gemeldeten Fällen allerdings erstmalig gegenüber dem Vorjahr rückläufig (RKI 2019b). Im Jahr 2022 wurden dem RKI 569 Listeriose-Fälle gemeldet (RKI 2023). Damit liegt die Zahl übermittelter Listeriose-Erkrankungen in einer ähnlichen Größenordnung wie in den Vorjahren, 2020: 586 Fälle, 2019: 591 Fälle (RKI 2020, RKI 2023). Gesunde Menschen erkranken in der Re-

gel 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 2020). 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 manifestiert sich die Listeriose häufiger mit Blutvergiftungen und eitrigen Hirnhautentzündungen. Die Inkubationszeit beträgt bei der Listeriose 3 bis 70 Tage, sodass Krankheitsercheinungen oft erst drei Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2010). Listerien sind in der Umwelt weitverbreitet. 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 unter anderem für verzehrfertige Lebensmittel, die von den Lebensmittelunternehmen 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. Das Auftreten von *Listeria monocytogenes* variiert je nach Kategorie des verzehrfertigen Lebensmittels und nach der Stufe der Probenahme. Im Allgemeinen werden *Listeria monocytogenes* in verzehrfertigen Produkten, die im Einzelhandel entnommen werden, seltener in unerwünschten Mengen nachgewiesen als in verzehrfertigen Lebensmitteln, die auf der Ebene der Verarbeitungsbetriebe beprobt werden. Im Jahr 2021 wurden unbefriedigende Ergebnisse EU-weit am häufigsten in Proben von verzehrfertigen Fischereierzeugnissen (3,1% nicht zufriedenstellende Proben), anderen Fleischerzeugnissen als fermentierte Würste (2,5% nicht zufriedenstellende Proben) und Fisch (1,8% nicht zufriedenstellende Proben) nachgewiesen (EFSA und ECDC 2022).

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden *Listeria monocytogenes* bei folgenden verzehrfertigen Produkten in Mengen nachgewiesen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen: In einzelnen Proben von verpacktem geräucherten Fisch oder Graved-Fisch wurden *Listeria monocytogenes* direkt nach der Probenahme in Mengen von 300 und 600 KbE/g nachgewiesen. Der höchste Keimgehalt an *Listeria monocytogenes* wurde in einer Fischprobe zum Ende der Haltbarkeit gemessen ($6,4 \times 10^4$ KbE/g). In einzelnen Proben von Brühwurst/Brühwurstpasteten und streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch wurden Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* von 220 KbE/g bzw. 550 KbE/g gemessen. In Proben von Weichkäse aus Rohmilch von Kühen als auch von Rohmilchkäse von Schafen und Ziegen wurden

vereinzelt hohe Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* von $6,2 \times 10^3$ KbE/g bzw. 570 KbE/g nachgewiesen (BVL 2022b).

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Listeria monocytogenes* in Proben von Schlachthöfen sowie aus Herstellerbetrieben und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.18 bis 4.25 zu entnehmen.

Insgesamt wurden 1.809 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In einer Halshautprobe von Mastentenschlachtkörpern wurden *L. monocytogenes* mittels der quantitativen

Tab. 4.18 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Schlachtkörpern von Mastenten am Schlachthof (KbE/g)

| 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 | ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 10 KbE/g | davon Anzahl und Anteil Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g |
|----------|---|--|--|---|
| Halshaut | 346 | 1 (0,3) | 650 | 1 (0,3) |

Tab. 4.19 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von frischem Entenfleisch im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|--|--|
| Einzelhandel | | | |
| frisches Entenfleisch | 369 | 97 | 26,3 (22,1–31,0) |

Tab. 4.20 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von frischem Geflügelfleisch und von aufgeschnittenen Brühwurstserzeugnissen aus Geflügelfleisch in Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|---|--------------------------------|--|--|
| Herstellerbetrieb | | | |
| frisches Geflügelfleisch (am Wareneingang) | 141 | 32 | 22,7 (16,5–30,3) |
| Brühwurstserzeugnisse aus Geflügelfleisch (am Warenausgang) | 124 | 2 | 1,6 (0,1–6,1) |

Tab. 4.21 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Brühwurstserzeugnissen aus Geflügelfleisch in Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen (KbE/g)

| 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 | ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 10 KbE/g | davon Anzahl und Anteil Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g |
|---|---|--|--|---|
| Brühwurstserzeugnisse aus Geflügelfleisch | 116 | 0 | – | – |

Tab. 4.22 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von frischem Putenfleisch im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n) | <i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Einzelhandel | | | |
| frisches Putenfleisch (ohne Haut) | 465 | 32 | 6,9 (4,9–9,6) |

Tab. 4.23 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von schwarzen oder geschwärzten losen Oliven 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) |
|----------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Einzelhandel | | | |
| schwarze oder geschwärzte Oliven | 361 | 16 | 4,4 (2,7–7,1) |

Tab. 4.24 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in schwarzen oder geschwärzten losen Oliven im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| 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 |
| schwarze oder geschwärzte Oliven | 360 | 7 (1,9) | 10 | $1,1 \times 10^3$ | $1,2 \times 10^5$ |

Tab. 4.25 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Listeria monocytogenes* in schwarzen und geschwärzten losen Oliven im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| 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 und Anteil Proben mit <i>L. monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g |
|---------------------------------|---|--|---|
| schwarze und geschwärzte Oliven | 360 | 7 (1,9) | 6 (1,7) |

Methode nachgewiesen (0,3%). Die gemessene Keimzahl betrug 650 KbE/g. Im Einzelhandel entnommene Proben von frischem Entenfleisch und Putenfleisch waren zu 26,3 % bzw. 6,9 % positiv für *Listeria monocytogenes*. In 22,7 % der Proben von frischem Geflügelfleisch und in 1,6 % der Proben von Brühwurstherzeugnissen aus Geflügelfleisch, die jeweils in Herstellerbetrieben für verzehrfertige Geflügelfleischerzeugnisse entnommen wurden, wurden *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. In keiner der quantitativ untersuchten Proben von Brühwurstherzeugnissen aus Geflügelfleisch wurden Keimzahlen oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g nachgewiesen. 4,4 % der Proben von schwarzen und geschwärzten losen Oliven im Einzelhandel waren positiv für *Listeria monocytogenes*. Mittels der quantitativen Methode wurden in 1,9 % der Proben

von schwarzen und geschwärzten Oliven *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. 1,7 % der Proben wiesen Keimgehalte von über 100 KbE/g auf, wobei die höchste gemessene Keimzahl $1,2 \times 10^5$ KbE betrug.

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* 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 der Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch

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

Es wurden aus sechs Untersuchungsprogrammen 169 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. 5 Isolate gehörten anderen Spezies als *Listeria (L.) monocytogenes* an. 3 Isolate, davon 2 aus Entenfleisch und eins aus Putenfleisch im Einzelhandel, wurden als *L. innocua* und 2 weitere Isolate, davon eines aus Entenfleisch und eines aus Putenfleisch im Einzelhandel, als *L. welshimeri* identifiziert.

Die verbleibenden 164 Isolate von *L. monocytogenes* teilen sich nach den festgestellten Serotypen wie folgt auf (Abb. 4.5): Das Isolat aus Halshautproben von Mastenten gehörte dem Serotyp IVb an. Proben aus frischem Fleisch von Mastputen und Mastenten im Einzelhandel und von Mastgeflügel beim Hersteller und Abpacker gehörten jeweils überwiegend zum Serotyp IIa (72,4 %, 57 % und 83,3 %). Die 2 Isolate aus verzehrfertigen Brühwurstherzeugnissen beim Hersteller und Abpacker gehörten dem Serotyp IIa an. In Isolaten aus Oliven kam neben den Serotypen IIb und IIc hauptsächlich der Typ IVb vor.

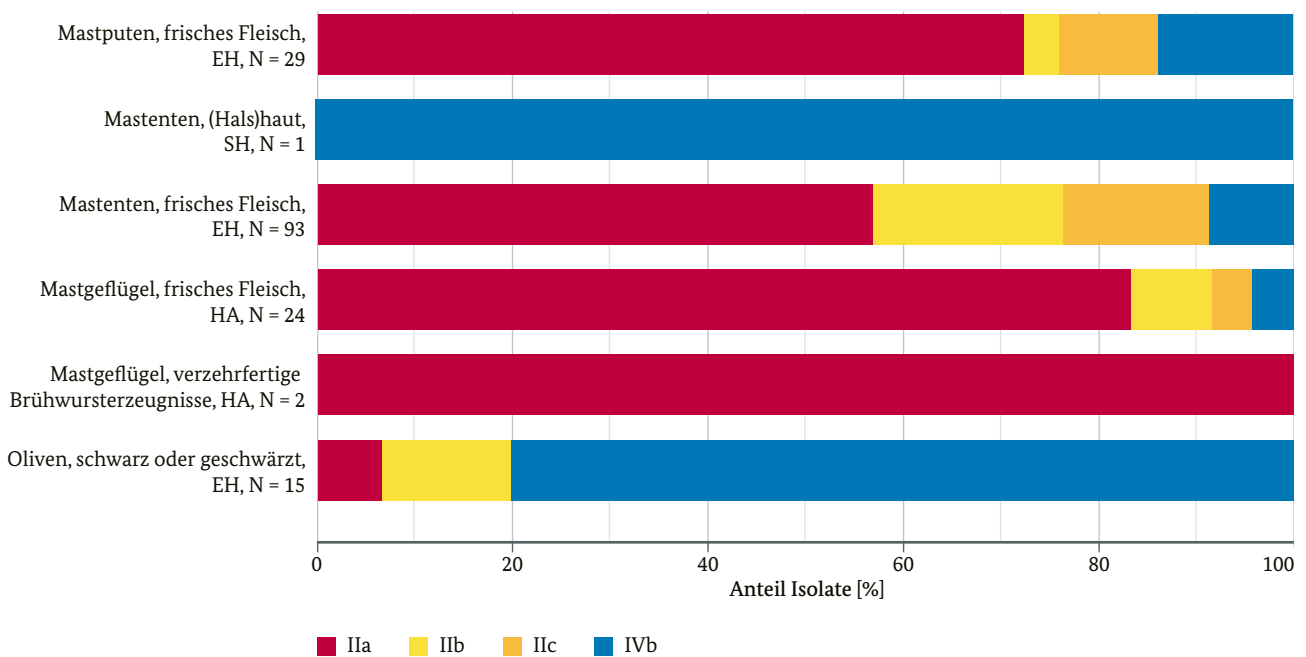


Abb. 4.5 Übersicht über die Verteilung der Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 164) (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, HA: Hersteller und Abpacker)

4.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

4.4.1 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 2016b). 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 2009a). Bei Infektion einer Wunde mit MRSA können lokale (oberflächliche), tiefgehende oder systemische Krankheitserscheinungen auftreten (RKI 2016b).

MRSA wurden auch bei Heim- und Nutztieren nachgewiesen (BfR 2009a, 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 398“ (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. Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in frischem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen. Seit 2016 ist die MRSA-Nachweisrate in Proben von frischem Hähnchenfleisch allerdings auf unter 20 % gesunken (BVL 2022b). 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 „nutztierassoziierten“ MRSA kolonisiert sind, scheinen seltener zu einer Ausbreitung von MRSA in

Krankenhäusern beizutragen als Träger von „krankenhausassoziierten“ MRSA-Stämmen. Außerdem scheint eine Infektion des Menschen mit „nutztierassoziierten“ 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 Septikämien beschrieben (Köck et al. 2013).

4.4.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von MRSA in Proben von Schlachthöfen und Grenzkontrollstellen sowie aus der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.26 bis 4.29 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder MRSA-verdächtige Isolate aus der Primärisolierung ein, die im NRL für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR bestätigt werden. Von den zur Bestätigung eingesandten 478 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 452 (95,0 %) als MRSA bestätigt, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz MRSA-verdächtigter 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.

Tab. 4.26 Prävalenz von MRSA in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | MRSA-positive Proben (n) | MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|--------------------------------------|--------------------------------|--------------------------|--|
| Schlachthof | | | |
| Halshaut | 412 | 69 | 16,7 (13,4–20,7) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Hähnchenfleisch | 49 | 0 | 0,0 (0,0–8,7) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut) | 485 | 24 | 4,9 (3,3–7,3) |

Tab. 4.27 Prävalenz von MRSA in Proben von Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Putenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | MRSA-positive Proben (n) | MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------------------|--------------------------------|--------------------------|--|
| Schlachthof | | | |
| Halshaut | 417 | 224 | 53,7 (48,9–58,4) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Putenfleisch | – | – | – |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Putenfleisch (ohne Haut) | 460 | 158 | 34,3 (30,2–38,8) |

Tab. 4.28 Prävalenz von MRSA in Proben von Schlachtkörpern von Mastenten am Schlachthof und in Proben von frischem Entenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | MRSA-positive Proben (n) | MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|--------------------------|--|
| Schlachthof | | | |
| Halshaut | 350 | 3 | 0,9 (0,2–2,6) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Entenfleisch | 372 | 7 | 1,9 (0,8–3,9) |

Tab. 4.29 Prävalenz von MRSA in Nasentupfern von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | MRSA-positive Proben (n) | MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|--------------------------|--|
| Freie Wildbahn | | | |
| Nasentupfer gesamt | 248 | 2 | 0,8 (0,0–3,1) |

Es wurden insgesamt 2.793 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In Halshautproben von Masthähnchen, Mastputen und Mastenten am Schlachthof wurden MRSA zu 16,7%, 53,7% bzw. 0,9% nachgewiesen. Frisches Hähnchen, -Puten- und Entenfleisch im Einzelhandel war zu 4,9%, 34,3% bzw. 1,9% positiv für MRSA. In den Hähnchenfleischproben von Grenzkontrollstellen wurden keine MRSA nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Nasentupferproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn betrug 0,8%.

4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR eingesandt. Von den zur Bestätigung eingesandten und für die Auswertung berücksichtigten 478 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 452 (95,0%) als MRSA bestätigt. 2 Isolate wurden ausgeschlossen, weil sie nicht vollständig charakterisiert werden konnten. 15 Isolate waren Methicillin-sensible *Staphylococcus (S.) aureus*, 2 Isolate waren *mecA*-positiv, gehörten aber einer anderen *Staphylococcus* spp. an, und 7 Isolate waren keine Staphylokokken.

Die 452 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus sieben Programmen: Halshautproben am Schlachthof, frisches Fleisch im Einzelhandel von Masthähnchen, Mastputen und Mastenten sowie Nasenschleimhaut von Wildkarnivoren. Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des für das Protein A von *S. aureus* codierenden Gens *spa* für eine Unterteilung der Isolate genutzt, wodurch sich verwandtschaftliche Beziehungen ableiten lassen.

Anhand des *spa*-Typs lassen sich die Isolate anschließend relativ gut in die beiden aus epidemiologischer Sicht differenziert zu betrachtenden Gruppen von Isolaten einteilen: Isolate, die dem nutztierassoziierten klonalen Komplex (CC) 398 angehören und solche, die mit diesem Komplex nicht assoziiert sind (non-CC398).

Für die MRSA-Isolate wurden insgesamt 31 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die meisten Isolate (92%) dem CC398 zugeordnet werden konnten. Die Typen *t034* (266 Isolate) und *t011* (77 Isolate) kamen am häufigsten vor. Bei weiteren 36 Isolaten wurden andere *spa*-Typen bestimmt, die ebenfalls dem CC398 zuzuordnen sind. Weitere 48 Isolate gehörten zum *spa*-Typ *t899*, der verschiedenen klonalen Komplexen zugeordnet werden kann. Legt man eine Tetrazyklin-Resistenz als Marker für eine CC398-Zuordnung zugrunde, lassen sich zudem 35 der *t899*-Isolate dem CC398 zuordnen. Isolate, die sich nicht dem CC398 zuordnen ließen, gehörten 9 *spa*-Typen an (*t008*, *t009*, *t127*, *t235*, *t242*, *t899*, *t1422*, *t1430*, *t10204*). Abbildung 4.6 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten MRSA-Isolate (N = 362) stammten aus der Putenfleischkette (219 aus Halshautproben und 143 aus frischem Fleisch). In beiden Fällen gehörten die meisten Isolate zum *spa*-Typ *t034* (64,8% bzw. 59,4%). Auch bei frischem Fleisch von Masthähnchen gehörten die meisten Isolate zum *spa*-Typ *t034* (70,8%). Bei der (Hals)haut von Masthähnchen wurden dagegen die meisten Isolate dem *spa*-Typ *t011* zugeordnet (53,3%). Von den 5 Isolaten aus der Entenfleischkette konnten 4 Isolate dem *spa*-Typ *t011* zugeordnet werden. Das Isolat aus Nasenschleimhautproben von Wildkarnivoren wurde dem *spa*-Typ *t037* (assoziiert mit CC398) zugeordnet.

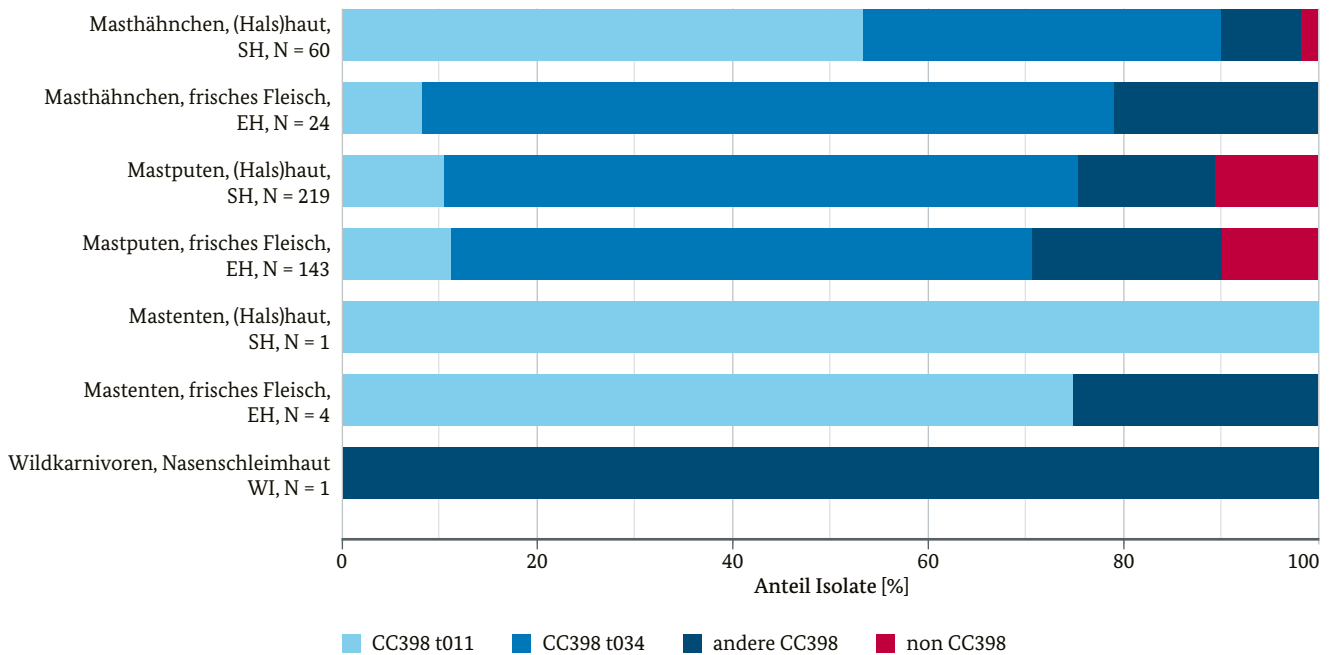


Abb. 4.6 Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen (eingeteilt anhand ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex (CC) 398) der untersuchten Isolate aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 452) (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn)

4.5 Hepatitis-E-Virus

4.5.1 Einleitung

Das Hepatitis-E-Virus (HEV) gehört zur Familie der *Hepeviridae* (Genus *Orthohepevirus*) und ist der Erreger der Hepatitis E, bei der es sich um eine weltweit vorkommende akute Leberentzündung handelt (Clemente-Casares et al. 2016, Kamar et al. 2012, RKI 2015). Beim Menschen wurden vier Genotypen isoliert, die teilweise deutliche Unterschiede bezüglich ihres Wirtsspektrums und ihrer Übertragungswege aufweisen. Die Genotypen 1 und 2 infizieren ausschließlich den Menschen, während die Genotypen 3 und 4 auch bei Tieren vorkommen (Clemente-Casares et al. 2016, EFSA 2017, Johne et al. 2022, Kamar et al. 2012, RKI 2015). Genotyp-1-Stämme wurden hauptsächlich in Asien und Afrika identifiziert. Genotyp-2-Stämme kommen in Afrika und Mexiko vor (Clemente-Casares et al. 2016, Kamar et al. 2012). Beide Genotypen werden aufgrund niedriger Hygienestandards vor allem durch mit menschlichen Fäkalien kontaminiertes Trinkwasser übertragen und verursachen häufig große Krankheitsausbrüche in Entwicklungsländern (Clemente-Casares et al. 2016, Kamar et al. 2012, RKI 2015). Vereinzelt werden auch in Deutschland Genotyp-1- und -2-Infektionen bei Reiserückkehrern diag-

nostiziert (RKI 2015). Genotyp-3-Stämme sind für die meisten in Deutschland sowie in mehreren Ländern Europas und in Nordamerika erworbenen Fälle von Hepatitis E verantwortlich (Clemente-Casares 2016, Kamar et al. 2012, RKI 2015). Genotyp-4-Stämme kommen vor allem in Südostasien vor, einige autochthone Fälle, die durch diesen Genotyp verursacht wurden, wurden aber auch in Europa gemeldet (Clemente-Casares 2016, Kamar et al. 2012, EFSA 2017). Stämme vom Genotyp 3 und 4 befallen vor allem Haus- und Wildschweine. Dies konnte in zahlreichen Studien aus Europa und den USA gezeigt werden, in denen HEV-Antikörper bzw. HEV-RNA bei Hausschweinen und Wildschweinen sowie in Schweinefleischprodukten, wie z. B. Leber- und Leberwurstproben, und in Blutproben in unterschiedlicher Häufigkeit nachgewiesen wurden (Bigoraj et al. 2021, Boxman et al. 2022, Crotta et al. 2021, Denzin und Borgwardt 2013, Ferri et al. 2022, Harrison et al. 2021, Kaci et al. 2008, Lorusso et al. 2022, Pallerla et al. 2020, Weigand et al. 2018). Da die in Europa vorherrschenden Subtypen 3c, 3e und 3f der Genotyp-3-Stämme auch in Schweinen, Wildschweinen und anderen Tierarten nachgewiesen werden, scheint eine Übertragung vom Tier auf den Menschen über den Kontakt oder den Verzehr von Fleischprodukten wahrscheinlich (Bigoraj et al. 2021, EFSA 2017, Johne et al. 2022, Pallerla et al. 2020, Ferri et al. 2022, Lorusso et al. 2022). Die HEV-Infektion bei Schweinen verläuft weitgehend ohne klinische

Symptome, die Tiere sind aber Träger des Virus, das in hohem Maße über Kot und Galle ausgeschieden wird, wodurch es zur Kreuzkontamination von Lebensmitteln während des Schlachtens, Ausnehmens und der Lebensmittelverarbeitung oder -handhabung kommen kann (EFSA 2017). Rohes bzw. unzureichend erhitztes Schweinefleisch und Leberwürste aus Schweinefleisch sind die am häufigsten gemeldeten Lebensmittelprodukte, die mit sporadischen Fällen oder Ausbrüchen von HEV in Europa in Verbindung gebracht werden (EFSA 2017). Auch der Kontakt mit infizierten Tieren stellt ein Risiko für eine HEV-Infektion dar. Personal mit beruflicher Exposition gegenüber Schweinen oder Wildschweinen ist häufiger seropositiv für Hepatitis E als die allgemeine Bevölkerung. Hirschfleisch stellt ebenfalls ein zoonotisches Risiko dar, die HEV-Prävalenz bei Hirschen ist jedoch vergleichsweise gering (EFSA 2017). Bei einer Reihe weiterer Tiere wurden andere eng verwandte Stämme mit geringerer Relevanz für die öffentliche Gesundheit gefunden. Hierzu gehören Wildschweine (HEV-5 und HEV-6), Kaninchen (HEV-3ra) und Kamele (HEV-7 und HEV-8) (EFSA 2017). Filtrierende Organismen (z. B. Muscheln) können im Wasser vorkommendes HEV anreichern und so ebenfalls als Infektionsquelle dienen. Das Virus kann zudem auch parenteral (z. B. durch kontaminierte Blutprodukte) übertragen werden (Clemente-Casares 2016, John et al. 2022, Kamar et al. 2012, RKI 2015). In Deutschland und vielen weiteren Industrienationen nimmt die Zahl der gemeldeten Hepatitis-E-Infektionen kontinuierlich zu, was höchstwahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzteschaft und häufigeres labor-diagnostisches Testen und nicht auf eine tatsächliche Steigerung der Erkrankungszahlen beim Menschen zurückzuführen ist (RKI 2015, RKI 2021). Im Jahr 2020 wurden dem RKI insgesamt 3.246 Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt (2001: 34 Fälle), was einer bundesweiten Inzidenz von 3,9 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht (RKI 2002, RKI 2021). Eine Hepatitis-E-Infektion geht mit einer breiten Palette von klinischen Manifestationen einher, die von asymptomatischen oder subklinischen Verläufen bis zu akutem Leberversagen reichen, wobei angenommen wird, dass die

asymptomatische und selbstlimitierende Infektion in Europa am häufigsten ist (Clemente-Casares 2016, Kamar et al. 2012 und RKI 2015). Die in Deutschland gemäß Infektionsschutzgesetz gemeldeten symptomatischen Infektionen betreffen häufiger Männer über 40 Jahre. Todesfälle im Zusammenhang mit Hepatitis-E-Infektionen sind in Deutschland sehr selten. Die Letalität unter den gemeldeten Fällen liegt deutlich unter 1% (RKI 2015). Patienten mit symptomatischer Infektion leiden in der Regel an Gelbsucht, Verlust des Appetits, Bauchschmerzen und Hepatomegalie. Fieber, Übelkeit und Erbrechen treten seltener auf. Schwere Verläufe bei HEV-Genotyp-3-Infektionen treten insbesondere bei Personen mit Leberbeschädigungen auf. Meistens handelt es sich bei der Hepatitis-E-Infektion um eine akute Infektion, stark immungeschwächte Patienten (z. B. Transplantationspatienten) haben aber ein erhöhtes Risiko für eine Chronifizierung der Infektion, einhergehend mit der raschen Entwicklung einer Leberzirrhose (Clemente-Casares 2016, Kamar et al. 2012, RKI 2015, RKI 2021). Bei Schwangeren können Infektionen mit Stämmen des Genotyps 1 insbesondere im letzten Schwangerschaftsdrittel mit schweren Krankheitsverläufen, einschließlich fulminantem Leberversagen, und Todesraten von bis zu 30% einhergehen. Im Zusammenhang mit akuten oder chronischen HEV-Infektionen durch die Genotypen 1 und 3 können auch verschiedene extrahepatische Erkrankungen auftreten, die unter anderem neurologische Schädigungen wie das Guillain-Barré-Syndrom, neuralgische Amyotrophie und Enzephalitis/Meningoenzephalitis sowie Myositis umfassen (Clemente-Casares 2016, Kamar et al. 2012, RKI 2015).

4.5.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen des Hepatitis-E-Virus in Proben von Schlachthöfen sind der Tabelle 4.30 zu entnehmen. In 4,9% der Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof wurde das Hepatitis-E-Virus nachgewiesen.

Tab. 4.30 Prävalenz vom Hepatitis-E-Virus in Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | Hepatitis-E-Virus-positive Proben (n) | Hepatitis-E-Virus-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------|--------------------------------|---------------------------------------|---|
| Schlachthof | | | |
| frische Schlachtleber | 392 | 19 | 4,9 (3,1–7,5) |

4.6 *Echinococcus* spp.

4.6.1 Einleitung

Die Echinokokkose ist eine zoonotische Infektion, die durch die Larvenstadien von Bandwurmartarten der Gattung *Echinococcus* verursacht wird. Die beiden wichtigsten Arten sind *Echinococcus granulosus* (kleiner Hundebandwurm), der beim Menschen das Krankheitsbild der zystischen Echinokokkose hervorruft, und *Echinococcus multilocularis* (kleiner Fuchsbandwurm), der Erreger der alveolären Echinokokkose (Brehm 2017, Ghasemirad et al. 2022, Otero-Abad und Torgerson 2013, RKI 2005, RKI 2021). Der Mensch infiziert sich durch die versehentliche orale Aufnahme von parasitären Eiern, die mit dem Kot von Endwirten ausgeschieden werden (Hunde, Füchse und andere Canidae) (Brehm 2017, Ghasemirad et al. 2022, Otero-Abad und Torgerson 2013, RKI 2005). Aus den aufgenommenen Eiern schlüpfen anschließend Onkosphären (Hakenlarven), die durch das Kreislaufsystem in verschiedene Organe (hauptsächlich Leber und Lunge) wandern, wo sie sich zu sogenannten Hydatidenzysten entwickeln (Brehm 2017, Ghasemirad et al. 2022, RKI 2005). Der Hauptendwirt von *Echinococcus granulosus* ist der Hund und von *Echinococcus multilocularis* der Rotfuchs. Natürliche Zwischenwirte sind Hufnutztiere (*Echinococcus granulosus*) bzw. Nagetiere (*Echinococcus multilocularis*) (Brehm 2017, Ghasemirad et al. 2022, Otero-Abad und Torgerson 2013, RKI 2005). Menschen stellen abweichende Zwischenwirte bzw. Fehlz Zwischenwirte dar, wenn sie sich mit Eiern infizieren (Brehm 2017, EFSA 2015, Ghasemirad et al. 2022, Robbins et al. 2022, Torgerson et al. 2010, RKI 2005). Das Krankheitsbild der zystischen Echinokokkose ist durch langsam größer werdende Zysten mit Bindegewebskapsel insbesondere in Leber und Lunge gekennzeichnet, die über mehrere Jahre symptomlos bleiben können. Die zystische Echinokokkose ist chirurgisch oder medikamentös gut behandelbar, häufig werden auch Remissionen ohne Therapie beobachtet (RKI 2005). Die alveoläre Echinokokkose zählt dagegen zu den gefährlichsten Zoonosen der Welt, da *Echinococcus multilocularis* beim Menschen keine geschlossenen Zysten bildet, sondern es zu einem infiltrativen Wachstum der Larve, vergleichbar mit dem Wachstum eines malignen Tumors, kommt (EFSA 2015, RKI 2005, Robbins et al. 2022, Torgerson et al. 2010). In der Regel ist bei der alveolären Echinokokkose ausschließlich die Leber von der Larve befallen, die von vom Keimepithel gebildeten Sprossen durchsetzt wird (Brehm 2017, Ghasemirad et al. 2022, RKI 2005, Torgerson et al. 2010). In den späten Stadien der Krankheit können sich die Lar-

ven über das Blut- und Lymphsystem in andere Organe ausbreiten, was zu einer Vielzahl von Symptomen führt (Brehm 2017, EFSA 2015, RKI 2005, Torgerson et al. 2010). Die Infektion des Menschen mit *Echinococcus multilocularis* kann durch direkten Kontakt mit dem Endwirt oder indirekt durch den Verzehr von mit Parasiteneiern kontaminierten Lebensmitteln oder möglicherweise Wasser erfolgen (EFSA 2015, Ghasemirad et al. 2022, Torgerson et al. 2010). Gemüse, Pilze, Beeren, Obst oder Pflanzen können am Boden mit Eiern von *Echinococcus multilocularis* durch Kontakt mit Kotmaterial infizierter Endwirte kontaminiert werden (EFSA 2015). Der Hauptendwirt für *Echinococcus multilocularis* ist der Rotfuchs, aber auch andere Canidae wie Haushunde, Marderhunde, Goldschakale und Wölfe können als Endwirte fungieren (EFSA 2015, Otero-Abad und Torgerson 2013, Robbins et al. 2022). Die Prävalenz von *Echinococcus multilocularis* bei Marderhunden ist in Osteuropa und Ostdeutschland ähnlich hoch wie bei Rotfüchsen (EFSA 2015). In der allgemeinen Hundepopulation ist die Prävalenz von *Echinococcus multilocularis* dagegen sehr gering (EFSA 2015). Während die zystische Echinokokkose auf der ganzen Welt mit Ausnahme der Antarktis verbreitet ist, ist das Vorkommen der alveolären Echinokokkose auf die nördliche Hemisphäre beschränkt, mit den Schwerpunkten China, Mitteleuropa, Russland und Nordamerika (Ghasemirad et al. 2022). Die Inkubationszeit für die alveoläre Echinokokkose ist nicht genau bekannt, beträgt aber vermutlich 5 bis 15 Jahre (EFSA 2015). Dies erschwert die Identifizierung von Risikofaktoren für die Infektion, da weder die Exposition gegenüber potenziell kontaminierten Lebensmitteln noch das Vorkommen in Endemiegebieten für solche langen Zeiträume festgestellt oder ausgeschlossen werden können (EFSA 2015). Die tatsächliche Zahl der an alveolärer Echinokokkose erkrankten Menschen in der EU ist unbekannt, was hauptsächlich an der fehlenden Meldepflicht auf Artenebene in mehreren Mitgliedstaaten liegt. Im Jahr 2021 wurden 529 bestätigte Echinokokkose-Fälle in der EU gemeldet, was einer Melderate von 0,15 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. Zu 415 Echinokokkose-Fällen (78,4 %) wurden Informationen zur Erregerart bereitgestellt, wobei 137 der Erkrankungen durch *Echinococcus multilocularis* ausgelöst wurden (EFSA und ECDC 2022). Allerdings ist es aufgrund der langen Inkubationszeit, des hohen Anteils asymptomatischer oder paucisymptomatischer Träger, die nie einen Arzt aufsuchen, und unzureichend gemeldeter bzw. fehldiagnostizierter Fälle äußerst schwer, die tatsächliche Prävalenz dieser Krankheiten abzuschätzen. In Deutschland ist die alveoläre Echinokokkose endemisch, während die zystische Echinokokkose vorrangig aus anderen Ländern importiert ist (RKI 2021).

Sowohl hinsichtlich der Fälle von alveolärer Echinokokkose beim Menschen als auch der Anzahl der befallenen Füchse ist ein klares Süd-Nord-Gefälle zu beobachten, wobei Baden-Württemberg (z. B. Schwäbische Alb) und Bayern Hauptinfektionsgebiete sind (Brehm 2017). Dem RKI wurden im Jahr 2020 insgesamt 70 zystische und 46 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Für 19 Fälle lag keine Differenzierung vor. Aufgrund der langen Zeit zwischen Infektion und Diagnose lassen die Fallzahlen der zystischen und der alveolären Echinokokkose allerdings keine Aussagen über aktuelle Infektionszahlen zu (RKI 2021).

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Echinococcus* spp. in Proben aus der freien Wildbahn sind der Tabelle 4.31 zu entnehmen.

In 14,7% der Kotproben von Füchsen in der freien Wildbahn wurden *Echinococcus* spp. nachgewiesen. Kotproben von Jungtieren waren zu 20,0% und Proben von ausgewachsenen Tieren zu 14,3% positiv für *Echinococcus* spp.

Tab. 4.31 Prävalenz von *Echinococcus* spp. in Kotproben von Füchsen in der freien Wildbahn

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Echinococcus</i> -positive Proben (n) | <i>Echinococcus</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-------------------------------|--------------------------------|--|--|
| Freie Wildbahn | | | |
| Kot von Füchsen gesamt | 68 | 10 | 14,7 (8,0–25,2) |
| Kot von Jungtieren | 5 | 1 | 20,0 (2,0–64,0) |
| Kot von ausgewachsenen Tieren | 63 | 9 | 14,3 (7,5–25,2) |

4.7 *Baylisascaris procyonis*

4.7.1 Einleitung

Baylisascaris procyonis ist ein Spulwurm, der zur Familie der Askariden gehört und Waschbären befällt (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016, Lombardo et al. 2022, Renteria Solis et al. 2018). Er ist die Ursache der Baylisascariasis beim Menschen, einer Infektion, bei der die Nematodenlarve des Waschbärspulwurms verschiedene Organsysteme befällt und eine besonders schwere Form des Larva-migrans-Syndrom auslöst, das mit neurologischen Erkrankungen (neurales Larva-migrans-Syndrom), Augenerkrankungen (diffuse einseitige subakute Neuroretinitis) sowie viszerale Erkrankungen (viszerale Larva-migrans-Syndrom) einhergehen kann. Es treten aber auch verdeckte bzw. asymptomatische Infektionen auf (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016). Waschbären können sich als gut angepasste Endwirte mit dem Spulwurm infizieren, indem sie embryonierte Eizellen aus der Umgebung oral aufnehmen, die anschließend im Darm zu adulten Würmern heranreifen, deren Eier wiederum mit dem Kot ausgeschieden werden (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016, Lombardo et al. 2022, Renteria Solis et al. 2018). Eine Infektion der Waschbären mit *Baylisascaris procyonis* ist aber auch durch das

Fressen paratenischer Wirte (Wirtsorganismus, in dem ein Parasit überleben kann, aber keine wesentliche Fortentwicklung vollzieht) wie Mäusen möglich, die zuvor infektiöse Eier aufgenommen haben. Im Darm der Mäuse beispielsweise entwickeln sich die Eier zu Larven, die anschließend über die Blutbahn in andere Organe und Gewebe, einschließlich des Zentralen Nervensystems (ZNS) und der Augen, gelangen, wo sie sich zu Granulomen einkapseln (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016, Lombardo et al. 2022, Renteria Solis et al. 2018). Waschbären können Millionen von Eiern des Spulwurms pro Tag mit ihrem Kot ausscheiden, den sie typischerweise in Latrinen (Kotplätze, die von mehreren Waschbären zusammen genutzt werden) ablegen. Die dickwandigen Eier von *Baylisascaris procyonis* bleiben mehrere Jahre in der Umwelt lebensfähig (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016, Heddergott et al. 2020, Lombardo et al. 2022). Der Mensch infiziert sich über die versehentliche orale Aufnahme der Eier des Waschbärspulwurms aus der Umwelt, wobei sich die im Darm entwickelnden Larven ähnlich wie bei jedem anderen paratenischen Wirt verhalten, mit den möglichen Auswirkungen sehr schwerer ZNS- und Augenerkrankungen (Graeff-Teixeira et al. 2016, Lombardo et al. 2022). Die Prävalenz von *Baylisascaris procyonis* beim Menschen ist derzeit nicht bekannt. Es wurde bisher nur von wenigen symptomatischen Patienten mit neurologischen und viszerale Erkrankungen berichtet,

die tatsächliche Zahl ist vermutlich aber deutlich höher aufgrund von verdeckten und asymptomatischen Infektionen, die unentdeckt bleiben (Graeff-Teixeira et al. 2016). Betroffen von einer Infektion sind vorrangig kleine Kinder, was mit ihrer Neugier, ihrer Zeit beim Spielen im Freien und ihrer Gewohnheit, häufig die Hände in den Mund zu stecken, im Zusammenhang steht, da sich hierdurch das Risiko einer Exposition gegenüber den Spulwurmeiern erhöht (Graeff-Teixeira et al. 2016, Lombardo et al. 2022). Aus Deutschland wurde allerdings von einer erwachsenen Patientin berichtet, die einen Waschbären als Haustier hielt und in deren Netzhaut eine Nematodenlarve eingewandert war, bei der es sich mit hoher Wahrscheinlichkeit um die Larve von *Baylisascaris procyonis* handelte (Küchle et al. 1993). Waschbären sind in Nord- und Mittelamerika beheimatet, wurden aber in andere Teile der Welt einschließlich Europa und Teile Asiens eingeführt (Bauer 2011, Graeff-Teixeira et al. 2016). Die Tiere kommen in mindestens 20 europäischen Ländern vor, und allein in Deutschland sollen 100.000 Waschbären in der freien Wildbahn mit einer Prävalenz von *Baylisascaris procyonis* von 71 % leben (Graeff-Teixeira et al. 2016). Nach Deutschland, das derzeit die größte Waschbärpopulation in Europa hält, wurde der Waschbär erstmals 1934 eingeführt, wobei eine gezielte Ansiedlung von zwei Waschbärpaaren in Hessen erfolgte (Renteria Solis et al. 2018, Schwarz et al. 2015). 1935 wurden zwei weitere weibliche und ein männliches Tier in der brandenburgischen Schorfheide freigelassen. Mittlerweile kommt

der Waschbär flächendeckend in ganz Deutschland vor (Schwarz et al. 2015). Der Waschbärspulwurm wurde unter anderem bei Waschbären in Mitteldeutschland (Heddergott et al. 2020, Osten-Sacken et al. 2018), Sachsen (Renteria Solis et al. 2018, Renteria Solis et al. 2020) und Thüringen (Renteria Solis et al. 2020) nachgewiesen. In Mitteldeutschland waren im Median 43,6 % der untersuchten Waschbären mit *Baylisascaris procyonis* befallen (Heddergott et al. 2020). Der Parasit wurde dagegen nicht in westlichen Gebieten Deutschlands und nicht in einer nordöstlichen Region nachgewiesen, die die Bundesländer Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, nördliche Teile von Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Ostsachsen umfasst (Heddergott et al. 2020). Der fehlende Nachweis von *Baylisascaris procyonis* in einer Studie, die 762 Waschbären aus Brandenburg umfasste, wurde darauf zurückgeführt, dass offensichtlich noch kein oder nur sehr geringer Kontakt zwischen ost- und westdeutschen Waschbären, die aus unterschiedlichen Gründerpopulationen stammen, stattgefunden hat (Schwarz et al. 2015).

