



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



BVL-Report · 12.2 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2016



IMPRESSUM

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

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

© 2017 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

Herausgeber:	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Dienststelle Berlin Mauerstraße 39-42, D-10117 Berlin
Schlussredaktion:	Doris Schemmel, Nina Banspach (BVL, Pressestelle)
Koordination:	Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 106)
Redaktionsgruppe:	Dr. Katja Alt (BfR), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 106), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 106), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR), Lars Wiehle (BVL, Ref. 109)
ViSdP:	Nina Banspach (BVL, Pressestelle)
Umschlaggestaltung:	Fink & Fuchs AG, Wiesbaden
Titelbild:	© Bioland Frischgeflügel Roth GbR
Satz:	Fink & Fuchs AG, Wiesbaden

Berichte zur Lebensmittelsicherheit

Zoonosen-Monitoring 2016

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 2016.....	3
3.3	Untersuchungsmethoden.....	8
3.3.1	Erregernachweis	8
3.3.2	Resistenztestung.....	11
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung	13
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse.....	13
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	15
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	16
4.1	<i>Salmonella</i> spp.	16
4.1.1	Einleitung	16
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	17
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	18
4.2	<i>Campylobacter</i> spp.....	20
4.2.1	Einleitung	20
4.2.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	20
4.2.3	Ergebnisse der Typisierung.....	22
4.3	<i>Listeria monocytogenes</i>	23
4.3.1	Einleitung	23
4.3.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	24
4.3.3	Ergebnisse der Typisierung.....	24
4.4	Verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (VTEC).....	25
4.4.1	Einleitung	25
4.4.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	25
4.4.3	Ergebnisse der Typisierung.....	26
4.5	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	27
4.5.1	Einleitung	27
4.5.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	28
4.5.3	Ergebnisse der Typisierung	29
4.6	Präsumtive <i>Bacillus cereus</i>	30
4.6.1	Einleitung	30
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	30
4.6.3	Ergebnisse der Typisierung	31
4.7	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	31
4.7.1	Einleitung	31
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	31

4.8	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen- (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen- (AmpC) bildende <i>E. coli</i>	32
4.8.1	Einleitung	32
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	32
4.8.3	Ergebnisse der Typisierung	34
4.9	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	35
4.9.1	Einleitung	35
4.9.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung	35
5	Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern	36
5.1	<i>Salmonella</i> spp.	36
5.2	<i>Campylobacter</i> spp.	39
5.3	Verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (VTEC)	42
5.4	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	43
5.5	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	44
5.6	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	49
6	Bewertung der Ergebnisse	51
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen	64
8	Literaturquellen	71

Einleitung

1

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

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

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

Rechtliche Grundlagen und Ziele

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

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

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

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

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

Material und Methoden

3.1 Organisation und Durchführung

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

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

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

3.2 Zoonosen-Stichprobenplan 2016

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2016 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, der freien Wildbahn, Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen, Einfuhrstellen und dem Einzelhandel vor. Des Weiteren sollten Proben bei der Anlandung von Fischereierzeugnissen genommen werden. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelt es sich zum einen um die klassischen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC) und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), kommensale *Escherichia (E.) coli*, Extended-Spectrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-*E. coli*) sowie Carbapenemase-bildende *E. coli* und präsumtive *Bacillus cereus*. Auf freiwilliger Basis sollten zudem Untersuchungen auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis* durchgeführt werden. Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den beprobten Waren um Verpackungen für den End-

verbraucher handelte. Dies galt aber nicht für Proben von Hähnchen- und Putenfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU ausschließlich aus dem Einzelhandel stammen sollten. Auf der Ebene des Einzelhandels konnten auch importierte Lebensmittel berücksichtigt werden, wenn sie den Kriterien des Zoonosen-Stichprobenplans entsprachen. Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Matrices von unterschiedlichen Stufen der Lebensmittelketten auf Bundesebene. Für die Probenahmen wurden jeweils die am besten geeigneten Stufen der Lebensmittelkette ausgewählt. Die Untersuchungen von Proben aus Erzeugerbetrieben zielten darauf ab, den Eintrag der Erreger in die nachgelagerten Schlachtbetriebe abzuschätzen. Probenahmen aus Schlachtbetrieben zu Beginn oder während des Schlachtprozesses zielten darauf ab, das Vorkommen der Erreger in der Primärproduktion bzw. den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Mit der Beprobung am Ende des Schlachtprozesses (nach der Kühlung und vor der Weiterverarbeitung) sollte die Beurteilung der Übertragung der Erreger auf das Fleisch und in die weitere Verarbeitung ermöglicht werden. Durch die Beprobung von Einfuhrstellen sollte der Kontaminationsstatus abgeschätzt werden, mit dem das Lebensmittel nach Deutschland gelangt. Die Untersuchungen im Einzelhandel waren darauf ausgerichtet, abzuschätzen, wie häufig kontaminierte Lebensmittel zum Verbraucher gelangen. Die Untersuchungen von Proben aus Mischfuttermittelwerken zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit den Erregern und den möglichen Eintrag in die Tierbestände zu beurteilen. Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und VTEC erfolgen im Zoonosen-Monitoring, weil es sich bei diesen Bakterien um bedeutende über Lebensmittel übertragbare Zoonoseerreger handelt, die im Anhang I Teil A der Richtlinie 2003/99/EG als überwachungspflichtige Erreger aufgelistet sind. Die Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA im Rahmen des Zoonosen-Monitorings dienen dazu, die Verbreitung von MRSA in den Lebensmittelketten zu beobachten und das Vorkommen neuer Stämme oder human-adaptierter Stämme in der Lebensmittelproduktion frühzeitig zu erkennen. Auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carba-penemase-bildenden *E. coli* wird im Zoonosen-Monitoring untersucht, um die Ausbreitung dieser resistenten Keime zu beobachten. Außerdem soll das Auftreten von neuen Resistenzen frühzeitig erkannt werden. Untersuchungen zu kommensalen *E. coli* werden im Zoonosen-Monitoring durchgeführt, um ergänzend zu den Zoonoseerregern auch die Resistenzsituation bei diesen Kommensalen zu überwachen, da sie als Indikatorkeime für den vorliegenden Selektionsdruck gelten. Für den

gesundheitlichen Verbraucherschutz sind sie von besonderem Interesse, weil sie ein Reservoir von Resistenzgenen bzw. Resistenzmechanismen darstellen, die im Zuge des horizontalen Gentransfers auf andere, auch pathogene Keime übertragen werden können. Ziel dieser regelmäßigen Untersuchungen von kommensalen *E. coli* hinsichtlich ihrer Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ist das Erkennen von Entwicklungstendenzen und neu auftretenden Resistenzen. Außerdem sollte bei den im Zoonosen-Monitoring 2016 zu beprobenden frischen Sprossen eine quantitative Untersuchung auf kommensale *E. coli* durchgeführt werden, um die Belastung mit diesen Keimen, die auch als Hygieneindikator angesehen werden, abschätzen zu können. Im Zoonosen-Monitoring 2016 erfolgte erstmalig auf freiwilliger Basis eine Untersuchung von Proben auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis*, um verstärkt die Resistenzsituation auch bei grampositiven Erregern zu untersuchen. Die Untersuchungen auf *Bacillus cereus*, der nicht als Zoonoseerreger gilt, dienten dazu, die Verbreitung dieses Erregers in pflanzlichen Lebensmitteln abzuschätzen.

Der Probenumfang wurde so gewählt, dass mit einer akzeptablen Genauigkeit und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % die Prävalenz des Erregers geschätzt werden kann. Für einige Programme wurde kein Probenumfang vorgegeben, sondern nur eine maximale Probenzahl bzw. Anzahl der Isolate für die Resistenztestung festgelegt. Für freiwillige Programme wurde ein unverbindlicher Untersuchungsumfang vorgeschlagen. Für die Programme, deren Stichprobenumfang auf $n = 384$ festgelegt wurde, wurde der Berechnung eine Prävalenz von 50 % bei einer Genauigkeit von $\pm 5\%$ und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zugrunde gelegt. Bei der Festlegung des Probenumfangs wurden auch die Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU berücksichtigt. Dieser schreibt vor, dass jeweils 170 Isolate von *Campylobacter jejuni* für die Resistenztestung gewonnen werden sollen. Bei der Berechnung des entsprechenden Probenumfangs wurden die Ergebnisse aus dem Zoonosen-Monitoring 2014 zugrunde gelegt. Der Beschluss 2013/652/EU schreibt zudem vor, dass jeweils 300 Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof sowie 300 Proben von Hähnchenfleisch im Einzelhandel auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* untersucht werden sollen. Des Weiteren sollen 300 Proben von Putenfleisch im Einzelhandel auf die Prävalenz von Carba-penemase-bildenden *E. coli* untersucht werden. Bei der Berechnung des Probenumfangs für die Gewinnung von kommensalen *E. coli* für die Resistenzbestimmung wurden die Vorschläge der EFSA bzw. der Europäischen Kommission, je Herkunft 170 Isolate zu untersuchen, berücksichtigt. Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern er-

folgte bei den Programmen, für die ein Probenumfang festgelegt wurde, auf Ebene der Erzeugerbetriebe anteilig nach der Zahl der gehaltenen Tiere bzw. Haltungsplätze für die betreffende Tierart und auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachtierzahlen der jeweiligen Tierart, wobei ausschließlich die in Deutschland gemästeten und geschlachteten Tiere berücksichtigt werden sollten. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölke-

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

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2016 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2016.

Tab. 3.1 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2016 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	Untersuchungszahlen									
		<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	VTEC	MRSA	<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>	Kommensale <i>E. coli</i>	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	Präsumtive <i>Bacillus cereus</i>
Erzeugerbetrieb	Masthähnchen (konv.) ¹ :										
	Kot							#	#	# ⁶	
	Staubtupfer						#				
	Hauttupfer						#				
	Masthähnchen (ökol.) ¹ :										
	Kot							##	##	## ⁶	
	Staubtupfer						##	-			
	Hauttupfer						##				
	Mastputen ¹ :										
Kot								#			
zweischalige Weichtiere (Muscheln, dt. Herkunft, frisch, lebend, bei der Anlandung)								#			
Einfuhrstelle	zweischalige Weichtiere (Muscheln, dt. Herkunft, frisch, lebend, bei der Anlandung)							#			
Schlachthof	Masthähnchen:										
	Kot aus Blinddärmen	384	577				384 ⁵	204	298	298	
	Halshaut	384 ²	384 ⁴								
	Mastputen:										
Kot aus Blinddärmen	384	548				384 ⁵	204	299	299		
Halshaut	384 ²										
Futtermittelbetrieb	Mischfuttermittel (für Legehennen)	120									
Wildbahn	Wildschwein ³ :										
	Nasentupfer						#				
	Kot	#			#			#	#		
Einzelhandel	Hähnchenfleisch:										
	frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384			384		384	384	384	
	Putenfleisch:										
	frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384			384		384	384	384	
	pflanzliche Lebensmittel:										
	Tomaten (Cocktail/Cherry)	384		384	384			384	384		#
pflanzliche Lebensmittel:											
Sprossen (frisch)	384		384 ⁷	384			384 ⁸	384		384	
zweischalige Weichtiere (Muscheln, frisch, lebend)							384				

Ein Probenumfang wird nicht vorgegeben; eine maximale Probenzahl wird für jedes Land festgelegt.

Alle Betriebe mit mindestens 1000 Haltungsplätzen für Masthähnchen sollen beprobt werden.

¹ Es dürfen Proben genutzt werden, die im Rahmen der Salmonella-Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnungen (EG) Nr. 200/2012 (Masthähnchen) bzw. 1190/2012 (Puten) entnommen wurden. Unter ökologisch haltenden Betrieben werden solche verstanden, die gemäß Verordnung (EG) 834/2007 produzieren.

² Diese Proben werden ergänzt um Salmonella-Isolate, die im Rahmen der Durchführung der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 (mikrobiologische Kriterien) gewonnen wurden.

³ Gejagtes Wild.

⁴ Quantitative Untersuchung auf *Campylobacter* spp.

⁵ Die Untersuchung auf *Enterococcus faecium/faecalis* ist freiwillig.

⁶ Selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende *E. coli* ist freiwillig.

⁷ Qualitative und quantitative Untersuchung auf *Listeria monocytogenes*.

⁸ Quantitative Untersuchung auf *E. coli*.

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2016 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
Erzeugerbetrieb	
Masthähnchen, konventionell (Kot)	kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Masthähnchen, konventionell (Staub- und Hauttupfer)	MRSA
Masthähnchen, ökologisch (Kot)	kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Masthähnchen, ökologisch (Staub- und Hauttupfer)	MRSA
Mastputen (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
zweischalige Weichtiere (Muscheln) bei der Anlandung	kommensale <i>E. coli</i>
Einfuhrstelle	
zweischalige Weichtiere (Muscheln) bei der Anlandung	kommensale <i>E. coli</i>
Schlachthof	
Masthähnchen (Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> , kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Masthähnchen (Halshaut)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp.
Mastputen (Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., <i>Enterococcus faecium/faecalis</i> , kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Mastputen (Halshaut)	<i>Salmonella</i> spp.
Futtermittelbetrieb	
Mischfuttermittel für Legehennen	<i>Salmonella</i> spp.
Freie Wildbahn	
Wildschweine (Kot)	<i>Salmonella</i> spp., VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
Wildschweine (Nasentupfer)	MRSA
Einzelhandel	
frisches Hähnchenfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
frisches Putenfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> , Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
Tomaten	<i>Salmonella</i> spp., VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
frische Sprossen	<i>Salmonella</i> spp., VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
zweischalige Weichtiere (Muscheln)	kommensale <i>E. coli</i>

Salmonella spp.