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Baylisascaris procyonis* in Proben aus der freien Wildbahn sind der Tabelle 4.32 zu entnehmen.

Tab. 4.32 Prävalenz von *Baylisascaris procyonis* in Kotproben von Waschbären in der freien Wildbahn

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | <i>Baylisascaris-procyonis</i> -positive Proben (n) | <i>Baylisascaris-procyonis</i> -positive Proben (in %) (95-%-Konfidenzintervall) |
|-------------------------------|--------------------------------|---|--|
| Freie Wildbahn | | | |
| Kot von Waschbären gesamt | 40 | 19 | 47,5 (32,9–62,5) |
| Kot von Jungtieren | 13 | 8 | 61,5 (35,4–82,4) |
| Kot von ausgewachsenen Tieren | 27 | 11 | 40,7 (24,5–59,3) |

In 47,5 % der Kotproben von Waschbären in der freien Wildbahn wurde *Baylisascaris procyonis* nachgewiesen. Die Nachweisrate von *Baylisascaris procyonis* betrug bei Jungtieren 61,5 % und bei ausgewachsenen Tieren 40,7 %.

4.8 *Bacillus cereus*

4.8.1 Einleitung

Bacillus (B.) cereus ist der namensgebende Vertreter der sogenannten *B.-cereus*-Gruppe (*B. cereus sensu lato* (s. l.)), zu der mehrere eng verwandte Spezies gehören, die sich nur durch sehr aufwendige Laboruntersuchungen voneinander unterscheiden lassen. Zwischen den Spezies der *B.-cereus*-Gruppe findet in der Routinediagnostik kaum eine Unterscheidung statt, da die angewandten ISO-Verfahren hierzu keine gesicherte Aussage zulassen (DIN EN ISO 7932: 2020-11, 21871:2006 und 10198:2010). Spezies der *B.-cereus*-Gruppe sind grampositive sporenbildende Bakterien, die als Bodenbewohner in der Umwelt weitverbreitet sind und in einer Vielzahl verschiedener Lebensmittel wie Gemüse, Salat, Fruchtprodukten, Reis, Nudeln, Käse, Kräutertees, Fleischprodukten, Milch und Milchprodukten nachgewiesen werden können (Ankolekar et al. 2008, Bamnia und Kaul 2015, Messelhäusser et al. 2014). Eine Verunreinigung von Lebensmitteln mit *B. cereus* (s. l.) lässt sich kaum vollständig vermeiden, denn die Sporen können etwa über Erdbodenpartikel oder Staub in Lebensmittel gelangen und auch extreme Bedingungen wie Hitze oder Trockenheit lange überstehen. Meist ist eine anfängliche Verunreinigung von Lebensmitteln mit Sporen gering.

Der Verzehr von mit *B. cereus* verunreinigten Lebensmitteln kann zu zwei Arten von in der Regel eher mild verlaufenden lebensmittelbedingten Erkrankungen führen – einer emetischen Erkrankung (Intoxikation) und einer Durchfallerkrankung (Toxikoinfektion). Die emetische Erkrankung wird durch das hitzestabile Toxin Cereulid ausgelöst. Cereulid wird bei der Vermehrung der vegetativen Zellen im Lebensmittel produziert und führt bereits innerhalb weniger Stunden nach der Aufnahme zu Übelkeit und Erbrechen. Bei schweren Intoxikationen kann Cereulid außerdem Leberschäden und Hirnödeme verursachen (Dierick et al. 2005, Shiota et al. 2010). Bei der Durchfallerkrankung werden Sporen und/oder vegetative Zellen mit dem Lebensmittel aufgenommen. Während die meisten vegetativen Zellen bei der Magenpassage inaktiviert werden, überleben die Sporen größtenteils die Magenpassage und können dann nahe bzw. in direktem Kontakt mit dem Dünndarm-Epithel auskeimen und vegetative Zellen bilden. Diese können dann Enterotoxine bilden (Jeßberger et al. 2017, Wijnands et al. 2007), die Durchfall auslösen. Die Symptome treten meist 8 bis 24 Stunden nach der Aufnahme des kontaminierten Lebensmittels auf. Häufig sind zubereitete und erhitzte Speisen, die ungenügend kühl oder heiß gelagert wur-

den, ursächlich für lebensmittelbedingte Erkrankungen durch *B. cereus* (s. l.) (Stenfors et al. 2008, Granum und Lund 1997, EFSA 2005, EFSA 2016). Viele Arten von Lebensmitteln sowohl pflanzlichen als auch tierischen Ursprungs waren bisher bei lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen, die durch *B. cereus* (s. l.) verursacht wurden, beteiligt. Gekochte stärkehaltige Speisen, die Nudeln oder Reis enthalten, gehören dabei zu den Lebensmitteln, die am häufigsten mit emetischen Lebensmittelintoxikationen in Verbindung gebracht werden (Rouzeau-Szynalski et al. 2020). In der Mehrzahl der durch *B. cereus* verursachten Krankheitsausbrüche wurden *B.-cereus*-(s. l.)-Gehalte von über 10^5 KbE/g in den beteiligten Lebensmitteln nachgewiesen. Es sind aber auch Fälle bekannt, bei denen bereits niedrigere *B.-cereus*-(s. l.)-Gehalte von 10^3 bis 10^5 KbE/g zu Erkrankungen sowohl des emetischen als auch des Diarrhoe-Typs geführt haben (EFSA 2005, EFSA 2016). Die EFSA geht davon aus, dass die Keimzahlen von *B. cereus*, die in Lebensmitteln als Risiko betrachtet werden müssen, wahrscheinlich auch für *B. thuringiensis* gelten, da auch *B. thuringiensis* das Potenzial haben, Enterotoxine zu produzieren (nicht hingegen das emetische Toxin Cereulid) (EFSA 2016). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden in 28,4 % der untersuchten Proben von Tomaten und in 8,3 % der Proben von frischen Sprossen präsumtive *Bacillus cereus* nachgewiesen. Die aus Tomaten gewonnenen Isolate gehörten fast ausnahmslos der Spezies *Bacillus thuringiensis* an, während unter den aus Sprossen eingesandten Isolaten von präsumtiven *Bacillus cereus* keine *Bacillus thuringiensis* auftraten (BVL 2017). Bei den im Zoonosen-Monitoring 2020 durchgeführten quantitativen Untersuchungen waren 31,7 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten positiv für präsumtive *B. cereus*, wobei überwiegend Keimzahlen von unter 1.000 KbE/g gemessen wurden. 2 Proben (0,8 %) wiesen einen Keimgehalt von über 10^4 KbE/g auf (BVL 2021). In Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode zu 46,7 % nachgewiesen. 2,1 % der Proben wiesen Keimzahlen von über 10^5 KbE/g und damit Keimgehalte auf, von denen eine potenzielle Gesundheitsgefahr ausgeht (BVL 2022a).

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der quantitativen Untersuchungen zum Vorkommen von präsumtiven *B. cereus* in Proben aus Erzeugerbetrieben und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.33 und 4.34 zu entnehmen.

Tab. 4.33 Quantitative Bestimmung von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| Matrix | Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g | Anzahl KbE/g der positiven Proben | | |
|------------------------|---|---|-----------------------------------|--------|-------------------|
| | | | Minimum | Median | Maximum |
| Erzeugerbetrieb | | | | | |
| Kopfsalat | 207 | 73 (35,3) | 100 | 600 | $2,4 \times 10^4$ |
| Einzelhandel | | | | | |
| Kopfsalat | 398 | 109 (27,4) | 100 | 550 | $7,1 \times 10^5$ |

Tab. 4.34 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| Matrix | Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis ≥ 10 KbE/g und $\leq 10^3$ KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis $> 10^3$ und $\leq 10^4$ KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Bacillus-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis $> 10^4$ und $\leq 10^5$ KbE/g | Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Bacillus-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis $> 10^5$ und $\leq 10^6$ KbE/g |
|------------------------|---|--|---|---|---|
| Erzeugerbetrieb | | | | | |
| Kopfsalat | 207 | 54 (26,1) | 14 (6,8) | 5 (2,4) | – |
| Einzelhandel | | | | | |
| Kopfsalat | 398 | 64 (16,1) | 36 (9,0) | 7 (1,8) | 2 (0,5) |

Insgesamt wurden 605 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von präsumtiven *B. cereus* einbezogen. In 35,3 % der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 27,4 % der Kopfsalatproben im Einzelhandel wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen. In 26,1 % der Proben aus Erzeugerbetrieben und in 16,1 % der Proben im Einzelhandel lagen die Keimzahlen zwischen 10 und 10^3 KbE/g. 6,8 % der Proben aus Erzeugerbetrieben und 9,0 % der Proben im Einzelhandel wiesen Keimzahlen zwischen 10^3 KbE/g und 10^4 KbE/g auf. In 2,4 % der Proben aus Erzeugerbetrieben und in 1,8 % der Proben im Einzelhandel wurde ein Keimgehalt von über 10^4 KbE/g und unter 10^5 KbE/g gemessen. Keine der Proben aus Erzeugerbetrieben, aber 0,5 % der Proben im Einzelhandel wiesen Keimzahlen von über 10^5 KbE/g auf. In Proben aus Erzeugerbetrieben betrug die höchste gemessene Keimzahl $2,4 \times 10^4$ KbE/g und in Proben aus dem Einzelhandel $7,1 \times 10^5$ KbE/g.

4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Das Labor für Sporenbildner im BfR hat nicht zu allen positiven Befunden mindestens ein entsprechendes Isolat zur Typisierung erhalten. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen an das BfR eingesandten Isolaten

keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate von der Auswertung ausgeschlossen wurden. Zusätzlich wurden 21 präsumtive *B.-cereus*-Isolate an das BfR übermittelt, sie stammten aus 18 untersuchten Proben, die gemäß Datenübermittlung an das BVL von den Ländern eigentlich als negativ bewertet wurden. Auch diese 21 Isolate wurden im Labor für Sporenbildner charakterisiert und in die Auswertung des BfR einbezogen, sodass es zu Abweichungen bei den Anzahlen positiver Proben kommt.

Ziel des Monitorings war es, den Anteil an *B.-thuringiensis*-positiven Proben zu bestimmen sowie eine mögliche Assoziation von *B.-thuringiensis*-Isolaten zu Biopestizid-Stämmen zu prüfen.

Insgesamt wurden 343 präsumtive *B.-cereus*-Isolate aus 177 Proben am BfR näher charakterisiert. Von den 343 eingesandten Isolaten wurden 81 Isolate aus 52 Proben als *B. thuringiensis* identifiziert. Die 81 *B.-thuringiensis*-Isolate trugen die Enterotoxin-Gene für das nichthämolytische Enterotoxin (*nheA/B/C*), Hämolyysin BL (*hblC/D/A*) und Zytotoxin K-2 (*cytK-2*), nicht jedoch den Cereulid-Synthetase-Gencluster (*ces*) oder das *cytK-1*-Gen. Alle *B.-thuringiensis*-Isolate konnten nur 2 MLST-Typen zugeordnet werden: ST 8 (N = 25) und ST 15 (N = 56). In einer „whole genome SNP“-Analyse zeigten 72 (89 %) dieser *B.-thuringiensis*-Isolate eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu *B.-thuringiensis*-

Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Biopestiziden vorhanden sind (maximale Distanz von 10 core genome SNPs (cgSNP)). Diese 72 Isolate stammen aus 47 Proben mit Keimzahlen im Bereich von 10² bis 10⁵ KbE/g, wobei der maximale Gehalt bei 7,1 × 10⁵ KbE/g lag (siehe Tabelle 4.35).

Hinsichtlich der insgesamt 262 Isolate, die nicht als *B. thuringiensis* identifiziert wurden, war auffällig, dass ein hoher Anteil als *B. mycooides* (103 Isolate) und *B. pseudomycooides* (32 Isolate) klassifiziert wurden. Bei den

meisten der 262 Isolate konnten die Enterotoxin-Gene *nheA/B/C*, *hblC/D/A* und/oder *cytK-2* nachgewiesen werden. Lediglich bei 12 *B.-pseudomycooides*-Isolaten wurde mit der eingesetzten PCR gar kein Toxin-Gen nachgewiesen. Das genetische Potenzial zur Bildung von Cereulid (*ces*) wurde bei 2 Isolaten aus einer Kopfsalat-Probe aus dem Einzelhandel nachgewiesen. Das *cytK-1*-Gen (charakteristisch für *B. cytotoxicus*) wurde in keinem der Isolate detektiert.

Tab. 4.35 Übersicht über den Nachweis von *B. thuringiensis* (Bt) in Kopfsalat-Proben aus Erzeugerbetrieben und dem Einzelhandel

| | Erzeugerbetrieb | Einzelhandel | Gesamt |
|---|---|---|---|
| untersuchte Kopfsalat-Proben | 207 | 398 | 605 |
| Proben mit präsumtiven <i>B. cereus</i> | 79 | 121 | 200 |
| Proben mit Isolateinsendung | 68 (143 Isolate) | 109 (200 Isolate) | 177 (343 Isolate) |
| Proben mit Bt | 5 (8 Isolate) | 47 (73 Isolate) | 52a (81 Isolate) |
| Proben mit Bt, cgSNP-Distanz ≤ 10 zu Biopestizid-Stamm | 5 (8 Isolate) | 42 (64 Isolate) | 47 (72 Isolate) |
| Keimzahlen präsumtiver <i>B. cereus</i> (KbE/g) in Proben mit Bt, cgSNP-Distanz ≤ 10 zu Biopestizid-Stamm | n.b.: 0 10 ² : 2 10 ³ : 1 10 ⁴ : 2 10 ⁵ : 0 | n.b.: 4 10 ² : 13 10 ³ : 18 10 ⁴ : 5 10 ⁵ : 2 | n.b.: 4 10 ² : 15 10 ³ : 19 10 ⁴ : 7 10 ⁵ : 2 |

^a davon 6 Proben mit weiteren *B. cereus* (s.l.)

n. b. = nicht bekannt

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

4.9.1 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 kön-

nen in nahezu allen gramnegativen Bakterienspezies 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). 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 Jahr 2021 erwiesen sich im Rahmen der Antibiotikaresistenzsurveillance des RKI etwa 6,0% der *E.-coli*-Isolate aus dem ambulanten Versorgungsbereich als resistent gegen Cefotaxim (Datenstand: 10.09.2021). Im Vergleich dazu waren im Jahr 2009 nur 3,5% der *E.-coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet worden (<https://ars.rki.de>, aufgerufen am 05.09.2023).

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 konnte in den letzten Jahren ein abnehmender Trend im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in der Lebensmittelkette Masthähnchen beobachtet werden. Die Nachweisrate ist in Proben von Blinddarminhalt von 52,6 % (Zoonosen-Monitoring 2016) auf 36,5 % (Zoonosen-Monitoring 2020) und in Proben von frischem Hähnchenfleisch von 66,0 % (Zoonosen-Monitoring 2013) auf 33,6 % (Zoonosen-Monitoring 2020) gesunken (BVL 2015, BVL 2017, BVL 2021). In der Lebensmittelkette Mastpute ist es dagegen in den Proben von Blinddarminhalt zu einem Anstieg der Nachweisraten von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 36,5 % (Zoonosen-Monitoring 2016) auf 43,9 % (Zoonosen-Monitoring 2020) gekommen (BVL 2017, BVL 2021). Die Kontaminationsrate von frischem konventionellem Putenfleisch lag 2016 und 2018 bei etwa 38 % (BVL 2017, BVL 2019).

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben aus Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und der freien Wildbahn sowie von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.36 bis 4.40 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 720 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2022 entnommen wurden, konnten 681 (94,6 %) 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. 4.36 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|------------------------|--------------------------------|---|---|
| Erzeugerbetrieb | | | |
| Kopfsalat | 199 | 2 | 1,0 (0,0–3,8) |
| Einzelhandel | | | |
| Kopfsalat | 398 | 1 | 0,3 (0,0–1,6) |

Tab. 4.37 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastenten aus Erzeugerbetrieben sowie in Proben von frischem Entenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|------------------------|--------------------------------|---|---|
| Erzeugerbetrieb | | | |
| Kot | 220 | 31 | 14,1 (10,1–19,3) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Entenfleisch | 350 | 27 | 7,7 (5,3–11,0) |

Tab. 4.38 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|--------------------------------------|--------------------------------|---|---|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 333 | 137 | 41,1 (36,0–46,5) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Hähnchenfleisch | 49 | 45 | 91,8 (80,3–97,3) |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut) | 467 | 154 | 33,0 (28,9–37,4) |

Tab. 4.39 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Putenfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-----------------------------------|--------------------------------|---|---|
| Schlachthof | | | |
| Blinddarminhalt | 351 | 137 | 39,0 (34,1–44,2) |
| Grenzkontrollstelle | | | |
| frisches Putenfleisch | – | – | – |
| Einzelhandel | | | |
| frisches Putenfleisch (ohne Haut) | 439 | 154 | 35,1 (30,8–39,7) |

Tab. 4.40 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in in Kotproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn

| Matrix | Anzahl untersuchter Proben (N) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n) | ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall) |
|-------------------------------|--------------------------------|---|---|
| Freie Wildbahn | | | |
| Kot gesamt | 267 | 16 | 6,0 (3,7–9,6) |
| Kot von Jungtieren | 45 | 2 | 4,4 (0,4–15,6) |
| Kot von ausgewachsenen Tieren | 222 | 14 | 6,3 (3,7–10,4) |

Insgesamt wurden 3.340 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* einbezogen. In 1,0 % der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 0,3 % der Kopfsalatproben im Einzelhandel wurden ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* nachgewiesen. 14,1 % der Kotproben aus Mastentbetrieben waren verdächtig für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof betrug 41,1 % bzw. 39,0 %. Proben von frischem Enten-, Hähnchen- und Putenfleisch im Einzelhandel waren zu 7,7 %, 33,0 % bzw. 35,1 % mit ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* kontaminiert. Frisches Hähnchenfleisch von Grenzkontrollstellen wies eine Kontaminationsrate mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 91,8 % auf. Die Nachweis-

rate von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* in Kotproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn betrug 6,0 %. Jungtiere waren zu 4,4 % und ausgewachsene Tiere zu 6,3 % Träger von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli*.

4.9.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten, aber nicht allen an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Auch wurden einzelne Isolate eingesandt, zu denen keine Daten an das BVL übermittelt wurden. Diese Isolate wurden aus dieser Auswertung ausgeschlossen. Dadurch stimmt die Zahl

der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein.

Insgesamt wurden 681 Isolate im Zusammenhang mit einer selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt, die den geplanten Programmen im Zoonosen-Monitoring 2022 zugeordnet werden konnten. Diese Isolate wurden durch Whole Genome Sequencing (WGS) gemäß den EURL-AR-Protokollen weiter analysiert. Die entdeckten Gene wurden anhand des Phänotyps, den sie kodieren (ESBL, AmpC und Carbapenemase), gemäß der EFSA-Klassifizierung in verschiedene Kategorien eingeteilt.

Die allermeisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (insgesamt N = 326; davon Blinddarminhalt N = 133, frisches Fleisch im Einzelhandel N = 148 und an Grenzkontrollstellen N = 45). 284 Isolate stammten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (Blinddarminhalt N = 133), frisches Fleisch im Einzelhandel N = 151).

Aus der Lebensmittelkette Entenfleisch stammen 54 Isolate, davon 30 aus Kotproben im Erzeugerbetrieb und 24 aus frischem Fleisch im Einzelhandel. 14 Isolate stammten von Wildkarnivoren und 3 Isolate von Kopfsalat (2 Isolate im Erzeugerbetrieb und ein Isolat im Einzelhandel).

Bei 659 Isolaten wurden insgesamt 995 Gene gefunden. 21 Isolate trugen keine spezifischen Gene, sondern wiesen Punktmutationen in der AmpC-Promotorregion auf. In 96,2 % der Isolate konnte mindestens ein für den ESBL/AmpC-Phänotyp codierendes Gen nachgewiesen werden. Bei den nachgewiesenen Beta-Laktamase-Genen handelte es sich zu 64,5 % um ESBL-Gene, zu 1,6 % um AmpC-Gene und zu 33,2 % um Gene für nicht ESBL, welche in dem EFSA-Katalog gelistet wurden. 7 der gefundenen Beta-Laktamase-Gene (0,7 %) konnten noch keiner Kategorie zugeordnet werden. Die Verteilung der Gene auf die Untersuchungsprogramme geben die Tabellen 4.41 und 4.42 wieder.

Tab. 4.41 Ergebnisse der WGS-Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022 – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 326) und Putenfleisch (N = 284)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof | Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel | Masthähnchen frisches Fleisch Grenzkontrollstellen | Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | Summe |
|------------------------------------|--|--|--|---|---|---------|
| Anzahl untersucht | N = 133 | N = 148 | N = 45 | N = 133 | N = 151 | N = 610 |
| AmpC-Gene | 2 | 7 | 4 | 0 | 1 | 14 |
| AmpC-Punktmutation | 1 | 1 | 0 | 10 | 12 | 24 |
| ESBL-Gene | 132 | 140 | 42 | 123 | 138 | 575 |
| Gene noch nicht zugeordnet | 1 | 0 | 0 | 3 | 2 | 6 |
| nicht ESBL-Gene | 60 | 71 | 12 | 58 | 92 | 293 |

Tab. 4.42 Ergebnisse der WGS-Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022 – Lebensmittelkette Entenfleisch (N = 54), Wildkarnivoren (N = 14) und Kopfsalat (N = 3)

| Tierart/Lebensmittel Matrix Probenahmeort | Mastenten Kot/Staub Erzeugerbetrieb | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | Wildkarnivoren Kot Wildbahn | Blattgemüse Kopfsalat Erzeugerbetrieb | Blattgemüse Kopfsalat Einzelhandel | Summe |
|---|---|---|-----------------------------------|---|--|--------|
| Anzahl untersucht | N = 30 | N = 24 | N = 14 | N = 2 | N = 1 | N = 71 |
| AmpC-Gene | 0 | 2 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| AmpC-Punktmutation | 1 | 0 | 1 | 0 | 0 | 2 |
| ESBL-Gene | 29 | 22 | 13 | 2 | 1 | 67 |
| Gene noch nicht zugeordnet | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| nicht ESBL-Gene | 21 | 12 | 2 | 1 | 1 | 37 |

4.10 Carbapenemase-bildende *E. coli*

4.10.1 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 meistens auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam sind, wenn andere antibiotische Substanzen – insbesondere andere Beta-Laktam-Antibiotika – bereits keine Wirkung mehr zeigen. Carbapeneme werden insbesondere bei der Behandlung von schweren Krankenhausinfektionen eingesetzt, wenn zu vermuten ist, dass die Erreger gegen Cephalosporine resistent sind (BfR 2016, Kaase 2012, Nordmann et al. 2011). Bei einer Infektion mit Carbapenemase-bildenden gramnegativen Krankheitserregern sind Carbapeneme jedoch unwirksam. Diese Resistenz entsteht meist durch die Bildung eines Carbapenemase-Enzyms, das Carbapenem-Antibiotika und in der Regel auch fast alle anderen Beta-Laktam-Antibiotika zerstört. Die Gene für die Synthese von Carbapenemase 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 2016a, Pfennigwerth 2018). Carbapenemase-bildende Bakterien wurden in Deutschland anfänglich insbesondere bei im Ausland erworbenen Infektionen nachgewiesen, schon länger sind aber auch Ausbrüche in Krankenhäusern mit Carbapenemase-bildenden Bakterien aufgetreten, die keinen Auslandsbezug aufweisen (Pfeifer 2010). Bakterienarten, 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, Roschanski 2017). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten bisher selektive Untersuchungen auf Carbapenemase-bildende *E. coli* in Proben aus den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastputen, Mastkälber/Jungrinder und Mastschweine sowie in Proben von Wildwiederkäuerfleisch (BVL 2021, BVL 2022a, BVL 2022b). Allerdings wurden bisher nur in 2 Kotproben aus Mastschweinebetrieben, in einer Probe von Blinddarminhalt von Mastschweinen und in einer Probe von Schweinefleisch Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018, BVL 2020a).

4.10.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

In die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* wurden insgesamt 1.690 Proben einbezogen. 386 Proben stammten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen und 351 aus dem Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof. Von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel stammten 462 und von frischem Putenfleisch 442 Proben. 49 Proben wurden von frischem Hähnchenfleisch von Grenzkontrollstellen gewonnen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Zu den meisten, aber nicht allen an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Dadurch stimmt die Zahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Es wurden 16 verdächtige Isolate eingesandt, von denen 3 aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof, 6 aus frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel, 5 aus frischem Hähnchenfleisch von Grenzkontrollstellen und 2 aus frischem Putenfleisch im Einzelhandel stammten.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 4.660 Isolaten von *Salmonella* spp., *C. jejuni* und *C. coli*, MRSA, *E. faecium*, *E. faecalis* sowie *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der MHK erfolgte wie im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen (EFSA 2012a und EFSA 2012b).

5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 501 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Monitorings 2022 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1 und 5.2, Tab. 5.1 bis 5.4). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus den Lebensmittelketten Entenfleisch (N = 309), Putenfleisch (N = 116) und Hähnchenfleisch (N = 54). 21 Isolate stammten aus Kot von Wildkarnivoren und eines aus ungewaschenem Kopfsalat im Einzelhandel.

Der Anteil sensibler Isolate war am geringsten bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (5,5 %). Höher war er bei den 116 Isolaten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (42,2 %) und wiederum höher bei den 309 Isolaten aus der Lebensmittelkette Entenfleisch (74,4 %). Von den 21 Isolaten aus Kotproben von Wildkarnivoren waren 85,7 % sensibel. Das Isolat aus ungewaschenem Kopfsalat im Einzelhandel war Colistin-resistent. Aus Untersuchungen von Proben von Kopfsalat im Erzeugerbetrieb, Blinddarminhalt von Mastputen, Leber von Mastschweinen am Schlachthof und Kokosstückchen im Einzelhandel wurden keine Isolate eingesandt. Frisches Fleisch von Mastputen an Grenzkontrollstellen gelangte nicht zur Untersuchung, da es keine Importe aus Drittstaaten gab.

Die höchsten Resistenzraten aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch wurden gegenüber

den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin (CIP) und Nalidixinsäure (NAL) nachgewiesen. Dabei waren die Resistenzraten gegenüber den beiden Substanzen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch identisch (88,9 %), während sie sich in der Lebensmittelkette Putenfleisch geringfügig unterschieden (CIP 53,4 %, NAL 54,3 %). Nur 25 Isolate aus der Lebensmittelkette Entenfleisch (8,1 %) und keines aus Kot von Wildkarnivoren waren resistent gegen diese Substanzklasse.

In der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch wurde eine hohe Resistenzrate gegen Trimethoprim (50 %) und Sulfamethoxazol (57,4 %) nachgewiesen. Bei den Isolaten von den übrigen untersuchten Ketten wurden diese Resistenzen jedoch nur sehr selten gefunden.

Die höchsten Resistenzraten in der Entenfleischkette waren gegen Tetrazyklin zu beobachten, 15,8 % der Isolate waren resistent gegen diese Substanz. In der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch wurde eine Tetrazyklin-Resistenz bei 48,1 % der Isolate nachgewiesen. Nur 2 Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch und 2 aus Wildkarnivoren waren gegen diese Substanz resistent.

Resistenzen gegen Ampicillin wurden seltener beobachtet. Hier wurden die höchsten Resistenzraten in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (35,2 %) beobachtet, während die Raten bei den Lebensmittelketten Entenfleisch (4,5 %) und Putenfleisch (4,3 %) niedriger waren. Bei Salmonellen aus Wildkarnivoren wurde nur bei 2 Isolaten eine Resistenz gegen Ampicillin beobachtet.

Gegenüber dem Carbapenem Meropenem wurden bei keiner der untersuchten Salmonellen Resistenzen beobachtet. Gegenüber Colistin waren insgesamt 10 Isolate resistent (2 %), wobei sich diese in allen drei Lebensmittelketten sowie bei den Isolaten aus Kot von Wildkarnivoren und aus Kopfsalat fanden. Insgesamt waren 4 *Salmonella*-spp.-Isolate resistent gegen die Cephalosporine der 3. Generation Cefotaxim und/oder Ceftazidim. Diese Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch.

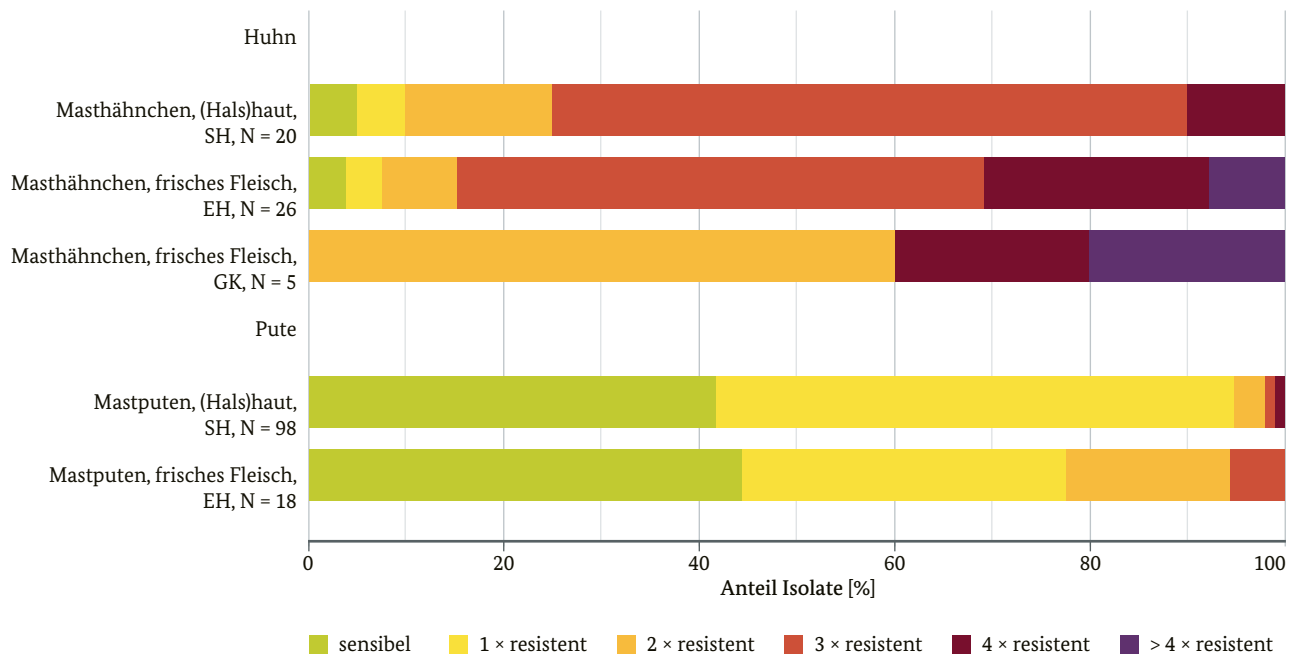


Abb. 5.1 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 167). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, GK: Grenzkontrollstelle)

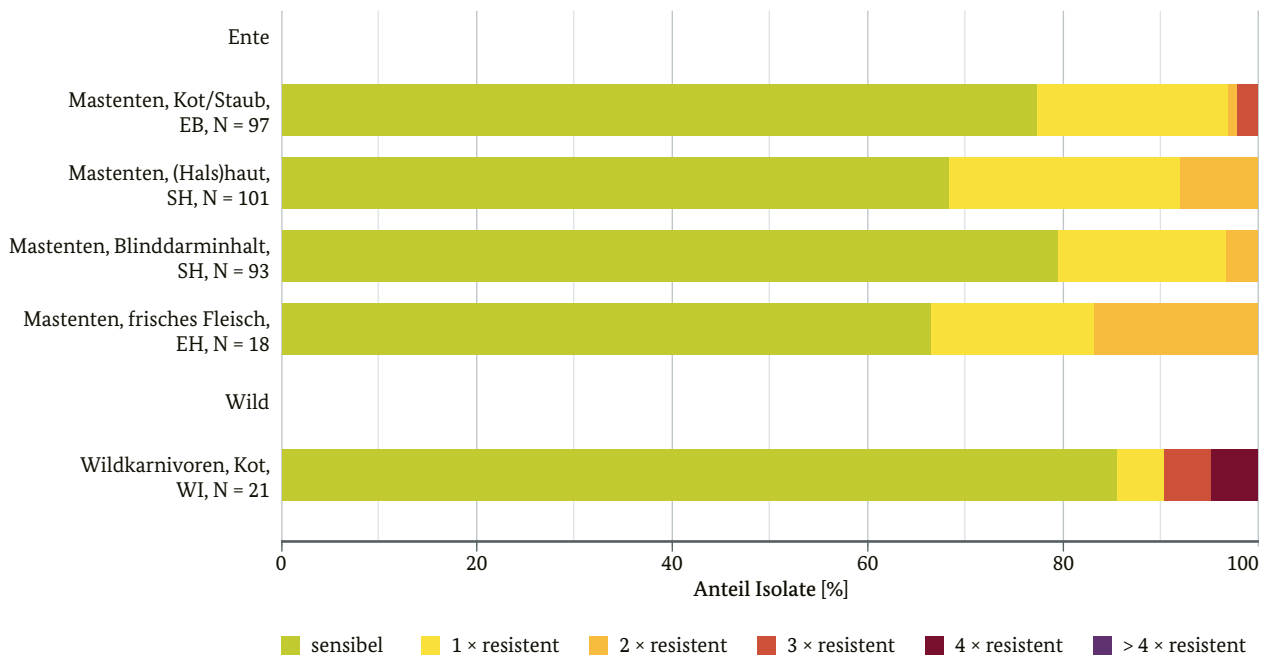


Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. aus der Lebensmittelkette Entenfleisch sowie von Wildkarnivoren im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 330). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (EB: Erzeugerbetrieb, SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn)

Tab. 5.1 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 54)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Masthähnchen (Hals)haut Schlachthof | | Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof | | Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel | | Masthähnchen frisches Fleisch Grenzkontrollstellen | |
|------------------------------------|---|------|--|------|--|------|--|-------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 20 | | 3 | | 26 | | 5 | |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 1 | 3,8 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 3 | 11,5 | 0 | 0,0 |
| Ampicillin | 9 | 45,0 | 0 | 0,0 | 8 | 30,8 | 2 | 40,0 |
| Cefotaxim | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 1 | 3,8 | 2 | 40,0 |
| Ceftazidim | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 1 | 3,8 | 2 | 40,0 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 18 | 90,0 | 2 | 66,7 | 24 | 92,3 | 4 | 80,0 |
| Nalidixinsäure | 18 | 90,0 | 2 | 66,7 | 24 | 92,3 | 4 | 80,0 |
| Colistin | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Tetrazyklin | 6 | 30,0 | 0 | 0,0 | 18 | 69,2 | 2 | 40,0 |
| Tigezyklin | 2 | 10,0 | 0 | 0,0 | 9 | 34,6 | 1 | 20,0 |
| Azithromicin | 2 | 10,0 | 0 | 0,0 | 1 | 3,8 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 10 | 50,0 | 2 | 66,7 | 12 | 46,2 | 3 | 60,0 |
| Sulfamethoxazol | 6 | 30,0 | 0 | 0,0 | 20 | 76,9 | 5 | 100,0 |
| sensibel | 1 | 5,0 | 1 | 33,3 | 1 | 3,8 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 1 | 3,8 | 0 | 0,0 |
| 2 × resistent | 3 | 15,0 | 2 | 66,7 | 2 | 7,7 | 3 | 60,0 |
| 3 × resistent | 13 | 65,0 | 0 | 0,0 | 14 | 53,8 | 0 | 0,0 |
| 4 × resistent | 2 | 10,0 | 0 | 0,0 | 6 | 23,1 | 1 | 20,0 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 2 | 7,7 | 1 | 20,0 |

Tab. 5.2 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Putenfleisch (N = 116)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastputen (Hals)haut Schlachthof | | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | |
|------------------------------------|--|------|---|------|
| | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 98 | | 18 | |
| Amikacin | 1 | 1,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 1 | 1,0 | 1 | 5,6 |
| Ampicillin | 2 | 2,0 | 3 | 16,7 |
| Cefotaxim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ceftazidim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 55 | 56,1 | 7 | 38,9 |
| Nalidixinsäure | 56 | 57,1 | 7 | 38,9 |
| Colistin | 1 | 1,0 | 1 | 5,6 |

Fortsetzung auf nächster Seite

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastputen (Hals)haut Schlachthof | | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | |
|------------------------------------|--|------|---|------|
| | N | % | N | % |
| | Tetrazyklin | 1 | 1,0 | 1 |
| Tigezyklin | 2 | 2,0 | 1 | 5,6 |
| Azithromicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Sulfamethoxazol | 1 | 1,0 | 2 | 11,1 |
| sensibel | 41 | 41,8 | 8 | 44,4 |
| 1 × resistent | 52 | 53,1 | 6 | 33,3 |
| 2 × resistent | 3 | 3,1 | 3 | 16,7 |
| 3 × resistent | 1 | 1,0 | 1 | 5,6 |
| 4 × resistent | 1 | 1,0 | 0 | 0,0 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

Tab. 5.3 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Entenfleisch (N = 309)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastenten Kot/Staub Erzeugerbetrieb | | Mastenten (Hals)haut Schlachthof | | Mastenten Blinddarminhalt Schlachthof | | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | |
|------------------------------------|---|-----------|--|------------|---|-----------|---|-----------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % |
| | Anzahl untersucht | 97 | | 101 | | 93 | | 18 |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ampicillin | 4 | 4,1 | 8 | 7,9 | 2 | 2,2 | 0 | 0,0 |
| Cefotaxim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ceftazidim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 12 | 12,4 | 2 | 2,0 | 6 | 6,5 | 5 | 27,8 |
| Nalidixinsäure | 12 | 12,4 | 2 | 2,0 | 6 | 6,5 | 5 | 27,8 |
| Colistin | 2 | 2,1 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 3 | 16,7 |
| Tetrazyklin | 5 | 5,2 | 30 | 29,7 | 13 | 14,0 | 1 | 5,6 |
| Tigezyklin | 0 | 0,0 | 1 | 1,0 | 1 | 1,1 | 0 | 0,0 |
| Azithromicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 2 | 2,1 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Sulfamethoxazol | 4 | 4,1 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| sensibel | 75 | 77,3 | 69 | 68,3 | 74 | 79,6 | 12 | 66,7 |
| 1 × resistent | 19 | 19,6 | 24 | 23,8 | 16 | 17,2 | 3 | 16,7 |
| 2 × resistent | 1 | 1,0 | 8 | 7,9 | 3 | 3,2 | 3 | 16,7 |
| 3 × resistent | 2 | 2,1 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

Tab. 5.4 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Kot von Wildkarnivoren (N = 21) und ungewaschener Kopfsalat im Einzelhandel (N = 1)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Wildkarnivoren | | Blattgemüse | |
|------------------------------------|-----------------|------|---------------------------|-------|
| | Kot Wildbahn | | Kopfsalat Einzelhandel | |
| | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 21 | | 1 | |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 1 | 4,8 | 0 | 0,0 |
| Ampicillin | 2 | 9,5 | 0 | 0,0 |
| Cefotaxim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ceftazidim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Nalidixinsäure | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Colistin | 1 | 4,8 | 1 | 100,0 |
| Tetrazyklin | 2 | 9,5 | 0 | 0,0 |
| Tigezyklin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Azithromicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Sulfamethoxazol | 2 | 9,5 | 0 | 0,0 |
| sensibel | 18 | 85,7 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 1 | 4,8 | 1 | 100,0 |
| 2 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 3 × resistent | 1 | 4,8 | 0 | 0,0 |
| 4 × resistent | 1 | 4,8 | 0 | 0,0 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

5.1.1 *Salmonella* spp., die ESBLs/AmpC/Carbapenemasen produzieren

Insgesamt waren 4 *Salmonella*-spp.-Isolate resistent gegen die Cephalosporine der 3. Generation Cefotaxim und Ceftazidim (1. Panel). Diese Isolate wurden durch Gesamtgenomsequenzierung (Whole Genome Sequencing; WGS) als alternative Methode zur Bouillon-Mikrodilution (2. Platte) gemäß den EURL-AR-Protokollen weiter analysiert. Die entdeckten Gene wurden anhand des Phänotyps, den sie verleihen (ESBL, AmpC und Carbapenemase), gemäß der EFSA-Klassifizierung in verschiedene Kategorien eingeteilt.