In Mischfuttermittelwerken sollten Alleinfuttermittel für Legehennen für die Untersuchung auf das Vorkommen von Salmonellen gewonnen werden, wobei die Probenahme unmittelbar vor der Abgabe erfolgen sollte. Dieses Programm ist auf zwei Jahre ausgelegt und wird im Zoonosen-Monitoring 2017 fortgeführt. Die Berichterstattung erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2017. An Schlachthöfen sollten von Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von 10 Tieren und die Haut eines Schlachtkörpers auf das Vorkommen von *Salmonella* spp. untersucht werden. Die Schlachtkörper- und Blinddarmproben sollten derselben Schlachtcharge

entnommen werden, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Ergänzend sollte hierzu auf der Ebene des Einzelhandels frisches, gekühltes, nicht tiefgefrorenes Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. beprobt werden. Von Wildschweinen, die in der freien Natur erlegt wurden, sollten Kotproben für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. gewonnen werden. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. gewonnen werden. Bei der Beprobung von Tomaten

sollten bevorzugt kleine Früchte (z. B. Cherrytomaten, Cocktailtomaten) ausgewählt werden.

***Campylobacter* spp.**

An Schlachthöfen sollten von Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von 10 Tieren und von Masthähnchen zusätzlich die Haut eines Schlachtkörpers auf das Vorkommen von *Campylobacter* spp. untersucht werden. Die Schlachtkörper- und Blinddarmproben von Masthähnchen sollten derselben Schlachtcharge entnommen werden, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Bei den Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern sollte neben der Prävalenzuntersuchung auch eine Keimzahlbestimmung von *Campylobacter* spp. durchgeführt werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel erfolgen.

Listeria monocytogenes

Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* gewonnen werden. Bei der Beprobung von Tomaten sollten bevorzugt kleine Früchte (z. B. Cherrytomaten, Cocktailtomaten) ausgewählt werden. Bei den Proben von Sprossen sollte zusätzlich eine Keimzahlbestimmung von *Listeria monocytogenes* erfolgen.

Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Von in der freien Wildbahn erlegten Wildschweinen sollten Kotproben für die Untersuchung auf VTEC gewonnen werden. Weiterhin sollten Untersuchungen von Proben von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten auf VTEC erfolgen. Bei der Beprobung von Tomaten sollten bevorzugt kleine Früchte (z. B. Cherrytomaten, Cocktailtomaten) ausgewählt werden.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Masthähnchenbetrieben Staub- und Hauttupfer entnommen und auf MRSA untersucht werden. Die Probenahme sollte innerhalb von drei Wochen vor dem Transport zur Schlachtung erfolgen. Hierbei sollten konventionelle und ökologische Masthähnchenbetriebe in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von MRSA zu erfassen. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von

frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel erfolgen. Des Weiteren sollten Nasentupfer von in der freien Wildbahn erlegten Wildschweinen sowie Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Putenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel auf MRSA untersucht werden.

Enterococcus faecium/faecalis

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten an Schlachthöfen aus dem Blinddarminhalt von jeweils 10 Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge Isolate von *Enterococcus faecium/faecalis* gewonnen werden.

Kommensale *Escherichia coli*

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten auf der Ebene der Primärproduktion in Masthähnchen- und Mastputenbetrieben Isolate von kommensalen *E. coli* aus Kotproben gewonnen werden. Bei Masthähnchenbetrieben sollten konventionelle und ökologische Haltungen in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen in der Verbreitung von Antibiotikaresistenzen bei kommensalen *E. coli* zu erfassen. Ergänzend hierzu sollten an Schlachthöfen Isolate von kommensalen *E. coli* aus dem Blinddarminhalt von jeweils 10 Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge und im Einzelhandel von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut gewonnen werden. Des Weiteren sollten Isolate von kommensalen *E. coli* aus dem Kot von in der freien Wildbahn erlegten Wildschweinen und frischen, lebenden zweischaligen Weichtieren (Muscheln) auf ihre Resistenz gegenüber Antibiotika untersucht werden. Dabei sollten zweischalige Weichtiere aus deutschen Küstengewässern bei der Anlandung sowie importierte bzw. einheimische Ware von Einfuhrstellen und aus dem Einzelhandel beprobt werden. Im Einzelhandel sollten weiterhin Isolate von kommensalen *E. coli* von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten für die Untersuchung auf Antibiotikaresistenzen gewonnen werden. Bei den Proben von Sprossen aus dem Einzelhandel sollte zudem eine quantitative Untersuchung auf kommensale *E. coli* erfolgen, um die Belastung mit diesem Indikator fäkaler Verunreinigung abschätzen zu können.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten Kotproben aus Masthähnchenbetrieben auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* untersucht werden. Bei Masthähnchenbetrieben sollten konventionelle

und ökologische Haltungen in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* zu erfassen. An Schlachthöfen sollte bei Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils 10 Tieren auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel erfolgen. Von Wildschweinen, die in der freien Wildbahn erlegt wurden, sollten Kotproben für die Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gewonnen werden. Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten für die Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gewonnen werden. Bei der Beprobung von Tomaten sollten bevorzugt kleine Früchte (z. B. Cherrytomaten, Cocktailtomaten) ausgewählt werden.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

In Masthähnchenbetrieben wurden Kotproben für die Untersuchung auf das Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* gewonnen. Dabei sollten konventionelle und ökologische Haltungen in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* zu erfassen. An Schlachthöfen sollte bei Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils 10 Tieren auf Carbapenemase-bildenden *E. coli* untersucht werden. Ergänzend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel auf das Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* erfolgen.

Präsumtive *Bacillus cereus*

Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von losen oder abgepackten frischen Sprossen und von aus Deutschland sowie aus anderen Ländern stammenden Tomaten für die Untersuchung auf präsumtive *Bacillus cereus* gewonnen werden. Bei der Beprobung von Tomaten sollten bevorzugt kleine Früchte (z. B. Cherrytomaten, Cocktailtomaten) ausgewählt 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 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 2016 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.	EN/ISO 6579:2002 + A1:2007 Anhang D (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben) • zumindest Serovarbestimmung	• Kot von Wildschweinen • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof
	EN/ISO 6579:2002 (ASU § 64 LFGB, L00.00-20) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben) • zumindest Serovarbestimmung	• Mischfuttermittel für Legehennen • Halshaut von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof • frisches Hähnchen- und Putenfleisch • Tomaten (Cocktail/Cherry) • Sprossen (frisch)
<i>Campylobacter</i> spp.	ISO 10272-1B:2013, Anreicherung in Preston (Anhang 2, wie ZSP 2015) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung zumindest Speziesbestimmung)	• frisches Hähnchen- und Putenfleisch
	ISO 10272-2:2006: Durchführung der ersten Schritte als verkürzte Methode zum Direkt-nachweis – den Kot mit Peptonwasser oder PBS aufschwimmen (Volumen variabel ca. 1:2) und davon eine 1:10 Verdünnung anfertigen. Verdünnung auf mCCDA (3-fach Ösenaustrich) und qual. Nachweis von <i>Campylobacter</i> (bzw. ISO 10272-1C:2013, Entwurf) zumindest Speziesbestimmung	• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof
	ISO 10272-2:2006 (Quantifizierung) (modifiziert wie für Grundlagenstudie gem. Entscheidung 2007/515/EG) zumindest Speziesbestimmung	• Halshaut von Masthähnchen am Schlachthof
<i>Listeria monocytogenes</i>	EN/ISO 11290-1 (Nachweis) (ASU § 64 LFGB, L 00.00-32) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren)	• Tomaten (Cocktail/Cherry) • Sprossen (frisch)
	EN/ISO 11290-1 (Nachweis) (ASU § 64 LFGB, L 00.00-32) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren) EN/ISO 11290-2 (Quantifizierung) (ASU § 64 LFGB, L 00.00-22)	• Sprossen (frisch)
Verotoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (VTEC)	folgende Methoden können eingesetzt werden: • ASU § 64 LFGB L 00.00-150 2014 (nach ISO/TS 13136: 2012) • Nachweis von Shigatoxin-bildenden <i>E. coli</i> (STEC) in frischen pflanzlichen Lebensmitteln mittels Real-time PCR • ASU § 64 LFGB, L00.00-92 2006-12 (nach DIN 10118) • ASU § 64 LFGB L07.18-1 2002-05 • Protokoll zur Isolierung von Shigatoxin-bildenden <i>E. coli</i> (STEC) nach Identifikation mittels <i>stx</i> -PCR • Real-time PCR-Systeme zum Nachweis der Shigatoxin-Gene <i>stx1</i> und <i>stx2</i> und des Intimin-Gens <i>eae</i>	• Kot von Wildschweinen • Tomaten (Cocktail/Cherry) • Sprossen (frisch)

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	Nach Methodenvorschrift BfR, Fassung vom 29.07.2014 (Hinweis: Vorschrift enthält inhaltlich keine Änderungen zum Zoonosen-Stichprobenplan 2015, wurde aber ergänzt um spezielle Hinweise zu den Programmen Zoonosen-Stichprobenplan 2016). Hinweis: Mit dieser Methode werden MRSA-verdächtige <i>Staphylococcus aureus</i> nachgewiesen. Der endgültige Nachweis von MRSA erfolgt durch den Nachweis der Kombination eines speziesspezifischen Gens mit dem Resistenzgen*.	<ul style="list-style-type: none"> • Staub und Hauttupfer aus ökologischen und konventionellen Erzeugerbetrieben von Masthähnchen • Nasentupfer von Wildschweinen • frisches Hähnchen- und Putenfleisch
Kommensale <i>E. coli</i>	<p>Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben; für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen; für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode.</p> <p>Für die Untersuchung von zweischaligen Weichtieren (Muscheln) wird die Anwendung der Leitlinie des EURL empfohlen: European Union Reference Laboratory for monitoring bacteriological and viral contamination of bivalve molluscs. Generic Protocol. Enumeration of <i>Escherichia coli</i> in bivalve molluscan shellfish by the most probable number (MPN) technique (based on ISO 16649-3).</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Kot aus ökologischen und konventionellen Erzeugerbetrieben von Masthähnchen • Kot aus Erzeugerbetrieben von Mastputen • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof • Kot von Wildschweinen • frisches Hähnchen- und Putenfleisch • Tomaten (Cocktail/Cherry) • zweischalige Weichtiere (Muscheln)
	quantitatives Verfahren nach ASU § 64 LFGB (L00.00-132/1 L00.00-132/2), ISO 16649 Teil 1 oder ISO 16649 Teil 2 oder vergleichbare akkreditierte Methode.	<ul style="list-style-type: none"> • Sprossen (frisch)
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AMR). Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode.	<ul style="list-style-type: none"> • Kot aus ökologischen und konventionellen Erzeugerbetrieben von Masthähnchen • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof • Kot von Wildschweinen • frisches Hähnchen- und Putenfleisch • Tomaten (Cocktail/Cherry) • Sprossen (frisch)
Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AMR)	<ul style="list-style-type: none"> • Kot aus ökologischen und konventionellen Erzeugerbetrieben von Masthähnchen • Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof • frisches Hähnchen- 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 am Schlachthof
Präsumtive <i>Bacillus cereus</i>	ASU § 64 LFGB, L00.00-33 2006-09 (nach DIN EN ISO 7932)	<ul style="list-style-type: none"> • Tomaten (Cocktail/Cherry) • Sprossen (frisch)

* Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate (87,7 %) wird im vorliegenden Bericht jeweils über MRSA berichtet, obwohl die Länder MRSA-verdächtige Befunde melden.

3.3.2 Resistenztestung

Alle für diesen Bericht ausgewählten Isolate von *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli*, *Escherichia coli* (Kommensale und VTEC), Enterokokken sowie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten, quantitativen Verfahren für die Resistenzbestimmung (Bouillonmikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2006 bzw. CLSI Mo7-A10) im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Antibiotikaresistenz, im NRL für Koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* bzw. im NRL für *Campylobacter* untersucht.

Die Isolate wurden dem am BfR etablierten Untersuchungsspektrum antimikrobieller Substanzen unterzogen. Hierfür wurden die fertig konfektionierten Plattenformate EUVSEC und EUVSEC₂ (*Salmonella*

spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken), EUCAMP₂ (*Campylobacter* spp.) und EUST (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems verwendet.

Die Testung auf Resistenzen erfolgte auf Basis des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU, in dem einheitliche Untersuchungsverfahren, zu testende Wirkstoffe sowie die Bewertungskriterien weitgehend festgelegt sind. Soweit dort keine epidemiologischen Cut-Off-Werte beschrieben wurden, erfolgte die Bewertung anhand der Kriterien der EFSA in Abstimmung mit dem EURL-AR.

Die Testung von MRSA auf Resistenzen erfolgte auf Basis der Empfehlungen der EFSA (EFSA 2012).

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 2016. Die Bewertung erfolgte soweit möglich auf Grundlage des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU.

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	Gentamicin	2	2	0,25	32
Amphenicole	Chloramphenicol	16	16	2	64
Cephalosporine	Cefotaxim	0,5	0,25	0,06	4
	Ceftazidim	2	0,5	0,25	16
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	16	16	4	64
	Ciprofloxacin	0,06	0,06	0,008	8
Aminopenicilline	Ampicillin	8	8	0,5	32
Polymyxine	Colistin	2	2	2	4
Folatsynthesehemmer	Sulfamethoxazol	256 ^a	64	8	1024
	Trimethoprim	2	2	0,5	32
Tetrazykline	Tetrazyklin	8	8	1	64
Azalide	Azithromycin	16 ^a	16 ^a	2	64
Carbapeneme	Meropenem	0,125	0,125	0,03	16
Glycylzykline	Tigecyclin	1	1	0,25	8

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

Tab. 3.5 Resistenztestung von *Campylobacter* spp. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2016. Die Bewertung erfolgte auf Grundlage des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU.

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

* Cut-Off Werte für *C. jejuni*

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

Tab. 3.6 Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2016 *

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

* Werte seit 2013 unverändert

Tab. 3.7 Resistenztestung von Enterokokken. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2016. Die Bewertung erfolgte auf Grundlage des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU.

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	32	32	8	1024
Amphenicole	Chloramphenicol	32	32	4	128
Fluorchinolone	Ciprofloxacin	4	4	0,12	16
Aminopenicilline	Ampicillin	4	4	0,5	64
Tetrazykline	Tetrazyklin	4	4	1	128
Makrolide	Erythromycin	4	4	1	128
Lipopeptide	Daptomycin	4	4	0,25	32
Oxazolidinone	Linezolid	4	4	0,5	64
Streptogramine	Quinupristin/Dalfopristin	keine Angabe	1	0,5	64
Glycylzykline	Tigezyklin	0,25	0,25	0,03	4
Glykopeptide	Teicoplanin	2	2	0,5	64
	Vancomycin	4	4	1	128

3.3.2.1 Bewertungskriterien bei der Resistenztestung

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

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

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

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

3.3.3 Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse

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

Die Zuordnung der Datensätze zu den Programmen erfolgte anhand der angegebenen Programmnummer im Kommentarfeld. Datensätze, die keinem Programm zugeordnet werden konnten, sowie Ergebnisse, die zwar einem Programm zugeordnet werden konnten, bei denen z.B. die Matrix jedoch nicht den Vorgaben des Stichprobenplans entsprach, wurden nicht berücksichtigt. Ebenso wurden Proben, deren Entnahmeort (Betriebsart) nicht den Vorgaben des Stichprobenplans entsprach, von der Datenauswertung ausgeschlossen. Für das Jahr 2016 konnten so insgesamt etwa 15 Proben bei der Auswertung nicht berücksichtigt werden. Bei der Datenauswertung wurde jede positive Probe nur einmal berücksichtigt, auch wenn verschiedene Subtypen (z.B. *Salmonella*-Serovare, *Campylobacter*-Spezies, VTEC-Serovare, -pathovare) nachgewiesen und berichtet wurden.

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

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

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

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

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

Bei dem statistischen Vergleich von Prävalenzen wurden diejenigen Prävalenzen als signifikant verschieden gewertet, deren zugehörige Konfidenzintervalle sich nicht überlappen. Die Anzahl der für die Auswertung herangezogenen Proben ist den Tabellen 3.8

Tab. 3.8 Anzahl der Proben nach Ländern¹

Herkunft	Probenanzahl
Brandenburg	257
Berlin	94
Baden-Württemberg	452
Bayern	696
Bremen	12
Hamburg	48
Hessen	226
Mecklenburg-Vorpommern	268
Niedersachsen	2930
Nordrhein-Westfalen	618
Rheinland-Pfalz	210
Schleswig-Holstein	185
Saarland	38
Sachsen	305
Sachsen-Anhalt	235
Thüringen	132
Gesamt	6706

¹ Enthält die Anzahl untersuchter Futtermittelproben. Die Berichterstattung hierzu erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2017.

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

Tab. 3.9 Anzahl der Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Masthähnchen in konventionellen Erzeugerbetrieben	1205
Masthähnchen in ökologischen Erzeugerbetrieben	118
Mastputen in Erzeugerbetrieben	231
zweischalige Weichtiere (Muscheln) bei der Anlandung	120
zweischalige Weichtiere (Muscheln) beim Import	3
Masthähnchen am Schlachthof	775
Mastputen am Schlachthof	911
Mischfuttermittel ¹ (Legehennen)	97
Wildschweine	1141
frisches Hähnchenfleisch	430
frisches Putenfleisch	467
Tomaten (Cocktail, Cherry)	480
Sprossen	368
zweischalige Weichtiere (Muscheln) im Einzelhandel	360
Gesamt	6706

¹ Die Berichterstattung zum Futtermittelprogramm erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2017.

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Stichprobenplans 2016 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 (z. B. *Salmonella* spp. bzw. um *E. coli*) handelte. Isolate mit fehlenden Angaben bzw. für die eine Zuordnung zu einem Programm nicht möglich war, wurden von dieser Auswertung ausgeschlossen. Ebenso wurden Impfstämme von *Salmonella* spp. ausgeschlossen. Nicht berücksichtigt wurden auch Isolate, die aufgrund der angegebenen Matrix, aus der sie stammten, keinem der Programme zugeordnet werden konnten, sowie im Rahmen der Programme zusätzlich eingesandte Isolate aus einer Probe. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der

EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation empfohlen wird, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Hierzu wurde zunächst jedes dritte eingesandte Isolat nicht in die Testung einbezogen, weil basierend auf den Erfahrungen der Vorjahre davon ausgegangen wurde, dass etwa 50 % mehr Isolate eingesendet werden, als für die Resistenztestung benötigt werden. Die übrigen Isolate wurden asserviert. Da am Ende einige Isolate fehlten, wurde wiederum über systematische Stichprobenziehung die erforderliche Anzahl von Isolaten aus den bisher nicht getesteten Isolaten ausgewählt. Dieses Verfahren kam vor allem bei *E.-coli*-Isolaten aus Beständen von Mastputen und aus Blinddarminhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof zum Einsatz.

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

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

Ebene der Beprobung	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp. (<i>C. jejuni</i> + <i>C. coli</i>)	VTEC	MRSA	<i>Enterococcus</i> spp. <i>E. faecalis</i> + <i>E. faecium</i>	Kommensale <i>E. coli</i>
Gesamt	getestete Isolate	124	932 (659 + 273)	24	235	80 (26 + 54)	1530
Erzeugerbetrieb	Masthähnchen, konventionell		–	–	7	–	301
	Masthähnchen, ökologisch		–	–	2	–	31
	Mastputen		–	–	–	–	173
	Muscheln		–	–	–	–	42
Schlachthof	Masthähnchen (Blinddarminhalt)	11	204 (166 + 38)	–	–	63 (19 + 44)	177
	Masthähnchen (Schlachtkörper)	18	141 (111 + 30)	–	–	–	–
	Mastputen (Blinddarminhalt)	9	370 (201 + 169)	–	–	17 (7 + 10)	188
	Mastputen (Schlachtkörper)	45	–	–	–	–	–
Wildtiere	Wildschwein	11	–	24	–	–	219
Einzelhandel	Hähnchenfleisch	18	165 (135 + 30)	–	60	–	162
	Putenfleisch	11	52 (46 + 6)	–	166	–	171
	Cherrytomaten		–	–	–	–	1
	Sprossen	1	–	–	–	–	5
	zweischalige Weichtiere (Muscheln)		–	–	–	–	60

– Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2016 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 2009a).

Europaweit sind *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis die Serovare, die beim Menschen am häufigsten Infektionen hervorrufen (EFSA und ECDC 2016). Die Salmonellose ist in Deutschland und europaweit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2016, RKI 2017). Seit dem Jahr 2008 ist allerdings eine deutliche Abnahme der gemeldeten Salmonellose-Fälle zu verzeichnen (EFSA und ECDC 2016, RKI 2017). Dies führt die EFSA insbesondere auf die erfolgreiche Implementierung der Salmonellen-Bekämpfungsprogramme in Geflügelpopulationen in den Mitgliedstaaten zurück (EFSA und ECDC 2015). Im Jahr 2015 ist der Anteil der Erkrankungsfälle durch *Salmonella* Enteritidis in der EU gegenüber dem Vorjahr aber etwas gestiegen, sodass insgesamt 1,9% mehr Salmonellen-Erkrankungen in der EU gemeldet wurden. Dieser Anstieg wird zum Teil auf eine verstärkte und umfassende Berichterstattung an ECDC sowie auf Verbesserungen bei der Überwachung der Salmonellose in einigen Mitgliedstaaten zurückgeführt (EFSA und ECDC 2016). Die Daten, die im Rahmen der EU-weiten Bekämpfungsprogramme in Deutschland erhoben werden, zeigen zudem, dass die vereinbarten Gemeinschaftsziele zur Reduzierung des Salmonellen-Vorkommens bei Geflügel in Deutschland erreicht werden (BfR 2017). Die Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring bestätigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof

mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von frischem Geflügelfleisch in den letzten fünf Jahren abgenommen haben (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Konsumeiern waren zudem nur 0,7% der Poolproben von Eierschalen mit Salmonellen kontaminiert. In Proben vom Eihalt wurden keine Salmonellen nachgewiesen (BVL 2012). In Schweinefleisch und Rindfleisch wurden Salmonellen deutlich seltener nachgewiesen als in Geflügelfleisch (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016b).

Im Jahr 2016 wurden 41% der dem RKI gemeldeten Erkrankungsfälle in Deutschland durch *Salmonella* Enteritidis ausgelöst. Bei 36% der übermittelten Fälle wurde die Erkrankung durch *Salmonella* Typhimurium verursacht. In weitem Abstand folgten *Salmonella* Infantis (2,9%) und *Salmonella* Derby (1,6%). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 19% aus. Gegenüber dem Jahr 2015 nahm die Anzahl der übermittelten *Salmonella*-Enteritidis-Erkrankungen um 1,8% und die der übermittelten *Salmonella*-Typhimurium-Erkrankungen um 7,5% ab. Insgesamt wurden im Jahr 2016 dem RKI 12.962 und damit im Vergleich zum Vorjahr 6,5% weniger Salmonellose-Fälle gemeldet. Die bundesweite Inzidenz von 16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Jahr 2016 war die niedrigste seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes im Jahr 2001 (RKI 2017).

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

Die Salmonellose ist eine klassische Lebensmittelinfektion. Insbesondere erhöhen ungenügend gekühlte Lebensmittel und ungenügend durchgegarnte Lebensmittel, in denen sich die Erreger vermehren konnten

bzw. nicht abgetötet wurden, das Risiko für eine Infektion mit Salmonellen. Durch Kreuzkontaminationen können die Keime zudem von frischem Fleisch auf andere, verzehrfertige Lebensmittel übertragen werden.

4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Kotproben von Wildschweinen, in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen und Halshautproben von Masthähnchen- und Mastputenschlachtkörpern, in Proben von frischem Hähnchen- und Putenfleisch, in Proben von Tomaten sowie in Proben von Sprossen sind den Tabellen 4.1 bis 4.5 zu entnehmen.

Tab. 4.1 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Wildschweinen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Kot gesamt	551	13	2,4 (1,3–4,0)
Kot (Jungtier)	139	0	0,0 (0,0–3,2)
Kot (ausgewachsenes Tier)	391	13	3,3 (1,9–5,7)
Kot (keine Altersangabe)	21	0	0,0 (0,0–18,2)

Tab. 4.2 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	429	10	2,3 (1,2–4,3)
Halshaut	326	22	6,7 (4,5–10,1)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	424	20	4,7 (3,0–7,2)

Tab. 4.3 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastputen sowie in Proben von frischem Putenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	509	5	1,0 (0,4–2,3)
Halshaut	402	48	11,9 (9,1–15,5)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	462	12	2,6 (1,4–4,5)

Tab. 4.4 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Tomaten 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)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	480	0	0,0 (0,0–1,0)

Tab. 4.5 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Sprossen 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)
Sprossen (frisch)	367	3	0,8 (0,2–2,5)

Insgesamt wurden 3950 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. Kotproben von Wildschweinen waren insgesamt zu 2,4% *Salmonella*-positiv. Dabei wurden in den Proben von Jungtieren keine Salmonellen nachgewiesen, während Kotproben von ausgewachsenen Wildschweinen zu 3,3% positiv für Salmonellen waren. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in den Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof betrug 2,3%. In Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtcharge entnommen werden sollten, wurden Salmonellen zu 6,7% und damit deutlich häufiger als im Blinddarminhalt nachgewiesen. Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 4,7% auf. Bei Mastputen am Schlachthof waren 1,0% der Blinddarmproben positiv für Salmonellen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Halshautproben der Schlachtkörper, die aus derselben Schlachtcharge entnommen werden sollten, war mit 11,9% deutlich höher. Frisches Putenfleisch aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 2,6% auf. In den auf der Ebene des Einzelhandels entnommenen Proben von Tomaten wurden keine Salmonellen nachgewiesen, während 0,8% der Proben von Sprossen *Salmonella*-positiv waren.

4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiv an das BVL übermittelten Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Salmonellen 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. Dadurch stimmt die Anzahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein.

Insgesamt standen 124 Isolate von *Salmonella* für die Typisierung zur Verfügung (s. Tab. 4.6 bis 4.8). Diese gehörten 23 Serovaren an. Die häufigsten Serovare waren *S. Paratyphi B* (dT+) (19 Isolate) *S. Hadar* (17 Isolate), *S. Infantis* (15 Isolate) sowie *S. Typhimurium*, inklusive der monophasischen Variante (14 Isolate).

Die meisten Isolate stammten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (65 Isolate), gefolgt von Hähnchenfleisch (47 Isolate) und Wildschweinen (11 Isolate). Die Isolate aus der Putenfleischkette umfassten alle nachgewiesenen Isolate von *S. Hadar* und die meisten Isolate von *S. Typhimurium*. Innerhalb der Putenfleischkette stammten die meisten Isolate von Schlachtkörpern (45 Isolate), darunter auch 11 der 17 Isolate von *S. Hadar*. Die Isolate der Hähnchenfleischkette umfassten alle Isolate von *S. Infantis* und 16 der 19 Isolate von *S. Paratyphi B* (dT+). Für dieses Serovar wurden gleich viele Isolate (N=18) von Schlachtkörpern und aus Fleisch im Einzelhandel eingeschickt.

Isolate vom Wildschwein wurden überwiegend der *Salmonella* Subspezies I zugeordnet (6 von 11 Isolaten), allerdings fanden sich hier auch 3 Isolate von *S. Enteritidis* und eines von *S. Typhimurium*. Aus Sprossen wurde nur ein Isolat von *S. Typhimurium* zur Typisierung eingesandt (s. Tab. 4.8).