Alle Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch, darunter von Halshautproben (N = 1), von frischem Fleisch im Einzelhandel (N = 1) und an Grenzkontrollstellen (N = 2).

Insgesamt wurde in jedem Isolat ein Beta-Laktamase-Gen aus dem von EFSA vorgegebenen Katalog gefunden: 2 AmpC-Gene(*bla_{CMY-2}*) in Isolaten aus frischem Fleisch an Grenzkontrollstellen und 2 ESBL-Gene (*bla_{TEM-52}*) (eines aus Halshautproben am Schlachthof und eines aus frischem Fleisch im Einzelhandel).

5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 1.717 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 520 Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch, 328 Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch, 857 Isolate aus der Lebensmittelkette Entenfleisch, und 12 Isolate aus Schweinelebern. Insgesamt wurden 1.230 Isolate von *C. jejuni* und 487 Isolate von *C. coli* auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht.

Die Darstellung und Bewertung der Untersuchungsergebnisse erfolgte getrennt für die beiden Spezies *C. jejuni* und *C. coli* (Abb. 5.3 und 5.4, Tab. 5.5 bis 5.8). Insgesamt war wie in den Vorjahren ein größerer Anteil der Isolate von *C. jejuni* sensibel (25%) als von *C. coli* (5,3%). Die höchsten Resistenzraten wurden bei beiden Bakterienspezies gegenüber dem (Fluor)chinolon Ciprofloxacin, gegen Tetrazyklin sowie Ertapenem beobachtet. Das Carbapenem Ertapenem wurde in diesem Jahr das erste Mal bei Isolaten von Geflügel getestet, sodass es keine Vergleichsdaten gibt. Resistenzen gegen Erythromycin wurden unter allen Isolaten nur bei *C. coli* beobachtet (10,5%), nicht aber bei *C. jejuni*. Resistenz gegen Chloramphenicol wurde nur bei 2 Isolaten von *C. jejuni* beobachtet. Es wurde keine Resistenz gegen Gentamicin nachgewiesen.

Von den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch waren 24,2% der Isolate von *C. jejuni* und 1% der Isolate von *C. coli* sensibel. Die höchsten Resistenzraten wurden bei beiden Spezies gegenüber dem (Fluor)chinolon Ciprofloxacin beobachtet (*C. jejuni* 72,3%, *C. coli* 87,8%), gefolgt von Tetrazyklin (*C. jejuni* 54%, *C. coli* 78,6%) und Ertapenem (*C. jejuni* 13%, *C. coli* 62,2%). Resistenz gegen Erythromycin wurde nur bei *C. coli* beobachtet (9,2%), gegen Chloramphenicol nur bei 2 Isolaten von *C. jejuni* (1,2%) und gegen Gentamicin überhaupt nicht.

Ähnlich deutliche Unterschiede zwischen *C. coli* und *C. jejuni* fanden sich auch in der Lebensmittelkette Putenfleisch. Hier waren 27,9% der Isolate von *C. jejuni* sensibel, während dies nur für 1,2% der Isolate von *C. coli* zutraf. Entsprechend waren die Resistenzraten gegenüber dem (Fluor)chinolon Ciprofloxacin (64,8% vs. 91,4%), Tetrazyklin (47,3% vs. 82,2%) und Ertapenem (24,8% vs. 68,7%) bei Isolaten von *C. jejuni* niedriger als bei *C. coli*. Wie bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch wurde eine Resistenz gegenüber Erythromycin nur bei *C. coli* beobachtet (20,9%). Kein Isolat aus der Putenfleischkette war resistent gegen Gentamicin oder Chloramphenicol.

Von den Isolaten aus der Lebensmittelkette Entenfleisch waren 24,9% der Isolate von *C. jejuni* und 10,7% der Isolate von *C. coli* sensibel. Wie bei den Isolaten aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch wurden die höchsten Resistenzraten bei beiden Spezies gegenüber dem (Fluor)chinolon Ciprofloxacin beobachtet (*C. jejuni* 62,8%, *C. coli* 78,1%), gefolgt von Tetrazyklin (*C. jejuni* 25,7%, *C. coli* 79,5%) und Ertapenem (*C. jejuni* 32,6%, *C. coli* 54,9%). Eine Resistenz gegen Erythromycin wurde nur bei 2,8% der *C. coli* beobachtet. Kein Isolat aus der Entenfleischkette war resistent gegen Gentamicin oder Chloramphenicol.

Alle 11 *C.-coli*-Isolate aus Schweineleber waren resistent gegen Tetrazyklin. Davon waren 7 zusätzlich resistent gegen Ciprofloxacin und 2 zeigten darüber hinaus eine Dreifachresistenz gegen Erythromycin. Nur ein Isolat von *C. jejuni* wurde in Schweineleber gefunden, das einfach resistent gegen Tetrazyklin war.

Ertapenem ist als neue Testsubstanz seit 2021 im harmonisierten Plattenformat EUCAMP3 mit aufgenommen worden. In 2021 zeigten thermotolerante *Campylobacter* aus Blinddarminhalt von Schweinen keinerlei Resistenz gegen dieses Carbapenem. Auch *C.-jejuni*-Isolate aus Blinddarminhalt von Mastkälbern waren sensibel gegenüber Ertapenem, während *C. coli* eine Resistenzrate von 29,3% zeigten. Die in diesem Jahr detektierten Resistenzraten bei *C. coli* aus Geflügel (62,2% bei Hähnchen, 68,7% bei Pute und 54,9% bei Ente) sind daher als unerwartet hoch einzuschätzen. Auch wurde erstmalig eine Ertapenem-Resistenz in *C. jejuni* nachgewiesen (13% in Hähnchen, 24,8% in Pute und 32,6% in Ente). Die Ursache für die hohe Resistenzrate in Geflügel ist derzeit unklar. Auch der Resistenzmechanismus ist noch weitgehend unbekannt.

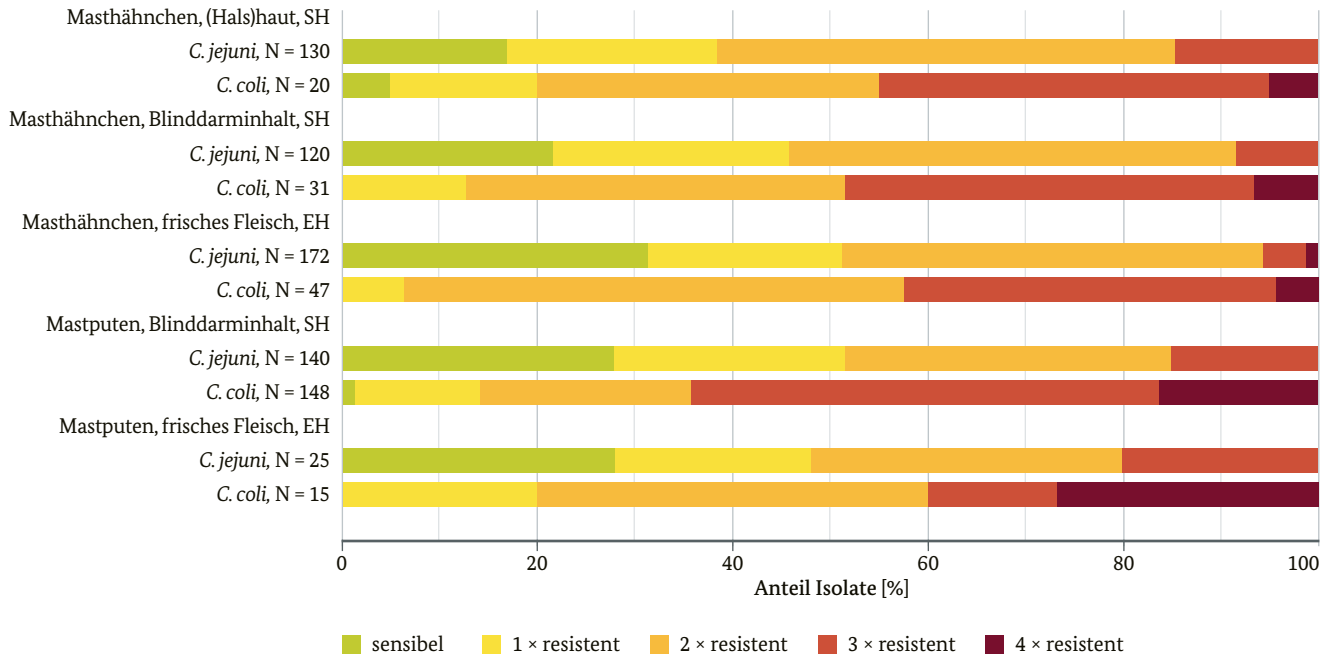


Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 848). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

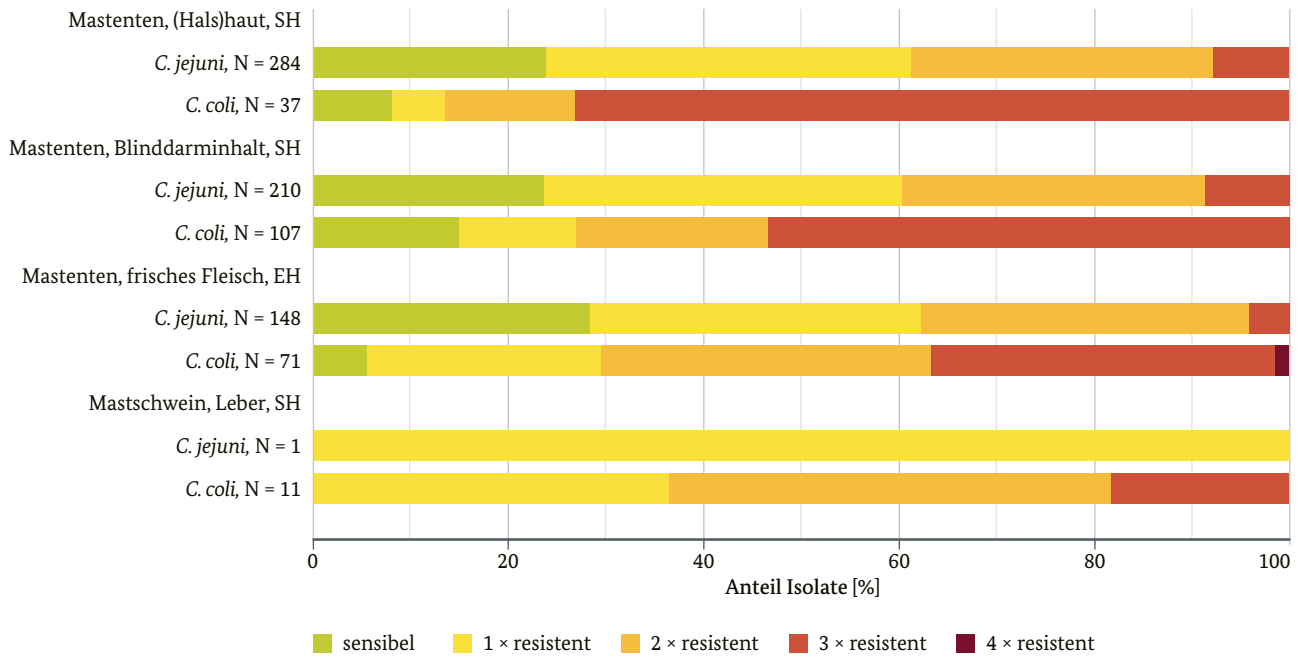


Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus der Lebensmittelkette Entenfleisch sowie aus Schweineleber am Schlachthof im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 869). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

Tab. 5.5 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 520)

| Spezies | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | |
|--------------------------|---------------------|------|----------------|------|------------------------|------|----------------|------|-------------------------|------|----------------|------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Tierart | Masthähnchen | | | | Masthähnchen | | | | Masthähnchen | | | |
| Matrix | (Hals)haut | | | | Blinddarminhalt | | | | frisches Fleisch | | | |
| Probenahmeort | Schlachthof | | | | Schlachthof | | | | Einzelhandel | | | |
| Anzahl untersucht | 130 | | 20 | | 120 | | 31 | | 172 | | 47 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 2 | 1,2 | 0 | 0,0 |
| Ertapenem | 25 | 19,2 | 12 | 60,0 | 19 | 15,8 | 18 | 58,1 | 11 | 6,4 | 31 | 66,0 |
| Ciprofloxacin | 100 | 76,9 | 17 | 85,0 | 87 | 72,5 | 30 | 96,8 | 118 | 68,6 | 39 | 83,0 |
| Tetrazyklin | 82 | 63,1 | 15 | 75,0 | 63 | 52,5 | 25 | 80,6 | 83 | 48,3 | 37 | 78,7 |
| Erythromycin | 0 | 0,0 | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 2 | 6,5 | 0 | 0,0 | 6 | 12,8 |
| sensibel | 22 | 16,9 | 1 | 5,0 | 26 | 21,7 | 0 | 0,0 | 54 | 31,4 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 28 | 21,5 | 3 | 15,0 | 29 | 24,2 | 4 | 12,9 | 34 | 19,8 | 3 | 6,4 |
| 2 × resistent | 61 | 46,9 | 7 | 35,0 | 55 | 45,8 | 12 | 38,7 | 74 | 43,0 | 24 | 51,1 |
| 3 × resistent | 19 | 14,6 | 8 | 40,0 | 10 | 8,3 | 13 | 41,9 | 8 | 4,7 | 18 | 38,3 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 1 | 5,0 | 0 | 0,0 | 2 | 6,5 | 2 | 1,2 | 2 | 4,3 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

Tab. 5.6 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Putenfleisch (N = 328)

| Spezies | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | |
|--------------------------|------------------------|------|----------------|------|-------------------------|------|----------------|------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Tierart | Mastputen | | | | Mastputen | | | |
| Matrix | Blinddarminhalt | | | | frisches Fleisch | | | |
| Probenahmeort | Schlachthof | | | | Einzelhandel | | | |
| Anzahl untersucht | 140 | | 148 | | 25 | | 15 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ertapenem | 35 | 25,0 | 103 | 69,6 | 6 | 24,0 | 9 | 60,0 |
| Ciprofloxacin | 91 | 65,0 | 138 | 93,2 | 16 | 64,0 | 11 | 73,3 |
| Tetrazyklin | 64 | 45,7 | 121 | 81,8 | 14 | 56,0 | 13 | 86,7 |
| Erythromycin | 0 | 0,0 | 30 | 20,3 | 0 | 0,0 | 4 | 26,7 |
| sensibel | 39 | 27,9 | 2 | 1,4 | 7 | 28,0 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 33 | 23,6 | 19 | 12,8 | 5 | 20,0 | 3 | 20,0 |
| 2 × resistent | 47 | 33,6 | 32 | 21,6 | 8 | 32,0 | 6 | 40,0 |
| 3 × resistent | 21 | 15,0 | 71 | 48,0 | 5 | 20,0 | 2 | 13,3 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 24 | 16,2 | 0 | 0,0 | 4 | 26,7 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

Tab. 5.7 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Entenfleisch (N = 857)

| Spezies | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | |
|------------------------------------|--|------|----------------|------|---|------|----------------|------|---|------|----------------|------|
| | Mastenten (Hals)haut Schlachthof | | | | Mastenten Blinddarminhalt Schlachthof | | | | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | | | |
| Tierart Matrix Probenahmeort | N | % | N | % | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 284 | | 37 | | 210 | | 107 | | 148 | | 71 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ertapenem | 115 | 40,5 | 26 | 70,3 | 76 | 36,2 | 58 | 54,2 | 18 | 12,2 | 34 | 47,9 |
| Ciprofloxacin | 176 | 62,0 | 34 | 91,9 | 136 | 64,8 | 85 | 79,4 | 91 | 61,5 | 49 | 69,0 |
| Tetrazyklin | 57 | 20,1 | 31 | 83,8 | 49 | 23,3 | 80 | 74,8 | 59 | 39,9 | 60 | 84,5 |
| Erythromycin | 0 | 0,0 | 2 | 5,4 | 0 | 0,0 | 3 | 2,8 | 0 | 0,0 | 1 | 1,4 |
| sensibel | 68 | 23,9 | 3 | 8,1 | 50 | 23,8 | 16 | 15,0 | 42 | 28,4 | 4 | 5,6 |
| 1 × resistent | 106 | 37,3 | 2 | 5,4 | 77 | 36,7 | 13 | 12,1 | 50 | 33,8 | 17 | 23,9 |
| 2 × resistent | 88 | 31,0 | 5 | 13,5 | 65 | 31,0 | 21 | 19,6 | 50 | 33,8 | 24 | 33,8 |
| 3 × resistent | 22 | 7,7 | 27 | 73,0 | 18 | 8,6 | 57 | 53,3 | 6 | 4,1 | 25 | 35,2 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 1 | 1,4 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

Tab. 5.8 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Schweineleber (N = 12)

| Spezies | <i>C. jejuni</i> | | <i>C. coli</i> | |
|------------------------------------|-------------------------------------|-------|----------------|-------|
| | Mastschwein Leber Schlachthof | | | |
| Tierart Matrix Probenahmeort | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 1 | | 11 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ertapenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 0 | 0,0 | 7 | 63,6 |
| Tetrazyklin | 1 | 100,0 | 11 | 100,0 |
| Erythromycin | 0 | 0,0 | 2 | 18,2 |
| sensibel | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 1 | 100,0 | 4 | 36,4 |
| 2 × resistent | 0 | 0,0 | 5 | 45,5 |
| 3 × resistent | 0 | 0,0 | 2 | 18,2 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |

5.3 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 452 MRSA-Isolate getestet, die einem der neun vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 84 Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch, 362 Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch, 5 Isolate aus der Lebensmittelkette Entenfleisch und ein Isolat aus Wildkarnivoren. Aus Untersuchungen von Proben von frischem Fleisch von Masthähnchen an Grenzkontrollstellen wurden keine Isolate eingesandt. Frisches Fleisch von Mastputen an Grenzkontrollstellen gelangte nicht zur Untersuchung, da es keine Importe aus Drittstaaten gab.

Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in den Tabellen 5.9 und 5.10 zusammengefasst. Alle Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 2 der 16 getesteten Substanzklassen (Abb. 5.5). Sensible Isolate wurden aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt.

Die höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch festgestellt. Neben Penicillin und Cefoxitin (je 100 %) waren die Isolate häufig gegen Tetrazyklin (97,6 %), Clindamycin (95,2 %), Trimethoprim (90,5 %), Erythromycin

(81,5 %), Tiamulin (78,6 %) und Quinupristin/Dalfopristin (75 %) resistent. Kein Isolat war gegen Vancomycin resistent.

Bei Isolaten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch wurde für alle getesteten Substanzen eine etwas geringere Resistenz festgestellt als bei Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch, mit Ausnahme von Ciprofloxacin, gegen das 44,5 % der Isolate resistent waren (im Vergleich zu 9,5 % der Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch). Neben Cefoxitin (100 %) und Penicillin (99,7 %) waren die Isolate häufig gegen Tetrazyklin (92,8 %), Clindamycin (81,2 %), Erythromycin (80,4 %), Trimethoprim (79,6 %), Tiamulin (78,7 %) und Quinupristin/Dalfopristin (69,3 %) resistent. Kein Isolat war gegen Vancomycin resistent.

Neben Penicillin und Cefoxitin waren die 5 Isolate aus der Lebensmittelkette Entenfleisch resistent gegen Tetrazyklin (N = 5), Ciprofloxacin (N = 4), Erythromycin und Tiamulin (je N = 3), Chloramphenicol, Quinupristin/Dalfopristin und Clindamycin (je N = 2) und Trimethoprim (N = 1).

Das Isolat, das aus dem Kot von Wildkarnivoren isoliert wurde, zeigte Resistenzen gegen Kanamycin, Streptomycin, Chloramphenicol, Penicillin, Cefoxitin, Tetrazyklin, Clindamycin, Erythromycin, Quinupristin/Dalfopristin und Sulfamethoxazol.

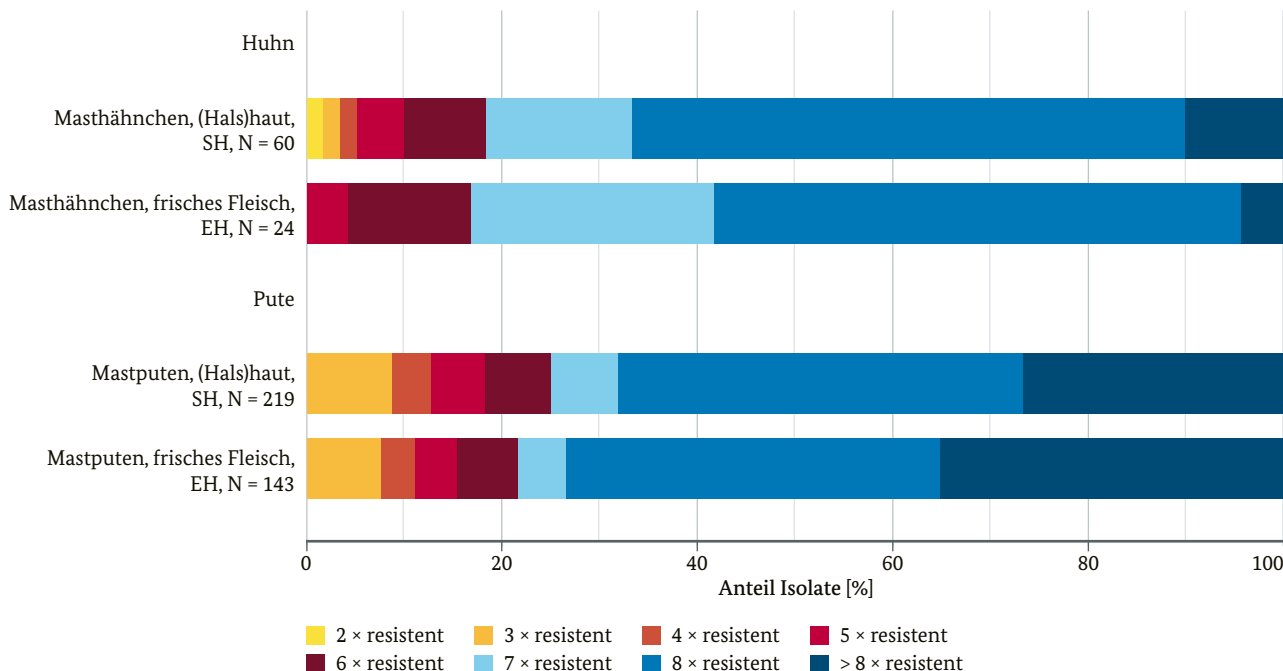


Abb. 5.5 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 446). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (EH: Einzelhandel, SH: Schlachthof)

Tab. 5.9 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter MRSA-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 84) und Putenfleisch (N = 362)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Masthähnchen (Hals)haut Schlachthof | | Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel | | Mastputen (Hals)haut Schlachthof | | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | |
|------------------------------------|---|-------|--|-------|--|-------|---|-------|
| | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 60 | | 24 | | 219 | | 143 | |
| Gentamicin | 2 | 3,3 | 2 | 8,3 | 10 | 4,6 | 9 | 6,3 |
| Kanamycin | 0 | 0,0 | 1 | 4,2 | 13 | 5,9 | 13 | 9,1 |
| Streptomycin | 5 | 8,3 | 1 | 4,2 | 20 | 9,1 | 11 | 7,7 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 1 | 4,2 | 0 | 0,0 | 3 | 2,1 |
| Penicillin G | 60 | 100,0 | 24 | 100,0 | 218 | 99,5 | 143 | 100,0 |
| Cefoxitin | 60 | 100,0 | 24 | 100,0 | 219 | 100,0 | 143 | 100,0 |
| Ciprofloxacin | 6 | 10,0 | 2 | 8,3 | 84 | 38,4 | 77 | 53,8 |
| Tetrazyklin | 58 | 96,7 | 24 | 100,0 | 202 | 92,2 | 134 | 93,7 |
| Rifampicin | 1 | 1,7 | 0 | 0,0 | 1 | 0,5 | 0 | 0,0 |
| Clindamycin | 57 | 95,0 | 23 | 95,8 | 177 | 80,8 | 117 | 81,8 |
| Erythromycin | 51 | 85,0 | 17 | 70,8 | 174 | 79,5 | 117 | 81,8 |
| Vancomycin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Linezolid | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Tiamulin | 46 | 76,7 | 20 | 83,3 | 173 | 79,0 | 112 | 78,3 |
| Mupirocin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Quinupristin/Dalfopristin | 45 | 75,0 | 18 | 75,0 | 152 | 69,4 | 99 | 69,2 |
| Fusidinsäure | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 53 | 88,3 | 23 | 95,8 | 170 | 77,6 | 118 | 82,5 |
| Sulfamethoxazol | 1 | 1,7 | 0 | 0,0 | 4 | 1,8 | 1 | 0,7 |
| sensibel | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 2 × resistent | 1 | 1,7 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 3 × resistent | 1 | 1,7 | 0 | 0,0 | 19 | 8,7 | 11 | 7,7 |
| 4 × resistent | 1 | 1,7 | 0 | 0,0 | 9 | 4,1 | 5 | 3,5 |
| 5 × resistent | 3 | 5,0 | 1 | 4,2 | 12 | 5,5 | 6 | 4,2 |
| 6 × resistent | 5 | 8,3 | 3 | 12,5 | 15 | 6,8 | 9 | 6,3 |
| 7 × resistent | 9 | 15,0 | 6 | 25,0 | 15 | 6,8 | 7 | 4,9 |
| 8 × resistent | 34 | 56,7 | 13 | 54,2 | 91 | 41,6 | 55 | 38,5 |
| > 8 × resistent | 6 | 10,0 | 1 | 4,2 | 58 | 26,5 | 50 | 35,0 |

Tab. 5.10 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter MRSA-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2022, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Entenfleisch (N = 5) und Wildkarnivoren (N = 1)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastenten (Hals)haut Schlachthof | | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | | Wildkarnivoren Nasenschleimhaut Wildbahn | |
|------------------------------------|--|-------|---|-------|--|-------|
| | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 1 | | 4 | | 1 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Kanamycin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 1 | 100,0 |
| Streptomycin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 1 | 100,0 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 2 | 50,0 | 1 | 100,0 |
| Penicillin G | 1 | 100,0 | 4 | 100,0 | 1 | 100,0 |
| Cefoxitin | 1 | 100,0 | 4 | 100,0 | 1 | 100,0 |
| Ciprofloxacin | 1 | 100,0 | 3 | 75,0 | 0 | 0,0 |
| Tetrazyklin | 1 | 100,0 | 4 | 100,0 | 1 | 100,0 |
| Rifampicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Clindamycin | 1 | 100,0 | 1 | 25,0 | 1 | 100,0 |
| Erythromycin | 1 | 100,0 | 2 | 50,0 | 1 | 100,0 |
| Vancomycin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Linezolid | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Tiamulin | 1 | 100,0 | 2 | 50,0 | 0 | 0,0 |
| Mupirocin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Quinupristin/Dalfopristin | 1 | 100,0 | 1 | 25,0 | 1 | 100,0 |
| Fusidinsäure | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 0 | 0,0 | 1 | 25,0 | 0 | 0,0 |
| Sulfamethoxazol | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 1 | 100,0 |
| sensibel | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 1 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 2 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 3 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 5 × resistent | 0 | 0,0 | 3 | 75,0 | 0 | 0,0 |
| 6 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 7 × resistent | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| 8 × resistent | 1 | 100,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| > 8 × resistent | 0 | 0,0 | 1 | 25,0 | 1 | 100,0 |

5.4 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1.414 kommensale *E.-coli*-Isolate getestet, die acht der neun vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Frisches Fleisch von Mastputen an Grenzkontrollstellen wurde nicht untersucht, da es keine Importe aus Drittstaaten gab. Falls in einem Programm deutlich mehr als 170 Isolate (von EFSA für die Resistenzbestimmung mindestens gefordert) eingesandt wurden, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Testung ausgewählt. Dies war bei den

Isolaten aus Blinddarmhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof und bei Isolaten aus frischem Fleisch von Masthähnchen und Mastputen im Einzelhandel der Fall. Aus den übrigen Matrizes wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (N = 472), Putenfleisch (N = 426) und Entenfleisch (N = 308). 208 Isolate stammten aus Kot von Wildkarnivoren.

Die Abbildungen 5.6 und 5.7 zeigen die Untersuchungsergebnisse für die kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen

die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate aus den einzelnen Programmen sind in den Tabellen 5.11 bis 5.13 gegenübergestellt.

Der Anteil sensibler Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch lag bei 17,5% (Blinddarmproben am Schlachthof), 24,1% (Hähnchenfleisch im Einzelhandel) bzw. 10,7% (Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen). Bei den Isolaten von Puten lag der Wert bei 30% in Blinddarmproben am Schlachthof und bei 21,4% in frischem Fleisch im Einzelhandel. Die Isolate aus Kot/Staub im Erzeugerbetrieb und aus frischem Fleisch im Einzelhandel von Enten zeigten hohe Anteile sensibler Isolate (59,5% und 48,3%). Isolate aus Kot von Wildkarnivoren waren ganz überwiegend (94,2%) gegen alle Testsubstanzen sensibel.

Insgesamt wurden über alle Herkünfte hinweg die höchsten Resistenzraten gegenüber Ampicillin beobachtet (43,1%). Die höchsten Resistenzraten gegen diese Substanz wurden bei Isolaten aus frischem Fleisch von Mastputen im Einzelhandel nachgewiesen (68,4%), dicht gefolgt von Isolaten aus frischem Hähnchenfleisch an Grenzkontrollstellen (64,3%) und im Einzelhandel (62,9%) und aus Blinddarminhalten von Masthähnchen (57,3%) und Mastputen (56,5%) am Schlachthof. Isolate von Mastenten waren zu 18,2% resistent. Isolate von Wildkarnivoren wiesen zu 3,8% eine Resistenz gegenüber Ampicillin auf.

Über alle Herkünfte hinweg wurde die zweithöchste Resistenzrate gegenüber dem Fluorchinolon Ciprofloxacin beobachtet (32,5%). Hier wiesen die Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch die höchsten Resistenzraten auf (Blinddarminhalt: 56,9%, Fleisch im Einzelhandel: 39,4% und von Grenzkontrollstellen: 82,1%), gefolgt von den Isolaten von Puten (36,1%) und Enten (17,5%). Isolate aus Wildkarnivoren wiesen weniger als 2% Resistenzen gegen Ciprofloxacin auf. Die Resistenzraten gegenüber Nalidixinsäure (insgesamt 28,6%) lagen vor allem beim Mastgeflügel jeweils einige Prozentpunkte unter denen gegenüber Ciprofloxacin. Die Resistenz gegen Sulfamethoxazol war in den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (50,6%) und Putenfleisch (30,3%) am häufigsten. In der Lebensmittelkette Entenfleisch (11,7%) und bei Wildkarnivoren (3,4%) waren sie dagegen deutlich geringer. Hohe Resistenzraten gegen Tetrazyklin wurden in der Lebensmittelkette Putenfleisch (43%) festgestellt, gefolgt von den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (32,8%) und Entenfleisch (21,8%). Bei Wildkarnivoren lag die Resistenzrate gegen diese Substanz bei 3,4%.

Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation waren insgesamt selten (3%), wobei die höchsten Resistenzraten mit 5,5% bei Masthähnchen festgestellt wurden. Resistenz gegen Meropenem wurde nicht beobachtet. Gegenüber Colistin wurden Resistenzen bei Mastputen (4,2%), Masthähnchen (2,1%) und Mastenten (0,2%), jedoch nicht in Wildkarnivoren nachgewiesen.

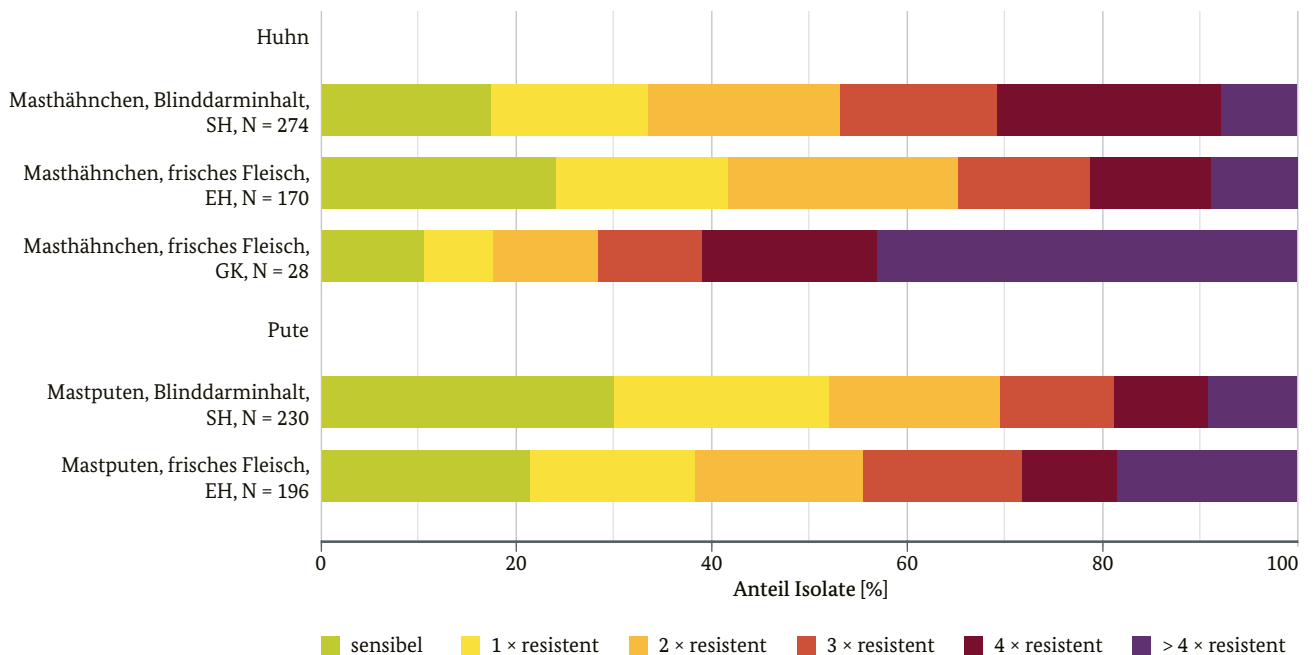


Abb. 5.6 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 898). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, GK: Grenzkontrollstelle)

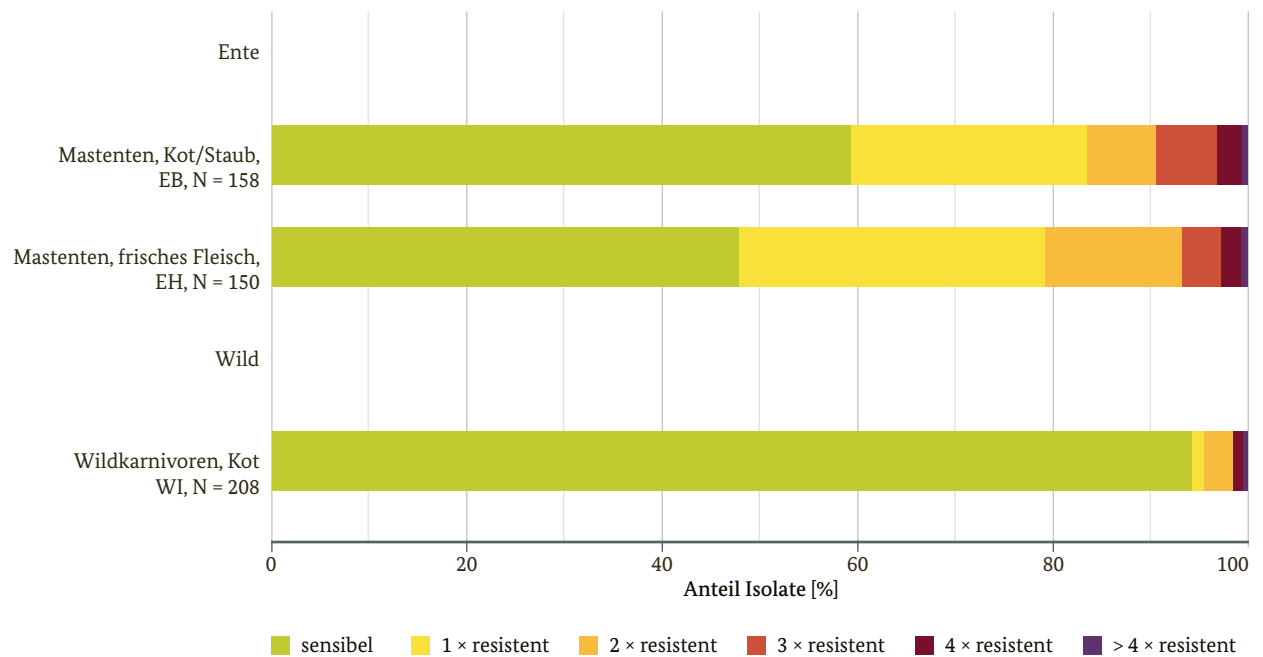


Abb. 5.7 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* aus der Lebensmittelkette Entenfleisch sowie von Wildkarnivoren im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 516). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens 5 Isolate untersucht wurden (EB: Erzeugerbetrieb, EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn)

Tab. 5.11 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 472)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof | | Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel | | Masthähnchen frisches Fleisch Grenzkontrollstellen | |
|------------------------------------|--|------|--|------|--|------|
| | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 274 | | 170 | | 28 | |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 27 | 9,9 | 12 | 7,1 | 13 | 46,4 |
| Chloramphenicol | 20 | 7,3 | 11 | 6,5 | 5 | 17,9 |
| Ampicillin | 157 | 57,3 | 107 | 62,9 | 18 | 64,3 |
| Cefotaxim | 5 | 1,8 | 5 | 2,9 | 16 | 57,1 |
| Ceftazidim | 4 | 1,5 | 5 | 2,9 | 15 | 53,6 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 156 | 56,9 | 67 | 39,4 | 23 | 82,1 |
| Nalidixinsäure | 149 | 54,4 | 58 | 34,1 | 21 | 75,0 |
| Colistin | 8 | 2,9 | 2 | 1,2 | 0 | 0,0 |
| Tetrazyklin | 94 | 34,3 | 50 | 29,4 | 11 | 39,3 |
| Tigezyklin | 1 | 0,4 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Azithromicin | 22 | 8,0 | 12 | 7,1 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 106 | 38,7 | 59 | 34,7 | 11 | 39,3 |
| Sulfamethoxazol | 152 | 55,5 | 70 | 41,2 | 17 | 60,7 |
| sensibel | 48 | 17,5 | 41 | 24,1 | 3 | 10,7 |
| 1 x resistent | 44 | 16,1 | 30 | 17,6 | 2 | 7,1 |
| 2 x resistent | 54 | 19,7 | 40 | 23,5 | 3 | 10,7 |
| 3 x resistent | 44 | 16,1 | 23 | 13,5 | 3 | 10,7 |
| 4 x resistent | 63 | 23,0 | 21 | 12,4 | 5 | 17,9 |
| > 4 x resistent | 21 | 7,7 | 15 | 8,8 | 12 | 42,9 |

Tab. 5.12 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Putenfleisch (N = 426)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof | | Mastputen frisches Fleisch Einzelhandel | |
|------------------------------------|---|------|---|------|
| | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 230 | | 196 | |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 8 | 3,5 | 5 | 2,6 |
| Chloramphenicol | 37 | 16,1 | 50 | 25,5 |
| Ampicillin | 130 | 56,5 | 134 | 68,4 |
| Cefotaxim | 6 | 2,6 | 8 | 4,1 |
| Ceftazidim | 1 | 0,4 | 5 | 2,6 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 75 | 32,6 | 79 | 40,3 |
| Nalidixinsäure | 65 | 28,3 | 64 | 32,7 |
| Colistin | 8 | 3,5 | 10 | 5,1 |
| Tetrazyklin | 85 | 37,0 | 98 | 50,0 |
| Tigezyklin | 2 | 0,9 | 0 | 0,0 |
| Azithromicin | 1 | 0,4 | 2 | 1,0 |
| Trimethoprim | 39 | 17,0 | 47 | 24,0 |
| Sulfamethoxazol | 58 | 25,2 | 71 | 36,2 |
| sensibel | 69 | 30,0 | 42 | 21,4 |
| 1 × resistent | 51 | 22,2 | 33 | 16,8 |
| 2 × resistent | 40 | 17,4 | 34 | 17,3 |
| 3 × resistent | 27 | 11,7 | 32 | 16,3 |
| 4 × resistent | 22 | 9,6 | 19 | 9,7 |
| > 4 × resistent | 21 | 9,1 | 36 | 18,4 |

Tab. 5.13 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Entenfleisch (N = 308) und Wildkarnivoren (N = 208)

| Tierart Matrix Probenahmeort | Mastenten Kot/Staub Erzeugerbetrieb | | Mastenten frisches Fleisch Einzelhandel | | Wildkarnivoren Kot Wildbahn | |
|------------------------------------|---|------|---|------|-----------------------------------|------|
| | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 158 | | 150 | | 208 | |
| Amikacin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Chloramphenicol | 6 | 3,8 | 3 | 2,0 | 1 | 0,5 |
| Ampicillin | 29 | 18,4 | 27 | 18,0 | 8 | 3,8 |
| Cefotaxim | 0 | 0,0 | 1 | 0,7 | 1 | 0,5 |
| Ceftazidim | 0 | 0,0 | 1 | 0,7 | 1 | 0,5 |
| Meropenem | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ciprofloxacin | 24 | 15,2 | 31 | 20,7 | 4 | 1,9 |
| Nalidixinsäure | 20 | 12,7 | 25 | 16,7 | 2 | 1,0 |
| Colistin | 1 | 0,6 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Tetrazyklin | 29 | 18,4 | 38 | 25,3 | 7 | 3,4 |
| Tigezyklin | 1 | 0,6 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Azithromicin | 0 | 0,0 | 1 | 0,7 | 0 | 0,0 |
| Trimethoprim | 17 | 10,8 | 20 | 13,3 | 7 | 3,4 |
| Sulfamethoxazol | 18 | 11,4 | 18 | 12,0 | 7 | 3,4 |
| sensibel | 94 | 59,5 | 72 | 48,0 | 196 | 94,2 |
| 1 × resistent | 38 | 24,1 | 47 | 31,3 | 3 | 1,4 |
| 2 × resistent | 11 | 7,0 | 21 | 14,0 | 6 | 2,9 |
| 3 × resistent | 10 | 6,3 | 6 | 4,0 | 0 | 0,0 |
| 4 × resistent | 4 | 2,5 | 3 | 2,0 | 2 | 1,0 |
| > 4 × resistent | 1 | 0,6 | 1 | 0,7 | 1 | 0,5 |

5.4.1 Kommensale *E. coli*, die ESBLs/AmpC/Carbapenemasen produzieren

Insgesamt wurden 43 kommensale *E.-coli*-Isolate nachgewiesen, die von nicht-selektiven Medien gewonnen wurden und in der Resistenztestung (1. Panel) gegen Cefotaxim und/oder Ceftazidim resistent waren. Diese Isolate wurden durch WGS als alternative Methode zur Bouillon-Mikrodilution (2. Platte) gemäß den EURL-AR-Protokollen weiter analysiert. Die entdeckten Gene wurden anhand des Phänotyps, den sie verleihen (ESBL, AmpC und Carbapenemase), gemäß der EFSA-Klassifizierung in verschiedene Kategorien eingeteilt.

Die allermeisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 27), und zwar aus Blinddarminhalt vom Schlachthof (N = 6) sowie von frischem Fleisch im Einzelhandel

(N = 5) und an Grenzkontrollstellen (N = 16). Die 14 Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch stammten aus Blinddarminhalt (N = 6) und von frischem Fleisch im Einzelhandel (N = 8). Ein Isolat stammte aus der Lebensmittelkette Entenfleisch und eines von Wildkarnivoren.

Bei 40 Isolaten wurden insgesamt 52 Gene gefunden und 2 weitere Isolate wiesen eine AmpC-Punktmutation auf. Ein phänotypisch resistentes Isolat hatte keine entsprechenden Gene. In 67,4% der Isolate konnte mindestens ein für den ESBL/AmpC-Phänotyp codierendes Gen nachgewiesen werden. Bei den nachgewiesenen Beta-Laktamase-Genen handelte es sich zu 50% um ESBL-Gene, zu 5,8% um AmpC-Gene und zu 44,2% um nicht ESBL-Gene, die in dem EFSA-Katalog gelistet wurden. Die Verteilung der Gene auf die Untersuchungsprogramme gibt Tabelle 5.14 wieder.

Tab. 5.14 Ergebnisse der WGS-Untersuchung von kommensalen *E.-coli*-Isolaten, die gegen Cefotaxim bzw. Ceftazidim resistent waren, im Zoonosen-Monitoring 2022 – Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (N = 27), Putenfleisch (N = 14) und Entenfleisch (N = 1) sowie Wildkarnivoren (N = 1)

| Tierart | Masthähnchen | Masthähnchen | Masthähnchen | Mastputen | Mastputen | Mastenten | Wildkarnivoren | Σ |
|--|-----------------|------------------|----------------------|-----------------|------------------|------------------|----------------|--------|
| Matrix | Blinddarminhalt | frisches Fleisch | frisches Fleisch | Blinddarminhalt | frisches Fleisch | frisches Fleisch | Kot | |
| Probenahmeort | Schlachthof | Einzelhandel | Grenzkontrollstellen | Schlachthof | Einzelhandel | Einzelhandel | Wildbahn | |
| Anzahl untersucht | N = 6 | N = 5 | N = 16 | N = 6 | N = 8 | N = 1 | N = 1 | N = 43 |
| AmpC-Gene | 0 | 1 | 2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 |
| AmpC-Punktmutation | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 | 2 |
| ESBL-Gene | 3 | 4 | 14 | 1 | 4 | 0 | 0 | 26 |
| nicht ESBL-Gene | 4 | 1 | 3 | 8 | 7 | 0 | 0 | 23 |
| keine Beta-Laktamase-Gene oder Mutationen gefunden | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 1 |

5.5 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

Zu den meisten positiv an das BVL übermittelten Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das 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 wurden 576 von 588 (97,9 %) eingesandten und dem Stichprobenplan zuzuordnende Enterokokken-Isolate als *Enterococcus faecalis* (N = 309) oder *E. faecium* (N = 267) identifiziert. Bei den 12 anderen Isolaten wurden mittels MALDI-ToF-Massenspektrometrie andere Spezies als *E. faecalis* und *E. faecium* festgestellt. Der Anteil der beiden Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* an den eingesandten Isolaten aus Blinddarminhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof war nahezu identisch (Abb. 5.8).

In die Resistenztestung wurden 576 Enterokokken-Isolate (309 *E. faecalis*, 267 *E. faecium*) aus Blinddarminhalten von Masthähnchen (N = 226) und Mastputen (N = 350) am Schlachthof einbezogen (Abb. 5.9, Tab. 5.15).

Kein Isolat von *E. faecalis* war gegenüber allen getesteten Substanzen sensibel (Abb. 5.9). *E.-faecium*-Isolate von Masthähnchen waren deutlich häufiger sensibel (13,2 %) als solche von Mastputen (6,5 %).

Die höchsten Resistenzraten wurden über alle Herkunft und Spezies hinweg gegenüber Quinupristin/Dalfopristin (89,9 %), Erythromycin (56,9 %) und Tetrazyklin (56,6 %) beobachtet. Dabei waren bei *E. faecalis* deutlich mehr Isolate gegen Quinupristin/Dalfopristin und Tetrazyklin resistent (98,7 % und 61,5 %) als bei *E. faecium* (79,8 % und 50,9 %). Gegenüber Ciprofloxacin und Erythromycin waren mehr Isolate von *E. faecium* (10,9 % und 61 %) resistent als von *E. faecalis* (6,1 % und 53,4 %).

Sowohl gegenüber Tetrazyklin als auch gegenüber Erythromycin waren *E. faecalis* von Masthähnchen deutlich häufiger resistent (60,7 % und 78,6 %) als *E. faecium* (34,2 % und 59,6 %). Bei den Isolaten von Mastputen wurde das Gegenteil beobachtet, da mehr Isolate von *E. faecium* gegen Tetrazyklin und Erythromycin resistent waren (63,4 % und 62,1 %) als von *E. faecalis* (61,9 % und 39,1 %). In diesem Fall waren die Unterschiede jedoch nicht so deutlich.

Auch in der Empfindlichkeit gegenüber Ampicillin gab es deutliche Unterschiede zwischen den Enterokokkenspezies (0,3 % *E. faecalis* vs. 12,7 % *E. faecium*), und zwar bei beiden Tierarten.

Resistenz gegen Ciprofloxacin wurde in ähnlichen Anteilen für beide Bakterienspezies von Mastputen und für *E. faecium* von Masthähnchen beobachtet. Bei *E. faecalis* von Masthähnchen wurde diese jedoch nicht beobachtet. Nur vier Isolate von *E. faecalis* von Masthähnchen waren resistent gegen Tigazyklin. Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin, Vancomycin und Daptomycin wurden bei beiden Spezies nicht beobachtet (Tab. 5.15).

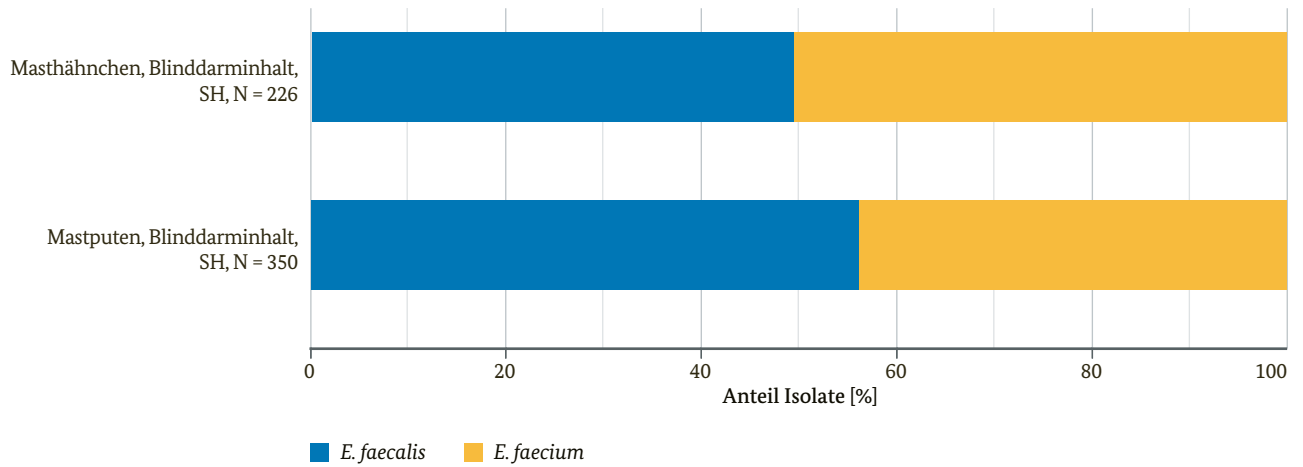


Abb. 5.8 Übersicht über die Verteilung der Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* unter den typisierten Enterokokken-Isolaten aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 576) (SH: Schlachthof)

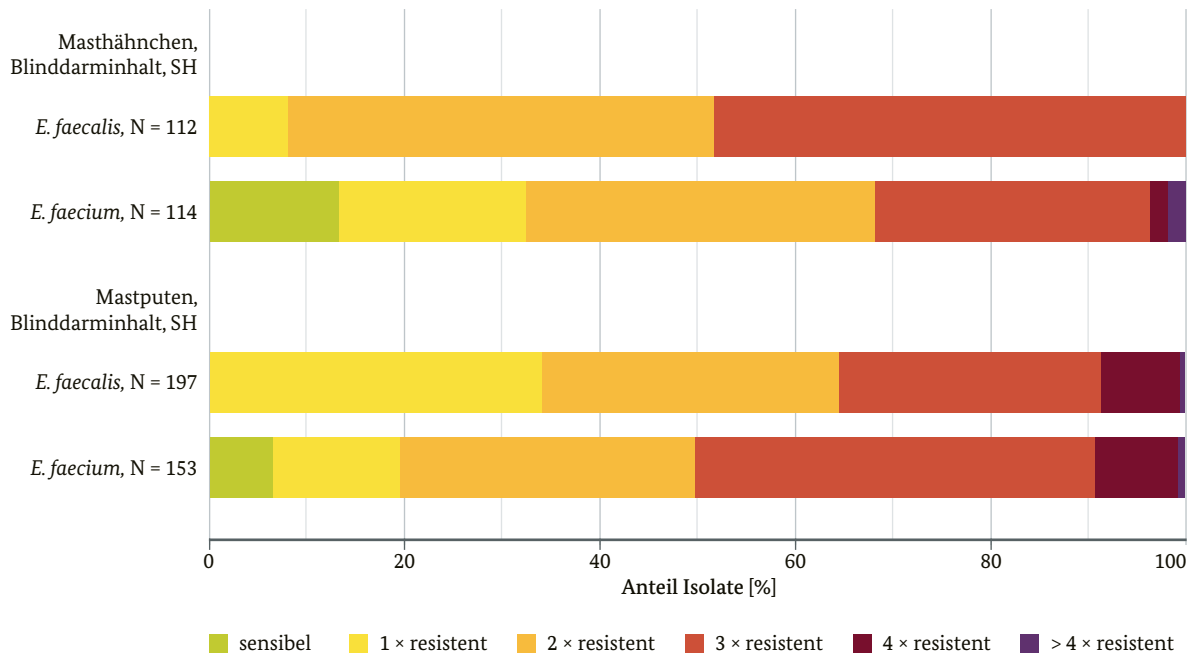


Abb. 5.9 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen im Zoonosen-Monitoring 2022 (N = 576). Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (SH: Schlachthof)

Tab. 5.15 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter Enterokokken-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (N = 226) und Putenfleisch (N = 350)

| Spezies | <i>Enterococcus faecalis</i> | | | | <i>Enterococcus faecium</i> | | | |
|------------------------------------|--|-------|---|------|--|------|---|------|
| | Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof | | Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof | | Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof | | Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof | |
| Tierart Matrix Probenahmeort | N | % | N | % | N | % | N | % |
| Anzahl untersucht | 112 | | 197 | | 114 | | 153 | |
| Gentamicin | 0 | 0,0 | 1 | 0,5 | 1 | 0,9 | 1 | 0,7 |
| Chloramphenicol | 0 | 0,0 | 3 | 1,5 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Ampicillin | 1 | 0,9 | 0 | 0,0 | 11 | 9,6 | 23 | 15,0 |
| Ciprofloxacin | 0 | 0,0 | 19 | 9,6 | 11 | 9,6 | 18 | 11,8 |
| Tetrazyklin | 68 | 60,7 | 122 | 61,9 | 39 | 34,2 | 97 | 63,4 |
| Tigezyklin | 4 | 3,6 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Erythromycin | 88 | 78,6 | 77 | 39,1 | 68 | 59,6 | 95 | 62,1 |
| 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 |
| Daptomycin | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Linezolid | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 |
| Quinupristin/Dalfopristin | 112 | 100,0 | 193 | 98,0 | 89 | 78,1 | 124 | 81,0 |
| sensibel | 0 | 0,0 | 0 | 0,0 | 15 | 13,2 | 10 | 6,5 |
| 1 × resistent | 9 | 8,0 | 67 | 34,0 | 22 | 19,3 | 20 | 13,1 |
| 2 × resistent | 49 | 43,8 | 60 | 30,5 | 41 | 36,0 | 46 | 30,1 |
| 3 × resistent | 54 | 48,2 | 53 | 26,9 | 32 | 28,1 | 63 | 41,2 |
| 4 × resistent | 0 | 0,0 | 16 | 8,1 | 2 | 1,8 | 13 | 8,5 |
| > 4 × resistent | 0 | 0,0 | 1 | 0,5 | 2 | 1,8 | 1 | 0,7 |

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2022

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2022 (ZSP 2022). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend dem ZSP 2022 war insgesamt gut im Hinblick auf die Programme am Schlachthof und im Einzelhandel, während sie bei den Programmen zu Wildtieren und dem Futtermittelprogramm mäßig war. Die Programme im Erzeugerbetrieb wurden ebenfalls nicht vollständig umgesetzt. 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 und der untersuchte Erreger sehr ungleich verteilt ist. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan zum Teil erheblich, sodass in einigen Fällen nur von einer mäßigen Repräsentativität der Daten für Deutschland auszugehen ist.

Zwei Programme sahen die Probenahme in Erzeugerbetrieben vor. In beiden Programmen wurde das Probensoll nicht erreicht. Beim Programm in Entenmastbetrieben beteiligte sich ein Land mit einem erheblichen Probenkontingent nicht, sodass hier die Repräsentativität deutlich eingeschränkt ist. Im Programm zu Kopfsalat untersuchten drei Länder mit erheblichem Probensoll deutlich weniger Proben als vorgesehen, sodass es auch hier zu Einschränkungen der Repräsentativität kam.

Die Programme zu Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof haben das Probensoll insgesamt erfüllt und es kam in den Ländern, die einen erheblichen Anteil an der Stichprobe hatten, zu keinen großen Abweichungen vom Probensoll. Bei den Programmen zu Mastenten am Schlachthof lag die Hauptlast der Probenahme bei einem Land, das dieses Soll auch voll erfüllte. Ein zweites Land mit einem erheblichen Kontingent untersuchte allerdings nur etwa die Hälfte der

geplanten Proben, sodass insgesamt das Soll nicht ganz erfüllt wurde (91% der Gesamtprobenzahl).

Das Programm zur Untersuchung von Lebern von Schlachtschweinen hatte eine verpflichtende (Hepatitis-E-Virus) und zwei freiwillige Komponenten (*Salmonella* und *Campylobacter*). Während die verpflichtende Komponente fast plangemäß abgearbeitet wurde, wurde bei der freiwilligen Komponente nur etwa die Hälfte der geplanten Proben untersucht.

Auch bei dem Programm in Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen wurde nur ungefähr die Hälfte der angestrebten Proben untersucht und dies auch mit erheblichen Abweichungen vom Stichprobenplan. Im Vorfeld hatte sich die Erstellung der Datenbasis für den Stichprobenplan als Herausforderung dargestellt, was im Wesentlichen auf die Heterogenität dieser Betriebe zurückzuführen war. Insofern waren Abweichungen vom erstellten Plan abzusehen. Insgesamt wurden in den meisten Ländern deutlich weniger Proben untersucht als vorgesehen, allerdings gab es zwei Ausnahmen, bei denen das Probensoll überschritten wurde. Die Repräsentativität der Ergebnisse ist unter diesen Umständen nur teilweise gegeben.

Die Beteiligung am Futtermittelprogramm war in 2022 schlecht. Es wurde nur etwa ein Fünftel der angestrebten Proben untersucht. Fünf der acht Länder mit einem Probenkontingent untersuchten keine Proben. Zwei Länder untersuchten Proben, obwohl ihnen kein Probenkontingent zugewiesen war. Damit ist die Repräsentativität des Ergebnisses für Deutschland nicht gegeben. Allerdings wird das Programm in 2023 fortgesetzt, sodass sich die Repräsentativität möglicherweise noch verbessert.

Beim Wildprogramm wurde das Probensoll deutlich unterschritten. Es wurden etwa zwei Drittel der vorgesehenen bakteriologischen Untersuchungen durchgeführt. Die beiden parasitologischen Programme erreichten hier nur etwa 10% (*Baylisascaris procyonis*) und 17% (*Echinococcus*) des Probensolls. Die Definition der Probenzahlen für diese Tierarten war nicht einfach, da es keine Zahlen zur Jagdstrecke für Wildkarnivoren gibt. Insofern ist die relative Beteiligung

der Länder schwer zu bewerten. Im Hinblick auf die bakteriologischen Programme erfüllten sechs Länder ihr Probensoll zu 80 bis 110 %, ein weiteres Land nahm mehr Proben als vorgesehen (142 % bis 162 %) und drei Länder beteiligten sich nicht. Untersuchungen auf die Parasiten wurden nur von fünf bzw. sechs Ländern durchgeführt.

Die größte Anzahl von Programmen wurde auch 2022 im Einzelhandel durchgeführt. Das Probensoll wurde zu 85 % bis 127 % erfüllt, was einer guten Umsetzung entspricht. Auch die Verteilung der Proben auf die Länder entsprach weitgehend dem Soll, sodass hier von einer sehr guten Repräsentativität der Ergebnisse auszugehen ist.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2022 unter dem Gesichtspunkt des gesundheitlichen Verbraucherschutzes

Das Ziel des Zoonosen-Monitorings, gemäß Zoonosen-Stichprobenplan für ausgewählte Erreger und Lebensmittelketten das Vorkommen von Zoonoseerregern und spezifischen resistenten Mikroorganismen (MRSA, Extended-Spektrum- bzw. AmpC Beta-Laktamase (ESBL/AmpC)-bildende *E. coli*, Carbapenemase-verdächtige *E. coli*) sowie die Resistenzsituation bei Zoonoseerregern, Enterokokken und kommensalen *E. coli* in verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette für das Jahr 2022 zu schätzen, wurde insgesamt mit den oben genannten Einschränkungen 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 2022 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus einem Zeitraum von 14 Jahren (2009–2022) vor. Für einige Erreger/Matrix-Kombinationen stehen erstmals Daten zur Verfügung.

Mithilfe der Monitoringprogramme konnten erneut wichtige Erfahrungen gesammelt werden, die zu einer verbesserten Planung, 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 Erhebung, Übermittlung und Auswertung der Daten.

Die Verfügbarkeit von Informationen stellte teilweise eine Herausforderung für die Stichprobenplanung dar. Einige Informationen, z. B. zu den Herstellerbetrieben, standen den Ländern nach eigener Aussage nicht

unmittelbar zur Verfügung und ihre Beschaffung ist mit erheblichem Aufwand verbunden. Hier wäre es wünschenswert, dass die Daten für die Landesbehörden leichter verfügbar sind.

Im Hinblick auf die Labormethodik sind bei der Planung die Erfordernisse des Qualitätsmanagements der Labore zu berücksichtigen. Untersuchungen, die nicht Teil der Routine der Überwachungslabore sind, bedeuten einen erheblichen Mehraufwand in der Methodenetablierung. Dieser Aufwand ist insbesondere für ein Land mit geringen zugeteilten Probenzahlen unverhältnismäßig hoch. Bei einigen freiwilligen Programmen führt dies dazu, dass nicht alle Länder an den Programmen teilnehmen (z. B. *Baylisascaris procyonis*). Hier sollte erwogen werden, solche Programme gegebenenfalls länderübergreifend durchzuführen, indem insbesondere Proben aus Ländern mit geringem Probensoll von Laboren anderer Länder mituntersucht werden.

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern sowie spezifischen resistenten Keimen wie MRSA und ESBL/AmpC-bildenden bzw. Carbapenemase-verdächtigen *E. coli* und deren Eigenschaften gewonnen werden. Auch über die Resistenzsituation bei grampositiven und gramnegativen Indikatorbakterien in den Lebensmittelketten konnten wichtige Erkenntnisse gewonnen werden. Nachfolgend werden die erzielten Ergebnisse für die einzelnen Erreger bewertet. Dabei werden auch die Einschränkungen bei der Programmdurchführung adressiert, ohne dass jedoch versucht wird, etwaige Auswirkungen dieser Einschränkungen auf die Ergebnisse quantitativ abzuschätzen. Für die Programme im Schlachthof und im Einzelhandel ist nicht zu erwarten, dass die Abweichungen vom Stichprobenplan zu einer grundlegenden Verschiebung der geschätzten Prävalenzen geführt haben. Die oben genannten Einschränkungen in der Repräsentativität müssen jedoch bei der Bewertung der Ergebnisse bedacht werden.

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

Die Ergebnisse aus dem Zeitraum von insgesamt 14 Jahren belegen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelketten. Die im

Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger, Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*, ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, kommensalen *E. coli* sowie Enterokokken können auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Erregern, den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der jeweiligen Lebensmittelkette. Die Ergebnisse belegen auch, dass eine Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern, Keimen mit besonderen Resistenzeigenschaften und kommensalen *E. coli* über die Tiere oder über verschiedene Arten vom Tier stammender Lebensmittel aus dem Einzelhandel stattfinden kann. Die Ergebnisse der Charakterisierung der eingesandten Isolate durch die NRLs unterstützen die Hypothese, dass die Erreger entlang der Lebensmittel- und Produktionsketten verschleppt werden. Sie weisen aber auch darauf hin, dass im Rahmen der Gewinnung und Verarbeitung Erreger anderer Herkunft die Lebensmittel kontaminieren bzw. die Erreger aus Tiergruppen im Rahmen des Schlachtprozesses auf Schlachtkörper anderer Tiergruppen übertragen werden können.

Auffällig waren im Zoonosen-Monitoring vor allem die hohen Antibiotikaresistenzraten der *E.-coli*-Isolate von importiertem Hähnchenfleisch. Im Rahmen dieser Bewertung werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2022 zu den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre und der Literatur in Beziehung gesetzt. Hinsichtlich der Daten aus der Literatur werden insbesondere die Ergebnisse der risikoorientierten Lebensmittelüberwachung der Vorjahre herangezogen, um sie mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings zu vergleichen, und so festzustellen, ob sich die Ergebnisse der Überwachung, die jährlich vorliegen, deutlich von den im Rahmen des Monitorings erzielten Ergebnissen unterscheiden.

Die Bewertung der minimalen Hemmkonzentrationen erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-off-Werte (www.eucast.org), welche im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt und für einige Substanzen und Erreger von der EFSA ergänzt wurden. Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (s. Kap. 3.3.2.1). Bei der Bewertung der Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen über längere Zeiträume hinweg ist zu berücksichtigen, dass sich mit dem *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* ab dem Jahr 2021 die Rechtsgrundlage und in Folge auch das Panel der untersuchten Substanzen gegenüber den Vorjahren verändert hat. Bis 2020 wurden *Campylobacter* auch auf ihre Empfindlichkeit gegen Nalidixinsäure und Streptomycin getestet. Seit 2021 wurden diese Substanzen

durch Ertapenem und Chloramphenicol ersetzt. Die Untersuchung von *E. coli* und *Salmonella* wurde um das Aminoglykosid Amikacin erweitert. Für Ertapenem bei *Campylobacter* sowie Amikacin bei *E. coli* und *Salmonella* liegen keine Vergleichswerte aus der Vergangenheit vor. *Campylobacter* wurde bis 2013 auf Chloramphenicol getestet, sodass weiter zurückliegende Resistenzdaten als Vergleichsgrundlage vorliegen.

***Salmonella* spp.**

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Es wurden im Zoonosen-Monitoring 2022 Blinddarmproben von Masthähnchen am Schlachthof und Halshäute sowie Hähnchenfleisch im Einzelhandel und an Grenzkontrollstellen auf Salmonellen untersucht. Von den Blinddarmproben waren nur 2 positiv (0,5%), also deutlich weniger als in den Vorjahren (2020: 2,6%, 2018: 1,9%, 2016: 2,3%). Dies entspricht der weiter rückläufigen Nachweisrate in den Masthähnchenherden im Rahmen des Bekämpfungsprogramms von 2022 (BfR 2023). Von den beiden Isolaten wurde nur eines an das NRL eingesandt und als *S. Paratyphi B, Dt+* identifiziert, einem bei Masthähnchen auch in der Vergangenheit häufigen Serovar. Von den 20 eingesandten Isolaten von Schlachtkörpern erwiesen sich 8 als *S. Infantis* und 9 ebenfalls als *S. Paratyphi B, Dt+*, was der Häufigkeit dieser beiden Serovare beim Masthähnchen in der Vergangenheit entspricht. Einzelne Isolate wurden als *S. Ohio*, *S. Indiana* sowie einer *S. Subspez. I* typisiert. Auch diese Serovare wurden bereits in der Vergangenheit in dieser Matrix nachgewiesen.

Insgesamt waren bei Masthähnchen mit 5,5% deutlich weniger Schlachtkörper *Salmonella*-positiv als bei den Puten und Enten (s. unten). Es waren auch weniger als in den vergangenen Jahren (2016, 2018, 2020, zwischen 6,7% und 7,6%). Die positiven Befunde stammten aus sechs verschiedenen Ländern, wobei es zu Häufungen bestimmter Serovare in bestimmten Ländern kam. So waren 6 der 9 „*S. Paratyphi B, Dt+*“-Isolate aus einem Schlachthof. Allerdings waren die positiven Befunde, im Gegensatz zu 2020, auf mehrere Schlachthöfe verteilt. Insgesamt zeigen die Untersuchungen, dass es durchaus möglich ist, Schlachtkörper von Masthähnchen mit geringer Salmonellen-Belastung zu produzieren und dass dies auch zunehmend gelingt.

Frisches Fleisch im Einzelhandel war ähnlich häufig positiv (5,1%) wie die Schlachtkörper, also geringfügig häufiger als in 2020 (4,6%), aber im Bereich der Vorjahre (2018: 5,6%, 2016: 4,7%). Im Gegensatz zur Situation bei den Schlachtkörpern dominierte hier mit *S. Infantis* nur ein Serovar das Geschehen (21/26 Isolaten). Die

Ursache für die Verschiebung gegenüber der Situation auf den Schlachtkörpern könnte einerseits an ungleichen Marktanteilen verschiedener Schlachthöfe beim angebotenen frischen Hähnchenfleisch im Einzelhandel liegen, andererseits aber auch Ausdruck einer höheren Tenazität von *S. Infantis* in Hähnchenfleisch sein. Die Resistenzmuster der Isolate deuten auf eine Heterogenität innerhalb dieses Serovars hin, sodass eine gemeinsame Quelle nicht wahrscheinlich ist.

Die 5 eingesandten Isolate aus frischem Hähnchenfleisch von der Grenzkontrollstelle gehörten 4 Serovaren an, zeigten also eine erhebliche Heterogenität.

S. Infantis ist beim Menschen das nach *S. Typhimurium* (inkl. seiner monophasischen Variante) und *S. Enteritidis* am häufigsten nachgewiesene Serovar. Da der Erreger bei anderen Tierarten seltener nachgewiesen wird, ist es nicht unwahrscheinlich, dass ein Teil der humanen Infektionen mit der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch assoziiert ist (Jabin et al. 2019).

S. Typhimurium (inklusive seiner monophasischen Variante) und *S. Enteritidis* wurden in 2022 in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch nicht nachgewiesen, obwohl *S. Enteritidis* in der Primärproduktion vereinzelt in Hähnchenmastbetrieben nachgewiesen wurde (BfR 2023).

Die **Resistenz** der in der Hähnchenfleischkette nachgewiesenen *Salmonella*-Isolate unterschied sich deutlich zwischen den Isolat von Schlachtkörpern und denen aus Hähnchenfleisch im Einzelhandel. Auffällig war der hohe Anteil Ciprofloxacin-resistenter Isolate, der insgesamt bei 88,9% der getesteten Isolate lag und in allen 4 Herkünften aus dieser Lebensmittelkette der höchste war. Auf Ciprofloxacin folgten Sulfamethoxazol, Trimethoprim, Tetrazyklin und Ampicillin, also die Substanzen, gegenüber denen typischerweise bei Isolat von allen Nutztieren relativ hohe Resistenzraten beobachtet werden. Auffällig war der relativ hohe Anteil von Isolat mit Tigazyklin-Resistenz (12 Isolate, 22%). Hierbei handelte es sich vorwiegend um Isolate aus Hähnchenfleisch im Einzelhandel (9 Isolate), aus importiertem Hähnchenfleisch und aus Schlachtkörpern. Von den 12 resistenten Isolate wurden 11 als *S. Infantis* identifiziert, sodass zu empfehlen ist, den dahinter liegenden Resistenzmechanismus sowie gegebenenfalls die Ausbreitungswege zu identifizieren. Obwohl *S. Infantis* auch das häufigste Serovar war, ist dieser Anteil an resistenten Isolat klar überproportional ($p < 0,01$). Allerdings unterschieden sich die *S.-Infantis*-Isolate in ihren sonstigen Resistenzen, sodass nicht von einer klonalen Ausbreitung auszugehen ist.

Gegenüber Colistin wies nur ein Isolat, gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation wiesen 4 Isolate eine Resistenz auf. Von den 4 Isolat stammten 2 aus importiertem Geflügelfleisch, aus dem insgesamt

nur 5 Isolate eingesandt wurden. Alle 5 Cephalosporin-resistenten Isolate gehörten zu unterschiedlichen Serovaren. Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation wurden bei Salmonellen in den vergangenen Jahren nur selten nachgewiesen. Die Ursache für die Häufung in 2022 ist nicht bekannt, zumal der Einsatz von Cephalosporinen beim Geflügel nicht zugelassen ist und es zwischen 2014 und 2020 eigentlich auch einen Rückgang des Anteils für ESBL/AmpC-*E.-coli*-positiver Proben beim Hähnchen gab (Werner et al. 2023).

Insgesamt unterstreichen diese Befunde die Bedeutung des Schlachthofs für die Verschleppung der Salmonellen aus den Beständen auf das Hähnchenfleisch im Einzelhandel, aber auch die Heterogenität der Übertragungsraten und die Heterogenität der Resistenzsituation. Die Bedeutung des Imports von Hähnchenfleisch als Eintragsquelle von problematischen Isolat zeigt sich ebenfalls deutlich. Sowohl die Resistenz gegenüber Tigazyklin als auch die gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation sollten sorgfältig beobachtet werden.

Lebensmittelkette Putenfleisch

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden am Schlachthof Blinddarmproben von Puten sowie die Halshaut von Putenkarkassen untersucht. Frisches Putenfleisch wurde im Einzelhandel und an Grenzkontrollstellen auf Salmonellen untersucht. Während erstmals in Blinddarmproben keine Salmonellen nachgewiesen wurden (bei 409 untersuchten Proben), war die Nachweisrate auf den Halshautproben wiederum sehr hoch (23,5%). Der fehlende Nachweis von Salmonellen in den Blinddarmproben spiegelt dabei die geringe Prävalenz von Salmonellen in Putenbeständen infolge der Bekämpfungsprogramme für Salmonellen bei Hausgeflügel wider (BfR 2023).