Tab. 4.6 Serovarverteilung von Salmonellen aus den Programmen der Hähnchenfleischkette (N=47)

Serovar	Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof N=11	Masthähnchen Schlachtkörper Schlachthof N=18	Hähnchenfleisch Einzelhandel N=18
S. Anatum			1
S. Indiana		3	3
S. Infantis		1	3
S. Livingstone			1
S. Ohio		1	1
S. Paratyphi B (dT+)		4	8
S. Subspezies I Rauform		1	
S. Subspezies I			1
S. Typhimurium		1	
S. Typhimurium, monophasisch			1
Gesamt	11	18	18

Tab. 4.7 Serovarverteilung von Salmonellen aus den Putenfleischprogrammen

Serovar	Mastputen Blinddarm Schlachthof N=9	Mastputen Schlachtkörper Schlachthof N=45	Putenfleisch Einzelhandel N=11
S. Agona			1
S. Blockley			4
S. Bredeney			
S. Coeln		1	
S. Enteritidis			1
S. Hadar		3	11
S. Kentucky			2
S. Manhattan		1	
S. Newport			1
S. Paratyphi B (dT+)		1	2
S. Saintpaul		1	1
S. Schwarzengrund			6
S. Senftenberg			6
S. Stanley			2
S. Subspezies I		1	1
S. Typhimurium		1	1
S. Typhimurium, monophasisch		0	6
Gesamt	9	45	11

Tab. 4.8 Serovarverteilung von Salmonellen aus den sonstigen Programmen

Serovar	Sprossen	Wildschwein
S. Enteritidis		3
S. Subspezies I		6
S. Stanleyville		1
S. Typhimurium		1
Gesamt	1	11

4.2 *Campylobacter* spp.

4.2.1 Einleitung

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

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

Die Campylobacteriose ist in Deutschland und EU-weit die häufigste bakterielle Durchfallerkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2016, RKI 2017). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2016 insgesamt 73.999 Erkrankungen gemeldet, was einer Inzidenz von 90 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. Als Erreger überwog *C. jejuni* (72 % der auf Speziesebene identifizierten Infektionen) gegenüber *C. coli* (10 %) (RKI 2017). Seit dem Jahr 2005 wird ein europaweiter Anstieg der bestätigten *Campylobacter*-Erkrankungen beobachtet. Im Jahr 2015 wurden mit 229.213 bestätigten *Campylobacter*-Fällen aber 3,2 % weniger Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr EU-weit gemeldet (EFSA und ECDC 2016). In Deutschland lag die Zahl der gemeldeten *Campylobacter*-Erkrankungen im Jahr 2016 um 5 % höher als im Vorjahr (RKI 2017). Die EFSA geht davon aus, dass die Campylobacteriose sehr häufig nicht erkannt und gemeldet wird und vermutet, dass in der EU mindestens 2 Millionen Fälle von klinischer Campylobacteriose pro Jahr auftreten (EFSA 2010).

Bei *Campylobacter*-Infektionen ist auffällig, dass

neben Kleinkindern auch Erwachsene im Alter von 20 bis 29 Jahren vermehrt von der Erkrankung betroffen sind (RKI 2017). 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, dass eine Erkrankung auch ohne Vermehrung der Keime im ursächlichen Lebensmittel möglich ist.

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA und ECDC 2016). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Hähnchenfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2016). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war zu 30 % bis 54 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016a). Proben von frischem Putenfleisch waren mit über 20 % positiver Proben ebenfalls häufig mit *Campylobacter* verunreinigt (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a). In Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch wurden *Campylobacter* dagegen nur selten nachgewiesen (< 1 % positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2016b). Auch mit *Campylobacter* spp. verunreinigte Rohmilch stellt ein mögliches Vehikel für die Übertragung der Erreger auf den Menschen dar und führte schon zu größeren lebensmittelbedingten Ausbrüchen (RKI 2016). Im Zoonosen-Monitoring waren 1 % bis 2 % der Proben von Tankmilch *Campylobacter*-positiv (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2016b). Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speisenzubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition des Verbrauchers gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls von Bedeutung (RKI 2005). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle jedoch häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007).

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen, in Hautproben von Masthähnchenschlachtkörpern sowie in Proben von frischem Hähnchen- und Putenfleisch sind den Tabellen 4.9 bis 4.11 zu entnehmen. Abbildung

4.1 zeigt die Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof.

Abweichend vom Zoonosen-Stichprobenplan 2016, der in Bezug auf Halshaut von Masthähnchen lediglich quantitative Untersuchungen auf *Campylobacter* spp. vorsah, wurden von einigen Ländern auch qualitative Untersuchungen durchgeführt. Da es sich um eine größere Zahl von Proben handelt, werden die Untersuchungsergebnisse hieraus berichtet, obwohl sie nicht der Zielstellung des Programms entsprechen.

Insgesamt wurden 2246 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 43,5% nachgewiesen, während die Halshaut am Schlachtkörper der Masthähnchen mit 76,9% positiver

Proben signifikant häufiger mit den Erregern kontaminiert war. In 48,2% der Halshautproben von Masthähnchen ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen. 8,0% der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 16,1% der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1000 KbE/g wurden in 24,1% der Proben nachgewiesen (s. Abb. 4.1). Von diesen überschritten wiederum 75,8% (n=50) Keimgehalte von 10000 KbE/g nicht. Bei 13 Proben (19,7%) mit Keimzahlen > 1000 KbE/g traten höhere Keimzahlen bis zu 74000 KbE/g auf. Sehr hohe Keimzahlen von über 100000 KbE/g wurden in 3 Proben (4,5%) nachgewiesen. In Poolproben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof betrug die *Campylobacter*-Nachweisrate 73,7%. Frisches Putenfleisch im Einzelhandel war zu 15,9% mit *Campylobacter* spp. kontaminiert.

Tab. 4.9 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben 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	446	194	43,5 (39,0–48,1)
Halshaut	130	100	76,9 (68,9–83,4)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	428	202	47,2 (42,5–51,9)

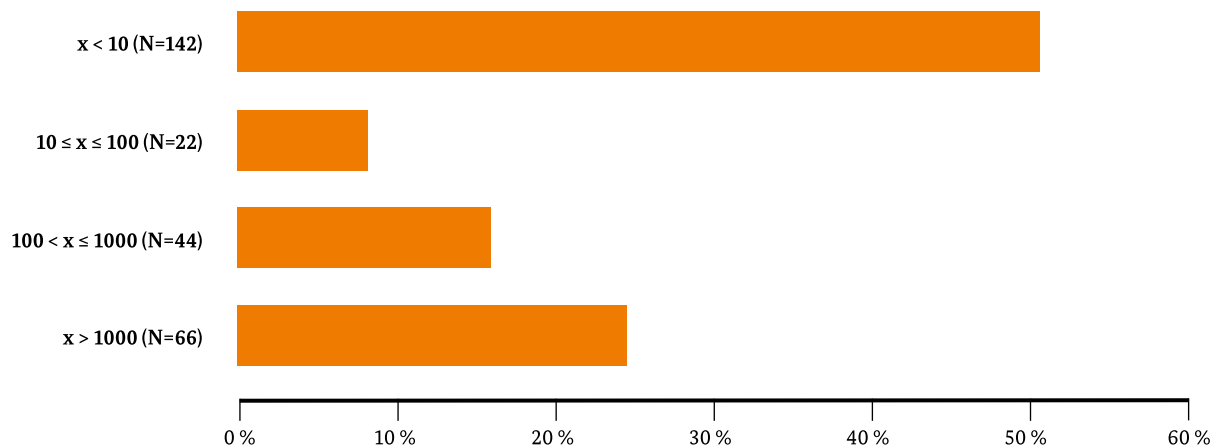
Tab. 4.10 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof

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	274	132 (48,2)	5	1050	3,2 x 10 ⁵

Tab. 4.11 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	502	370	73,7 (69,7–77,4)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	466	74	15,9 (12,8–19,5)

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

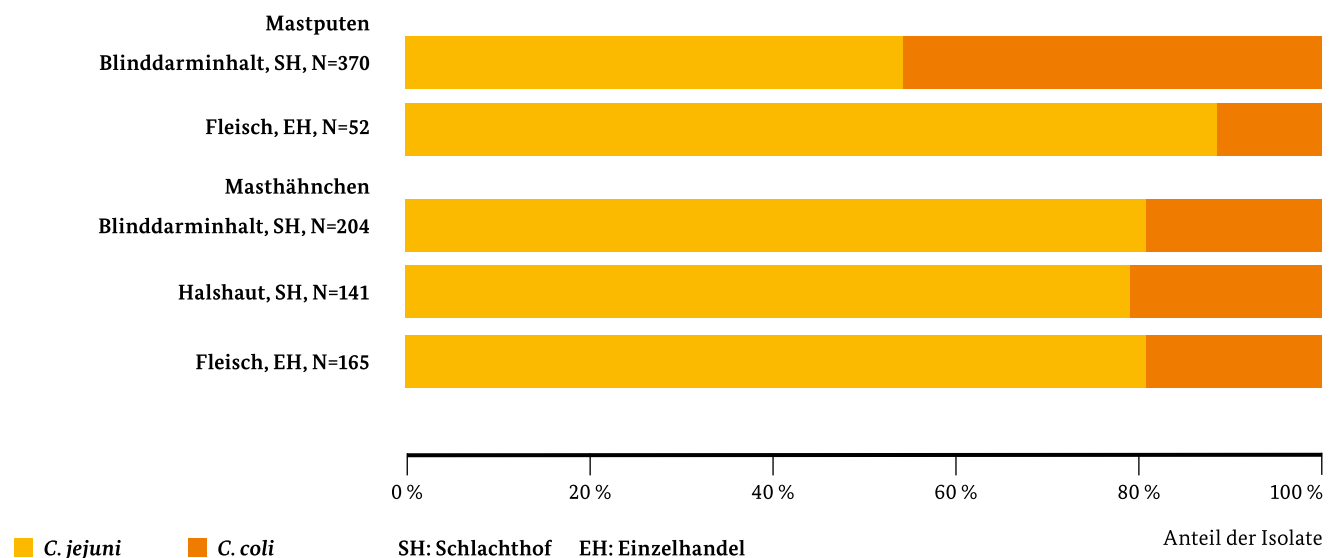


4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Auch waren nicht alle eingesandten Isolate im Labor wieder anzüchtbar. Letzteres betraf Isolate aus 18 verschiedenen Proben. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt. Dadurch stimmt die Zahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein. *Campylobacter* (*C.*) spp. wur-

den aus den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch und Putenfleisch eingesandt. Insgesamt wurde bei 932 Isolaten die Spezies bestimmt bzw. bestätigt. Von den 510 Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch gehörten die meisten Isolate der Spezies *C. jejuni* an (80,8%), nur 19,2% waren *C. coli*. Bei den Isolaten aus Putenfleisch und von Putenschlachtkörpern war der Anteil von *C. coli* mit 41,5% höher als in der Hähnchenfleischkette, wobei es deutliche Unterschiede zwischen den Schlachthofproben (45,7%) und den Einzelhandelsproben (11,5%) gab. Die übrigen Isolate aus der Putenfleischkette waren *C. jejuni*. (s. Abb. 4.2).

Abb. 4.2 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus dem Zoonosen-Monitoring 2016



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

Infektionen mit Listerien treten im Vergleich zu Salmonellen- und *Campylobacter*-Infektionen seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit einigen Jahren nimmt die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europa-weit zu, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über 60 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2016, RKI 2017). Die Zahl der im Jahr 2015 EU-weit gemeldeten bestätigten Listeriose-Fälle ist mit 2.206 auf demselben Niveau wie im Vorjahr (2.161 gemeldete Erkrankungen). Die Listeriose ist die zoonotische Erkrankung mit der höchsten Sterberate (17,7%), die in der EU überwacht wird (EFSA und ECDC 2016). In Deutschland wurden im Jahr 2016 insgesamt 707 Listeriose-Erkrankungen gemeldet. Gegenüber dem Vorjahr (662 Fälle) ist die Zahl der gemeldeten Listeriose-Fälle um 7% gestiegen. Dies entspricht einer Inzidenz von 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2017). Gesunde Menschen erkranken in der Regel nicht oder weisen nur milde Symptome eines fieberhaften Infektes auf. Die Listeriose-Gastroenteritis geht mit Durchfall unterschiedlicher Schwere einher. Schwere Verlaufsformen treten vor allem bei abwehrgeschwächten Menschen wie älteren Personen, Neugeborenen, Patienten mit chronischen Erkrankungen und Schwangeren auf (Metelmann et al. 2010, RKI 2010, RKI 2017). 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 Krankheitserscheinungen oft erst 3 Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten (RKI 2010, RKI 2017), was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert. Listerien sind in der Umwelt weit verbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *Listeria 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 2014a). Verzehrfertige Lebensmittel, in denen sich Listerien unter bestimmten Umständen vermehren und eine hohe Keimzahl entwickeln, sind die häufigste Infektionsquelle für den Menschen (EFSA 2007). Die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel enthält mikrobiologische Grenzwerte u. a. für verzehrfertige Lebensmittel, die vom Lebensmittelunternehmer eingehalten werden müssen. Bei Überschreitung eines Lebensmittelsicherheitskriteriums gilt ein Lebensmittel als inakzeptabel kontaminiert und muss – einhergehend mit entsprechenden Verbesserungen im Produktionsprozess – vom Markt genommen werden. Überschreitungen der Lebensmittelsicherheitskriterien für *Listeria monocytogenes* in verzehrfertigen Lebensmitteln im Einzelhandel wurden auch im Jahr 2015 EU-weit am häufigsten bei Fischereierzeugnissen und Weichkäse sowie halbfestem Schnittkäse festgestellt (EFSA und ECDC 2016). Dies war bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings berücksichtigten Untersuchungen von verzehrfertigen Lebensmitteln ebenfalls der Fall: Verpackter geräucherter Fisch oder Graved-Fisch war zu 6,1% (nach Entnahme) bzw. 8,0% (zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums), Weichkäse und halbfester Schnittkäse aus Rohmilch zu 1,6% und Pökelfleischerzeugnisse und Brühwurst/Brühwurstpastete zu 0,9% bzw. 2,7% mit dem Erreger kontaminiert. Die höchsten Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* wurden in einzelnen untersuchten Fisch- ($6,4 \times 10^4$ KbE/g) und Käseproben aus Rohmilch ($6,2 \times 10^3$ KbE/g) zum Ende der Haltbarkeit gemessen (BVL 2013).