Wie in den vergangenen Jahren war die hohe Nachweisrate auf Schlachtkörpern auf wenige Schlachthöfe zurückzuführen. In einem Schlachthof waren 89% der Halshautproben positiv für *Salmonella* (58/65) und zwar über das ganze Jahr verteilt. Die Ergebnisse deuten auf erhebliche Schwächen in der Hygiene dieses Schlachthofes hin, der damit die nationale Prävalenz deutlich verschlechterte. In zwei weiteren Schlachthöfen lag der Anteil bei 25,4% und 13,0%. In dem vierten größeren Schlachthof war nur einer von 95 Schlachtkörpern positiv (1,1%). Ansonsten wurden in den anderen Schlachthöfen jeweils nur sehr wenige Proben untersucht, die durchweg *Salmonella*-negativ waren. Die Ergebnisse zeigen, dass den Schlachthöfen in der Verschleppung von Salmonellen auf Putenschlacht-

körper eine erhebliche Bedeutung zukommt. Hinzu kommt, dass es wie in den vergangenen Jahren zu einer Häufung von bestimmten Serovaren im Schlachthof kam. So gehörten 13 von 15 Isolaten eines Schlachthofs zum Serovar *S. Coeln*. In einem anderen Schlachthof erwiesen sich 15 der 17 typisierten Isolate als *S. Stanleyville*. Dies deutet darauf hin, dass diese Serovare sich offensichtlich in den Schlachthöfen etabliert haben und es damit nicht nur zur Verschleppung, sondern zur originären Kontamination der Schlachtkörper mit diesen Serovaren kommt. In dem Schlachthof mit der höchsten Nachweisrate wurde dagegen eine erhebliche Heterogenität der Serovare gefunden.

Insgesamt legen die Ergebnisse nahe, dass zur Reduktion der Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber Salmonellen aus der Lebensmittelkette Putenfleisch mehr Augenmerk auf die Kontrolle der Verschleppung in den Schlachthöfen gelegt werden muss, da ansonsten Hygienemängel in diesem Bereich die mit großem Aufwand in der Primärproduktion erzielten Bekämpfungserfolge nivellieren.

Die bekämpfungspflichtigen Serovare *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium*, die beim Menschen am häufigsten bei klinischen Salmonellosen beobachtet werden, wurden in der Lebensmittelkette Putenfleisch eher selten beobachtet (4 bzw. 3 von 116 Isolaten).

Auch in der Lebensmittelkette Putenfleisch waren die **Resistenzraten** von Salmonellen gegenüber Ciprofloxacin (53,4 %) und Nalidixinsäure (54,3 %) am höchsten, während die Resistenzraten gegen alle anderen Substanzen unter 5 % lagen. Interessanterweise wurden bei *S. Stanleyville* und *S. Coeln* keine Resistenzen gegenüber Ciprofloxacin beobachtet, während bei den anderen häufigen Serovaren alle Isolate resistent gegen Ciprofloxacin waren.

Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation sowie gegenüber Meropenem wurden nicht beobachtet, während 2 Isolate gegenüber Colistin resistent waren.

Lebensmittelkette Entenfleisch

Systematische Untersuchungen von Salmonellen in der Lebensmittelkette Entenfleisch wurden in Deutschland in den letzten Jahren nicht durchgeführt. Im Rahmen der amtlichen Lebensmittelüberwachung wurde immer wieder auch über Nachweise von Salmonellen bei Enten und Entenfleisch berichtet. In der Regel waren dies aber punktuelle Untersuchungen, die keine Repräsentativität für Deutschland beanspruchen können. Hinzu kommt, dass die Probenahme im Rahmen der amtlichen Überwachung risikoorientiert erfolgen

soll, also die Möglichkeit besteht, dass das Vorkommen eher überschätzt wird. Tatsächlich wurde es eher unterschätzt.

Die Nachweisrate von Salmonellen in Mastentenbeständen war mit 43,0 % deutlich höher als bei Untersuchungen im Rahmen der amtlichen Überwachung im Jahr 2017, als 122 Herden von Mastenten untersucht wurden, von denen sich 9 (7,4 %) als *Salmonella*-positiv erwiesen (Hartung et al. 2020). Auch der hohe Anteil *Salmonella*-positiver Blinddarmproben (26,7 %) lag deutlich über dem Ergebnis der 2017 untersuchten 1.551 Einzeltiere (2,0 %).

In der Folge wurde auch ein hoher Anteil *Salmonella*-positiver Schlachtkörper (28,6 %) festgestellt. Die Schlachtung von Enten in Deutschland erfolgt ganz überwiegend in einem einzigen Schlachthof. Dementsprechend war die Nachweisrate in diesem Schlachthof auch weitestgehend deckungsgleich mit der deutschlandweiten Nachweisrate.

Interessanterweise war der Anteil der im Einzelhandel untersuchten Proben von Entenfleisch, die *Salmonella*-positiv waren, deutlich geringer (5,1 %) und damit nicht höher als bei der Untersuchung von Hähnchenfleisch (5,1 %) und Putenfleisch (3,7 %).

In der Lebensmittelkette Entenfleisch wurden 16 verschiedene Serovare nachgewiesen. Beim Serovarspektrum der nachgewiesenen Salmonellen dominierten *S. Meleagridis* (23,7 %), *S. Hadar* (14,3 %) und *S. Senftenberg* (12,7 %). Von diesen Serovaren ist *S. Hadar* nur beim Zuchtgeflügel (*Gallus gallus*) bekämpfungsrelevant. Auch die beim Menschen häufigsten Erreger von Salmonellosen, *S. Enteritidis* (4,9 %) und *S. Typhimurium* inklusive seiner monophasischen Variante (7,4 %), wurden häufig nachgewiesen. Weitere häufige Nachweise waren *S. Newport*, *S. London*, *S. Indiana* und *S. Anatum*. In der Vergangenheit wurden im Rahmen der Überwachung ebenfalls vor allem diese Serovare nachgewiesen (Hartung et al. 2020), was auf eine gewisse Konstanz in der Salmonellenpopulation in den Entenbeständen hindeutet. *S. Meleagridis* wurde auch in anderen Tierarten und in der Umgebung nachgewiesen (Ballesteros-Nova et al. 2022, Cao et al. 2017).

Die Quelle dieser Salmonellen in den Entenbeständen ist nicht bekannt. Außer den beiden beim Menschen häufigen Serovaren *S. Typhimurium* und *S. Enteritidis* sind alle genannten Serovare für Erkrankungen des Menschen von untergeordneter Bedeutung. Lediglich *S. Newport* verursachte in 2022 insgesamt 81 Erkrankungsfälle, alle anderen Serovare lagen unter 20 Fällen pro Serovar (<https://survstat.rki.de/Content/Query/Create.aspx>, abgefragt am 01.08.2023).

Zwischen den Proben aus dem Bestand und den Blinddarminhalten einerseits und den Schlachtkörpern und

Fleischproben andererseits bestanden im Hinblick auf das Serovarspektrum Unterschiede. So waren *S. Hadar* und *S. Senftenberg* auf Schlachtkörpern und Fleisch deutlich häufiger als in Proben vom Tier. Umgekehrt war die relative Häufigkeit von *S. Meleagridis*, *S. Newport* und *S. Anatum* in Proben vom Tier deutlich höher als in Proben von Schlachtkörpern und im Fleisch. Dies unterstreicht, dass die Kreuzkontamination im Rahmen der Schlachtung einen erheblichen Einfluss auf das Vorkommen von Salmonellen im Lebensmittel hat. Allerdings ist auch denkbar, dass unterschiedliche Serovare auf Schlachtkörpern und Fleisch eine unterschiedliche Tenazität aufweisen. Hier sind weitere Untersuchungen erforderlich.

Die bei den *Salmonella*-Isolaten aus der Lebensmittelkette Entenfleisch festgestellte **Resistenz** gegenüber antimikrobiellen Substanzen war deutlich geringer als bei Isolaten von Masthähnchen und Puten. Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Tetrazyklin beobachtet (15,6%). Die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin lag bei nur 8,1%, die gegenüber Ampicillin bei 4,2%. Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, Meropenem, Amikacin, Gentamicin, Chloramphenicol und Azithromycin wurden gar nicht beobachtet. Die 5 gegen Colistin resistenten Isolate waren in der Mehrzahl *S. Enteritidis* sowie je einmal *S. Typhimurium* und *S. Meleagridis*.

Insgesamt steht daher bei Salmonellen in der Lebensmittelkette Entenfleisch die Prävalenz ganz klar gegenüber der Resistenz der Bakterien als Problem im Vordergrund und dabei wiederum der erhebliche Anteil *Salmonella*-positiver Tiere und Herden in der Primärproduktion und am Schlachthof. Offenbar gelingt es aber, im Rahmen der Lebensmittelgewinnung die Kontamination des Entenfleischs zu begrenzen, sodass dies im Einzelhandel trotz der deutlich höheren Belastung aus der Primärproduktion nicht häufiger mit Salmonellen kontaminiert ist als Puten- und Hähnchenfleisch.

Der in der Primärproduktion bedeutende Anteil der Serovare *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* spiegelt sich allerdings auch im Entenfleisch im Einzelhandel wider, wo die Hälfte der typisierten Isolate diesen Serovaren zugeordnet werden konnte. Die Rolle des Entenfleischs für Infektionen des Menschen ist nicht bekannt. Da viel weniger Entenfleisch konsumiert wird als Hähnchen- und Putenfleisch, ist die Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher insgesamt geringer und wird bei Source-attribution-Studien schon aus diesem Grunde häufig nicht berücksichtigt (Jabin et al. 2019, Wainaina et al. 2022).

Leber von Schweinen

In den 170 Lebern von geschlachteten Schweinen wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Dies unterstreicht den hohen Hygienestandard bei der Schweineschlachtung, da ein nicht unerheblicher Anteil der Schlachtschweine Salmonellen zumindest im Darm trägt (BVL 2022a). Dies spiegelt sich auch in der relativ geringen Kontaminationsrate der Schlachtkörper mit Salmonellen wider, die zuletzt 2021 im Zoonosen-Monitoring beobachtet wurde (3,2%). Dies steht im Gegensatz zu Untersuchungen aus anderen Ländern, die relativ häufig Salmonellen in Schweinelebern fanden (Luo et al. 2022, Wilhelm et al. 2016).

Pflanzliche Lebensmittel

Kopfsalat

In 2 von 611 Proben von Kopfsalat wurden Salmonellen nachgewiesen und zwar je einmal im Erzeugerbetrieb und im Einzelhandel. Trotz der sehr niedrigen Nachweisrate sind diese Befunde bedeutsam, da Kopfsalat roh verzehrt wird. Werden Salmonellen durch kontaminiertes Erdreich in die Proben eingetragen, ist davon auszugehen, dass sie durch gründliches Waschen des Salats entfernt werden können. Problematischer wäre der Nachweis als Teil des Mikrobioms der Pflanzen, weil sich dieses durch Waschen nur wenig beeinflussen lässt, da die Bakterien hier nicht nur oberflächlich auf den Blättern der Pflanze sind (Uhlir et al. 2017). Allerdings ist nicht bekannt, welcher Art die Kontamination der Salate war. Das von der Probe aus dem Erzeugerbetrieb an das NRL eingesandte Isolat wurde als *Salmonella* Subspez. II identifiziert. Es erwies sich als resistent gegenüber Colistin, war aber ansonsten gegenüber allen Substanzen empfindlich. Dies deutet nicht darauf hin, dass es aus der Tierhaltung stammt, da dort meist ausgeprägte Resistenzmuster gefunden werden

Kokosstückchen

In den 368 untersuchten Proben von Kokosstückchen wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Kokosstückchen waren in der Vergangenheit in lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche durch Salmonellen involviert (Luna et al. 2018). Der fehlende Nachweis im Rahmen des Zoonosen-Monitorings unterstreicht, dass die Belastung dieser Lebensmittel mit Salmonellen selten ist. Allerdings werden Kokosstückchen auch roh verzehrt. Daher kann es im Falle der Kontamination leicht zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen kommen.

Wildtiere

Im Zoonosen-Monitoring 2022 wurden Wildkarnivoren auf Salmonellen untersucht. Insgesamt konnten in 29 von 266 Proben (10,9 %) Salmonellen nachgewiesen werden. Der Anteil der positiven Befunde war höher als in einer italienischen Studie, bei der zwischen 2016 und 2020 insgesamt 927 Wildkarnivoren in der Emilia Romagna untersucht und 66 positive Befunde (7,1 %) ermittelt wurden (Gambi et al. 2022).

Der Nachweis erfolgte etwas häufiger bei Jungtieren als bei erwachsenen Tieren (15,6 % vs. 10,0 %). Dieser Unterschied war jedoch nicht signifikant.

Der Nachweis von Salmonellen bei Wildkarnivoren erfolgte in der Vergangenheit auch häufig im Rahmen der Überwachung, wobei die Nachweisraten bei Füchsen, Waschbären und vor allem bei Igel zum Teil erheblich und höher als im Zoonosen-Monitoring 2022 waren (Hartung et al. 2020). Zwar werden von diesen Tieren keine Lebensmittel gewonnen, allerdings sind sie einerseits als Empfängertiere und damit Indikatoren der Umweltbelastung interessant, andererseits können ihre Ausscheidungen wiederum Lebensmittel und Futtermittel kontaminieren und damit indirekt in die Lebensmittelkette gelangen.

Das Serovarspektrum war erwartungsgemäß von *S. Typhimurium* dominiert (11 von 21 typisierten Isolaten), aber auch *S. Enteritidis* wurde einmal nachgewiesen sowie einige seltenere Serovare. Dies bestätigt Untersuchungen aus der Überwachung, bei denen ebenfalls *S. Typhimurium* dominierte (Hartung et al. 2020).

Die meisten der 21 untersuchten *Salmonella*-Isolate aus Wildkarnivoren waren sensibel gegen alle Testsubstanzen (18/21, 85 %), obwohl die Hälfte der Isolate dem Serovar *S. Typhimurium* zugeordnet wurde, das bei Nutztieren häufig relativ hohe Resistenzraten aufweist. Die übrigen waren resistent gegen Tetrazyklin, Sulfamethoxazol, Ampicillin (je 2 Isolate) sowie gegen Chloramphenicol und Colistin (je ein Isolat). Bei dem gegen Colistin resistenten Isolat handelte es sich um *S. Typhimurium*. Geringe Resistenzraten wurden in der Vergangenheit auch bei Salmonellen von Wildschweinen beobachtet (BVL 2017, BVL 2022a, Plaza-Rodriguez et al. 2020). Sie deuten darauf hin, dass es vermutlich keinen intensiven Austausch zwischen der Nutztierpopulation und den Wildtieren gibt.

Campylobacter spp.

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Campylobacter spp. wurden wie in den vergangenen Jahren häufig auf der Halshaut geschlachteter Hähnchen und im Hähnchenfleisch im Einzelhandel nachgewiesen. Die Ergebnisse der Quantifizierung von *Campylobacter* spp. auf der Halshaut von Hähnchenschlachtkörpern deuten darauf hin, dass es bei der Schlachtung mittlerweile besser gelingt, die Kontamination des Schlachtkörpers zu minimieren. Der Anteil von Proben, die über dem festgelegten Grenzwert des Prozesshygienekriteriums von 10^3 KBE/g liegen, war 2022 mit 18,4 % erstmals unterhalb von 20 %, was in den Jahren 2016 bis 2020 nicht gelang (BVL 2021). Er war aber höher als in der Grundlagenstudie der EU im Jahre 2008, in der dieser Wert bei 15,7 % lag (BfR 2009b). Das Prozesshygienekriterium limitiert das Überschreiten des Grenzwertes von 10^3 KBE/g auf maximal 30 % der Halshautproben auf dem Schlachthof seit 2020. Ab 2025 dürfen nur noch 20 % der Proben oberhalb von 10^3 KBE/g liegen. Dies wurde nun erstmals im Zoonosen-Monitoring seit 2013 erreicht (BVL 2015).

Auch in diesem Jahr war der Anteil hoch kontaminierter Proben nicht gleichmäßig zwischen den Schlachtbetrieben verteilt. Betrachtet man die Betriebe, aus denen mindestens 10 Proben untersucht wurden, so schwankte der Anteil von Proben, die über 10^3 KBE/g enthielten, zwischen 10,3 % und 35,0 %. Diese Variabilität war etwas geringer als im Jahr 2020, als der Wert zwischen 3,3 % und 45,3 % lag, und deutet an, dass es in den Schlachthöfen unterschiedlich gut gelingt, die Kontamination der Schlachtkörper mit *Campylobacter* spp. zu verhindern und/oder dass die geschlachteten Hühner einen unterschiedlichen Besiedlungsstatus mit dem Keim aufwiesen. Um hier eine gesicherte Aussage zu machen, müssten die Probenmenge und die Anzahl unterschiedlicher Probenahmezeitpunkte pro Schlachthof erhöht werden. Dazu müssten die Proben möglichst innerhalb der Sommermonate (mit hoher Prävalenz von *Campylobacter* spp. in den Hühnerbeständen) gleichmäßig und mehrfach pro Schlachthof gezogen werden. Mithilfe derartiger Daten wäre es möglich, die Qualität des Schlachtprozesses in einzelnen Schlachthöfen miteinander zu vergleichen und geeignete Schlachtbedingungen zu identifizieren, mit denen der Kontaminationsgrad von *Campylobacter* auf dem Masthähnchenschlachtkörper begrenzt werden kann.

Im Rahmen der Zoonosen-Berichterstattung werden seit 2019 auch die Ergebnisse der Eigenkontrollen der Lebensmittelunternehmen nach VO (EG) Nr. 2073/2005 erhoben; danach wiesen 2019 bzw.

2020 nur 7 % bzw. 7,5 % der Schlachtkörper Keimzahlen von über 10^3 KbE/g auf. Im Jahr 2022 lag der Wert bei 10,1 %. Die Ursachen der Diskrepanz dieses Wertes zu den Ergebnissen der Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in den letzten Jahren sind nicht bekannt. Weitere Datenanalysen sind nicht möglich, da die Ergebnisse der Lebensmittelunternehmen nur auf Landesebene aggregiert vorliegen. Aus Sicht der Risikobewertung wäre es hilfreich, die Ergebnisse der Eigenkontrollen in den Betrieben unmittelbar mit denen der amtlichen Untersuchungen vergleichen zu können.

Der Anteil der bei der quantitativen Untersuchung positiven Schlachtkörper war 2022 gegenüber 2020 niedriger (35,4 % vs. 47,6 % in 2020), was den möglichen Fortschritt in der Hygiene der Fleischgewinnung unterstreicht. Allerdings war auch der Anteil *Campylobacter*-positiver Blinddarmproben in 2022 niedriger als in 2020 (34,3 % vs. 49,8 %, $p < 0,001$). Es ist daher nicht bekannt, ob der Fortschritt tatsächlich in der Schlachthygiene oder aber in der Aufzucht der Masttiere seinen Ursprung hat. Hier werden die kommenden Jahre zeigen müssen, ob sich die Situation stabilisiert. Aus Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes ist eine Reduktion der Belastung der Schlachtkörper in jedem Fall positiv zu bewerten. Dabei ist es zweitrangig, ob die Reduktion durch einen geringeren Eintrag aus der Primärproduktion oder eine verbesserte Schlachthygiene bedingt ist.

Auch auf Hähnchenfleisch im Einzelhandel wurden 2022 etwas seltener *Campylobacter* spp. nachgewiesen (46,0 % vs. 2020: 54,7 %). Auch dieser Unterschied war statistisch signifikant, allerdings gab es keine Reduktion im Vergleich zu 2019 (46,4 %). Bei der quantitativen Untersuchung wurden im Hähnchenfleisch im Einzelhandel, wie in der Vergangenheit, deutlich geringere Keimzahlen gemessen als auf den Schlachtkörpern. Hier wurde in keinem Fall eine Keimzahl über 100 KbE/g bestimmt. Nur 2,1 % der Proben wiesen eine Keimzahl über 10 KbE (2020: 2,3 %) auf, während dies bei 35,3 % der Proben von Schlachtkörpern der Fall war (2020: 47,6 %). Masthähnchen und Hähnchenfleisch werden in Source-attribution-Modellen als die häufigste Quelle von *Campylobacteriosen* des Menschen eingeschätzt (Rosner et al. 2017, Wainaina et al. 2022).

Die **Resistenzraten** der eingesandten *Campylobacter* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch im Jahr 2022 waren wiederum sehr hoch. Dabei wurden wie im Jahr 2020 die höchsten Resistenzraten von *C. jejuni* gegenüber den (Fluor)chinolonen (72,5 %) und Tetracyclin (54,0 %) nachgewiesen. Die Resistenz von *C. coli* gegen diese Substanzen trat häufiger auf (87,8 % und 78,6 %), was Untersuchungen aus früheren Jahren bestätigt (Tenhagen et al. 2020, Tenhagen et al. 2021). Gravierende

Unterschiede zwischen den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette bestanden in den Resistenzraten gegenüber diesen Substanzen nicht, was darauf hindeutet, dass die Isolate im Lebensmittel überwiegend aus der Primärproduktion stammen, wobei die Kontamination des Fleisches sowohl unmittelbar von dem geschlachteten Tier ausgehen, aber auch auf eine Kreuzkontamination von zuvor geschlachteten Tieren zurückzuführen sein kann.

Erstmals wurde in 2022 die Resistenz von *Campylobacter*-Isolaten vom Geflügel gegenüber dem Carbapenem Ertapenem untersucht. Hier zeigte sich, dass ein nicht unerheblicher Anteil der Isolate von *C. jejuni* (13,3 %) als auch vor allem von *C. coli* (62,3 %) resistent war. Der Hintergrund dieser hohen Resistenzraten ist bisher nicht geklärt. Die bei Enterobacteriales typischen Gene, die eine Resistenz gegen Carbapeneme vermitteln, werden bei *Campylobacter* bisher nicht beobachtet. In der Literatur werden Membran-Permeabilitätsveränderungen durch Mutation des *major outer membrane proteins* (MOMP), auch PorA genannt, als möglicher Mechanismus diskutiert (Nunes et al. 2023). Weitere Untersuchungen werden in den kommenden Jahren zeigen müssen, was der Ursprung dieser Resistenz bei den *Campylobacter*-Isolaten von landwirtschaftlichen Nutztieren ist, da bei diesen keine Carbapeneme eingesetzt werden. Insbesondere wird es einerseits wichtig sein zu klären, ob diese Resistenzen übertragbar sind, und andererseits zu überwachen, ob diese Resistenzen sich weiter ausbreiten.

Ein gemeinsames Auftreten einer Resistenz gegenüber Ertapenem und Erythromycin wurde ebenfalls beschrieben (Nunes et al. 2023), allerdings waren die Resistenzraten von *C. coli* gegenüber Ertapenem deutlich höher als gegenüber Erythromycin, sodass diese Resistenzeigenschaften nicht auf denselben Mechanismen beruhen können. Auch war der Anteil Erythromycin-resistenter Isolate bei den *C. coli* aus der Hähnchenfleischkette mit und ohne Ertapenem-Resistenz nicht signifikant unterschiedlich (11,7 % vs. 8,7 %, $p > 0,1$), was eine gekoppelte Resistenz nicht wahrscheinlich macht.

Resistenzen gegen Erythromycin wurden nur bei Isolaten von *C. coli* beobachtet und auch bei diesen war der Anteil unter 10 % (9,2 %). Dies entspricht den Werten der vergangenen Jahre (11,5 % in 2020).

Ein hoher Anteil Ertapenem-resistenter Isolate von *C. coli* (13 %), nicht aber von *C. jejuni*, wurde unlängst auch in Isolaten von Masthähnchen im Libanon und auch in Georgien beobachtet (Metreveli et al. 2022, Rafei et al. 2019). Die Resistenzraten im Libanon lagen deutlich unter denen im Zoonosen-Monitoring 2022, während die Ergebnisse aus Georgien für *C. coli* denen in Deutschland entsprachen. Im Zoonosen-Monitoring 2021 waren *Campylobacter* von Schlachtkälbern und

Schlachtschweinen auf ihre Resistenz gegenüber Ertapenem untersucht worden. Bei Isolaten von Schweinen wurde die Resistenz nicht nachgewiesen, bei *C. jejuni*-Isolaten von Kälbern ebenfalls nicht, wohl aber bei *C. coli*-Isolaten von Kälbern (29,3 %).

Da bisher *Campylobacter* in der EU nicht systematisch auf ihre Resistenz gegen Carbapeneme untersucht wurden, liegen noch wenig Vergleichsdaten vor.

Aufgrund der besonderen Bedeutung von *Campylobacter* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch für die humanen *Campylobacteriose*-Erkrankungen ist insbesondere die Resistenz gegenüber den (Fluor)chinolonen, gegenüber Erythromycin und gegenüber Ertapenem als problematisch zu betrachten, weil diese für die Behandlung bei Infektionen des Menschen besonders wichtig sind. Erfreulicherweise ging die Resistenzrate von *C. jejuni* gegen Ciprofloxacin in den letzten beiden Jahren leicht zurück (72,3 % vs. 83,4 %, $p < 0,01$), nachdem sie zuvor über mehrere Jahre angestiegen war (Tenhagen et al. 2021). Auch die aus medizinischer Sicht weniger bedeutende Resistenz von *C. jejuni* aus der Hähnchenfleischkette gegenüber Tetrazyklin ist gegenüber 2020 signifikant zurückgegangen (54,0 % vs. 62,9 %, $p < 0,01$).

Interessanterweise war die Entwicklung bei dem beim Hähnchen selteneren *C. coli* genau umgekehrt. Hier waren die Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin (87,8 % vs. 74,3 %, $p < 0,05$) und Tetrazyklin 2022 (78,6 % vs. 66,2 %, $p < 0,01$) signifikant höher als 2020.

Weitere Untersuchungen sind erforderlich, um die Ursachen dieser gegenläufigen Entwicklung zu ermitteln.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings bestätigen die hohe Belastung der Hähnchenfleischkette mit zum Teil multiresistenten *Campylobacter* und die damit einhergehende starke Exposition von Verbraucherinnen und Verbrauchern über Hähnchenfleisch.

Lebensmittelkette Putenfleisch

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden *Campylobacter* im Jahr 2022 in Blinddarminhalt am Schlachthof und in frischem Putenfleisch im Einzelhandel untersucht und nachgewiesen. Dabei zeigte sich, dass der Blinddarminhalt von Puten fast doppelt so häufig positiv für *Campylobacter* war wie der von Masthähnchen (63,0 % vs. 34,3 %), dass aber das Putenfleisch im Einzelhandel deutlich seltener positiv für *Campylobacter* war als Hähnchenfleisch (10,7 % vs. 46,0 %). Beide Befunde bestätigen die Ergebnisse vergangener Jahre und im Hinblick auf das Putenfleisch auch die Ergebnisse aus der Überwachung (BVL 2017, BVL 2019, BVL 2021, Hartung et al. 2020). Die Ursachen der Differen-

zen sind nicht bekannt, liegen aber offensichtlich im Schlachtprozess. Dabei könnte auch das deutlich kleinere Verhältnis von Oberfläche zu Gewicht von Puten im Vergleich zu Hähnchen eine Rolle spielen, sodass die Bedeutung oberflächlicher Kontaminationen für die Belastung des Putenfleisches tendenziell geringer ist. Im Zoonosen-Monitoring 2020 wurde festgestellt, dass eine Kontamination der Halshaut bei Putenschlächtkörpern seltener vorlag als bei Hähnchenschlächtkörpern (BVL 2021), was in Kontrast zu den Befunden aus dem Zoonosen-Monitoring 2011 und 2012 stand. Im Zoonosen-Monitoring 2012 wiesen Putenschlächtkörper häufiger positive Befunde bei der qualitativen Untersuchung von Halshaut auf (53,5 %) als Hähnchenschlächtkörper, die im Jahr 2011 untersucht wurden (40,3 %, $p < 0,01$) (BVL 2013, BVL 2014). Allerdings war die Nachweisrate bei der qualitativen Untersuchung von Putenschlächtkörpern 2012 (53,5 %) fast genauso hoch wie bei den Hähnchenschlächtkörpern im Jahr 2013 (52,3 %) (BVL 2014 und BVL 2015). Bei der quantitativen Untersuchung wiesen in 2012 insgesamt 41,3 % der untersuchten Putenschlächtkörper positive Befunde auf, mit einem Maximum von $3,3 \times 10^3$ KbE/g. Hähnchenschlächtkörper im Jahr 2013 wiesen jedoch bereits häufiger positive Befunde in der quantitativen Untersuchung auf (52,4 %, $p < 0,05$) und auch höhere Maximalwerte der Kontamination ($1,6 \times 10^5$ KbE/g).

In Anbetracht der im Rahmen der Salmonellen-Befunde aufgezeigten hygienischen Herausforderungen der Putenschlachtung sind weitere Untersuchungen erforderlich, um die Unterschiede zwischen der Kontamination von Hähnchen- und Putenfleisch aufzuklären.

Wie in den Vorjahren wies das Putenfleisch ein anderes Verhältnis von *C. jejuni* zu *C. coli* auf als der Blinddarminhalt. Der Anteil von *C. jejuni* war im Fleisch deutlich größer. Allerdings war die Zahl der Isolate aus Putenfleisch mit 41 eher gering, sodass die Differenz statistisch nicht signifikant war.

Die **Resistenzraten** der *Campylobacter*-Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch waren gegenüber 2020 weitgehend unverändert. Lediglich die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin ging bei *C. jejuni* etwas zurück (64,8 % vs. 73,7 %, $p < 0,1$), wie es auch in der Hähnchenfleischkette der Fall war. Wie in den vergangenen Jahren waren die Resistenzraten bei *C. coli* höher als bei *C. jejuni*. Dies galt nicht nur für Ciprofloxacin, Tetrazyklin und Erythromycin, sondern auch für das erstmals untersuchte Carbapenem Ertapenem.

Die hohen Resistenzraten, insbesondere bei *C. coli*, gegenüber den (Fluor)chinolonen, Ertapenem und Erythromycin sind aus Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes besonders problematisch aufgrund der hohen Bedeutung dieser Substanzen für die

Humanmedizin und der unmittelbaren Relevanz für den Menschen im Falle von lebensmittelassoziierten Infektionen mit solchen *Campylobacter*-Stämmen.

Lebensmittelkette Entenfleisch

Erstmals wurde im Zoonosen-Monitoring 2022 systematisch die Lebensmittelkette Entenfleisch auf *Campylobacter* untersucht. Die Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen zeigen, dass *Campylobacter* in Blinddarminhalt von Enten noch deutlich häufiger vorkommen als bei Puten (94,0 % vs. 63,0 %). Die Kontamination der Schlachtkörper war deutlich höher als bei Hähnchen, sowohl was die Häufigkeit des Nachweises als auch was die festgestellten Keimzahlen betraf. Auch ohne qualitative Untersuchung waren 90,6 % der Halshautproben positiv für *Campylobacter* und 70,9 % der Proben wiesen Keimzahlen > 1.000 KbE/g auf. Frisches Entenfleisch im Einzelhandel war deutlich häufiger kontaminiert als Hähnchen- und Putenfleisch (60,6 % vs. 46,0 % und 10,7 %).

Bei den Isolaten aus der Entenfleischkette dominierte auf allen drei untersuchten Ebenen *C. jejuni* eindeutig. In den Blinddarmproben waren über 80 % *C. jejuni*, auf Schlachtkörpern und beim Entenfleisch im Einzelhandel waren es etwa zwei Drittel. Dies stimmt mit den Ergebnissen aus der Überwachung in der Vergangenheit überein (Hartung et al. 2020).

Die **Resistenzraten** von *C. jejuni* aus der Entenfleischkette waren etwas niedriger als bei Masthähnchen und Mastputen. Allerdings war die Differenz nicht so deutlich wie bei der Resistenz von Salmonellen. Wie beim übrigen Geflügel waren die Resistenzraten von *C. coli* höher als die von *C. jejuni*. Dies galt für Ciprofloxacin, Tetrazyklin und Ertapenem, aber auch für Erythromycin. Allerdings wurde eine Erythromycin-Resistenz bei *C. jejuni* gar nicht und auch bei *C. coli* nur selten (2,8 %) beobachtet. Entsprechend waren gegenüber allen getesteten Substanzen sensible Isolate bei *C. jejuni* häufiger als bei *C. coli* (24,9 % vs. 10,7 %).

Größere Differenzen zu den anderen Geflügelarten gab es bei der Resistenz gegen Tetrazyklin, die bei *C. jejuni* aus der Entenfleischkette deutlich niedriger (25,7 %) war als bei *C. jejuni* aus der Puten- (47,3 %) oder Hähnchenfleischkette (54,0 %).

Im Vergleich zum sonstigen Geflügel wurden insbesondere hohe Resistenzraten bei *C. jejuni* gegenüber Ertapenem beobachtet (32,6 % gegenüber *C. jejuni*, aus den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch 13,0 % und Putenfleisch 24,8 %). Derartige Unterschiede wurden bei *C. coli* nicht beobachtet.

Die Bedeutung von Entenfleisch als mögliche Quelle von *Campylobacter* für den Menschen ist schwer

einzuschätzen. Entenbrust wird in einigen Gerichten nicht durchgegart, sodass nicht sicher ist, dass bei der Zubereitung immer alle Erreger abgetötet werden. Aufgrund der relativ geringen Verzehrsmenge von Entenfleisch gegenüber anderen Fleischarten, ist eine große Bedeutung trotz der hohen Belastung jedoch weniger wahrscheinlich. Präzise Daten zum Verzehr von Entenfleisch liegen in Deutschland nicht vor. Allerdings deuten die Produktionsdaten auf eine erhebliche Differenz hin: In Deutschland wurden in 2022 etwa 22.000 Tonnen Entenfleisch gewonnen, im Vergleich zu 400.000 Tonnen Putenfleisch und 10 Mio. Tonnen Hähnchenfleisch. Damit ist die Entenfleischgewinnung seit 2010 auf etwa ein Drittel zurückgegangen (Statista 2023). Ähnlich wie bei den Salmonellen-Infektionen tauchen Enten in Source-Attribution-Modellen aufgrund fehlender Daten nicht auf (Mughini-Gras et al. 2021 Mughini-Gras et al. 2012) bzw. werden unter „other poultry“ subsumiert (Mughini-Gras et al. 2016, Rosner et al. 2017). Das Potenzial, lebensmittelassoziierte Infektionen durch *Campylobacter* hervorzurufen, insbesondere zu besonderen Anlässen wie Weihnachten, ist in jedem Fall gegeben.

Sonstige Lebensmittel

Neben den Geflügelproben wurde in 2022 auch Leber von Schweinen am Schlachthof auf *Campylobacter* untersucht. Dabei wurden erwartungsgemäß relativ selten *Campylobacter* gefunden, und in 11 von 12 Fällen handelte es sich um *C. coli*. Diese waren im Gegensatz zu den Geflügelisolaten am häufigsten gegen Tetrazyklin resistent und seltener gegen Ciprofloxacin, was dem geringeren Einsatz von (Fluor)chinolonen und dem höheren Einsatz von Tetrazyklinen beim Schwein im Vergleich zu Geflügel entspricht (Flor et al. 2022). Eine Resistenz gegen Ertapenem wurde, wie im Jahr 2021 in der übrigen Lebensmittelkette Schweinefleisch, bei den Isolaten aus Schweineleber nicht nachgewiesen, wohl aber die Resistenz gegen Erythromycin. Bei der Bewertung ist jedoch zu bedenken, dass nur 11 Isolate von *C. coli* und ein Isolat von *C. jejuni* untersucht wurden.

Listeria monocytogenes

Auf *Listeria (L.) monocytogenes* wurden im Zoonosen-Monitoring 2022 Entenschlachtkörper am Schlachthof und Entenfleisch im Einzelhandel untersucht. Dabei unterschieden sich die Ergebnisse aufgrund der unterschiedlichen Untersuchungsmethoden deutlich. Schlachthofproben wurden quantitativ untersucht und waren selten positiv (0,3 %). Proben von Entenfleisch

im Einzelhandel wurden hingegen qualitativ untersucht und waren häufig positiv (26,3%). Dieser Wert ist deutlich niedriger als die Befunde im Rahmen der Überwachung in der Vergangenheit (2017: 46,2%), wobei im Rahmen der Überwachung Entenfleisch nur selten auf *L. monocytogenes* untersucht wurde (Hartung et al. 2018, Hartung et al. 2020). Im Zoonosen-Monitoring 2020 waren Schlachtkörper von Hähnchen und Hähnchenfleisch im Einzelhandel bei qualitativer Untersuchung ähnlich häufig positiv (20,0% bzw. 19,3%), jedoch nur 2 Proben von Hähnchenfleisch quantitativ positiv (0,3%). Insgesamt liegen nur wenige Studien zum Vorkommen von *L. monocytogenes* in Entenfleisch vor, wobei in einem nunmehr zehn Jahre alten Review etwa 5% der Proben positiv für *L. monocytogenes* waren (Adzitey et al. 2012). Allerdings fehlten Angaben zur Untersuchungsmethodik, sodass die Untersuchungsergebnisse schlecht einzuordnen sind.

Im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz ist die Belastung der Schlachtkörper und des frischen Entenfleischs nur mittelbar relevant, nämlich als Eintragsquelle in die Verarbeitung bzw. in den Haushalt. Inwiefern besonderen Zubereitungsformen von Entenfleisch, bei denen das Fleisch nicht durchgegart wird, hier eine Bedeutung zukommt, ist nicht bekannt.

Putenfleisch war verglichen mit Entenfleisch und dem im Monitoring 2020 untersuchten Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2022 seltener positiv für *L. monocytogenes* (6,9%). Dies entspricht der Situation bei *Campylobacter*. Im Rahmen der Überwachung wurde in Putenfleisch ebenfalls manchmal *L. monocytogenes* festgestellt, allerdings wurden insgesamt wenig Proben untersucht, sodass die Bewertung der festgestellten Nachweisraten schwierig ist (Hartung et al. 2018, Hartung et al. 2020). Im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz gilt das für *Campylobacter* in Entenfleisch Ausgeführte, d. h., es gibt wenig Daten zum Verzehr, aber die Verzehrsmenge ist offenbar deutlich geringer als bei Hähnchen- und Putenfleisch.

Geflügelfleisch wurde in Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen auf *L. monocytogenes* untersucht. Hier waren 22,7% der Proben beim Wareneingang positiv, was auf einen nicht unerheblichen Eintrag von *L. monocytogenes* in die Verarbeitung hindeutet. Die erzeugten verzehrfertigen, hitzebehandelten und geschnittenen Brühwurstprodukte wiesen jedoch in den seltensten Fällen qualitativ *L. monocytogenes* auf (1,6%) und keine der untersuchten Proben war im Rahmen der quantitativen Untersuchung positiv für *L. monocytogenes*, sodass das von diesen Produkten ausgehende Risiko im Hinblick auf *L. monocytogenes* eher niedrig ist.

Der häufige Nachweis von *L. monocytogenes* in verarbeiteten losen schwarzen und geschwärzten Oliven

(4,4%) ist aus Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes problematisch, weil diese Lebensmittel häufig auch ohne weitere Erhitzung verzehrt werden. Insbesondere der Nachweis von Belastungen oberhalb von 100 KbE/g (1,7%) mit einem Maximum von 12.000 KbE/g ist unter diesem Aspekt beunruhigend. Vereinzelt wurden bereits lebensmittelbedingte Listeriosen durch den Verzehr von z. B. marinierten Oliven beschrieben (McLauchlin et al. 2020). Dass verarbeitete lose oder verpackte Oliven mit *L. monocytogenes* kontaminiert sein können, ist sowohl für grüne Oliven als auch für schwarze Oliven (Caggia et al. 2004, BVL 2020b) bekannt. *L. monocytogenes* können in verarbeiteten Oliven überleben und je nach Verarbeitungsgrad und beispielsweise dem im Produkt vorliegenden pH-Wert auch wachsen (Posada-Izquierdo et al. 2023, Salazar et al. 2017). Im Rahmen des Bundesweiten Überwachungsplans 2019 wurden bei 4 von 381 Proben (1%) Belastungen > 100 KbE/g bei losen schwarzen und geschwärzten Oliven festgestellt (BVL 2020b).

Weitere Untersuchungen sind erforderlich, um das Risiko abzuschätzen, das vom Verzehr verarbeiteter Oliven im Hinblick auf die Listeriose ausgeht.

Die im Zoonosen-Monitoring erhobenen Ergebnisse zu molekularen Serotypen von *L. monocytogenes* decken sich mit den Befunden aus der Vergangenheit in unterschiedlichen Lebensmitteln. Da es sich jeweils um häufige Serotypen handelt, lassen sie keine Rückschlüsse auf mögliche Verschleppungen zu. Dazu bedarf es hochauflösender Typisierungsmethoden wie z. B. der Gesamtgenomsequenzierung.

Auffällig war der relativ hohe Anteil des Serotyps IVb in den Proben von Oliven. Allerdings wurden insgesamt nur 15 Isolate typisiert, sodass weitere Untersuchungen werden klären müssen, ob es eine bestimmte Affinität dieses Serotyps zu Oliven gibt. Der in den anderen Lebensmitteln dominierende Typ IIa war auch in der Vergangenheit der dominierende Serotyp.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Das Vorkommen von MRSA wurde in den drei Geflügelfleischketten und bei den Wildkarnivoren untersucht.

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 95% (452/478) als MRSA bestätigt. In der Bewertung der Prävalenzergebnisse wird daher wie im Ergebnisteil auf MRSA referenziert, obwohl sich die gemeldeten Prävalenzen auf das Vorkommen MRSA-verdächtiger Isolate beziehen.

Die Untersuchungen in der **Lebensmittelkette Hähnchenfleisch** deuten auf einen Rückgang der Belastung des Fleisches mit MRSA hin. Während 2016 und 2018 noch in 13,0% bzw. 16,4% der Proben MRSA nachgewiesen wurden (BVL 2017, BVL 2019), waren es 2022 nur noch 4,9% ($p < 0,001$). Damit setzte sich ein Trend zur Reduktion der Belastung des Hähnchenfleisches fort, denn in 2013 waren noch 24,2% der Proben MRSA-positiv (BVL 2015). Schlachtkörper von Masthähnchen wurden zuletzt 2013 auf MRSA untersucht, als 49,0% der Halshäute von Masthähnchen positiv für MRSA waren (BVL 2015). Auch hier zeigte sich für das Jahr 2022 eine starke Reduktion der Belastung auf 16,7% der Proben ($p < 0,001$). Da die in Proben von Hähnchenfleisch festgestellten MRSA-Keimgehalte ohnehin gering sind, ist eine Infektion oder Besiedlung des Menschen mit MRSA über Hähnchenfleisch sehr unwahrscheinlich (Pauly et al. 2019).

Auch die Situation in der **Lebensmittelkette Putenfleisch** hat sich positiv entwickelt, allerdings war das Niveau der Belastung höher. So waren in 2022 53,7% der Halshautproben und 34,3% der Proben von Putenfleisch positiv für MRSA. Im Vergleich zu früheren Untersuchungen war dies ein deutlicher Rückgang. 2016 und 2018 wurden noch in 44,5% bzw. 42,7% der Putenfleischproben im Einzelhandel MRSA nachgewiesen ($p < 0,01$) (BVL 2017, BVL 2019). Die letzten Untersuchungen von Putenschlachtkörpern wurden 2012 durchgeführt. Damals waren mit 68,6% signifikant mehr Schlachtkörper ($p < 0,001$) positiv für MRSA (BVL 2014; Vossenkuhl et al. 2014). Das insgesamt höhere Niveau der Belastung in der Lebensmittelkette Putenfleisch ist vermutlich durch das häufigere Vorkommen von MRSA in den Beständen bedingt. Während MRSA in Masthähnchenbeständen nur selten nachgewiesen werden, lag der Anteil positiver Putenherden zuletzt 2018 bei 17,2% (BVL 2019).

Geringere Nachweisraten wurden 2018 in ökologisch bewirtschafteten Putenbeständen (2,7%) und bei ökologisch produziertem Fleisch im Einzelhandel (11,0%) festgestellt. Ob der Rückgang der Belastung des Putenfleisches mit dem verminderten Einsatz von Antibiotika in der Putenhaltung seit 2014 zusammenhängt, kann ohne spezifische Erhebungen in den Beständen nicht festgestellt werden. Allerdings wurde seit 2014 der Antibiotikaeinsatz in der Putenmast deutlich verringert (Flor et al. 2019, Flor et al. 2022).

Die Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden überwiegend dem *spa*-Typen t034 zugeordnet oder anderen *spa*-Typen, die mit dem klonalen Komplex (CC) 398 verbunden sind. Nur wenige Isolate gehörten zu *spa*-Typen, die nicht mit dem CC398 assoziiert sind (non-CC398). Dies entspricht den Ergebnissen des Jahres 2018, als ebenfalls vorwiegend t034 und we-

nig non-CC398 nachgewiesen wurden (BVL 2019). Die non-CC398-Isolate gehörten sehr unterschiedlichen *spa*-Typen an, was auf heterogene Quellen dieser Stämme hindeutet. too8 wird dem CC8 zugeordnet und kommt bisweilen im Fleisch vom Geflügel vor, gehört aber zu den häufigsten *spa*-Typen beim Menschen in Europa und Amerika (Asadollahi et al. 2018). too9 wird dem ST254 zugerechnet und bei Pferden festgestellt (Cuny et al. 2016). Der *spa*-Typ t422 wurde unlängst in einer griechischen Klinik wiederholt nachgewiesen (Tsergouli et al. 2022). t430 wurde bei Haustieren in Österreich festgestellt (Loncaric et al. 2019), t235 wurde 2021 bereits in Schweinehackfleisch nachgewiesen. Bereits 2010 wurde t242 in Fleisch in Kanada beschrieben und dem ST5 zugerechnet, der auch bei Menschen in Kanada und den USA häufig ist (Weese et al. 2010). Der *spa*-Typ t10204 wurde bereits 2014 und 2016 in Putenfleisch nachgewiesen. Die Herkunft dieser heterogenen *spa*-Typen im Fleisch sind nicht bekannt. Anhand des beschriebenen Vorkommens der *spa*-Typen kommen sowohl Quellen in der Tierhaltung, aber auch menschliche Quellen in Betracht.

In der **Lebensmittelkette Entenfleisch** wurden deutlich seltener Belastungen mit MRSA festgestellt. So waren nur 0,9% der Halshautproben und 1,9% der Entenfleischproben im Einzelhandel positiv für MRSA. Von den 5 Isolaten wiesen 4 den *spa*-Typ t011 auf, einen der beiden häufigsten nutztierassoziierten *spa*-Typen. Auch das fünfte Isolat konnte dem CC398 zugeordnet werden.

Nachweise von MRSA bei **Wildtieren** waren in der Vergangenheit wie auch im Zoonosen-Monitoring des Jahres 2022 selten. Lediglich 2 Isolate von Wildschweinen waren im Jahr 2020 als MRSA bestätigt worden (BVL 2021). Diese gehörten zu den nutztierassoziierten *spa*-Typen t011 und t034. Bei Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring 2016 und 2017 wurden keine MRSA in Wildschweinen und Wildwiederkäuern festgestellt (BVL 2017, BVL 2018). Die beiden in 2022 identifizierten MRSA-positiven Proben stammten von einem Waschbären und einem Fuchs. Nur ein Isolat wurde zur Bestätigung an das NRL eingesandt. Es gehörte zum CC398, allerdings zu einem in Europa eher seltenen *spa*-Typen (t037), der aber in Asien und Afrika beim Menschen häufiger beschrieben wird (Asadollahi et al. 2018). Die Herkunft dieses Isolats bei einem Fuchs ist unklar. Bei Untersuchungen in Nordirland wurden in Füchsen und Dachsen keine MRSA nachgewiesen (O'Hagan et al. 2021).

Die **Resistenzraten** der Isolate aus Puten- und Hähnchenfleisch waren gegenüber der Untersuchung in 2018 bei vielen Substanzen weitgehend unverändert.

Eine verringerte Resistenzrate im Vergleich zu 2018 wurde bei Isolaten von Hähnchenschlachtkörpern und

aus Hähnchenfleisch gegenüber Streptomycin und Ciprofloxacin beobachtet.

Ein Anstieg der Resistenzrate wurde gegenüber Clindamycin, Erythromycin, Tiamulin, Trimethoprim, Tetrazyklin sowie Quinupristin/Dalfopristin beobachtet.

Beim Vergleich der Isolate von Putenschlachtkörpern und aus Putenfleisch aus dem Jahr 2022 mit Isolaten aus konventionellem Putenfleisch von 2018 zeigte sich ebenfalls ein Rückgang der Resistenz gegenüber Ciprofloxacin.

Ein signifikanter Anstieg der Resistenz wurde beobachtet gegenüber Streptomycin, Tiamulin und Quinupristin/Dalfopristin.

Ob der gleichzeitige Rückgang der Resistenz gegenüber Ciprofloxacin in beiden Populationen auf die Reduktion des Einsatzes von (Fluor)chinolonen in der Geflügelhaltung zurückzuführen ist, ist nicht bekannt.

Aufgrund der geringen Anzahl an Isolaten ist eine Bewertung der Resistenz der Isolate aus der Entenfleischkette und aus den Wildtieren nicht möglich.

Hepatitis-E-Virus in Schweinelebern am Schlachthof

Infektionen mit dem Hepatitis-E-Virus (HEV) können beim Menschen zu einer akuten Leberentzündung führen. In den meisten Fällen verläuft die Erkrankung moderat und selbstlimitierend; die Mortalitätsrate wird mit 0,5 % bis 4 % angegeben. Schwere Verläufe mit Todesfällen kommen vor allem bei Risikogruppen wie Personen mit Lebererschädigung oder stark immunsupprimierten Personen vor (Johnne et al. 2022). In Deutschland ist die Zahl der gemeldeten Hepatitis-E-Fälle in den vergangenen Jahren bis 2019 deutlich gestiegen und verharrt seitdem auf relativ hohem Niveau. Waren es im Jahr 2009 noch 109 registrierte Fälle, wurden 2022 insgesamt 3.509 Fälle an das RKI gemeldet (SurvStat des RKI, Datenstand 31.05.2023). Serologische Untersuchungen zeigen, dass im Jahr 2010 etwa 15,3 % der deutschen Bevölkerung HEV-spezifische IgG-Antikörper besaßen, die auf eine vergangene Infektion hinweisen. Dabei war der Anteil im Jahr 2010 signifikant niedriger als im Jahr 1998, was darauf hindeutet, dass der Infektionsdruck in dieser Periode offenbar nicht zunahm (Faber et al. 2018). In untersuchten Proben von Blutspendern erwiesen sich 2017/18 0,17 % der Proben als HEV-RNA-positiv (Vollmer et al. 2019).

Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings nachgewiesene HEV-RNA in Schweinelebern deutet darauf hin, dass die Lebern zum Zeitpunkt der Untersuchung infektiöses Virus enthielten, wenngleich ein direkter Infektiositätsnachweis damit nicht gegeben ist. Die geschätzte Prävalenz von 4,9 % entspricht weitgehend der in Schweinelebern im Einzelhandel in Deutschland,

die in zwei Studien mit 4,0 % bzw. 4,9 % angegeben wurde (Johnne et al. 2022). Auch eine kanadische Studie wies Hepatitis-E-Virus-RNA in Schweinelebern in ähnlicher Häufigkeit nach (Wilhelm et al. 2016). Da Schweineleber in Deutschland in der Regel nicht roh verzehrt wird, sondern überwiegend in verarbeiteter Form mit einem Erhitzungsschritt, ist die Wahrscheinlichkeit einer Infektion des Menschen durch den Verzehr von leberhaltigen Lebensmitteln eher gering.

Anders verhält es sich, wenn Lebensmittel rohe Leberanteile enthalten (Johnne et al. 2022). Auch eine Übertragung über rohes Schweinefleisch bzw. Produkte, die rohes Schweinefleisch enthalten, wird diskutiert, zumal das HEV eine erhebliche Salz- und pH-Toleranz aufweist (Johnne et al. 2022). Inwieweit durch den Umgang mit der Leber ein Infektionsrisiko besteht, wurde nicht untersucht. Allerdings deuten erhöhte Seroprävalenzen bei Waldarbeitern und Personen, die Kontakt zu Schweinen haben, darauf hin, dass es nicht allein Lebensmittel sind, über die HEV übertragen wird (Johnne et al. 2022)

Echinococcus spp.

Die Echinokokkose ist eine parasitäre Erkrankung des Menschen. In Europa kommen zwei Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*) zur alveolären Echinokokkose. Während die alveoläre Echinokokkose in Deutschland endemisch ist, ist die zystische Echinokokkose vorrangig aus anderen Ländern importiert. Der Mensch infiziert sich durch orale Aufnahme der Eier; die Larven setzen sich vor allem in der Leber, seltener auch in Lunge, Gehirn oder anderen Organen ab. Das klinische Bild ist sehr variabel und wird durch die Raumforderung der Zysten (bei *E. granulosus*) bzw. das infiltrative Wachstum (bei *E. multilocularis*) bestimmt. Symptome treten erst Monate oder Jahre nach der Infektion auf (RKI 2021).

In Deutschland wurden 2020 insgesamt 46 Fälle von alveolärer Echinokokkose gemeldet, ein Wert, der in etwa dem Mittel der letzten 10 Jahre entsprach.

Im Zoonosen-Monitoring 2022 wurde der Kot von 68 Füchsen untersucht, von denen 10 Proben positiv für *Echinococcus* spp. waren. Die meisten Kotproben stammten von ausgewachsenen Tieren. Von diesen waren 9 positiv (14,3 %). Von den 5 Proben von Jungtieren war eine positiv. Aufgrund der geringen Tierzahl ist dieser Unterschied nicht zu bewerten. In der Literatur finden sich unterschiedliche Angaben zum altersbezogenen Risiko der Füchse, Echinokokken zu tragen. Einige Studien fanden *E. multilocularis* häufiger in

juvenilen Füchsen (Citterio et al. 2021), andere fanden keinen Altersunterschied (Bandelj et al. 2022).

Es wurden Untersuchungsergebnisse aus sechs Ländern eingesandt, wobei in fünf der sechs Länder auch positive Befunde berichtet wurden. Aufgrund der begrenzten Probenzahl aus den einzelnen Ländern ist ein Vergleich des Anteils positiver Proben zwischen den Ländern nicht sinnvoll. Ein Land hatte mit 26 Proben fast 40 % der Proben eingesandt. Hier war nur eine Probe positiv. In einem anderen Land waren beide untersuchten Proben positiv. In dem Land, in dem alle 12 untersuchten Füchse negativ waren, wurde in der Vergangenheit bereits regelmäßig der Fuchsbandwurm nachgewiesen (Herzig et al. 2021). Zum besseren Verständnis der regionalen Verteilung wäre eine erneute Untersuchung mit einer deutlich höheren Probenzahl erforderlich. Allerdings ist die Untersuchung der regionalen Verteilung nicht das primäre Ziel des Zoonosen-Monitorings.

Im Rahmen der Überwachung wurden höhere Nachweisraten von Echinokokken erbracht. So waren in den Jahren 2016 und 2017 21 % der untersuchten Proben von Füchsen positiv, wobei jeweils über 1.400 Proben (2016) und über 1.700 (2017) untersucht wurden (Hartung et al. 2020). Die Daten aus der Überwachung zeigen, dass in allen Ländern mit *Echinococcus*-positiven Füchsen zu rechnen ist.

Baylisascaris procyonis

Baylisascaris procyonis ist ein Spulwurm (Nematode), der bei Waschbären gehäuft auftritt. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurde bei Waschbären in vier von fünf Ländern, die an der Untersuchung teilnahmen, der Spulwurm nachgewiesen, und zwar bei insgesamt 19 von 40 (47,5 %) untersuchten Tieren. Dieser Wert liegt deutlich höher als vergleichbare Werte aus Florida (3,7 %) (Cunningham et al. 2023). Allerdings wurde mit 41,9 % ein ähnlich hoher Anteil positiver Proben bei einer Untersuchung in Italien festgestellt (Lombardo et al. 2023). Eine Untersuchung in Hessen fand sogar in 222 von 234 (94,9 %) untersuchten Waschbären diesen Parasiten (Peter et al. 2023). In der Studie in Florida wurde eine Beziehung des Vorkommens zur Siedlungsdichte festgestellt, nicht aber zum Alter der Tiere. Dabei scheint der Einfluss der Siedlungsdichte kontrovers zu sein. Während die Studie in Florida und eine Studie in Kanada höhere Prävalenzen in urbanen und suburbanen Gebieten fanden (Cunningham et al. 2023, Jardine et al. 2014), wurden in einer anderen Studie mehr positive Tiere im ländlichen Raum gefunden (Page et al. 2008). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings waren Jungtiere etwas häufiger betroffen, allerdings war die

Stichprobe zu klein, als dass der Unterschied statistisch signifikant wäre. Dies war auch in der kanadischen Studie der Fall, allerdings blieb da die Differenz in der multivariaten Analyse nicht signifikant (Jardine et al. 2014). Der Anteil positiver Proben variierte zwischen den Ländern, die sich an der Untersuchung beteiligten, wobei Ergebnisse zwischen keinem positiven Befund und ausschließlich positiven Befunden vorkamen.

Vorherige Untersuchungen in Deutschland haben eine große Variabilität des Befalls von Waschbären mit *Baylisascaris* gezeigt. Dies deckt sich mit der hohen Nachweisrate in der Studie in Hessen und in den angrenzenden Ländern Thüringen und Sachsen-Anhalt im Rahmen des Zoonosen-Monitorings. Die Abwesenheit von *Baylisascaris* in Waschbären in Brandenburg wurde auch bereits berichtet (Heddergott et al. 2020).

Die Bedeutung des Parasiten für den Menschen wurde nicht quantifiziert. Der Mensch ist ein Fehlwirt und es kommt vereinzelt zu Infektionen auch des Zentralnervensystems mit den damit verbundenen klinischen Erscheinungen. Allerdings liegen hierzu vor allem Fallberichte vor, was darauf hindeutet, dass diese Erkrankungen sehr selten sind (Graeff-Teixeira et al. 2016). So wurde in einer US-amerikanischen Studie über insgesamt 37 beschriebene Fälle in Nordamerika (USA und Kanada) berichtet, wobei besonders schwere Fälle mit der oralen Aufnahme von Boden („Geophagia“) assoziiert waren (Lipton et al. 2023). Die Seroprävalenz lag in einigen Untersuchungen in den USA bei etwa 7 %, was darauf hindeutet, dass es nicht selten zu Infektionen ohne festgestellte klinische Erscheinungen kommt (Sapp et al. 2016, Weinstein et al. 2017).

Präsumtive *Bacillus cereus*

Weitere Ziele des Zoonosen-Monitorings 2022 waren, den Anteil an *B. thuringiensis*-positiven Proben von Kopfsalat-Proben aus Erzeugerbetrieben und aus dem Einzelhandel zu bestimmen sowie eine mögliche Assoziation von *B. thuringiensis*-Isolaten zu Biopestizid-Stämmen zu prüfen. Hintergrund dieser Fragestellungen sind die Diskussionen zum pathogenen Potenzial von *B. thuringiensis*. Aufgrund der hohen genetischen Ähnlichkeit zwischen *B. thuringiensis* und *B. cereus* (s.s.) (Carroll et al. 2020) besteht Besorgnis, dass *B. thuringiensis*-Stämme, darunter auch kommerzielle Biopestizid-Stämme, in der Lage sind, bei Menschen Durchfallerkrankungen auszulösen. Hierzu gibt es unterschiedliche Auffassungen und Einschätzungen (Biggel et al. 2022a, Biggel et al. 2022b, Bonis et al. 2021, De Bock et al. 2021, EFSA 2016, Raymond and Federici 2017). Ein entscheidender Baustein bei der Bewertung des gesundheitlichen Risikos, das von

Biopestizid-Stämmen ausgehen könnte, ist die Expositionsschätzung, für die Daten zum Vorkommen dieser Stämme in Lebensmitteln nötig sind. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 wurde deshalb Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und aus dem Einzelhandel daraufhin untersucht.

Von den insgesamt 343 untersuchten präsumtiven *B.-cereus*-Isolaten gehörten 81 Isolate zur Spezies *B. thuringiensis*. Die *B.-thuringiensis*-Isolate stammten aus 52 von 177 untersuchten Proben (29,3%), von denen Isolate an das BfR übermittelt wurden. Auffällig war dabei, dass *B. thuringiensis* besonders häufig in Proben mit hohen Gehalten an präsumtiven *B. cereus* gefunden wurde. In 7 von 12 Proben mit präsumtiven *B.-cereus*-Gehalten von 10^4 KbE/g und in 2 Proben mit 10^5 KbE/g wurden *B. thuringiensis* nachgewiesen (Höchstwert: $7,1 \times 10^5$ KbE/g). Anhand von NGS-basierenden Analysen (MLST und „whole genome SNP“-Analyse) zeigten die meisten *B.-thuringiensis*-Isolate (72 von 81) eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu *B.-thuringiensis*-Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Biopestiziden vorhanden sind. Dies lässt vermuten, dass diese *B.-thuringiensis*-Isolate auf den Einsatz von Biopestiziden zurückzuführen sind.

Bereits in den Zoonosen-Monitoring-Programmen 2016 und 2021 wurden ähnliche Untersuchungen für Tomaten-Proben sowie Proben von Feldsalat, Pflücksalat und Rucola durchgeführt. Bei den Tomaten-Proben lag der Anteil an *B.-thuringiensis*-positiven Proben deutlich höher, während der Anteil bei den Proben von Feldsalat, Pflücksalat und Rucola vergleichbar mit den Kopfsalat-Proben war (98,9% bzw. 22,3% der Proben, von denen Isolate an das BfR übermittelt wurden). Auch in diesen zurückliegenden Monitoring-Programmen zeigten die meisten *B.-thuringiensis*-Isolate eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu Biopestizid-Stämmen. Auch hier lagen die Gehalte an präsumtiven *B. cereus* überwiegend im Bereich von 10 bis 10^3 KbE/g, einige Proben zeigten aber auch Werte von 10^4 und 10^5 KbE/g. Vergleichbare Ergebnisse zum Vorkommen von Biopestizid-Stämmen in Tomaten und Salaten wurden von Biggel et al. (2022) publiziert.

Für *B. cereus* (s.l.) insgesamt wird davon ausgegangen, dass in den meisten Fällen ein Gehalt von mindestens 10^5 KbE/g Lebensmittel notwendig ist, um bei Menschen Durchfallerkrankungen auszulösen. Es sind jedoch auch Durchfallerkrankungen im Zusammenhang mit Gehalten von nur 10^3 KbE/g Lebensmittel beschrieben (EFSA 2016). Vor dem Hintergrund eines möglichen Risikos lebensmittelbedingter Erkrankungen ist nach Bewertung der EFSA für alle Biopestizid-Stämme ein Schwellenwert von 10^5 KbE/g zum

Erntezeitpunkt anwendbar (z.B. Peer Reviews zu den Stämmen ABTS-1857, SA-11, ABTS-351 und EG2348) (EFSA 2021a, EFSA 2020a, EFSA 2020b, EFSA 2021b).

Aufgrund der Ergebnisse der in den Jahren 2016, 2021 und 2022 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings durchgeführten Untersuchungen ist anzunehmen, dass über Tomaten sowie Feldsalat, Pflücksalat, Rucola und Kopfsalate *B.-thuringiensis*-Sporen oft in Gehalten von 10^4 bis 10^5 KbE/g Lebensmittel beim Endverbraucher und der Endverbraucherin ankommen. Diese Lebensmittel werden häufig roh verzehrt. Neben einer geringfügigen Reduktion der Sporengehalte durch Waschen der Lebensmittel, dürfte es daher kaum zu einer signifikanten Inaktivierung der Sporen vor dem Verzehr kommen. Nach Kenntnis des BfR gibt es bisher aber keine Hinweise, dass die hohen Gehalte an *B.-thuringiensis*-Sporen in den untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln in Deutschland zu erhöhten Zahlen von Erkrankungsfällen des Menschen führen. Jedoch unterliegt die Erfassung von *B. cereus*-(s. l.)-bedingten Krankheitsfällen einer hohen Unsicherheit, unter anderem weil die Durchfallerkrankungen häufig mild und selbstlimitierend verlaufen und daher den Behörden des gesundheitlichen Verbraucherschutzes vermutlich nur selten als lebensmittelbedingte Erkrankungen zur Kenntnis gelangen.

Kommensale *Escherichia coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 wurden kommensale *E. coli* ausschließlich zum Zweck der Resistenztestung isoliert.

In der **Lebensmittelkette Hähnchenfleisch** waren die Resistenzraten gegenüber der Untersuchung in 2020 in den meisten Fällen unverändert. Der Anteil gegen alle Testsubstanzen sensibler Isolate und der Anteil von Isolaten mit drei oder mehr Resistenzen veränderten sich weder bei den Isolaten aus Blinddarmproben noch bei den Isolaten aus frischem Hähnchenfleisch.

Allerdings gab es in den Isolaten aus Blinddarmproben eine Reduktion der Resistenz gegenüber Colistin ($p < 0,01$) und einen Anstieg gegenüber Azithromycin ($p < 0,01$). Beide Veränderungen der Resistenz gegenüber Colistin und Azithromycin wurden auch bei den Isolaten aus dem Hähnchenfleisch im Einzelhandel festgestellt, bei denen darüber hinaus ein Rückgang der Resistenz gegenüber dem Fluorchinolon Ciprofloxacin beobachtet wurde.

Signifikant höhere Resistenzraten fanden sich – trotz der geringen Anzahl eingesandter Isolate – in den Isolaten aus importiertem Hähnchenfleisch, und zwar vor allem auch für Cephalosporine und (Fluor)-

chinolone sowie für Gentamicin und in geringerem Maße für Chloramphenicol sowie für den Anteil an Isolaten mit drei oder mehr Resistenzen.

Insgesamt deuten die Daten darauf hin, dass bis auf Azithromycin kein weiterer Anstieg der Resistenzraten in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch in Deutschland erfolgt ist, und dass es zu einer Verbesserung im Hinblick auf die Resistenz gegenüber Colistin gekommen ist. Die Daten zeigen ferner, dass Isolate von importiertem Hähnchenfleisch offenbar deutlich höhere Resistenzraten aufweisen als solche von Hähnchenfleisch aus Deutschland. So waren numerisch weniger Isolate von importiertem Hähnchenfleisch sensibel (10,7% vs. 24,1%, $p > 0,05$) und deutlich mehr Isolate gegen mehr als drei Substanzklassen resistent (60,8% vs. 21,2%, $p < 0,001$).

Isolate aus Blinddarmproben von **Mastputen** bei der Schlachtung wiesen im Jahr 2022 im Wesentlichen unveränderte Resistenzraten im Vergleich zu 2020 auf. Lediglich der Anteil gegen Colistin resistenter Isolate war etwas geringer ($p = 0,061$). Der Anteil der gegen alle Substanzen sensiblen Isolate und der Anteil multiresistenter Isolate (drei oder mehr Resistenzen) unterschieden sich nicht. Insgesamt waren die Isolate aus Blinddarmproben von Schlachtputen jedoch deutlich seltener resistent gegen die unterschiedlichen Substanzen als die aus Blinddärmen von Masthähnchen. Dieser Unterschied war signifikant für die Substanzen Gentamicin, die (Fluor)chinolone, Azithromycin, Trimethoprim, Sulfamethoxazol und den Anteil multiresistenter Isolate. Entsprechend war der Anteil sensibler Isolate bei den Puten fast doppelt so hoch wie bei den Isolaten aus Hähnchenfleisch. Lediglich für die Resistenz gegenüber Chloramphenicol ergaben sich für Putenisolate höhere Resistenzraten.

Insgesamt weisen Isolate aus dem Blinddarminhalt von Puten im Laufe der Jahre seit 2014 einen signifikanten Rückgang der Resistenzen gegenüber mehreren Antibiotika auf, und zwar gegen Ampicillin, Tetrazyklin, Sulfamethoxazol, Trimethoprim, Azithromycin, Gentamicin und Chloramphenicol (Flor et al. 2023).

Isolate aus **Entenfleisch** wiederum wiesen deutlich niedrigere Resistenzraten auf als Isolate aus Putenfleisch. Die Differenz war für 9 der 15 Substanzen signifikant und auch für den Anteil multiresistenter Isolate und den Anteil der gegen alle Testsubstanzen sensiblen Isolate. Bei 3 weiteren Substanzen (Amikacin, Meropenem und Gentamicin) gab es in beiden Herkunftstypen keine resistenten Isolate. Zwischen den Isolaten aus Entenbeständen und solchen aus Entenfleisch im Einzelhandel gab es hingegen keine Unterschiede außer dem, dass signifikant mehr Isolate aus dem Bestand sensibel gegen alle Testsubstanzen waren.

Die geringen Resistenzraten bei Isolaten von **Wildkarnivoren** bestätigen die immer wieder beobachteten geringen Resistenzraten bei der Untersuchung von Kot von Wildtieren in den vergangenen Jahren (BVL 2017, BVL 2018, BVL 2022a, Plaza-Rodriguez et al. 2020). Doch auch wenn über 94% der Isolate keine Resistenzen aufwiesen, wurden vereinzelt Resistenzen gegen kritische Substanzen nachgewiesen, so gegen Ciprofloxacin bei 4 Isolaten und gegen Cefotaxim bei einem Isolat. Die Herkunft dieser Resistenzeigenschaften ist nicht bekannt. Bei der Resistenz gegen Colistin ist ein Bezug zur landwirtschaftlichen Tierhaltung nicht unwahrscheinlich, weil solche Resistenzen bei Isolaten vom Menschen sehr selten sind, während sie z. B. in Putenbeständen sehr häufig sein können (Nordhoff et al. 2023). Für die Resistenz gegenüber (Fluor)chinolonen und Cefotaxim ist eine solche Annahme nicht valide, da diese Resistenzen auch bei Isolaten vom Menschen häufig sind.

ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli*

Das Vorkommen von ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* wurde im Zoonosen-Monitoring in den drei Lebensmittelketten Geflügelfleisch sowie bei Wildkarnivoren und auf Kopfsalat untersucht. In der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch wurden erstmals wieder etwas höhere Nachweisraten erzielt als vor zwei Jahren, nachdem zuvor der Anteil positiver Proben in den Blinddarmproben rückläufig gewesen war (Werner et al. 2023). Allerdings war der Unterschied der Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* zu 2020 und auch zu 2018 nicht signifikant. Wohl aber war der Anteil positiver Proben 2016 noch höher gewesen (52,6% vs. 41,1%, $p < 0,01$). In Proben von Hähnchenfleisch wurde kein Unterschied der Nachweisraten beobachtet.

Die Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Blinddarmproben von Puten war ähnlich hoch wie bei den Masthähnchen. Auch hier ergab sich zu 2020 kein signifikanter Unterschied, allerdings war die Nachweisrate signifikant geringer als bei Puten im Jahr 2018 (39,0% vs. 48,6%, $p < 0,01$). Gegenüber 2016 bestand hingegen wiederum kein Unterschied.

Putenfleisch war 2020 nicht untersucht worden. Allerdings zeigte sich auch kein Unterschied in der Prävalenz zu den Ergebnissen zu konventionellem Putenfleisch im Jahr 2018 oder zum Putenfleisch in 2016.

Die Nachweisraten im Kot von Enten im Bestand sowie im Entenfleisch waren signifikant geringer als die in den entsprechenden Matrizes bei Masthähnchen und Mastputen. Dies entspricht den im vorigen Kapitel und in den Kapiteln zu *Salmonella* und *Campylobacter*

beschriebenen geringeren Resistenzraten bei Isolaten von Enten. Da im Gegensatz zu Masthähnchen und Mastputen keine Daten zum Antibiotikaeinsatz bei Enten vorliegen, ist die Ursache für die insgesamt günstigere Resistenzsituation bei Isolaten von Enten nicht bekannt. Das EU-Tierarzneimittelrecht sieht vor, dass ab 2026 auch Daten zum Antibiotikaeinsatz bei Mastenten erhoben werden müssen.

Die Nachweisraten von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Kopfsalat waren sehr niedrig. Insgesamt wurden nur in 3 von 597 untersuchten Proben ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* nachgewiesen. Dies ist im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz insofern bedeutsam, als Kopfsalat in der Regel vor dem Verzehr nicht erhitzt wird und damit bakterielle Kontaminationen möglich sind. Das vereinzelte Vorkommen von resistenten Keimen auf dem Salat unterstreicht die Notwendigkeit, diesen gründlich zu waschen, um zumindest die externen Kontaminationen des Salates zu entfernen. Das Mikrobiom des Salates selbst wird dadurch allerdings wenig beeinflusst (Uhlig et al. 2017).

Bei Wildkarnivoren wurden mit 6,0 % ähnlich häufig ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen wie in der Vergangenheit bei Wildschweinen (2020: 5,0 %; 2016: 6,4 %). Auch der tendenziell höhere Anteil positiver Proben in Kot von Jungtieren entspricht den Ergebnissen bei Wildschweinen. Die Werte für Wildwiederkäuer (2,3 %) lagen dagegen etwas niedriger (BVL 2018).

Die Quelle der resistenten Mikroorganismen ist nicht bekannt. Sowohl bei den Wildkarnivoren als auch bei den Wildschweinen ist eine orale Aufnahme dieser Bakterien jedoch wahrscheinlich. Ob die beobachteten Resistenzgene ursprünglich aus der Tierhaltung oder aus der Humanpopulation stammen, ist schwer festzustellen, da viele ESBL/AmpC-Gene in *E. coli* aus beiden Sektoren häufig sind.

Zwischen den vier untersuchten Tierarten (Dachs, Marderhund, Fuchs und Waschbär) bestanden keine signifikanten Unterschiede, auch wenn bei keinem der untersuchten 23 Dachse ein ESBL/AmpC-bildender *E. coli* nachgewiesen wurde.

Gemeinsam mit den Ergebnissen zu Wildschweinen, Wildwiederkäuern und Wildgeflügel aus den vergangenen Jahren zeigen die Ergebnisse, dass resistente Keime in der Wildtierpopulation vorkommen, wenn auch deutlich seltener als in Nutztierbeständen. Wildtiere können in diesem Zusammenhang sowohl als mögliche Quelle solcher Bakterien, z. B. durch die Kontamination von Pflanzen im Freiland, als auch als Anzeigertiere fungieren, die darauf hinweisen, dass es zu einer Kontamination der Umwelt mit solchen Bakterien gekommen ist. Die niedrige Prävalenz und auch die niedrigen Resistenzraten der kommensalen *E. coli* erklären

sich dabei durch die fehlende Exposition gegenüber relevanten Mengen von Antibiotika, auch wenn diese über Abwasser aus Kläranlagen und das Ausbringen von Gülle und Dung in geringen Konzentrationen in die Umwelt gelangen.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 wurden insgesamt 8 *E. coli*-Isolate als Carbapenemase-verdächtig gemeldet, von denen keines bestätigt wurde.

Zu einer verdächtigen Probe wurde kein Isolat eingesandt, was bei einer so problematischen Resistenzeigenschaft bedauerlich ist. Insgesamt wurden wie in den vergangenen Jahren keine Carbapenemase-bildenden *E. coli* in den Geflügel-Lebensmittelketten nachgewiesen. In den anderen Mitgliedstaaten der EU wurden solche Isolate bisher nur ganz vereinzelt beim Geflügel gefunden. So wurde 2020 in Österreich ein *E. coli*-Isolat aus einer Blinddarmprobe von einem Hähnchen am Schlachthof isoliert, das ein *bla*_{VIM-1} Gen trug (EFSA und ECDC 2023). Im Rahmen des Projektes RESET in den Jahren 2011/2012 waren Carbapenemase-bildende Salmonellen in einem Masthähnchenbestand nachgewiesen worden (Guerra et al. 2014).

Enterokokken

Enterokokken der Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* werden für das Monitoring der Resistenzsituation im grampositiven Bereich als Indikatoren herangezogen.

Der *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* sieht ihre Untersuchung im Blinddarminhalt von Schlachtieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2022 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Masthähnchen sowie Mastputen bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Dabei zeigten sich deutliche Unterschiede zwischen den beiden Enterokokken-Spezies.

Beim Masthähnchen war *E. faecium* signifikant seltener resistent gegen Tetracyclin, Erythromycin und Quinupristin/Dalfopristin als *E. faecalis*. Dafür waren die Isolate aber häufiger resistent gegen Ciprofloxacin und Ampicillin. Gegenüber den für die Humanmedizin wichtigen Substanzen Vancomycin, Teicoplanin, Linezolid und Daptomycin wurden bei beiden Spezies keine Resistenzen beobachtet. Allerdings wiesen 4 *E. faecalis*-Isolate eine Resistenz gegen Tigecyclin auf, die bei *E. faecium* nicht beobachtet wurde.

Bei den Isolaten aus Blinddärmen von Puten wurden weniger Unterschiede zwischen den beiden Spezies

beobachtet. Auch hier war allerdings *E. faecium* häufiger Ampicillin-resistent als *E. faecalis* und seltener resistent gegen Quinupristin/Dalfopristin. Im Unterschied zu den Masthähnchenisolaten war allerdings *E. faecium* von der Pute signifikant häufiger resistent gegen Erythromycin. Dies lag vor allem daran, dass *E.-faecalis*-Isolate von der Pute deutlich seltener resistent gegen Erythromycin waren als *E.-faecalis*-Isolate von Masthähnchen. Hinsichtlich der Resistenz gegen Tetracyclin gab es bei Isolaten von der Pute keinen Unterschied zwischen den Enterokokkenspezies, weil *E.-faecium*-Isolate von der Pute deutlich häufiger Tetracyclin-resistent waren als *E.-faecium*-Isolate vom Masthähnchen.

Im Vergleich zu 2020 fanden sich nur wenige Unterschiede bei den Isolaten von Masthähnchen und Mastputen. So wurde eine Tigazyklin-Resistenz von *E. faecalis* vom Hähnchen 2020 nicht beobachtet. Die *E.-faecalis*-Isolate von der Pute aus dem Jahr 2020 waren etwas häufiger resistent gegen Chloramphenicol als in 2022. Die *E.-faecium*-Isolate von Masthähnchen aus 2020 wiesen keine Unterschiede in der Resistenz zu denen von 2022 auf und bei den *E.-faecium*-Isolaten von der Pute wurde 2022 eine Resistenz gegen Ciprofloxacin häufiger beobachtet. Im Unterschied zu 2022 war im Jahr 2020 bei einem Isolat eine Resistenz gegen Daptomycin beobachtet worden.