Auch pflanzliche Lebensmittel können mit Listerien kontaminiert sein. Insgesamt waren 1,4% der im Jahr 2015 in der EU qualitativ untersuchten pflanzlichen Lebensmittel positiv für *Listeria monocytogenes*. Lediglich 0,03% der quantitativ untersuchten Proben wiesen Keimgehalte oberhalb des Grenzwertes von 100 KbE/g an *Listeria monocytogenes* auf (EFSA und ECDC 2016). Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten Proben von nicht vorgeschnittenen Blatt- und Kopfsalaten und

frischen Erdbeeren im Einzelhandel waren zu 2,6 % bzw. 1,1 % mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert. In Proben von vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten aus dem Einzelhandel wurden *Listeria monocytogenes* zu 2,0 % nachgewiesen. Allerdings wurden in keiner Probe Keimgehalte oberhalb des Grenzwertes von 100 KbE/g gemessen (BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b).

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Listeria monocytogenes* in Proben von Tomaten und Sprossen sind in den Tabellen 4.12 bis 4.14 dargestellt.

Tab. 4.12 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von Tomaten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Listeria monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>Listeria monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	478	0	0,0 (0,0–1,0)

Tab. 4.13 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Listeria monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>Listeria monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Sprossen (frisch)	271	5	1,8 (0,7–4,4)

Tab. 4.14 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen und Großmarkt)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Listeria-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g
Sprossen (frisch)	321	0 (0,0)

Insgesamt wurden 844 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In keiner der untersuchten Proben von Tomaten aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. 1,8 % der qualitativ untersuchten Proben von Sprossen waren positiv für *L. monocytogenes*. Mittels der quantitativen Methode wurden allerdings keine *L. monocytogenes* in den Sprossen nachgewiesen.

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden zwei Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* eingesandt. Beide stammten aus Sprossen und gehörten nach molekularbiologischer Typisierung dem Typ IIa bzw. IVb an.

4.4 Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

4.4.1 Einleitung

Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC) sind gram-negative, stäbchenförmige Bakterien, die bestimmte Zytotoxine (Shigatoxine bzw. Verotoxine) bilden können. Diese Toxine können akute Darmentzündungen hervorrufen, die bei 10 % bis 20 % der Erkrankten einen schweren Verlauf mit einer hämorrhagischen Kolitis und krampfartigen Abdominalschmerzen nehmen können. Insbesondere bei Kindern kann eine Infektion mit VTEC das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auslösen (5 % bis 10 % der symptomatischen VTEC-Infektionen), bei dem es zur Ausbildung einer hämolytischen Anämie, Thrombozytopenie und eines akuten Nierenversagens kommt (RKI 2008). HUS ist die häufigste Ursache für akutes Nierenversagen bei Kindern und macht bei etwa 66 % der Erkrankten eine Dialysebehandlung notwendig (Scheiring et al. 2010). Die bei Menschen weltweit am häufigsten isolierte Serogruppe von VTEC ist O157 (RKI 2008, Wadl et al. 2010). Zwischen unterschiedlichen VTEC-Typen bestehen deutliche Virulenzunterschiede. Hochpathogene Stämme, die in der Lage sind, schwere Erkrankungen beim Menschen hervorzurufen, werden sowohl im Tierbestand als auch in Lebensmitteln seltener nachgewiesen als andere VTEC-Stämme (Blanco et al. 1996, Bülte und Heckötter 1997, Messelhäuser et al. 2008, Menrath 2009).

Im Jahr 2015 wurden EU-weit 5.901 bestätigte VTEC-Erkrankungen gemeldet. Gegenüber dem Vorjahr (5.955 bestätigte Fälle) bedeutet dies eine leichte Abnahme der Meldezahlen. Seit 2013 ist die Anzahl der jährlich gemeldeten VTEC-Erkrankungen in etwa konstant (EFSA und ECDC 2016). Dem RKI wurden im Jahr 2016 insgesamt 1.816 VTEC-Erkrankungen gemeldet. Dies entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 2,2 Fällen pro 100.000 Einwohner. Im Jahr 2016 trat seit drei Jahren erstmalig wieder ein Anstieg der gemeldeten Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr auf, der bei ca. 11 % lag. Bei den Erregern dominierte die O-Gruppe 91 (15 %), gefolgt von Ont (O-Antigen nicht typisierbar) (13 %), O107 (12 %) und den O-Gruppen 26 und 103, die zu jeweils 8 % nachgewiesen wurden (RKI 2017). Erkrankungen an HUS werden getrennt von VTEC an das RKI übermittelt, da in seltenen Fällen diese Erkrankung auch durch andere Erreger ausgelöst werden kann. 2016 wurden dem RKI wie im Vorjahr 69 Erkrankungen an HUS gemeldet. Mit Ausnahme des Jahres 2011, in dem es zu einem großen EHEC-Ausbruch in Deutschland kann, sind die Fallzahlen für HUS seit Jahren stabil. Bei den nachgewiesenen Erregern

standen die Serogruppen O157 und O26 im Vordergrund. Wie in den Vorjahren waren überwiegend Kinder unter 5 Jahren von der Erkrankung betroffen. Die bundesweite Inzidenz für HUS lag bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2017).

VTEC treten vor allem im Darm von Wiederkäuern (Rinder, Schafe und Ziegen) und Wildwiederkäuern (Dam-, Reh-, Rot- und Sikawild) auf und werden über den Kot ausgeschieden, ohne dass die Tiere erkranken (Bülte und Heckötter 1997, Bülte 2002, Menrath 2009). Im Zoonosen-Monitoring waren etwa 30 % der Kotproben von Mastkälbern bzw. Mastkälbern und Jung-rindern und etwa 20 % der Kotproben von Mastrindern VTEC-positiv (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Das Vorhandensein von VTEC im Darm von Wiederkäuern birgt die Gefahr einer fäkalen Kontamination des Fleisches mit den Erregern während des Schlachtprozesses bzw. der Rohmilch während der Milchgewinnung. Dies kann durch die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bestätigt werden: Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern sowie Mastrindern waren zu 2 % bis 6 % mit VTEC kontaminiert. Proben von frischem Kalb- sowie Kalb- und Jungrindfleisch waren zu jeweils 5,8 % und Proben von frischem Rindfleisch zu 1 % bis 2 % mit VTEC belastet (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Das Fleisch von Wildwiederkäuern war im Vergleich hierzu mit 16,1 % positiver Proben deutlich häufiger mit VTEC kontaminiert (BVL 2014). In Proben von Rohmilch, die zur weiteren Bearbeitung bestimmt war, wurden VTEC zu 1,5 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012). Im Vergleich hierzu war Rohmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben noch deutlich häufiger mit VTEC kontaminiert (BVL 2016b). Bei der Ansteckung des Menschen mit VTEC spielt neben kontaminierten Lebensmitteln und Wasser insbesondere bei Kindern auch der direkte Kontakt zu Wiederkäuern, z. B. in Streichelzoos, eine bedeutende Rolle. Das Risiko, sich mit VTEC zu infizieren, ist für Menschen, die in ländlichen Regionen mit einer hohen Rinderdichte leben, deutlich erhöht (Frank et al. 2008). Eine Ansteckung von Mensch zu Mensch ist ebenfalls möglich und wird vermutlich durch die sehr geringe Infektionsdosis des Erregers (< 100 Erreger für VTEC O157) begünstigt (RKI 2004, RKI 2008, Wadl et al. 2010).

4.4.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von VTEC in Kotproben von Wildschweinen sowie in Proben von Tomaten und Sprossen sind in den Tabellen 4.15 bis 4.17 dargestellt.

Tab. 4.15 Prävalenz von VTEC in Kotproben von Wildschweinen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	VTEC-positive Proben (n)	VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Kotproben	535	37	6,9 (5,0–9,4)
Kot (Jungtier)	136	18	13,2 (8,5–20,0)
Kot (ausgewachsenes Tier)	378	18	4,8 (3,0–7,4)
Kot (keine Altersangabe)	21	1	4,8 (0,0–24,4)

Tab. 4.16 Prävalenz von VTEC in Proben von Tomaten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	VTEC-positive Proben (n)	VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	475	0	0,0 (0,0–1,0)

Tab. 4.17 Prävalenz von VTEC in Proben von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	VTEC-positive Proben (n)	VTEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Sprossen (frisch)	368	0	0,0 (0,0–1,2)

Es wurden insgesamt 1378 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von VTEC einbezogen. Die Nachweisrate von VTEC in Kotproben von Wildschweinen betrug 6,9%, wobei VTEC in Kotproben von Jungtieren (13,2% positive Proben) signifikant häufiger nachgewiesen wurden als in Kotproben von ausgewachsenen Wildschweinen (4,8% positive Proben). Keine der untersuchten Proben von Tomaten und Sprossen aus dem Einzelhandel war positiv für VTEC.

4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden aus 29 Proben Isolate als VTEC im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 eingesandt. Sie stammten ausnahmslos aus Wildschweinkot. Aus 24 Proben (82,8%) konnte jeweils ein eingesandtes Isolat als Träger eines *stx*-Gens identifiziert werden. Von diesen 24 Isolaten waren allerdings 3 im Ridascreen-ELISA negativ, d. h. sie produzierten kein messbares Shigatoxin. Bis auf ein Isolat wiesen alle Isolate ein *stx2*-Gen auf. Vier Isolate trugen ein *stx1*-Gen.

Die Isolate gehörten 15 verschiedenen O-Gruppen an. Ein Isolat konnte hinsichtlich seines O-Antigens nicht typisiert werden, sondern war serologisch rau. Die O-Gruppe 146 war am häufigsten vertreten (6 Isolate), gefolgt von Gruppe 27 (3 Isolate) und den O-Gruppen 23, 36 und 157 (je 2 Isolate). Die anderen O-Gruppen waren jeweils nur einmal vertreten. Innerhalb der O-Gruppen wiesen die Isolate meist ähnliche Muster bzgl. ausgewählter Gene auf (Tab. 4.18). Die beiden Isolate von O157 wiesen beide das H7-Antigen und die Gene *eae* und *e-hly* auf, die für Virulenzfaktoren codieren. Das *eae*-Gen wurde auch bei den Isolaten der Serogruppen O26 und O45 nachgewiesen. Auch diese Isolate trugen auch das *e-hly* Gen. Bei keiner anderen Serogruppe wurde das *eae*-Gen entdeckt. Das Gen *e-hly* wurde bei insgesamt 13 Isolaten (54,2%) nachgewiesen.

Tab. 4.18 Ergebnisse der Untersuchung eingesandter VTEC-Isolate aus Wildschweinkot auf Shigatoxin einschließlich der codierenden Gene sowie des *eae*- und des *e-hly*-Gens

O-Ag	H-Ag	n	<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	Shigatoxin	<i>eae</i>	<i>e-hly</i>
rau	[30]		1	-	+	-	-
15	[16]		1	-	+	-	-
23	8		2	+	+	-	+
26	[11]		1	-	+	+	+
27	[30]		3	-	+	+	-
36	[14]		1	-	+	-	-
45	[2]		1	-	+	+	+
85	[18]		1	-	+	+	-
36	19		1	-	+	+	-
100	[30]		1	-	+	+	-
110	[45]		1	-	+	+	-
128	[2]		1	+	+	+	-
146	[21]		1	+	-	+	-
146	28		1	-	+	+	-
146	[28]		3	-	+	+	-
146	[28]		1	-	+	+	-
157	7		1	+	+	+	+
157	7		1	-	+	+	+
187	[28]		1	-	+	-	-
Gesamt			24	4	23	21	4
						13	

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

rau: serologisch rau

4.5 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

4.5.1 Einleitung

Staphylokokken sind grampositive, fakultativ pathogene, kugelförmige Bakterien, die die Haut und Schleimhäute des Nasen-Rachen-Raums bei Menschen und Tieren besiedeln. *Staphylococcus aureus* ist die Staphylokokken-Spezies, die besonders häufig eine Erkrankung des Menschen auslöst (RKI 2009b). MRSA zeichnen sich durch eine Resistenz gegen sämtliche Beta-Laktam-Antibiotika (Penicilline und Cephalosporine) aus. Meist sind sie auch noch gegen weitere Klassen von antimikrobiellen Substanzen resistent (Layer et al. 2015). 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 Besiedelung mit dem Keim der Hauptrisikofaktor für eine Infektion ist (EFSA 2009b). Bei

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

MRSA wurden auch bei Heim- und Nutztieren nachgewiesen (BfR 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 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. 2015). Allerdings bestehen diesbezüglich große regionale Unterschiede (Köck et al. 2013). Im Zoonosen-Monitoring wurden die höchsten Nachweisraten von nutztierassoziierten MRSA in der Geflügelfleischkette gefunden. Schlachtkörper von Mastputen waren mit über 60 % und frisches Putenfleisch mit 30 % bis 40 % positiver Proben besonders häufig mit MRSA kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a). Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in fri-

schem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015). In der Lebensmittelkette Mastschwein kommen MRSA ebenfalls häufig vor: 26,3 % der Proben von Sockentupfern aus dem Wartebereich von Zuchtsauen waren im Jahr 2015 positiv für MRSA. Die Nachweisrate von MRSA in Proben von Sockentupfern aus dem Aufzuchtbereich von Läufern war mit 41,3 % noch signifikant höher. Die Schlachtkörper von Mastschweinen und frisches Schweinefleisch waren zu etwa 20 % bzw. 13 % mit MRSA kontaminiert (BVL 2016b). Bei Mastkälbern und Jungrindern wurden MRSA auf allen Stufen der Lebensmittelkette häufiger nachgewiesen als bei Mastrindern (BVL 2012, BVL 2013, 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Während die Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu 35,0 % bis 45,0 % MRSA-positiv waren, waren nur etwa 8 % der Mastriinder zum Zeitpunkt der Schlachtung nasal mit MRSA besiedelt. Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren mit 30,8 % positiver Proben ebenfalls deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als Schlachtkörper von Mastrindern, die nur zu 5,0 % eine Verunreinigung mit MRSA aufwiesen. Frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern war zu etwa 10 % bis 12 % und frisches Rindfleisch zu 5 % bis 8 % positiv für MRSA (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015 und BVL 2016b).