Die Unterschiede in der Resistenz zwischen den Tierarten und Spezies unterstreichen die Komplexität der Zusammenhänge.

In der Humanmedizin sehen die Resistenzmuster bei den beiden betrachteten Enterokokken-Spezies anders aus (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, abgefragt am 01.08.2023, Daten von 2021). Hier ist *E. faecium* im Jahr 2021 deutlich häufiger resistent gegen viele Substanzen, und die Resistenzraten bei Isolaten von Blutkulturen erreichen gegenüber Ampicillin und Ciprofloxacin jeweils über 90 %.

Gegenüber Gentamicin werden bei beiden Bakterienpezies Resistenzraten von >15 % gefunden, während eine Resistenz gegenüber Gentamicin bei den Isolaten vom Geflügel im Zoonosen-Monitoring 2022, aber auch schon bei der Untersuchung in 2020, bei etwa einem Prozent oder weniger liegt. Gegenüber Vancomycin und Teicoplanin wurde bei den Geflügelisolaten bei beiden Bakterienpezies keine Resistenz beobachtet, während diese bei *E. faecium* aus Blutkulturen des Menschen bei 21,2 % bzw. 9,3 % liegt. Auch Resistenzen gegenüber Linezolid und gegenüber Tigazyklin werden bei Isolaten vom Menschen vereinzelt gefunden (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, abgefragt am 01.08.2023, Daten von 2021).

Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Salmonella spp.

In der Lebensmittelkette Masthähnchen war es in den Jahren 2009 bis 2014/2016 zu einem Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten auf allen Ebenen gekommen, der vermutlich mit den Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den Geflügelbeständen auf Grundlage der *Verordnung (EG) Nr. 2160/2003* zusammenhing. Dieser Rückgang setzte sich in den darauffolgenden Jahren nicht weiter fort. Im Zoonosen-Monitoring 2022 wurden im Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof allerdings mit 0,5% positiver Proben seltener Salmonellen nachgewiesen als in den Jahren zuvor (2020: 2,6% positive Proben, 2018: 1,9% positive Proben). Die Kontaminationsrate der Halshaut von Masthähnchen am Schlachthof betrug 5,5%, womit sie ebenfalls etwas niedriger war als in den Vorjahren (2020: 6,7%, 2018: 7,6%). Zwischen den einzelnen Schlachthöfen traten im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2020 geringere Unterschiede in der Häufigkeit der Kontamination der Schlachtkörper mit Salmonellen auf, sodass es den Schlachthöfen offenbar besser gelingt, das Prozesshygienekriterium für Salmonellen auf Schlachtkörpern von Geflügel nach *Verordnung (EG) Nr. 2073/2005* einzuhalten. Die Nachweisrate von Salmonellen in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel lag bei 5,1% und entsprach damit etwa den Befunden aus den Jahren zuvor (2020: 4,6% positive Proben, 2018: 5,6% positive Proben). Frisches Hähnchenfleisch von Grenzkontrollstellen wies eine vergleichbare Kontaminationsrate mit Salmonellen von 6,3% auf. Auffallend war der erneut hohe Anteil des Serovars *S. Infantis* in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch. Allerdings wird *S. Infantis* in den Bekämpfungsprogrammen in den Produktionsherden nicht gemäßregelt, obwohl es zu den Serovaren gehört, die häufig bei erkrankten Menschen nachgewiesen werden.

Im Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof wurden im Zoonosen-Monitoring 2022 erstmals keine Salmonellen nachgewiesen. Bereits in den Vorjahren war die Nachweisrate von Salmonellen in den Darmproben von Mastputen sehr gering (2020: 0,8% positive

Proben, 2018: 0,2% positive Proben, 2016: 1,0% positive Proben). Auffallend war wiederum, dass dennoch die Kontaminationsrate der Schlachtkörper mit 23,5% positiver Proben sehr hoch war und dass die positiven Salmonellen-Befunde wiederholt aus bestimmten Schlachtbetrieben stammten, die somit einen erheblichen Einfluss auf die Salmonellen-Nachweisraten auf den Putenschlachtkörpern haben. Wie in den vergangenen Jahren wurden bestimmte *Salmonella*-Serovare (*S. Coeln* und *S. Stanleyville*) in den Halshautproben von Mastputen einzelner Schlachthöfe besonders häufig nachgewiesen, was auf eine Verschleppung schlachthofspezifischer *Salmonella*-Stämme auf die Schlachtkörper hinweist. Aufgrund der offenkundigen Variabilität des Anteils positiver Proben sollten die Schlachthöfe zur strikten Einhaltung der Prozesshygienekriterien nach *Verordnung (EG) Nr. 2073/2005* für Salmonellen auf Schlachtkörpern von Geflügel angehalten werden. Bei Überschreitung sollten entsprechende Maßnahmen eingeleitet werden, da ansonsten die Erfolge bei der Bekämpfung von Salmonellen in der Primärproduktion weitgehend zunichte gemacht werden. Die Nachweisrate von Salmonellen in den Proben von frischem Putenfleisch lag bei 3,7% und damit in einer ähnlichen Größenordnung wie in den Vorjahren (2018: 4,0% positive Proben, 2016: 2,6% positive Proben). Die bekämpfungspflichtigen Serovare *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium*, die bei erkrankten Menschen häufig nachgewiesen werden, traten in der Lebensmittelkette Mastputen eher selten auf.

Mastenten wurden im Zoonosen-Monitoring erstmalig untersucht. In Kotproben aus Erzeugerbetrieben wurden Salmonellen mit 43,0% positiver Proben sehr häufig nachgewiesen. Die Nachweisrate von Salmonellen im Blinddarminhalt der Mastenten am Schlachthof betrug 26,7% und lag damit deutlich über der von Masthähnchen und Mastputen, die bei 0,5% bzw. 0% lag. Die Kontaminationsrate der Halshaut von Mastenten war dementsprechend ebenfalls hoch und betrug 28,6%, womit sie deutlich über den Befunden bei Masthähnchen (5,5% positive Halshautproben), aber in einer ähnlichen Größenordnung wie die Ergebnisse bei Mastputen (23,5% positive Halshautproben) lag,

obwohl der Eintrag von Salmonellen durch die Enten in den Schlachthof deutlich höher war als durch Mastputen, die selbst nicht Träger von Salmonellen waren. Frisches Entenfleisch wies mit 5,1% positiver Proben dennoch keine höhere Kontaminationsrate als das untersuchte Hähnchenfleisch auf, was darauf hinweist, dass es gelingt, die Kontamination des Fleisches mit Salmonellen trotz der hohen Belastung der Tiere aus der Primärproduktion im Rahmen der Lebensmittelgewinnung zu begrenzen. Im Vergleich zu frischem Putenfleisch (3,7% positive Proben) war Entenfleisch etwas häufiger mit Salmonellen verunreinigt. Unter den nachgewiesenen Serovaren traten auch *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* inklusive seiner monophasischen Variante mehrfach auf, die häufig bei erkrankten Menschen nachgewiesen werden. Die Unterschiede in den nachgewiesenen Serovarmustern in Blinddarm- und Schlachtkörperproben deuten darauf hin, dass eine Übertragung von Salmonellen auch durch Kreuzkontaminationen zwischen verschiedenen Schlachtchargen stattfindet. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass Entenfleisch – wie das Fleisch anderer Geflügelarten – nur gründlich durcherhitzt verzehrt werden sollte und bei der Zubereitung eine strenge Küchenhygiene eingehalten werden sollte, die die Übertragung der Erreger vom rohen Fleisch auf verzehrfertige Lebensmittel (z. B. Salat) verhindert.

In den Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof wurden keine Salmonellen nachgewiesen, was auf eine gute Schlachthygiene bei der Schweineschlachtung hinweist. Eine Bedeutung von Schweineleber als Ansteckungsquelle für den Menschen mit Salmonellen lässt sich somit aus diesen Ergebnissen nicht ableiten.

In Kotproben von Füchsen, Waschbären, Dachsen und Marderhunden in der freien Wildbahn wurden Salmonellen zu 10,9% nachgewiesen. Die Nachweisrate von Salmonellen in den Kotproben von Jungtieren betrug 15,6% und lag damit etwas über der von ausgewachsenen Wildkarnivoren, die 10,0% betrug. Dieser Unterschied war statistisch allerdings nicht signifikant. Unter den nachgewiesenen Serovaren dominierte *S. Typhimurium*. Der Nachweis von Salmonellen bei den Wildkarnivoren unterstreicht, wie wichtig es ist, diese Wildtiere von der Lebensmittel- und Futtermittelproduktion fernzuhalten, um eine Kontamination durch ihre Ausscheidungen zu verhindern.

In 0,5% der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 0,2% der Proben aus dem Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen, sodass Kopfsalat eine mögliche Quelle für Salmonellen-Infektionen des Menschen darstellt, zumal er roh verzehrt wird und eine vorherige Keimreduktion durch Erhitzung ausbleibt. Die Ergebnisse unterstreichen die Empfehlung,

Salat vor dem Verzehr gründlich zu waschen, um somit eine mögliche oberflächliche Kontamination mit Keimen zu verringern. Sollten die Salmonellen jedoch Teil des Mikrobioms des Salats sein, lässt sich die Keimbelastung durch Waschen kaum beeinflussen.

In keiner der Proben von getrockneten Kokosstückchen wurden Salmonellen nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass Kokosstückchen keine bedeutende Quelle des Menschen mit Salmonellen zu sein scheinen. Allerdings ist es nachweislich bereits zu Infektionen des Menschen mit Salmonellen über den Verzehr von getrockneten Kokosstückchen gekommen. Der fehlende Nachweis von Salmonellen in einem Lebensmittel bietet demnach keine Gewähr dafür, dass von diesem Lebensmittel keine Infektionen mit Salmonellen beim Menschen ausgehen können, zumal getrocknete Kokosstückchen roh verzehrt werden, vorhandene Keime also unmittelbar aufgenommen werden.

In Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate zeigte sich wie bereits in den Vorjahren eine starke Heterogenität der Resistenzsituation bei Salmonellen. Unter den Isolaten aus den drei Geflügelfleischketten war der Anteil resistenter Isolate in der Lebensmittelkette Masthähnchen mit 94,5% am höchsten und in der Lebensmittelkette Mastente mit 25,6% am geringsten. In der Lebensmittelkette Mastpute wiesen insgesamt 57,8% der Isolate eine Resistenz gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen auf. Sowohl in der Lebensmittelkette Masthähnchen (etwa 89% resistente Isolate) als auch Mastpute (etwa 54% resistente Isolate) traten die höchsten Resistenzraten gegenüber den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure auf, während in der Lebensmittelkette Mastente lediglich 8,1% der Isolate resistent gegen diese Substanzklasse waren. Ciprofloxacin gilt als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen. Auffallend war das gehäufte Auftreten von Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation bei Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen, zumal der Einsatz von Cephalosporinen beim Geflügel nicht zugelassen ist und in der Vergangenheit nur selten Resistenzen gegenüber diesen in der Humanmedizin wichtigen Antibiotika bei Masthähnchen festgestellt wurden. Hiervon waren auch vermehrt Isolate aus importiertem Hähnchenfleisch betroffen, was die Bedeutung des Imports von Hähnchenfleisch als Eintragsquelle von problematischen Isolaten unterstreicht. Die *Salmonella*-Serovare aus den Kotproben von Wildkarnivoren wiesen geringe Resistenzraten von 15% auf, obwohl das Serovar *S. Typhimurium*, das sich eigentlich durch hohe Resistenzraten auszeichnet, häufig vertreten war. Dies ist ein Hinweis darauf, dass die Salmonellen bei Wildkarnivoren nicht von Nutztieren stammen. Entsprechendes gilt auch für das aus Kopfsalat eingesandte

Salmonella-Isolat, das sich als resistent gegenüber Colistin erwies, aber ansonsten gegenüber allen Substanzen empfindlich war.

***Campylobacter* spp.**

Mit 34,3% positiver Proben von Blinddarminhalt waren Masthähnchen am Schlachthof im Zoonosen-Monitoring 2022 deutlich seltener Träger von *Campylobacter* als in den Vorjahren (2020: 49,8% positive Proben, 2018: 41,6% positive Proben, 2016: 43,5% positive Proben). In der Halshaut von Masthähnchenschlachtskörpern wurden in 35,4% der Proben und damit ebenfalls deutlich seltener als in den Jahren zuvor Keimzahlen von *Campylobacter* spp. oberhalb der Nachweisgrenze der quantitativen Methode gemessen (2020: 47,6%, 2019: 45,2%, 2018: 46,3%). Als positiv zu bewerten ist zudem, dass der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g mit 18,4% gegenüber den Vorjahren leicht gesunken ist (2021: 21,6%, 2020: 21,9%, 2019: 23,4%). Möglicherweise weisen die Ergebnisse auf erste Erfolge des im Jahr 2018 eingeführten Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtskörpern hin. Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring werden zeigen, ob sich diese positive Entwicklung weiter fortsetzt.

Die Unterschiede zwischen den einzelnen Schlachthöfen in der Häufigkeit des Auftretens von *Campylobacter*-Keimzahlen oberhalb des mikrobiologischen Grenzwertes von 1.000 KbE/g in den Halshautproben waren etwas geringer als in den Vorjahren, weisen aber weiterhin darauf hin, dass es den Schlachthöfen unterschiedlich gut gelingt, die Verschleppung von *Campylobacter* zu begrenzen, wobei der unterschiedliche Besiedlungsstatus der geschlachteten Tiere mit *Campylobacter* ebenfalls eine Rolle spielen kann. Der Fokus von Minimierungsstrategien sollte zukünftig in einem Vergleich von Schlachthöfen liegen, um geeignete Maßnahmen zu identifizieren, die die Keimzahl auf dem Schlachtkörper reduzieren.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 46,0% und damit etwa auf demselben Niveau wie in den Jahren zuvor. Lediglich im Jahr 2020 waren mit 54,4% deutlich mehr Proben positiv für *Campylobacter* spp. als im Zoonosen-Monitoring 2022. Wie in den Vorjahren wurden in den Proben von frischem Hähnchenfleisch deutlich niedrigere Keimzahlen gemessen als in Halshautproben. In 2,1% der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* mittels der quantitativen Methode nachweisen. Keine Probe wies Keimzahlen von über 1.000 KbE/g auf. Dies hängt

vermutlich zum Teil auch damit zusammen, dass die besonders kontaminierte Haut nicht Bestandteil der untersuchten Proben von frischem Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring ist. Aufgrund der geringen Infektionsdosis des Erregers beim Menschen stellen auch niedrige Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln ein Infektionsrisiko dar.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. im Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof lag bei 63,0% und stimmt damit mit den Werten aus den Vorjahren weitgehend überein (2020: 63,0%, 2018: 64,3%). Frisches Putenfleisch war mit 10,7% positiver Proben allerdings deutlich seltener mit *Campylobacter* kontaminiert als im Zoonosen-Monitoring 2018, in dem 19,4% der Putenfleischproben aus konventioneller Erzeugung *Campylobacter*-positiv waren. Damit zeigen die Ergebnisse erneut, dass Mastputen deutlich häufiger mit *Campylobacter* besiedelt sind als Masthähnchen (34,3% positive Proben von Blinddarminhalt), Putenfleisch aber eine signifikant geringere Kontaminationsrate mit *Campylobacter* aufweist als Hähnchenfleisch (46,0% positive Proben). Die Ursache hierfür ist vermutlich in Unterschieden beim Schlachtprozess zwischen den beiden Tierarten begründet.

Die Lebensmittelkette Mastente wurde im Zoonosen-Monitoring 2022 erstmalig betrachtet. Die Nachweisrate von *Campylobacter* im Blinddarminhalt von Mastenten am Schlachthof lag bei 94,0% und damit deutlich über der von Masthähnchen (34,3%) und Mastputen (63,0%). Auffallend war auch der hohe Anteil von 90,6% an Halshautproben von Mastenten, in denen *Campylobacter* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen wurden, und der hohe Anteil an Halshautproben von 70,9% mit *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g im Vergleich zu den Befunden bei Masthähnchen. Frisches Entenfleisch wies mit 60,6% positiver Proben ebenfalls eine deutlich höhere *Campylobacter*-Nachweisrate auf als frisches Hähnchenfleisch (46,0%) und Putenfleisch (10,7%).

Die Ergebnisse zeigen, dass das Vorkommen von *Campylobacter* spp. bei den Tieren, auf den Schlachtkörpern bis zum Fleisch im Einzelhandel auf einem hohen Niveau liegt und von frischem Enten-, Hähnchen- und Putenfleisch grundsätzlich ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit *Campylobacter* spp. ausgeht. Sie verdeutlichen, dass die Anstrengungen, das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette zu verringern, weiterhin intensiviert werden müssen. Die Ergebnisse unterstreichen aber auch die Notwendigkeit einer konsequenten Verbraucheraufklärung über die mit frischem Geflügelfleisch assoziierten Risiken, da auch bei einer erheblichen Verbesserung der Situation *Campylobacter* auf rohem Geflügelfleisch ein relativ häufiger Befund bleiben wird.

In 7,9% der Proben von frischer Schlachtleber von Mastschweinen am Schlachthof wurden *Campylobacter* nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass frische Schweineleber grundsätzlich eine mögliche Quelle für *Campylobacter*-Infektionen des Menschen darstellt.

Während bei Masthähnchen und Mastenten *Campylobacter jejuni* überwiegt, sind Mastputen und Mastschweine häufiger Träger von *Campylobacter coli*, die sich durch insgesamt höhere Resistenzraten auszeichnen als *C.jejuni*-Isolate. In den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute waren etwa 99% der *Campylobacter coli*-Isolate und etwa 75% der *C.jejuni*-Isolate resistent gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen. In der Lebensmittelkette Mastente war die Resistenzrate der *Campylobacter coli*-Isolate im Vergleich zu den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen geringer und lag bei etwa 90%. Die höchsten Resistenzraten traten in den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastpute und Mastente bei beiden *Campylobacter*-Spezies gegenüber den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure, gefolgt von Tetrazyklin und Ertapenem auf, wobei die Resistenzraten bei den *Campylobacter-jejuni*-Isolaten aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute gegenüber Ciprofloxacin in den letzten beiden Jahren von 83,4% auf 72,3% bzw. von 73,7% auf 64,8% leicht zurückgingen. Dies ist erfreulich, weil es sich bei (Fluor)chinolonen um Antibiotika handelt, die für die Behandlung beim Menschen besonders wichtig sind.

Erstmals wurde die Resistenz von *Campylobacter*-Isolaten aus Geflügel gegenüber dem Carbapenem Ertapenem untersucht. Es zeigte sich, dass ein erheblicher Anteil der *Campylobacter*-Isolate von allen drei Geflügelarten resistent war, wobei die *Campylobacter-jejuni*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastente eine höhere Resistenzrate aufwiesen als die entsprechenden Isolate von Masthähnchen und Mastputen (32,6% gegenüber 13,0% bzw. 24,8%). Die häufige Resistenz von *Campylobacter*-Isolaten gegen Ertapenem ist ungeklärt, hier liegen offenbar andere Resistenzmechanismen zugrunde als sie bei einer Carbapenemresistenz von Enterobacteriales zu sehen sind. Resistenzen gegen Erythromycin wurden nur bei der Spezies *Campylobacter coli* beobachtet, wobei 9,2% der Isolate aus der Lebensmittelkette Masthähnchen und 20,9% der Isolate aus der Lebensmittelkette Mastputen resistent gegen diese Substanz waren. Die *Campylobacter coli*-Isolate von Mastenten wiesen im Vergleich hierzu eine geringere Resistenzrate von 2,8% auf. Diese Resistenzen sind insofern problematisch, als es sich bei Erythromycin um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der *Campylobacteriose* des Menschen von Bedeutung ist.

Die wenigen *Campylobacter*-Isolate aus Schweineleber waren am häufigsten gegen Tetrazyklin resistent, was mit dem häufigen Einsatz dieser Substanz bei Schweinen korreliert.

Listeria monocytogenes

In einer Halshautprobe von Mastentenschlachtkörpern wurden *L. monocytogenes* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen (0,3%). Die gemessene Keimzahl betrug 650 KbE/g. Die Nachweisrate von *Listeria monocytogenes* lag in Proben von frischem Entenfleisch bei 26,3% und in Proben von frischem Putenfleisch im Einzelhandel bei 6,9%. Dabei ist zu bedenken, dass es sich bei frischem Enten- und Putenfleisch nicht um verzehrfertige Lebensmittel handelt, sondern in der Regel vor dem Verzehr eine Hitzebehandlung erfolgt. Allerdings besteht die Gefahr, dass es bei der Handhabung des Fleisches bei mangelnder Küchenhygiene zu Kreuzkontaminationen von verzehrfertigen Lebensmitteln wie z. B. Salat kommt. Es ist deshalb wichtig, bei der Zubereitung von Geflügelfleisch eine gute Küchenhygiene einzuhalten. Frisches Geflügelfleisch (Hähnchen- und Putenfleisch), das am Wareneingang von Herstellerbetrieben von verzehrfertigen Geflügelfleischerzeugnissen beprobt wurde, war zu 22,7% positiv für *Listeria monocytogenes*, während Proben von aufgeschnittenen Brühwurstzeugnissen aus Geflügelfleisch, die am Wareneingang der Betriebe entnommen wurden, eine Kontaminationsrate mit *Listeria monocytogenes* von lediglich 1,6% aufwiesen. Die Keimgehalte in den Proben der aufgeschnittenen Brühwurstzeugnisse waren zudem gering, da mittels der quantitativen Methode in keiner Probe Keimzahlen von *Listeria monocytogenes* oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g nachgewiesen wurden. Solche niedrigen Keimkonzentrationen stellen üblicherweise keine Gesundheitsgefahr für den Menschen dar. Dennoch zeigen die Ergebnisse, dass aufgeschnittene Brühwurstzeugnisse aus Geflügelfleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Listeria monocytogenes* darstellen, zumal eine Vermehrung vorhandener Listerien in dem Aufschnitt während der Lagerung nicht ausgeschlossen werden kann. Die Ergebnisse zeigen zudem, dass *Listeria monocytogenes* über rohes Geflügelfleisch in die Herstellerbetriebe von Geflügelfleischerzeugnissen eingeschleppt werden können und dort zu einer Rekontamination von bereits wärmebehandelten verzehrfertigen Produkten führen können. Dies unterstreicht, wie wichtig die Anwendung einer sorgfältigen Hygienepaxis in den Betrieben ist.

In 4,4% der Proben von schwarzen und geschwärzten losen Oliven im Einzelhandel wurden *Listeria*

monocytogenes nachgewiesen. Bei der quantitativen Untersuchung wiesen 1,7% der Proben Keimgehalte auf, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen. Die gemessenen Keimzahlen lagen mit einem Median von $1,1 \times 10^3$ KBE/g und einem Maximum von $1,2 \times 10^5$ KBE/g zum Teil deutlich über dem kritischen Wert von 100 KBE/g für verzehrfertige Lebensmittel nach der *Verordnung (EG) Nr. 2073/2005* über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel. Auffallend war, dass messbare Keimzahlen ausschließlich in geschwärzten Oliven nachweisbar waren. Bei den eingesandten Isolaten von *Listeria monocytogenes* aus losen Oliven handelte es sich überwiegend um den Serotyp IVb, während die Mehrzahl der Isolate aus den anderen Lebensmitteln dem Serotyp IIa angehörte. In weiteren Untersuchungen sollte geklärt werden, ob es eine bestimmte Affinität dieses Serotyps zu Oliven gibt. Die Ergebnisse verdeutlichen die Notwendigkeit, Verbraucherinnen und Verbraucher über die mit losen Oliven gegebenenfalls assoziierten Risiken konsequent aufzuklären. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da Oliven häufig roh verzehrt werden, also kein weiterer Abtötungsprozess von Keimen vor dem Verzehr erfolgt. Empfindliche Verbrauchergruppen wie Schwangere, Immungeschwächte und alte Menschen sollten auf den Verzehr von losen Oliven, insbesondere aus offenen Gefäßen und in Restaurants und der Gemeinschaftsverpflegung, verzichten. Die Ergebnisse unterstreichen die Bedeutung der Einhaltung hoher hygienischer Standards bei der Erzeugung, Verarbeitung, Lagerung und dem Vertrieb von schwarzen oder geschwärzten Oliven, um mikrobiologisch einwandfreie Ware auf den Markt zu bringen.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

In Halshautproben von Masthähnchen wurden MRSA zu 16,7% und damit deutlich seltener als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre nachgewiesen, in denen jeweils etwa 50% der Schlachtkörperproben mit MRSA kontaminiert waren (2013: 49,0% positive Proben, 2011: 48,3% positive Proben). Die Nachweisrate von MRSA in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel lag bei 4,9% und damit ebenfalls deutlich unter den Werten der Vorjahre (2018: 16,4% positive Proben, 2016: 13,0% positive Proben, 2013: 24,2% positive Proben). Damit setzt sich der seit 2016 zu beobachtende Rückgang der MRSA-Nachweisrate in frischem Hähnchenfleisch – dessen Ursache derzeit nicht bekannt ist – weiter fort. Von den an Grenzkontrollstellen entnommenen Proben von frischem Hähnchenfleisch war

keine positiv für MRSA. Allerdings wurden hier nur 49 Proben untersucht.

Die Nachweisrate von MRSA in Halshautproben von Mastputen betrug 53,7% und lag damit deutlich über der von Masthähnchen (16,7%), aber unter den Werten im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2012: 68,6% positive Proben, 2010: 65,5% positive Proben). Frisches Putenfleisch war zu 34,3% und damit wiederum deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als frisches Hähnchenfleisch im Einzelhandel (4,9% positive Proben). Im Vergleich zu den Vorjahren ist die Nachweisrate in den Putenfleischproben aber gesunken (2018: 42,7% positive Proben, 2016: 44,5% positive Proben, 2014: 42,5% positive Proben). Möglicherweise hängt diese positive Entwicklung mit dem verminderten Einsatz von Antibiotika bei Mastputen zusammen, der seit 2014 beobachtet wird. Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring werden zeigen, ob sich hieraus ein Trend entwickelt.

In der Lebensmittelkette Mastenten wurden MRSA deutlich seltener nachgewiesen als bei Masthähnchen und Mastputen. Lediglich 0,9% der Halshautproben von Mastenten am Schlachthof und 1,9% der Proben von frischem Entenfleisch im Einzelhandel waren positiv für MRSA. Somit scheinen Mastenten kein bedeutendes Reservoir für MRSA zu sein.

Das gilt auch für Füchse, Waschbären, Dachse und Marderhunde in der freien Wildbahn, die mit 0,8% positiven Nasentupferproben nur sehr selten mit MRSA besiedelt waren. Das untersuchte Isolat von einem Fuchs gehörte dem klonalen Komplex CC398, aber einem in Europa eher seltenen *spa*-Typen (to37) an.

Die Übertragung von MRSA über den Verzehr von Lebensmitteln scheint von untergeordneter Rolle zu sein. Verbraucherinnen und Verbraucher sollten dennoch im Umgang mit Lebensmitteln die auch im Hinblick auf andere Zoonoseerreger erforderliche Sorgfalt aufwenden, da grundsätzlich immer die Möglichkeit besteht, dass der Erreger über Lebensmittel in den Haushalt von Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangt und dort verschleppt wird.

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 höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen festgestellt. Im Vergleich hierzu wiesen die Isolate aus der Lebensmittelkette Mastpute gegenüber den getesteten Substanzen eine etwas geringere Resistenzrate auf. Dies traf allerdings nicht für Ciprofloxacin zu, gegen das 44,5% der Isolate von Mastputen resistent waren, während es aus der Lebensmittelkette Masthähnchen nur 9,5% der Isolate

waren. Bei beiden Geflügelarten ist die Resistenzrate von MRSA-Isolaten gegenüber Ciprofloxacin im Vergleich zu den Ergebnissen im Zoonosen-Monitoring 2018 aber zurückgegangen.

Hepatitis-E-Virus

In 4,9% der Proben von frischer Schweineleber wurde das Hepatitis-E-Virus nachgewiesen. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass frische Schweineleber eine mögliche Ansteckungsquelle des Menschen mit dem Hepatitis-E-Virus darstellt, wobei in erster Linie bei Lebensmitteln, die rohe Schweineleber enthalten, ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit dem Virus besteht.

Echinococcus spp.

In 14,7% der Kotproben von in der freien Wildbahn frisch erlegten sowie im Rahmen des Tollwutmonitorings als Indikatortiere (auch Fallwild) zur Untersuchung gekommenen Füchsen wurden *Echinococcus* spp. nachgewiesen. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass ein nicht unerheblicher Anteil der in Deutschland vorkommenden Füchse Träger dieses für den Menschen gefährlichen Parasiten ist.

Baylisascaris procyonis

47,5% der Kotproben von Waschbären waren positiv für den Waschbärspulwurm. Damit zeigen die Ergebnisse, dass Waschbären häufig mit diesem für den Menschen gefährlichen Spulwurm befallen sind. Beim Umgang mit Waschbären bzw. ihrem Kot sollten entsprechende Schutzmaßnahmen eingehalten werden.

Präsumtive *Bacillus cereus*

In 35,3% der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 27,4% der Kopfsalatproben im Einzelhandel wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen, wobei in 26,1% der Proben aus Erzeugerbetrieben und in 16,1% der Proben im Einzelhandel Keimzahlen von unter 1.000 KbE/g gemessen wurden. 6,8% der Proben aus Erzeugerbetrieben und 9,0% der Proben im Einzelhandel wiesen einen Keimgehalt zwischen 10^3 KbE/g und 10^4 KbE/g auf. In 2,4% der Proben aus Erzeugerbetrieben und in 1,8% der Proben im Einzelhandel wurde ein Keimgehalt von über 10^4 KbE/g bis 10^5 KbE/g gemessen. Keine der Proben

aus Erzeugerbetrieben, aber 0,5% der Proben im Einzelhandel wiesen Keimzahlen von über 10^5 KbE/g und damit Keimgehalte auf, von denen eine potenzielle Gesundheitsgefahr ausgeht. Unter bestimmten Bedingungen können aber auch niedrigere Keimgehalte ein Risiko darstellen. Darüber hinaus ist es nicht ausgeschlossen, dass vorhandene Sporen auskeimen und sich anschließend in unzureichend gekühlten oder heiß gehaltenen Speisen vermehren. Als höchste Keimzahl von präsumtiven *B. cereus* wurden $7,1 \times 10^5$ KbE/g in einer Probe Kopfsalat im Einzelhandel nachgewiesen. Diese hohen Keimzahlen sind insbesondere deshalb von Bedeutung, weil Kopfsalat roh verzehrt wird. Etwa ein Viertel der gewonnenen Isolate von präsumtiven *B. cereus* gehörte der Spezies *Bacillus thuringiensis* an. Aufgrund ihrer hohen genetischen Verwandtschaft zu *B.-thuringiensis*-Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Biopestiziden vorhanden sind, sind die nachgewiesenen Stämme vermutlich auf den Einsatz dieser Insektenbekämpfungsmittel zurückzuführen. Da auch diese kommerziellen Biopestizid-Stämme das Potenzial haben, Enterotoxine zu bilden, besteht die Besorgnis, dass sie in der Lage sind, bei Menschen Durchfallerkrankungen auszulösen. Hierzu gibt es unterschiedliche Auffassungen und Einschätzungen.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof lag bei 41,1% und in frischem Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel bei 33,0%. Damit liegen die Ergebnisse in einer ähnlichen Größenordnung wie die Befunde aus dem Zoonosen-Monitoring 2020, in dem 36,6% der Proben von Blinddarminhalt und 33,6% der Hähnchenfleischproben positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren. Der abfallende Trend der letzten Jahre hinsichtlich der Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bei Masthähnchen hat sich somit im Zoonosen-Monitoring 2022 nicht weiter fortgesetzt. Auffallend war die hohe Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 91,8% in Proben von Hähnchenfleisch, die an Grenzkontrollstellen genommen wurden. Die Ergebnisse zeigen, dass die Belastung von Hähnchenfleisch mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* weiterhin sehr hoch ist, weswegen Hähnchenfleisch vor dem Verzehr durcherhitzt und Kreuzkontamination in der Küche zum Schutz der eigenen Gesundheit vermieden werden sollten.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden in 39,0% der untersuchten Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof nachgewiesen. Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2020 und 2018, in dem

43,9% bzw. 48,6% der Proben von Blinddarminhalt positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, ist die Nachweisrate bei den Tieren damit leicht gesunken. Die Kontaminationsrate von frischem Putenfleisch im Einzelhandel lag bei 35,1% und damit in einer ähnlichen Größenordnung wie in den vergangenen Jahren (2018: 37,6%, 2016: 38,8%).

Mastenten waren mit 14,1% positiver Kotproben deutlich seltener Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Masthähnchen und Mastputen. Auch frisches Entenfleisch war mit 7,7% positiver Proben wesentlich seltener mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert als Hähnchen- und Putenfleisch.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden im Kot von Wildkarnivoren zu 6,0% nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* auch außerhalb von Nutztierhaltungen in der Umwelt vorkommen. Das seltenere Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei Wildkarnivoren im Vergleich zu Nutztieren lässt sich mit der geringen Exposition von Wildtieren gegenüber Antibiotika erklären.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden in 1,0% der Proben von Kopfsalat aus Erzeugerbetrieben und in 0,3% der Kopfsalatproben im Einzelhandel nachgewiesen. Der Nachweis ist insofern von besonderer Bedeutung, als Kopfsalat roh verzehrt wird und die resistenten Keime vom Menschen unmittelbar aufgenommen werden können. Salat sollte deshalb vor dem Verzehr gründlich gewaschen werden, um zumindest eine oberflächliche Verunreinigung mit diesen resistenten Keimen zu entfernen.

Bei ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ist nach derzeitigem wissenschaftlichen Kenntnisstand davon auszugehen, dass sie auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können, wobei sich das Infektionsrisiko gegenwärtig nicht genau abschätzen lässt. Im Fleisch vorhandene Keime werden durch ausreichendes Erhitzen bei der Speisenzubereitung abgetötet. Ein besonderes Risiko stellt aber eine mangelnde Küchenhygiene dar, die zur Verschleppung von im rohen Fleisch vorhandenen Keimen auf andere roh verzehrte Lebensmittel führen kann (z. B. Nutzung des gleichen Küchenbretts zum Schneiden von Fleisch und anschließend von Gemüse, das roh verzehrt werden soll). Durch eine strenge Küchenhygiene kann das Risiko einer Infektion bzw. Kolonisierung jedoch minimiert werden.

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Es wurden vereinzelt Isolate mit Verdacht auf Carbapenem-Resistenz aus Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof und aus Proben

von frischem Hähnchen- und Putenfleisch eingesandt. Keines der Isolate wurde als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt. Im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre wurden Carbapenemase-bildende *E. coli* ausschließlich vereinzelt in der Lebensmittelkette Mastschweine nachgewiesen. Die Ergebnisse zeigen, dass diese Bakterien in Nutztierhaltungen bisher wenig verbreitet sind.

Kommensale *Escherichia coli*

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen von *E.-coli*-Isolaten zeigen, dass in Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate deutliche Unterschiede in den beobachteten Resistenzraten auftreten. Die Resistenzrate von *E.-coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen lag bei 82,5% und damit höher als bei den entsprechenden Isolaten von Mastputen, die zu 70% eine Resistenz gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen aufwiesen. Dieses Ergebnis ist mit der bei Masthähnchen zu beobachtenden hohen Therapiehäufigkeit mit Antibiotika zu erklären. Insgesamt weisen die *E.-coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastputen seit 2014 einen signifikanten Rückgang der Resistenzen gegenüber mehreren Antibiotika auf. *E.-coli*-Isolate aus frischem Hähnchenfleisch und Putenfleisch wiesen mit 75,9% bzw. 78,6% allerdings ähnlich hohe Resistenzraten auf. Erfreulich ist, dass es bei *E.-coli*-Isolaten aus den beiden Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen zu einer Verringerung der Resistenzraten gegenüber Colistin gekommen ist. Auffallend war, dass *E.-coli*-Isolate aus importiertem Hähnchenfleisch eine insgesamt deutlich höhere Resistenzrate von 89,3% aufwiesen als solche aus Hähnchenfleisch aus Deutschland. Die *E.-coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastenten (40,5%) und aus frischem Entenfleisch (51,7%) wiesen deutlich geringere Resistenzraten auf als die entsprechenden Isolate aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen. Die geringsten Resistenzraten traten bei den *E.-coli*-Isolaten von Wildkarnivoren auf (5,8%). Unter den wenigen resistenten Isolaten wurden vereinzelt aber auch Resistenzen gegenüber kritischen Substanzen wie Ciprofloxacin und Cefotaxim nachgewiesen.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Resistenzraten der Isolate von *E. faecalis* waren in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute wie in den Vorjahren insgesamt höher als bei den *E.-faecium*-Isolaten. Bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen waren diese Unterschiede in den Resistenzraten zwischen den beiden Spezies

besonders groß. Die höchsten Resistenzraten traten bei beiden Spezies gegenüber Quinupristin/Dalfopristin (89,9 %), Erythromycin (56,9 %) und Tetrazyklin (56,6 %) auf. Bei beiden Spezies traten gegen Teicoplanin und Vancomycin keine Resistenzen auf, während diese Resistenzen bei Isolaten von Menschen nachgewiesen werden. Die insgesamt unterschiedlichen Resistenzmuster zwischen den Enterokokken-Isolaten von Tieren und Menschen deuten darauf hin, dass Masthähnchen und Mastputen keine wesentliche Quelle für Erkrankungen des Menschen mit dieser Bakterienspezies sind.

Fazit

Im Zoonosen-Monitoring werden repräsentative und vergleichbare Daten zum Vorkommen von Zoonoseerregern bei den wichtigsten Lebensmittel liefernden Tierarten und Produkten gewonnen. Sie ermöglichen es, das Infektionsrisiko für Verbraucherinnen und 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 des Zoonosen-Monitorings 2022 weisen möglicherweise auf erste Erfolge des im Jahr 2018 eingeführten Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern hin. Die Belastung der Schlachtkörper mit *Campylobacter* war deutlich geringer, und der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g ist gegenüber den Vorjahren leicht gesunken.

Putenschlachtkörper wiesen erneut eine hohe Salmonellen-Kontaminationsrate auf, während im Blinddarminhalt der Puten erstmals keine Salmonellen nachgewiesen wurden. Einzelne Schlachthöfe waren verantwortlich für die hohen Nachweisraten, was auf erhebliche Hygienemängel in diesen Betrieben hinweist.

Mastenten waren deutlich häufiger Träger von Salmonellen und *Campylobacter* als Masthähnchen und Mastputen. Auffallend war auch der hohe Anteil an

Halshautproben von Mastentenschlachtkörpern mit *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass Entenfleisch – wie das Fleisch anderer Geflügelarten – nur gründlich durcherhitzt verzehrt werden sollte und bei der Zubereitung eine strenge Küchenhygiene zu beachten ist. Sie verdeutlichen zugleich, wie erfolgreich die Salmonellen-Bekämpfungsprogramme bei Masthähnchen und Mastputen sind, da im Blinddarminhalt dieser Tiere kaum bzw. keine Salmonellen nachgewiesen wurden.