Der Verzehr oder die Handhabung von mit MRSA kontaminierten Lebensmitteln ist nach derzeitigem Kenntnisstand nicht mit einem erhöhten Risiko verbunden, zu einem Träger des Bakteriums zu werden oder durch dieses infiziert zu werden (EFSA 2009b). Ein erhöhtes Risiko, sich zu infizieren bzw. symptomloser Träger zu werden, besteht aber für Menschen, die einen vermehrten Kontakt mit Tieren haben wie Landwirte und Tierärzte (Bisdorff et al. 2012, Reynaga et al. 2016 und Reynaga et al. 2017). Durch diese Berufsgruppen

könnte dann der Erreger weiter verbreitet und z. B. in Krankenhäuser eingetragen werden. Menschen, die mit „Nutztier-assoziierten“ MRSA kolonisiert sind, scheinen seltener zu einer Ausbreitung von MRSA in Krankenhäusern beizutragen als Träger von „Krankenhaus-assoziierten“ MRSA-Stämmen. Außerdem scheint eine Infektion des Menschen mit diesen „Nutztier-assoziierten“ MRSA-Stämmen nur in seltenen Fällen zu schweren Krankheitserscheinungen zu führen (EFSA 2009b, Van Cleef et al. 2011). Allerdings werden alle Krankheitsbilder von Hautinfektionen bis Septikämien beschrieben (Köck et al. 2013).

4.5.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von MRSA in Nasentupfern von Wildschweinen, in Staub- und Hauttupfern von Masthähnchen und Mastputen, sowie in Proben von frischem Hähnchen- und Putenfleisch sind den Tabellen 4.19 bis 4.21 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder MRSA-verdächtige Isolate aus der Primärisolierung ein, die im Nationalen Referenzlabor am BfR bestätigt werden. Von den 268 eingesandten Isolaten konnten 235 (87,7 %) als MRSA bestätigt werden. Sämtliche vom Wildschwein eingesandten verdächtigen Isolate (n=8) konnten nicht als MRSA bestätigt werden, was in den Ergebnissen zu diesen Untersuchungen dargestellt wird. Unter den übrigen Isolaten lag die Bestätigungsrate bei 90,7 % sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz MRSA-verdächtiger Isolate weitgehend der Prävalenz von MRSA entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über MRSA berichtet, obwohl nicht alle positiven Befunde durch die PCR bestätigt wurden.

Tab. 4.19 Prävalenz von MRSA in Nasentupfern von Wildschweinen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Nasentupfer	575	0	0,0 (0,0-0,8)

Tab. 4.20 Prävalenz von MRSA in Staub- und Hauttupfern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Staubtupfer (konventionell)	327	2	0,6 (0,0-2,4)
Staubtupfer (ökologisch)	37	2	5,4 (0,6-18,6)
Hauttupfer (konventionell)	318	6	1,9 (0,8-4,2)
Hauttupfer (ökologisch)	36	0	0,0 (0,0-11,5)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	422	55	13,0 (10,1-16,6)

Tab. 4.21 Prävalenz von MRSA in frischem Putenfleisch

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
frisches Fleisch (ohne Haut)	458	204	44,5 (40,1–49,1)

Es wurden insgesamt 2173 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. Keiner der von Wildschweinen stammenden MRSA-verdächtigen *Staphylococcus aureus* konnte als MRSA bestätigt werden. Die Nachweisrate von MRSA in Staubtupfern und Hauttupfern aus konventionellen Masthähnchenbetrieben betrug 0,6 % bzw. 1,9 %. Von den 37 Proben von Staubtupfern aus ökologischen Betrieben waren 2 Proben (5,4 %) positiv für MRSA. In den Hauttupfern aus ökologischen Betrieben wurden keine MRSA nachgewiesen. Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate mit MRSA von 13,0 % auf. Frisches Putenfleisch war mit 44,5 % positiver Proben deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert.

4.5.3 Ergebnisse der Typisierung

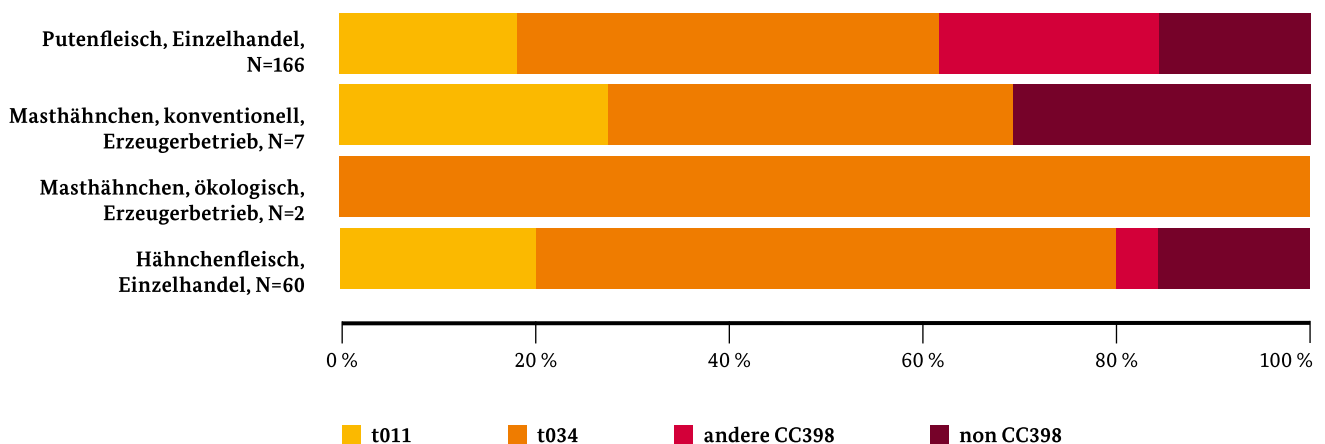
Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus (S.) aureus* eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Von den zur Bestätigung eingesandten und untersuchten 268 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 33 (12,3 %) nicht als MRSA bestätigt. In allen Fällen handelte es sich um *S. aureus*, die kein *mec*-Gen trugen. Unter den 33 Isolaten waren sämtliche vom Wildschwein eingesandten Isolate (n=8) sowie 25 Isolate aus der Putenfleischkette.

Die 235 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus allen vier Herkünften (s. Abb. 4.3). 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 gut in die beiden aus epidemiologischer Sicht differenziert zu betrachtenden Gruppen von Isolaten einteilen, die mit dem klonalen Komplex (CC) 398 assoziiert sind und von Isolaten, die diesem Komplex nicht angehören (non-CC398).

Insgesamt wurden 23 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die Typen t011 (16,6 %) und t034 (51,5 %) erwartungsgemäß am häufigsten waren. Beide *spa*-Typen, t011 und t034, sind mit dem CC398 assoziiert. Insgesamt wiesen über 86,8 % der Isolate *spa*-Typen auf, die dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren, diese gehörten 16 verschiedenen *spa*-Typen an. Sieben *spa*-Typen konnten nicht dem CC398 zugeordnet werden. Abbildung 4.3 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate stammten aus Putenfleisch (166 Isolate, 70,6 %) und Hähnchenfleisch (60 Isolate, 25,5 %). Beim Putenfleisch dominierte unter den non-CC398-Isolaten der mit dem CC9 assoziierte *spa*-Typ t1430 mit 14 der 21 non-CC398-Isolate. Auch bei den non-CC398-Isolaten vom Hähnchenfleisch dominiert der *spa*-Typ t1430 (6 von 8 Isolaten). Auch beide non-CC398-Isolate aus konventionellen Masthähnchenbeständen waren vom *spa*-Typ t1430. Andere non-CC398-Isolate waren vom *spa*-Typ t127 (3), t10204 (2), sowie t002, t852, t1422, t13177 (je 1).

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



4.6 Präsumtive *Bacillus cereus*

4.6.1 Einleitung

Bacillus (B.) cereus ist der namensgebende Vertreter der sogenannten *B.-cereus*-Gruppe, zu der aktuell acht eng verwandte Spezies gehören (*B. cereus*, *B. thuringiensis*, *B. weihenstephanensis*, *B. cytotoxicus*, *B. toyonensis*, *B. anthracis*, *B. mycoides* und *B. pseudomycoides*), wobei bereits weitere Spezies innerhalb dieser Gruppe beschrieben, aber noch nicht offiziell bestätigt sind (Liu et al. 2015, Miller et al. 2016). Zwischen den Spezies der *B.-cereus*-Gruppe (vor allem den fünf erstgenannten) findet in der Routine-Diagnostik kaum eine Unterscheidung statt, da die angewandten ISO-Verfahren hierzu keine gesicherte Aussage zulassen (DIN EN ISO 7932:2005-03, 21871:2006-04 und 10198:2010-07). *B. cereus* im engeren Sinne ist ein grampositives Sporenbildendes Bakterium, das als Bodenbewohner in der Umwelt weitverbreitet ist und in einer Vielzahl verschiedener Lebensmittel wie Gemüse, Salat, Fruchtprodukten, Reis, Nudeln, Käse, Kräutertees, Fleischprodukten, Milch und Milchprodukten nachgewiesen werden kann (Ankolekar et al. 2008, Bamnia und Kaul 2015, Messelhäusser et al. 2014). Der Verzehr von mit *B. cereus* verunreinigten Lebensmitteln kann zu zwei Arten von in der Regel eher mild verlaufenden lebensmittelbedingten Erkrankungen führen. Zum einen kann eine Lebensmittelintoxikation (emetischer Typ) durch das bei der Vermehrung der vegetativen Zellen im Lebensmittel produzierte, hitzestabile emetische Toxin (Cereulid) ausgelöst werden, das bereits wenige Stunden nach der Aufnahme zu Erbrechen führt. Zum anderen kann eine Lebensmittelinfektion (Diarrhoetyp), bei der vegetative Zellen oder Sporen mit dem Lebensmittel aufgenommen werden und erst im Dünndarm Enterotoxine produzieren, zu Durchfall führen, der 8 bis 16 Stunden

nach der Aufnahme des kontaminierten Lebensmittels auftritt. In beiden Fällen wurde das Lebensmittel in der Regel zuvor hitzebehandelt. Im Lebensmittel vorhandene Sporen überleben normale Kochtemperaturen und vermehren sich, wenn das Lebensmittel bei ungenügender Kühlung oder Heißhaltung gelagert wird. Solche Lebensmittel sind in der Regel die Ursache für die Auslösung der Erkrankung (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* 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 (EFSA 2005). In der Mehrzahl der durch *B. cereus* verursachten Krankheitsausbrüche wurden Bakterien-Keimzahlen von über 105 KbE/g in den beteiligten Lebensmitteln gemessen. Es sind aber auch Fälle bekannt, bei denen bereits niedrigere Keimgehalte an *B. cereus* von 103 bis 105 KbE/g zu Erkrankungen sowohl des emetischen als auch des Diarrhoe-Typs geführt haben (EFSA 2005 und EFSA 2016). In diesem Zusammenhang schätzen internationale Experten ein, dass die *B.-cereus*-Gehalte, die in Lebensmitteln als Risiko betrachtet werden müssen, wahrscheinlich auch für *B. thuringiensis* gelten, da auch diese das Potenzial haben, Enterotoxine zu produzieren (nicht hingegen das emetische Toxin Cereulid) (EFSA 2016).

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Tomaten und Sprossen sind den Tabellen 4.22 und 4.23 zu entnehmen.

Tab. 4.22 Prävalenz von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Tomaten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	präsumtive <i>Bacillus cereus</i> -Proben (n)	präsumtive <i>Bacillus cereus</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	426	121	28,4 (24,3–32,9)

Tab. 4.23 Prävalenz von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	präsumtive <i>Bacillus cereus</i> -Proben (n)	präsumtive <i>Bacillus cereus</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Sprossen (frisch)	339	28	8,3 (5,7–11,7)

Insgesamt wurden 765 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von präsumtiven *Bacillus cereus* einbezogen. In 28,4% der Proben von Tomaten und in 8,3% der Proben von Sprossen aus dem Einzelhandel wurden präsumtive *Bacillus cereus* nachgewiesen

4.6.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden präsumtive *B.-cereus*-Isolate aus 114 unterschiedlichen Proben eingesandt. Alle Isolate wurden im BfR als präsumtive *B. cereus* bestätigt. Die überwiegende Mehrzahl der eingesandten Isolate stammte aus Tomatenproben (100 Isolate). Von diesen Tomaten-Isolaten erwiesen sich die meisten als *B. thuringiensis* (s. Tab. 4.24).

Tab. 4.24 Ergebnisse der Typisierung eingesandter präsumtiver *Bacillus-cereus*-Isolate

Keimspezies	Tomaten Einzelhandel	Sprossen Einzelhandel	Gesamt
<i>B.-cereus</i> -Gruppe	1	14	15
<i>B. thuringiensis</i>	99		99
Gesamt	100	14	114

Die Zugehörigkeit zu folgenden Spezies konnte ausgeschlossen werden: *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. cytotoxicus*, *B. weihenstephanensis* und *B. anthracis*. Eine weitergehende Speziesdifferenzierung war mit diesen Stämmen methodisch nicht möglich.

4.7 Kommensale *Escherichia coli*

4.7.1 Einleitung

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

3,9% und 4,5% positiver Proben häufiger nachgewiesen. Außerdem traten hier vereinzelt auch höhere Keimzahlen von > 1000 KbE/g auf (BVL 2016a und BVL 2016b). Auf Schlachtkörpern von Masthähnchen wurden zu 95,7% Keimgehalte an *E. coli* zwischen 10 KbE/g und $11,2 \times 10^5$ KbE/g gemessen (BVL 2015).

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der quantitativen Bestimmungen von *E. coli* in Proben von Sprossen sind der Tabelle 4.25 zu entnehmen.

In 4,8% der Proben von Sprossen, die mit der quantitativen Methode untersucht wurden, lag die Keimzahl oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g. 0,8% der Proben wiesen einen Keimgehalt von über 1000 KbE/g auf. Als höchste Keimbelastung wurden $7,2 \times 10^4$ KbE/g gemessen.

Tab. 4.25 Quantitative Bestimmung von *E. coli* in Proben von frischen Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>E.-coli</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>E.-coli</i> -Nachweis	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>E.-coli</i> -Nachweis > 1000 KbE/g
Sprossen (frisch)	357	17 (4,8)	zwischen 10 und $7,2 \times 10^4$ KbE/g	3 (0,8)

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

4.8.1 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 verschiedenen 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 2015b, Canton et al. 2008, Cullik et al. 2010). ESBL/AmpC-Bildner können in nahezu allen gramnegativen Bakterien-Spezies auftreten, d. h. sowohl in Bakterien der physiologischen Darmflora wie kommensalen *E. coli*, als auch in potenziell krank machenden Bakterien wie z. B. Salmonellen. Durch den Einsatz von Antibiotika wird die Verbreitung von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* begünstigt (BfR 2011a, BfR 2015b). In den letzten 10 Jahren ist es zu einer deutlichen Zunahme der Nachweise von ESBL-bildenden Bakterien beim Menschen in Deutschland und anderen EU-Staaten gekommen (ECDC 2017). Im Rahmen einer Studie, die in den Jahren 2009 bis 2012 in Bayern durchgeführt wurde, wurden bei etwa 7% der Normalbevölkerung ESBL-bildende *E. coli* nachgewiesen (Pfeifer und Eller 2012, Valenza et al. 2014). Im Rahmen der Antibiotikaresistenzsurveillance des RKI erwiesen sich 2016 7,8% der *E.-coli*-Isolate aus dem ambulatorischen Bereich als resistent gegen Cefotaxim. Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2009 nur 3,5% der *E.-coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet (<https://ars.rki.de/Content/Database/Resistance-Overview.aspx>).

Auch bei landwirtschaftlichen Nutztieren werden ESBL/AmpC-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2015b, Friese et al. 2013). Eine Rolle spielen ESBL/AmpC-bildende Bakterien insbesondere als Verursacher von Krankenhausinfektionen. Vor allem bei Risikopatienten wie Neugeborenen kann eine Besiedelung mit ESBL-bildenden Bakterien schwerwiegende Infektionen mit Todesfolge auslösen (Pfeifer und Eller 2012).

Im Zoonosen-Monitoring wurden ESBL-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren in Betrieben von Zucht-hühnern der Mastrichtung (45,2% positive Kotproben) und Masthähnchen (64,9% positive Kotproben) sowie in frischem Hähnchenfleisch (66,0% positive Proben) sehr häufig nachgewiesen (BVL 2015). Auch in etwa der Hälfte der untersuchten Kotproben von Zuchtsauen (53,9% positive Proben) und Läufern (47,6% positive Proben) sowie Proben von Blinddarminhalt von Mast-schweinen (46,3% positive Proben) wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Frisches Schweinefleisch wies eine deutlich geringere Kontaminationsrate an ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 5,7% auf (BVL 2016b). Mastkälber und Jungrinder waren mit 60,6% positiver Proben von Blinddarminhalt noch häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Masthähnchen und Schweine. Bei Mastrindern (17,7% positive Kotproben) traten ESBL/AmpC-bildende *E. coli* deutlich seltener auf. Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von etwa 4,0% auf (BVL 2016b).

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Wildschweinen, in Kotproben von Masthähnchen und Mastputen, in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen, in Proben von frischem Hähnchen- und Putenfleisch sowie in Proben von Tomaten und Sprossen sind den Tabellen 4.26 bis 4.30 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 bestätigt. Von den 915 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring entnommen wurden, konnten 867 (94,8%) 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.

Insgesamt wurden 3305 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. In 6,4% der Kotproben von Wildschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. In jeweils etwa der Hälfte der untersuchten Kotproben (50,2%) aus konventionellen Masthähnchenbetrieben, Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof (52,6%) und Proben von frischem Hähnchenfleisch (49,8%) wurden ESBL/

AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof betrug 36,5%. Frisches Putenfleisch aus dem Einzelhan-

del war zu 38,8% mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. In Proben von Tomaten wurden keine ESBL-bildenden *E. coli* nachgewiesen, während Sprossen zu 2,2% positiv für diese Keime waren.

Tab. 4.26 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Wildschweinen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Kot	550	35	6,4 (4,6–8,7)
Kot (Jungtier)	139	11	7,9 (4,3–13,7)
Kot (ausgewachsenes Tier)	390	22	5,6 (3,7–8,4)
(keine Altersangabe)	21	2	9,5 (1,4–30,1)

Tab. 4.27 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Masthähnchen, in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Kot (konventionell)	329	165	50,2 (44,8–55,5)
Kot (ökologisch)	35	9	25,7 (14,0–42,3)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	344	181	52,6 (47,3–57,8)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	418	208	49,8 (45,0–54,5)

Tab. 4.28 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	323	118	36,5 (31,5–41,9)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	459	178	38,8 (34,4–43,3)

Tab. 4.29 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Tomaten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	486	0	0,0 (0,0–1,0)

Tab. 4.30 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (n)	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> -positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
Sprossen (frisch)	361	8	2,2 (1,1–4,4)

4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz eingesandt. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der der positiven Befunde überein. Insgesamt wurden 915

Isolate im Zusammenhang mit einer selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* eingesandt, die den Programmen im Zoonosen-Monitoring 2016 zugeordnet werden konnten. Von den 915 Isolaten wurden 867 als ESBL/AmpC/Carbapenemase-bildende *E. coli* bestätigt (94,8%). Die Verteilung der Isolate auf die Matrizes/Programme gibt Tabelle 4.31 wieder.

Tab. 4.31 Ergebnisse der phänotypischen Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E. coli*-Isolate

Matrix	Anzahl	AmpC - verdächtig	Carbapenemase- verdächtig ¹	ESBL+ AmpC- verdächtig	ESBL- verdächtig	Phänotyp nicht ermittelt
Masthähnchen						
Bestand – ökologisch	7	1	0	1	5	0
Bestand – konventionell	154	24	4	11	114	1
Blinddarminhalt, Schlachthof	182	52	5	10	115	0
Halshaut, Schlachthof	5	1	0	0	4	0
Fleisch, Einzelhandel	206	45	6	18	137	0
Mastputen						
Blinddarminhalt, Schlachthof	113	6	0	8	99	0
Fleisch, Einzelhandel	170	17	0	15	138	0
pflanzliche Lebensmittel						
Tomaten	1	0	1	0	0	0
Sprossen	4	0	0	0	4	0
Wild						
Wildschweinkot	25	2	0	0	23	0
Gesamt	867	148	16	63	639	1

¹ Von den 16 aus der phänotypischen Testung identifizierten Carbapenemase-verdächtigen Isolaten konnte keines per PCR bestätigt werden.

4.9 Carbapenemase-bildende *E. coli*

4.9.1 Einleitung

Carbapenemase-bildende Enterobacteriaceae zeichnen sich durch eine Resistenz gegenüber Beta-Laktam-Antibiotika der Carbapenem-Gruppe aus. Carbapeneme sind Antibiotika mit einem breiten Wirkungsspektrum, die in erster Linie bei Infektionen mit gramnegativen Bakterien eingesetzt werden. Sie gelten als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen, da sie bisher auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam waren, wenn andere antibiotische Substanzen bereits keine Wirkung mehr zeigten. Carbapeneme werden oft als letztes Mittel der Wahl, insbesondere bei der Behandlung von schweren Krankenhausinfektionen, eingesetzt (BfR 2016, Kaase 2012, Nordmann et al. 2011). Bei einer Infektion mit Carbapenemase-bildenden gramnegativen Krankheitserregern sind Carbapeneme jedoch unwirksam. Diese Resistenz entsteht durch die Bildung des Enzyms Carbapenemase, das Carbapenem-Antibiotika und in der Regel auch fast alle anderen Beta-Laktam-Antibiotika zerstört. Die Gene für die Synthese von Carbapenemasen sind meistens auf Plasmiden lokalisiert und somit von Bakterium zu Bakterium durch horizontalen Gentransfer übertragbar (Kaase 2012). Im Humanbereich wird in Deutschland und weltweit in den letzten Jahren eine Zunahme von Carbapenemase-bildenden gramnegativen Bakterien beobachtet (Kaase 2012, Nordmann et al. 2011, Nordmann et al. 2012, Pfeifer 2010, RKI 2013, RKI 2016). Carbapenemase-bildende Bakterien wurden in Deutschland anfänglich insbesondere bei im Ausland erworbenen Infektionen nachgewiesen, mittlerweile sind aber auch Ausbrüche in Krankenhäusern mit Carbapenemase-bildenden Bakterien aufgetreten, die keinen Auslandsbezug aufweisen (Pfeifer 2010). 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 Carbapenemasebildung nur schwer zu therapieren sind (Ruhr-Universität Bochum 2017). Auch im Darm von Nutztieren wurden bereits Carbapenemase-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2016, Irrgang et al. 2017 und Roschanski 2017).

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

Insgesamt wurden 1659 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* in Kotproben von Masthähnchen, in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen sowie in Proben von frischem Hähnchen- und Putenfleisch einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Von den 39 verdächtigen eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring entnommen wurden, konnte allerdings keines im Nationalen Referenzlabor phänotypisch als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt werden.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 2925 Isolaten von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., VTEC, MRSA und kommensalen Enterokokken sowie *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der ermittelten minimalen Hemmkonzentrationen (MHK) erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-Off-Werte nach EUCAST, wie im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen.

5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 124 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Stichprobenplans 2016 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (s. Abb. 5.1, Tab. 5.1 bis Tab. 5.3). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus den Lebensmittelketten Hähnchen-

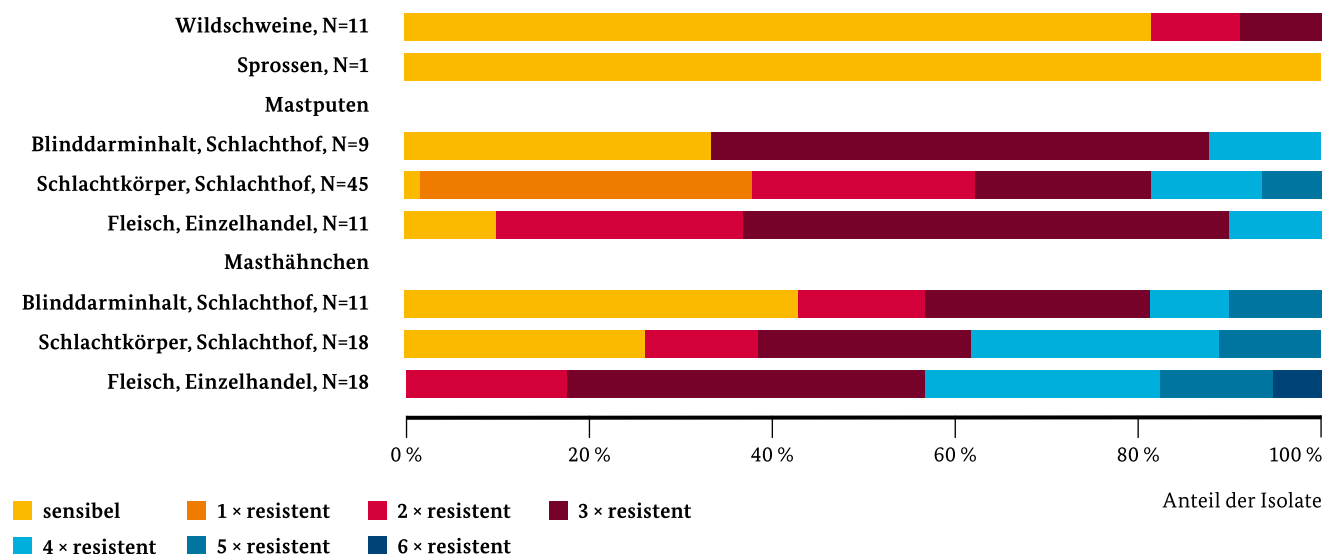
(s. Tab. 5.1) bzw. Putenfleisch (s. Tab. 5.2). Von Wildschweinen wurden 11 Isolate untersucht (s. Tab. 5.3).