MRSA und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden bei Mastenten deutlich seltener nachgewiesen als bei Masthähnchen und Mastputen. Diese Befunde korrelieren mit den insgesamt geringeren Resistenzraten bei Isolaten von Mastenten im Vergleich zu Isolaten von Masthähnchen und Mastputen.

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

Als positiv zu bewerten ist, dass sich in Bezug auf die MRSA-Nachweisraten in der Lebensmittelkette Masthähnchen der in den letzten Jahren zu beobachtende rückläufige Trend weiter fortsetzt und erstmalig auch auf Putenschlachtkörpern und in Putenfleisch im Vergleich zu den Ergebnissen aus den Vorjahren geringere Kontaminationsraten mit MRSA auftraten.

Es wurden hohe Nachweisraten von *Listeria monocytogenes* im Geflügelfleisch am Wareneingang von Herstellerbetrieben für Geflügelfleischerzeugnisse festgestellt, aber geringe Kontaminationsraten und Keimgehalte in Brühwurstaufschnitt aus Geflügelfleisch am Warenausgang, die üblicherweise keine Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen.

Bei losen, geschwärtzten Oliven wurden teilweise besorgniserregend hohe Keimzahlen von *Listeria monocytogenes* gefunden, von denen eine potenzielle Gesundheitsgefahr ausgeht. Die Ergebnisse verdeutlichen die Notwendigkeit, Verbraucher über die von losen Oliven gegebenenfalls ausgehenden Risiken konsequent aufzuklären.

Die Ergebnisse zeigen, dass frische Schweineleber eine mögliche Ansteckungsquelle für *Campylobacter*- und Hepatitis-E-Infektionen des Menschen darstellt. Dies gilt insbesondere für Lebensmittel, die rohe Schweineleber enthalten.

Kopfsalat stellt insbesondere dadurch, dass er ohne vorherige Erhitzung verzehrt wird, eine mögliche Quelle für Infektionen des Menschen mit potenziell

pathogenen Keimen wie Salmonellen und präsumtiven *Bacillus cereus* dar.

Die Ergebnisse bestätigen, dass Füchse und Waschbären häufig Träger von für den Menschen gefährlichen Parasiten sind. Beim Umgang mit den Tieren bzw. ihrem Kot sollten entsprechende Schutzmaßnahmen eingehalten werden.

Die Resistenzraten waren bei *E.-coli*-Isolaten von Masthähnchen erneut höher als bei Mastputen, was mit der bei Masthähnchen zu beobachtenden hohen Therapiehäufigkeit mit Antibiotika korreliert. Auffallend war das häufige Auftreten von Resistenzen gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation bei Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen und dabei insbesondere aus importiertem Hähnchenfleisch, zumal der Einsatz von Cephalosporinen beim Geflügel nicht zugelassen ist. Damit zeigen die Ergebnisse, dass über importierte Lebensmittel problematische Keime eingetragen werden können. Erfreulich ist, dass es bei Mastputen seit einigen Jahren zu einem deutlichen Rückgang der Resistenzen gegenüber mehreren Antibiotika gekommen ist. *E.-coli*-Isolate von Mastenten wiesen deutlich geringere Resistenzraten auf als jene von Masthähnchen und Mastputen. Die geringsten Resistenzraten traten bei den *E.-coli*-Isolaten von Wildkarnivoren auf, was darauf hinweist, dass es in der Umwelt nicht zu einer größeren Anreicherung resistenter Bakterien bei den Tieren kommt. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, den Antibiotikaeinsatz bei Nutztieren zu senken, weiter verstärkt werden müssen, um eine Reduktion der Resistenzraten zu erreichen. Ein Schwerpunkt hierbei sollte auch die Reduktion des Einsatzes kritischer Antibiotika sein, insbesondere der von der WHO als HPCIA klassifizierten Substanzen. Die Dringlichkeit der Verringerung des Einsatzes von (Fluor)chinolonen wird durch die

weiterhin sehr hohen und zum Teil noch gestiegenen Resistenzraten bei Isolaten aus den Geflügelfleischketten gegen diese Substanzklasse unterstrichen.

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 und Verbraucherinnen mit Zoonoseerregern zu vermindern, leistet das Zoonosen-Monitoring einen wichtigen Beitrag für den gesundheitlichen Verbraucherschutz.

Verbraucherinnen und Verbraucher können sich vor lebensmittelbedingten Infektionen schützen, indem sie 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: <https://www.bfr.bund.de/de/start.html>.

Literaturquellen

- Adzitey, F., N. Huda und G.R. Ali (2012): Prevalence and antibiotic resistance of *Campylobacter*, *Salmonella*, and *L. monocytogenes* in ducks: a review. *Foodborne Pathog Dis* 9, 498-505
- Agresti, A. und B.A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119-126
- Ankolekar, C., T. Rahmati und R. Labbé (2008): Detection of toxigenic *Bacillus cereus* and *Bacillus thuringiensis* spores in U.S. rice. *Int J Food Microbiol* 128: 460-466
- Asadollahi, P., N.N. Farahani, M. Mirzaii, S.S. Khoram-rooz, A. van Belkum, K. Asadollahi, M. Dadashi und D. Darban-Sarokhalil (2018): Distribution of the Most Prevalent Spa Types among Clinical Isolates of Methicillin-Resistant and -Susceptible *Staphylococcus aureus* around the World: A Review. *Frontiers in Microbiology* 9
- Ballesteros-Nova, N.E., S. Sánchez, J.L. Steffani, L.C. Sierra, Z. Chen, F.A. Ruíz-López, R.L. Bell, E.A. Reed, M. Balkey, M.S. Rubio-Lozano, O. Soberanis-Ramos, F. Barona-Gómez, E.W. Brown, M.W. Allard, J. Meng und E.J. Delgado-Suárez (2022): Genomic Epidemiology of *Salmonella enterica* Circulating in Surface Waters Used in Agriculture and Aquaculture in Central Mexico. *Appl Environ Microbiol* 88, e0214921
- Bamnia, M. und G. Kaul (2015): Cereulide and diarrheal toxin contamination in milk and milk products: a systematic review. *Toxin Reviews* 34: 119-124
- Bandelj, P., R. Blagus, G. Vengušt und D. Žele Vengušt (2022): Wild Carnivore Survey of *Echinococcus* Species in Slovenia. *Animals (Basel)* 12
- Bauer, C. (2011): Baylisascariosis (*Baylisascaris procyonis*) – a rare parasitic zoonosis in Europe [Article@ Baylisascariose (*Baylisascaris procyonis*) – eine seltene parasitäre Zoonose in Europa]. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 124, 465-472
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_zuchtschweinebestaenden_vorgelegt.pdf
- BfR (2009b): Grundlagenstudie zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. und *Salmonella* spp. in Schlachtkörpern von Masthähnchen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/343/grundlagenstudie_zum_vorkommen_von_campylobacter_spp_und_salmonella_spp_in_schlachtkoerpern_von_masthaehnchen_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. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps_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>
- BfR (2023): Salmonellen-Bekämpfungsprogramm – Ergebnisse für das Jahr 2022: Kein einheitlicher Trend für alle Geflügel- und Nutzungsarten, BfR
- Biggel, M., D. Etter, S. Corti, P. Brodmann, R. Stephan, M. Ehling-Schulz und S. Jöhler (2021): Whole Genome Sequencing Reveals Biopesticidal Origin of *Bacillus thuringiensis* in Foods. *Front Microbiol* 12:775669

- Biggel, M., N. Jessberger, J. Kovac und S. Johler (2022): Recent paradigm shifts in the perception of the role of *Bacillus thuringiensis* in foodborne disease. *Food Microbiol* 105:104025
- Bigoraj, E., W. Paszkiewicz und A. Rzeżutka (2021): Porcine Blood and Liver as Sporadic Sources of Hepatitis E Virus (HEV) in the Production Chain of Offal-Derived Foodstuffs in Poland. *Food and Environmental Virology*, 13: 347-356
- 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
- Boloki, H.A., W.F. Al-Musaileem, W. AlFouzan, T. Verghese und E.E. Udo (2021): Fusidic Acid Resistance Determinants in Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Isolated in Kuwait Hospitals. *Med Princ Pract* 30(6):542-549
- Bonis, M., A. Felten, S. Pairaud, A. Dijoux, V. Maladen, L. Mallet, N. Radomski, A. Duboisset, C. Arar, X. Sarda, G. Vial, M. Y. Mistou, O. Firmesse, J. A. Hennekinne und S. Herbin (2021): Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of *Bacillus thuringiensis* associated with foodborne outbreaks in France. *Plos One* 16(2):e0246885
- Boxman, I.L.A., L. Verhoef, P.Y. Dop, H. Vennema, R.A.M. Dirks und M. Opsteegh (2022): High prevalence of acute hepatitis E virus infection in pigs in Dutch slaughterhouses. *International Journal of Food Microbiology*, 379, art. no. 109830
- Brehm, K. (2017): Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie. *Epid Bull* 2017;15:127 – 132 DOI 10.17886/EpiBull-2017-019
- Brugère-Picoux, J. (2008): Ovine listeriosis. *Small Ruminant Res* 76:12-20
- BVL (2010): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2009 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2012): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2011. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2017): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2018): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2017. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2019): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2018. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2020a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2019. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2020b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Bundesweiter Überwachungsplan 2019. https://www.bvl.bund.de/DE/Arbeitsbereiche/01_Lebensmittel/01_Aufgaben/02_AmtlicheLebensmittelueberwachung/03_BUEP/lm_buep_node.html
- BVL (2021): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2020. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2022a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2021. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2022b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zusammenfassender Bericht über die Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen im Zoonosen-Monitoring der Jahre 2010–2019. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- Caggia, C., C.L. Randazzo, M. Di Salvo, F. Romeo und P. Giudici (2004): Occurrence of *Listeria monocytogenes* in green table olives. *J Food Prot* 67, 2189-2194

- 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
- Cao, T.T., G.H. Deng, L.X. Fang, R.S. Yang, J. Sun, Y.H. Liu und X.P. Liao (2017): Characterization of Quinolone Resistance in *Salmonella enterica* from Farm Animals in China. *J Food Prot* 80, 1742-1748
- Carroll, L.M., M. Wiedmann und J. Kovac (2020): Proposal of a Taxonomic Nomenclature for the *Bacillus cereus* Group Which Reconciles Genomic Definitions of Bacterial Species with Clinical and Industrial Phenotypes. *mBio* 11(1)
- Citterio, C.V., F. Obber, K. Trevisiol, D. Dellamaria, R. Celva, M. Bregoli, S. Ormelli, S. Sgubin, P. Bonato, G. Da Rold, P. Danesi, S. Ravagnan, S. Vendrami, D. Righetti, A. Agreiter, D. Asson, A. Cadamuro, M. Ianniello und G. Capelli (2021): *Echinococcus multilocularis* and other cestodes in red foxes (*Vulpes vulpes*) of northeast Italy, 2012-2018. *Parasit Vectors* 14, 29
- Clemente-Casares, P., C. Ramos-Romero, E. Ramirez-Gonzalez und A. Mas (2016): Hepatitis E virus in industrialized countries: The silent threat. *BioMed Research International*, 2016, art. no. 9838041
- Crotta, M., A. Lavazza, A. Mateus und J. Guitian (2021): Viraemic pigs entering the food chain are the most likely source of hepatitis E virus (HEV) in pork meat: Modelling the fate of HEV during slaughtering of pigs. *Food Control*, 121, art. no. 107662
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds blaCTX-M genes in different plasmids from German clinical *Escherichia coli* isolates. *J Med Microbiol* 59: 580-587
- Cunningham, M.W., D.P. Wolf, K.A. Sayler, M. Milleson, B. Bankovich, P. Schueller, B.S. Haley, S. Stura und M.J. Yabsley (2023): Distribution of *Baylisascaris procyonis* in Raccoons (*Procyon lotor*) in Florida, USA. *J Wildl Dis*
- Cuny, C., M.M.H. Abdelbary, R. Köck, F. Layer, W. Scheidemann, G. Werner und W. Witte (2016): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from infections in horses in Germany are frequent colonizers of veterinarians but rare among MRSA from infections in humans. *One Health* 2, 11-17
- De Bock, T., X.C. Zhao, L. Jacxsens, F. Devlieghere, A. Rajkovic, P. Spanoghe, M.I. Hofte und M. Uyttendaele (2021): Evaluation of *B. thuringiensis*-based biopesticides in the primary production of fresh produce as a food safety hazard and risk. *Food Control* 130:14
- Denzin, N. und J. Borgwardt (2013): Vorkommen und geografische Verbreitung von Antikörpern gegen Hepatitis-E-Virus beim Wildschwein in Sachsen-Anhalt (2011). *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 126:230-235
- Dierick K., E. Van Coillie, I. Swiecicka, G. Meyfroidt, H. Devlieger, A. Meulemans, G. Hoedemaekers, L. Fourie, M. Heyndrickx und J. Mahillon (2005): Fatal family outbreak of *Bacillus cereus*-associated food poisoning. *J Clin Microbiol* 43(8):4277-9. doi:10.1128/JCM.43.8.4277-4279.2005. PMID: 16082000; PMCID: PMC1233987
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Surveillance report
- EFSA (2005): *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. in foodstuffs. 175, 1-48. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2005.175/full>
- 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 (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. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/1376>
- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. *EFSA Journal* 993:1-73. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. *EFSA Journal*, 8(1):1437, [89 pp.]

- EFSA (2011): 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 (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):2897
- 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 (2015): *Echinococcus multilocularis* infection in animal. Panel on Animal Health and Welfare. EFSA Journal 13(12):4373
- EFSA (2016): Scientific opinion on the risks for public health related to the presence of *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. including *Bacillus thuringiensis* in foodstuffs. EFSA Journal 14(7):4524. <http://online.library.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2016.4524/full>
- EFSA (2017): Public health risks associated with hepatitis E virus (HEV) as a food-borne pathogen. EFSA Journal 15(7):4886. <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2017.4886>
- EFSA (2019): Scientific report on the technical specifications on harmonised monitoring of antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from food-producing animals and food. EFSA Journal 2019;17(6):5709, 122 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5709>
- EFSA (2020a): Peer review of the pesticide risk assessment of the active substance *Bacillus thuringiensis* ssp. *aizawai* strain ABTS-1857. EFSA J 18, e06294
- EFSA (2020b): Peer review of the pesticide risk assessment of the active substance *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* strain SA-11. EFSA J 18, e06261
- EFSA (2021a): Peer review of the pesticide risk assessment of the active substance *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* strain ABTS-351. EFSA J 19, e06879
- EFSA (2021b): Peer review of the pesticide risk assessment of the active substance *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* strain EG2348. EFSA J 19, e06495
- EFSA und ECDC (2021): The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. EFSA Journal 2021;19(12):6971
- EFSA und ECDC (2022): The European Union One Health 2021 Zoonoses Report. EFSA Journal 20(12):7666
- EFSA und ECDC (2023): The European Union Summary Report on Antimicrobial Resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2020/2021. EFSA J 21, e07867
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>
- Faber, M., N. Willrich, M. Schemmerer, C. Rauh, R. Kuhnert, K. Stark und J.J. Wenzel (2018): Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population. J Viral Hepat 25, 752-758
- Ferri, G., C. Lauteri, A.R. Festino, A. Piccinini, A. Olivastri und A. Vergara (2022): Hepatitis E Virus Detection in Hunted Wild Boar Liver and Muscle Tissues in Central Italy. Microorganisms, 10(8), art. no. 1628
- Flor, M., A. Käsbohrer, H. Kaspar, B.-A. Tenhagen und J. Wallmann (2019): Beiträge der Arbeitsgruppe Antibiotikaresistenz zur Evaluierung der 16. AMG-Novelle – Themenkomplex 1: Entwicklung der Antibiotikaabgabe- und -verbrauchsmengen sowie der Therapiehäufigkeit, Landwirtschaft, B.f.E.u., ed. (Berlin)
- Flor, M., A. Käsbohrer und B.-A. Tenhagen (2022): Therapiehäufigkeit und Antibiotikaverbrauchsmengen 2018–2021: Entwicklung in zur Fleischerzeugung gehaltenen Rindern, Schweinen, Hühnern und Puten, Bundesinstitut für Risikobewertung, ed. (Berlin), 45
- Flor, M., A. Käsbohrer und B.-A. Tenhagen (2023): Therapiehäufigkeit und Antibiotikaverbrauchsmengen 2022 – Entwicklung in zur Fleischerzeugung gehaltenen Rindern, Schweinen, Hühnern und Puten, Bundesinstitut für Risikobewertung, ed. (Berlin, Bundesinstitut für Risikobewertung), 59
- Frentzel, H., K. Juraschek, N. Pauly, Y. Kelner-Burgos, H. Wichmann-Schauer (2020): Indications of biopesticidal *Bacillus thuringiensis* strains in bell pepper and tomato. Int J Food Microbiol 321, 108542

- 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
- Gambi, L., V. Ravaioli, R. Rossini, V. Tranquillo, A. Boscarino, S. Mattei, M. D'Incau, G. Tosi, L. Fiorentini und A.D. Donato (2022): Prevalence of Different *Salmonella enterica* Subspecies and Serotypes in Wild Carnivores in Emilia-Romagna Region, Italy. *Animals (Basel)* 12
- Ghasemirad, H., N. Bazargan, A. Shahesmaeili und M.F. Harandi (2022): Echinococcosis in immunocompromised patients: A systematic review. *Acta Tropica*, 232, art. no. 106490
- Graeff-Teixeira, C., A.L. Morassutti und K.R. Kazacos (2016): Update on Baylisascariasis, a Highly Pathogenic Zoonotic Infection. *Clinical Microbiology Reviews* 29, 375-399
- Granum, E. und T. Lund (1997): *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Lett* 157: 223-228
- Guerra, B., J. Fischer und R. Helmuth (2014): An emerging public health problem: acquired carbapenemase-producing microorganisms are present in food-producing animals, their environment, companion animals and wild birds. *Veterinary microbiology* 171, 290-297
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Harrison, L.C., T.D.M. Ramos, X. Wu und E. DiCaprio (2021): Presence of hepatitis E virus in commercially available pork products. *International Journal of Food Microbiology*, 339, art. no. 109033
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2020): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2017. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Heddergott, M., P. Steinbach, S. Schwarz, H.E. Anheyer-Behmenburg, A. Sutor, A. Schliephake, D. Jeschke, M. Striese, F. Müller, E. Meyer-Kayser, M. Stubbe, N. Ostensacken, S. Krüger, W. Gaede, M. Runge, L. Hoffmann, H. Ansorge, F.J. Conraths und A.C. Frantz (2020): Geographic distribution of raccoon roundworm, baylisascaris procyonis, Germany and Luxembourg. *Emerging Infectious Diseases*, 26, 821-823
- Herzig, M., P. Maksimov, C. Staubach, T. Romig, J. Knapp, B. Gottstein und F.J. Conraths (2021): Red foxes harbor two genetically distinct, spatially separated *Echinococcus multilocularis* clusters in Brandenburg, Germany. *Parasit Vectors* 14, 535
- Irrgang, A., J. Fischer, M. Grobbel, S. Schmogger, T. Skladnikiewicz-Ziemer, K. Thomas, A. Hensel, B.-A. Tenhagen und A. Käsbohrer (2017): 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
- Jabin, H., G. Correia Carreira, L. Valentin und A. Käsbohrer (2019): The role of parameterization in comparing source attribution models based on microbial subtyping for salmonellosis. *Zoonoses Public Health* 66, 943-960
- Jardine, C.M., D.L. Pearl, K. Puskas, D.G. Campbell, L. Shirose und A.S. Peregrine (2014): The impact of land use, season, age, and sex on the prevalence and intensity of Baylisascaris procyonis infections in raccoons (*Procyon lotor*) from Ontario, Canada. *J Wildl Dis* 50, 784-791
- Jeßberger, N., C. Rademacher, V.M. Krey, R. Dietrich, A.K. Mohr, M.-E. Böhm, S. Scherer, M. Ehling-Schulz und E. Martlbauer (2017): Simulating Intestinal Growth Conditions Enhances Toxin Production of Enteropathogenic *Bacillus cereus*. *Frontiers in Microbiology* 8
- Johne, R., N. Althof, K. Nöckler und A. Falkenhagen (2022): Das Hepatitis-E-Virus – ein zoonotisches Virus: Verbreitung, Übertragungswege und Bedeutung für die Lebensmittelsicherheit. *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz*, 65: 202-208
- Kaase, M. (2012): Carbapenemase bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzentrums für gramnegative Krankenhauserreger. *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz*, 55:1401-1404

- Kaci, S., K. Nöckler und R. Johne (2008): Detection of hepatitis E virus in archived German wild boar serum-samples. *VetMicrobiol* 128: 380–385
- Kamar, N., R. Bendall, F. Legrand-Abravanel, N.-S. Xia, S. Ijaz, J. Izopet und H.R. Dalton (2012): Hepatitis E. *The Lancet*, 379 (9835): 2477–2488
- 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
- Küchle, M., H.L.J. Knorr, S. Medenblik-Frysch, A. Weber, C. Bauer und G.O.H. Naumann (1993): Diffuse unilateral subacute neuroretinitis syndrome in a German most likely caused by the raccoon roundworm, *Baylisascaris procyonis*. *Graefe's Archive for Clinical and Experimental Ophthalmology* 231, 48–51
- 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
- Lipton, B.A., H.N. Oltean, R.B. Capron, A. Hamlet, S.P. Montgomery, R.J. Chancey, V.J.L. Konold und K.E. Steffl (2023): *Baylisascaris procyonis* Roundworm Infection in Child with Autism Spectrum Disorder, Washington, USA, 2022. *Emerg Infect Dis* 29, 1232–1235
- Lombardo, A., G. Brocherel, C. Donnini, G. Fichi, A. Mariacher, E.L. Diaconu, V. Carfora, A. Battisti, N. Cappai, L. Mattioli und C. De Liberato (2022): First report of the zoonotic nematode *Baylisascaris procyonis* in non-native raccoons (*Procyon lotor*) from Italy. *Parasites and Vectors*, 15, art. no. 24
- Lombardo, A., M. Diano, G. Brocherel, L. Palmerini, S. Giovannini, Z. Mezher, M. Iurescia, T. Cerci, A. Caprioli, C. Eleni, C. Raso, A. Mariacher, I. Del Lesto, N. Cappai, L. Mattioli, C. De Liberato, G. Fichi (2023): Detection of Endoparasites in Non-Native Raccoons from Central Italy. *Veterinary sciences* 10
- Loncaric, I., S. Lepuschitz, W. Ruppitsch, A. Trstan, T. Andreadis, N. Bouchlis, H. Marbach, B. Schauer, M.P. Szostak, A.T. Feßler, F. Künzel, T. Licka, B. Springer, F. Allerberger, S. Monecke, R. Ehrlich, S. Schwarz und J. Spersger (2019): Increased genetic diversity of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from companion animals. *Veterinary microbiology* 235, 118–126
- Lorusso, P., E. Bonerba, A. Pandiscia, A. Mottola, A. Di Pinto, R. Piredda und V. Terio (2022): Occurrence of hepatitis E virus (HEV) in Calabrian wild boars. *International Journal of Food Microbiology*, 371, art. no. 1096
- Luna, S., M. Taylor, E. Galanis, R. Asplin, J. Huffman, D. Wagner, L. Hoang, A. Paccagnella, S. Shelton, S. Ladd-Wilson, S. Seelman, B. Whitney, E. Elliot, R. Atkinson, K. Marshall, C. Basler (2018): Outbreak of *Salmonella* Chailey Infections Linked To Precut Coconut Pieces – United States and Canada, 2017. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 67, 1098–1100
- Luo, M., Y. She, Y. Jiang, L. Xie, C. Yang, Y. Qiu, R. Cai, Y. Li, L. Xu, L. Hu, L. Wang, S. Wu, Q. Chen, X. Shi, M. Jiang, Q. Hu (2022): Population dynamics and antimicrobial resistance of *Salmonella* Derby ST40 from Shenzhen, China. *Frontiers in Microbiology* 13
- McLauchlin, J., K.A. Grant und C.F.L. Amar (2020): Human foodborne listeriosis in England and Wales, 1981 to 2015. *Epidemiol Infect* 148, e54
- Messelhäuser, U., E. Frenzel, C. Blöching, R. Zucker, P. Kämpf und M. Ehling-Schulz (2014): Emetic *Bacillus cereus* are more Volatile than Thought: Recent Foodborne Outbreaks and Prevalence Studies in Bavaria (2007–2013). *Biomed Res Int* 2014:1–9
- 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
- Metreveli, M., S. Bulia, L. Tevzadze, S. Tsanova, M. Zarske, J.C. Goenaga, S. Preuß, G. Lomidze, S. Koulouris, P. Imnadze und K. Stingl (2022): Comparison of Antimicrobial Susceptibility Profiles of Thermotolerant *Campylobacter* spp. Isolated from Human and Poultry Samples in Georgia (Caucasus). *Antibiotics* (Basel) 11
- Mughini-Gras, L., J.H. Smid, J.A. Wagenaar, A.G. de Boer, A.H. Havelaar, I.H. Friesema, N.P. French, L. Busani und W. van Pelt (2012): Risk factors for campylobacteriosis of chicken, ruminant, and environmental origin: a combined case-control and source attribution analysis. *Plos One* 7, e42599
- Mughini-Gras, L., C. Penny, C. Ragimbeau, F.M. Schets, H. Blaak, B. Duim, J.A. Wagenaar, A. de Boer, H.M. Cauchie, J. Mossong, W. van Pelt (2016): Quantifying potential sources of surface water contamination with *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*. *Water Res* 101, 36–45

- Mughini-Gras, L., R. Pijnacker, C. Coipan, A.C. Mulder, A. Fernandes Veludo, S. de Rijk, A. van Hoek, R. Buij, G. Muskens, M. Koene, K. Veldman, B. Duim, L. van der Graaf-van Bloois, C. van der Weijden, S. Kuiling, A. Verbruggen, J. van der Giessen, M. Opsteegh, M. van der Voort, G.A.A. Castelijns, F.M. Schets, H. Blaak, J.A. Wagenaar, A.L. Zomer und E. Franz (2021): Sources and transmission routes of campylobacteriosis: A combined analysis of genome and exposure data. *J Infect* 82, 216-226
- Nordhoff, K., M. Scharlach, N. Effelsberg, C. Knorr, D. Rocker, K. Claussen, R. Egelkamp, A.C. Mellmann, A. Moss, I. Müller, S.A. Roth, C. Werckenthin, A. Wöhlke, J. Ehlers und R. Köck (2023): Epidemiology and zoonotic transmission of mcr-positive and carbapenemase-producing Enterobacterales on German turkey farms. *Frontiers in Microbiology* 14
- 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
- Nunes, A., M. Oleastro, F. Alves, N. Liassine, D.M. Lowe, L. Benejat, A. Ducounau, Q. Jehanne, V. Borges, J.P. Gomes, G. Godbole und L. Philippe (2023): Recurrent *Campylobacter jejuni* Infections with In Vivo Selection of Resistance to Macrolides and Carbapenems: Molecular Characterization of Resistance Determinants. *Microbiol Spectr*, e0107023
- O'Hagan, M.J.H., A.V. Pascual-Linaza, C. Couzens, C. Holmes, C. Bell, N. Spence, R.J. Huey, J.A. Murphy, R. Devaney und A. Lahuerta-Marin (2021): Estimation of the Prevalence of Antimicrobial Resistance in Badgers (*Meles meles*) and Foxes (*Vulpes vulpes*) in Northern Ireland. *Frontiers in Microbiology* 12
- Osten-Sacken, N., M. Heddergott, A. Schleimer, H.E. Anheyer-Behmenburg, M. Runge, G.J. Horsburgh, L. Camp, S.A. Nadler und A.C. Frantz (2018): Similar yet different: co-analysis of the genetic diversity and structure of an invasive nematode parasite and its invasive mammalian host. *International Journal for Parasitology*, 48, 233-243
- Otero-Abad, B. und P.R. Torgerson (2013): A Systematic Review of the Epidemiology of Echinococcosis in Domestic and Wild Animals. *PLoS Negl Trop Dis* 7(6): e2249. doi:10.1371/journal.pntd.0002249
- Page, L.K., S.D. Gehrt und N.P. Robinson (2008): Land-use effects on prevalence of raccoon roundworm (*Baylisascaris procyonis*). *J Wildl Dis* 44, 594-599
- Pallerla, S.R., S. Schembecker, C.G. Meyer, L.T.K. Linh, R. Johne, H. Wedemeyer, C.-T. Bock, P.G. Kreamsne, T.P. Velavan (2021): Hepatitis E virus genome detection in commercial pork livers and pork meat products in Germany. *Journal of Viral Hepatitis*, 28: 196-204
- Pauly, N., H. Wichmann-Schauer, B. Ballhausen, N. Torres Reyes, A. Fetsch und B.A. Tenhagen (2019): Detection and quantification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in fresh broiler meat at retail in Germany. *Int J Food Microbiol* 292, 8-12
- Peter, N., D.D. Dörge, S. Cunze, A.V. Schantz, A. Skaljic, S. Rueckert und S. Klimpel (2023): Raccoons contraband – The metazoan parasite fauna of free-ranging raccoons in central Europe. *Int J Parasitol Parasites Wildl* 20, 79-88
- 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
- Pfennigwerth, N. (2018): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhaus-erreger – Zeitraum 1. Januar 2017–31. Dezember 2017. *Epid Bull*; 28:263 – 267 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-034
- Plaza-Rodriguez, C., K. Alt, M. Grobbel, J.A. Hammerl, A. Irrgang, I. Szabo, K. Stingl, E. Schuh, L. Wiehle, B. Pfefferkorn, S. Naumann, A. Kaesbohrer, B.A. Tenhagen (2020): Wildlife as Sentinels of Antimicrobial Resistance in Germany? *Front Vet Sci* 7, 627821
- Posada-Izquierdo, G.D., F.N. Arroyo-López, A. Valero, A. Benítez-Cabello, F. Rodríguez-Gómez, R. Jiménez-Díaz und R.M. García-Gimeno (2023): Assessing *Listeria monocytogenes* growth during Spanish-style green table olive fermentation. *Food Control* 145, 109489

- Rafei, R., I. Al Kassaa, M. Osman, F. Dabboussi und M. Hamze (2019): Molecular epidemiology of *Campylobacter* isolates from broiler slaughterhouses in Tripoli, North of Lebanon. *Br Poult Sci* 60(6):675-682
- Raymond, B. und B.A. Federici (2017): In defense of *Bacillus thuringiensis*, the safest and most successful microbial insecticide available to humanity – a response to EFSA. *FEMS Microbiol Ecol* 93(7)
- Renteria Solis, Z., S. Birka, R. Schmäscke, N. Król, A. Obiegala (2018): First detection of *Baylisascaris procyonis* in wild raccoons (*Procyon lotor*) from Leipzig, Saxony, Eastern Germany. *Parasitology Research*, 11, 3289-3292
- Renteria Solis, Z., E. Meyer-Kayser, A. Obiegala, F. Ackermann, N. Król und S. Birka (2020): *Cryptosporidium* sp. skunk genotype in wild raccoons (*Procyon lotor*) naturally infected with *Baylisascaris procyonis* from Central Germany. *Parasitology International* 79, 102159. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2020.102159>
- 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 (2002): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2001. RKI Berlin
- RKI (2005): Echinokokkose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Echinokokkose.html;jsessionid=4300C-4C30C1A1D71F4E577449D8EB65D.internet062
- RKI (2010): Listeriose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Listeriose.html
- 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): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 25, 213-225
- RKI (2016b): Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Staphylokokken_MRSA.html
- RKI (2018a): *Campylobacter*-Enteritis, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Campylobacter.html#doc-2374558bodyText27
- RKI (2019a): Salmonellose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Salmonellose.html#doc2374560bodyText7
- RKI (2019b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2020): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2021): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2020. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2022): *Epidemiologisches Bulletin* 1/2022. www.rki.de/epidbull
- Robbins, W.T., O. Galeuzzi, K. Graham, S.J. Greenwood, M.E.B. Jones, M. Buote und G.A. Conboy (2022): *Echinococcus multilocularis* infection in a red fox (*Vulpes vulpes*) on Prince Edward Island, Canada. *The Canadian veterinary journal* 63, 962-966
- 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
- Rouzeau-Szynalski, K., K. Stollewerk, U. Messelhauser, M. Ehling-Schulz (2020): Why be serious about emetic *Bacillus cereus*: Cereulide production and industrial challenges. *Food Microbiology* 85
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading__1533_1257451891
- Salazar, J.K., S.N. Sahu, I.M. Hildebrandt, L. Zhang, Y. Qi, G. Liggins, A.R. Datta und M.L. Tortorello (2017): Growth Kinetics of *Listeria monocytogenes* in Cut Produce. *J Food Prot* 80, 1328–1336
- Sapp, S.G., L.N. Rascoe, P.P. Wilkins, S. Handali, E.B. Gray, M. Eberhard, D.M. Woodhall, S.P. Montgomery, K.L. Bailey, E.W. Lankau und M.J. Yabsley (2016): *Baylisascaris procyonis* Roundworm Seroprevalence among Wildlife Rehabilitators, United States and Canada, 2012–2015. *Emerg Infect Dis* 22, 2128–2131
- Schwarz, S., A. Sutor, R. Mattis und F.J. Conraths (2015): The raccoon roundworm (*Baylisascaris procyonis*) – No zoonotic risk for Brandenburg? *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*, 128, 34–38
- Shiota, M., K. Saitou, H. Mizumoto, M. Matsusaka, N. Agata, M. Nakayama, M. Kage, S. Tatsumi, A. Okamoto, S. Yamaguchi, M. Ohta und D. Hata (2010): Rapid Detoxification of Cereulide in *Bacillus cereus* Food Poisoning. *Pediatrics* 125, E951–E955
- Statista (2023): Schlachtmenge von Enten in Deutschland in den Jahren 2010 bis 2022. <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/162601/umfrage/schlachtmenge-in-gefluegelschlachtereien-von-enten-in-deutschland/>
- Stenfors Arnesen, L.P., A. Fagerlund und P.E. Granum (2008): From soil to gut: *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Rev.* 2008 32, 579–606
- Tenhagen, B.A., K. Alt, A. Kasbohrer, C. Kollas, B. Pfefferkorn, S. Naumann, L. Wiehle, M. Thieck und K. Stingl (2020): Comparison of Antimicrobial Resistance of Thermophilic *Campylobacter* Isolates from Conventional and Organic Turkey Meat in Germany. *Foodborne Pathog Dis* 17, 750–757
- Tenhagen, B.A., M. Flor, K. Alt, M.T. Knüver, C. Buhler, A. Käsbohrer und K. Stingl (2021): Association of Antimicrobial Resistance in *Campylobacter* spp. in Broilers and Turkeys with Antimicrobial Use. *Antibiotics (Basel)* 10(6)
- Torgerson, P.R., K. Keller, M. Magnotta und N. Ragland (2010): The global burden of alveolar echinococcosis. *PLoS Negl Trop Dis* 4(6): e722. doi:10.1371/journal.pntd.0000722
- Tsergouli, K., T. Karampatakis, K. Kontopoulou, S. Pappa, P. Kampouridou, G. Kallasidou, K. Tsioka, S. Zotou, E.-E. Farmaki, C. Kotzamanidis und A. Papa (2022): Spa diversity and genetic characterization of t127 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in a tertiary Greek hospital. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica* 69, 185–192
- Uhlig, E., C. Olsson, J. He, T. Stark, Z. Sadowska, G. Molin, S. Ahrné, B. Alsanius und Å. Håkansson (2017): Effects of household washing on bacterial load and removal of *Escherichia coli* from lettuce and "ready-to-eat" salads. *Food Sci Nutr* 5, 1215–1220
- 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
- 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
- Vollmer, T., J. Diekmann, C. Knabbe und J. Dreier (2019): Hepatitis E virus blood donor NAT screening: as much as possible or as much as needed? *Transfusion* 59, 612–622
- Vossenkuhl, B., J. Brandt, A. Fetsch, A. Kasbohrer, B. Kraushaar, K. Alt und B.A. Tenhagen (2014): Comparison of spa Types, SCCmec Types and Antimicrobial Resistance Profiles of MRSA Isolated from Turkeys at Farm, Slaughter and from Retail Meat Indicates Transmission along the Production Chain. *Plos One* 9, e96308
- Wainaina, L., A. Merlotti, D. Remondini, C. Henri, T. Hald und P.M.K. Njage (2022): Source Attribution of Human *Campylobacteriosis* Using Whole-Genome Sequencing Data and Network Analysis. *Pathogens (Basel, Switzerland)* 11

- Wassenaar, T.M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. Arch. Lebensmittelhyg. 61, 85-90
- Weese, J.S., B.P. Avery und R.J. Reid-Smith (2010): Detection and quantification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) clones in retail meat products. Lett Appl Microbiol 51, 338-342
- Weigand K., K. Weigand, M. Schemmerer, M. Müller und J. Wenzel (2018): Hepatitis E seroprevalence and Genotyping in a cohort of wild boars in southern Germany and eastern Alsace. Food Environ Virol 10: 167-175
- Weinstein, S.B., C.M. Lake, H.M. Chastain, D. Fisk, S. Handali, P.L. Kahn, S.P. Montgomery, P.P. Wilkins, A.M. Kuris und K.D. Lafferty (2017): Seroprevalence of *Baylisascaris procyonis* Infection among Humans, Santa Barbara County, California, USA, 2014-2016. Emerg Infect Dis 23, 1397-1399
- Werner, G., M. Abu Sin, C. Bahrs, S. Brogden, A.T. Feßler, S. Hagel, H. Kaspar, R. Köck, L. Kreienbrock, H. Krüger-Haker, F. Maechler, I. Noll, M.W. Pletz, B.A. Tenhagen, S. Schwarz, B. Walther und M. Mielke (2023). Therapy-relevant antibiotic resistances in a One Health context. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 66, 628-643
- Wijnands, L.M., J.B. Dufrenne, F.M. van Leusden, T. Abee (2007): Germination of *Bacillus cereus* spores is induced by germinants from differentiated Caco-2 cells, a human cell line mimicking the epithelial cells of the small intestine. Applied and Environmental Microbiology 73, 5052-5054
- Wilhelm, B.J., D. Leblanc, B. Avery, D.L. Pearl, A. Houde, A. Rajić, S.A. McEwen (2016): Factors Affecting Detection of Hepatitis E Virus on Canadian Retail Pork Chops and Pork Livers Assayed Using Real-Time RT-PCR. Zoonoses Public Health 63, 152-159
- Wulsten et al. (2020): Underestimated Survival of *Campylobacter* in Raw Milk Highlighted by Viability Real-Time PCR and Growth Recovery. Front. Microbiol. 11:1107. doi: 10.3389/fmicb.2020.01107
- 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
- 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 und Preceding *Campylobacter jejuni* Infection. Foodborne Pathog Dis 7:913-919