Von den Isolaten aus der Hähnchenfleischkette waren die meisten resistent gegen die getesteten Fluorchinolone, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol (s. Tab. 3.10). Keine Resistenzen wurden gegen Gentamicin, die getesteten Cephalosporine der 3. Generation sowie Meropenem festgestellt. Bei einigen Isolaten wurde eine Resistenz gegen Tigezyklin beobachtet.

Bei Isolaten aus der Putenfleischkette wurden die höchsten Resistenzraten ebenfalls gegen die getesteten Fluorchinolone beobachtet. Auch hier zeigte kein *Salmonella*-Isolat eine Resistenz gegen die getesteten Cephalosporine der 3. Generation oder Meropenem. Auch gegen Tigezyklin wurden keine Resistenzen beobachtet.

Neun der 11 Isolate vom Wildschwein waren vollständig sensibel, allerdings zeigten 2 Isolate Resistenzen gegen 2 bzw. 3 Wirkstoffgruppen, darunter je eine gegen Ciprofloxacin und gegen Colistin. Das Isolat aus Sprossen war vollständig sensibel.

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



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

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Schlachthof Schlaktkörper		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	11		18		18	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	1	9,1	2	11,1	1	5,6
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	6	54,5	11	61,1	16	88,9
Ciprofloxacin	6	54,5	11	61,1	16	88,9
Ampicillin	3	27,3	8	44,4	7	38,9
Colistin	1	9,1	3	16,7	0	0,0
Sulfamethoxazol	4	36,4	9	50,0	17	94,4
Trimethoprim	4	36,4	9	50,0	6	33,3
Tetrazyklin	3	27,3	8	44,4	15	83,3
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	1	5,6
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	1	5,6	5	27,8
sensibel	5	45,5	5	27,8	0	0,0
1x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2x resistent	1	9,1	2	11,1	3	16,7
3x resistent	3	27,3	4	22,2	7	38,9
4x resistent	1	9,1	5	27,8	5	27,8
> 4x resistent	1	9,1	2	11,1	3	16,7

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Schlaktkörper		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	9		45		11	
Gentamicin	1	11,1	2	4,4	1	9,1
Chloramphenicol	0	0,0	1	2,2	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	4	44,4	37	82,2	7	63,6
Ciprofloxacin	6	66,7	41	91,1	8	72,7
Ampicillin	2	22,2	13	28,9	5	45,5
Colistin	0	0,0	2	4,4	0	0,0
Sulfamethoxazol	1	11,1	10	22,2	5	45,5
Trimethoprim	1	11,1	3	6,7	1	9,1
Tetrazyklin	3	33,3	26	57,8	9	81,8
Azithromycin	0	0,0	4	8,9	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen, Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Schlachtkörper		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
sensibel	3	33,3	1	2,2	1	9,1
1x resistent	0	0,0	15	33,3	0	0,0
2x resistent	5	55,6	13	28,9	3	27,3
3x resistent	0	0,0	8	17,8	6	54,5
4x resistent	1	11,1	5	11,1	1	9,1
> 4x resistent	0	0,0	3	6,7	0	0,0

Tab. 5.3 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Futtermittel und Lebensmitteleinzelhandel

Matrix Probenahmeort	Tomaten, roh Einzelhandel		Sprossen, roh Einzelhandel		Wildschwein Kot	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	0		1		11	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Colistin	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	0	0,0	1	100,0	9	81,8
1x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2x resistent	0	0,0	0	0,0	1	9,1
3x resistent	0	0,0	0	0,0	1	9,1
4x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
> 4x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 932 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 659 Isolate von *C. jejuni* und 273 Isolate von *C. coli*. Alle Isolate stammten aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch.

Die Darstellung und Bewertung der Untersuchungsergebnisse erfolgte getrennt für die beiden Spezies *C. jejuni* und *C. coli*. Abbildung 5.2 zeigt die Untersuchungsergebnisse (Anzahl der Resistenzen je Isolat) der eingesandten *C.-jejuni*- und *C.-coli*-Isolate aus der Hähnchenfleischkette, Abbildung 5.3 die aus der Putenfleischkette. In beiden Lebensmittelketten waren Isolate von *C. coli* häufiger resistent als solche von *C. jejuni*. Nur 9 Isolate von *C. coli* waren sensibel (3,3%) gegenüber allen Testsubstanzen. Für *C. coli* lag bei keiner Herkunft der Anteil sensibler Isolate über 6,7%, von den 6 Isolaten aus Putenfleisch im Einzelhandel war keines sensibel. Der Anteil sensibler Isolate war bei *C. jejuni* höher (23,5%; alle Isolate unabhängig von der Matrix).

Die höchsten Resistenzraten bei beiden *Campylobacter*-Spezies wurden gegenüber Tetrazyklin und Ciprofloxacin beobachtet. Auch dabei waren die Resistenzraten der Isolate von Puten am höchsten und wiederum die der Isolate von *C. coli* höher als die der von *C. jejuni* (s. Tab. 5.4 bis Tab. 5.6). Die Resistenzraten gegen Ciprofloxacin lagen bei *C.-coli*-Isolaten bei 92,7%, wobei sie in der Putenfleischkette höher waren (95,4%) als in der Hähnchenfleischkette (87,8%).

Gegenüber dem Makrolid Erythromycin waren nur 3 *C.-jejuni*-Isolate resistent (0,5%), während bei *C. coli* 13,2% der Isolate resistent waren. Auch hier war die Resistenzrate in der Putenfleischkette höher (14,9%) als in der Hähnchenfleischkette (10,2%).

Keine Unterschiede zwischen Isolaten der Puten- und der Hähnchenfleischkette bestanden für die Resistenzraten gegen Tetrazyklin, Streptomycin und Gentamicin. Allerdings zeigte sich gegenüber Streptomycin und Tetrazyklin auch wieder der Unterschied zwischen *C. jejuni* und *C. coli*. Gegen Gentamicin war nur ein einziges Isolat (*C. jejuni* aus einer Blinddarmprobe von Masthähnchen) resistent.

Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

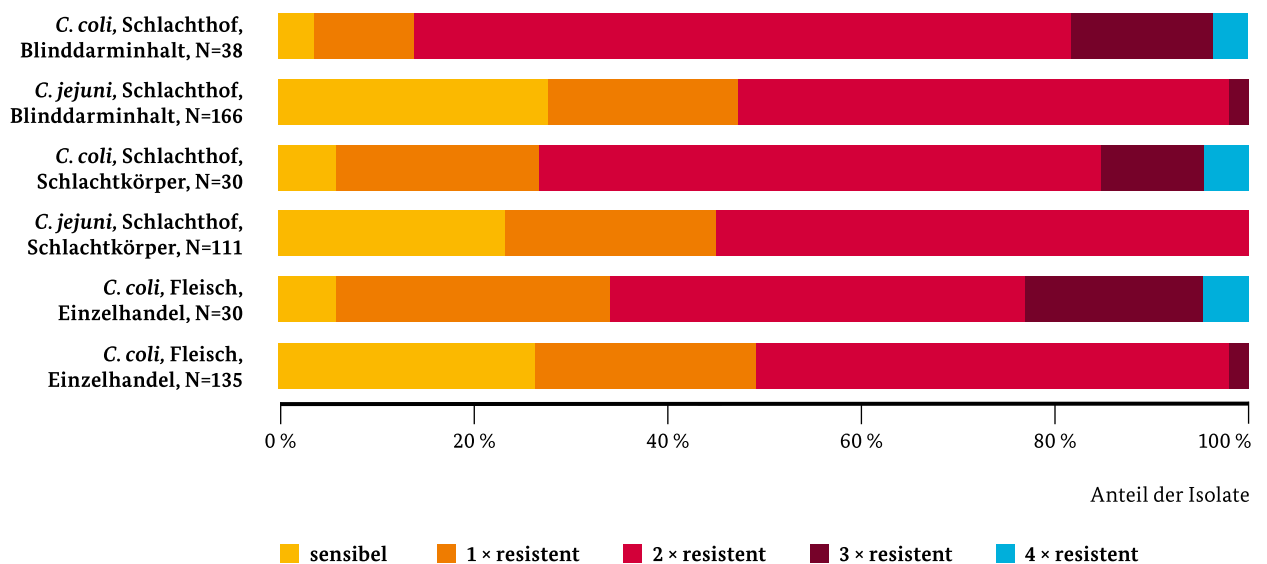
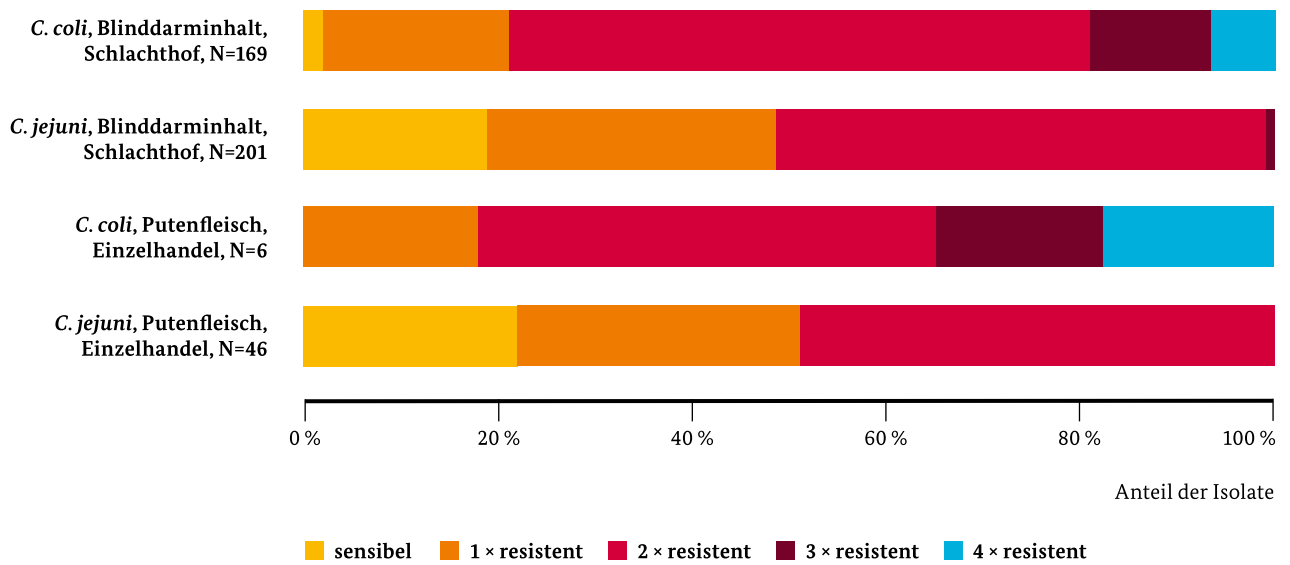


Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Campylobacter jejuni* und *Campylobacter coli* aus der Lebensmittelkette Putenfleisch. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.4 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Campylobacter-jejuni*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Tierart Probenahmeort Matrix	<i>Campylobacter jejuni</i>					
	Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Schlachthof Halshaut		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	166		111		135	
Gentamicin	1	0,6	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	6	3,6	0	0,0	1	0,7
Ciprofloxacin	119	71,7	86	77,5	99	73,3
Nalidixinsäure	113	68,1	82	73,9	97	71,9
Erythromycin	0	0,0	1	0,9	2	1,5
Tetrazyklin	84	50,6	58	52,3	68	50,4
sensibel	46	27,7	25	22,5	36	26,7
1x resistent	34	20,5	27	24,3	30	22,2
2x resistent	83	50,0	59	53,2	67	49,6
3x resistent	3	1,8	0	0,0	2	1,5
4x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.5 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Campylobacter-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Tierart Probenahmeort Matrix	<i>Campylobacter coli</i>					
	Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Schlachthof Halshaut		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	38		30		30	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	7	18,4	3	10,0	3	10,0
Ciprofloxacin	35	92,1	26	86,7	25	83,3
Nalidixinsäure	32	84,2	24	80,0	21	70,0
Erythromycin	2	5,3	2	6,7	6	20,0
Tetrazyklin	33	86,8	24	80,0	22	73,3
sensibel	1	2,6	2	6,7	2	6,7
1x resistent	5	13,2	6	20,0	8	26,7
2x resistent	25	65,8	18	60,0	13	43,3
3x resistent	6	15,8	3	10,0	6	20,0
4x resistent	1	2,6	1	3,3	1	3,3

Tab. 5.6 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *Campylobacter-jejuni*- und *Campylobacter-coli*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch

Tierart Probenahmeort Matrix	<i>Campylobacter jejuni</i>				<i>Campylobacter coli</i>			
	Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Einzelhandel Fleisch		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	201		46		169		6	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	7	3,5	1	2,2	23	13,6	1	16,7
Ciprofloxacin	156	77,6	34	73,9	161	95,3	6	100,0
Nalidixinsäure	147	73,1	28	60,9	150	88,8	6	100,0
Erythromycin	0	0,0	0	0,0	24	14,2	2	33,3
Tetrazyklin	105	52,2	22	47,8	133	78,7	5	83,3
sensibel	37	18,4	11	23,9	4	2,4	0	0,0
1x resistent	62	30,8	13	28,3	32	18,9	1	16,7
2x resistent	99	49,3	22	47,8	102	60,4	3	50,0
3x resistent	3	1,5	0	0,0	19	11,2	1	16,7
4x resistent	0	0,0	0	0,0	12	7,1	1	16,7

5.3 Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Insgesamt wurden 24 VTEC-Isolate auf ihre Resistenz getestet. Diese stammten alle aus erjagten Wildschweinen und waren bis auf eines vollständig sensibel. Das resistente Isolat zeigte eine Resistenz gegen 6 Substanzklassen. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate sind in der Tabelle 5.7 gegenübergestellt.

Tab. 5.7 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter VTEC-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

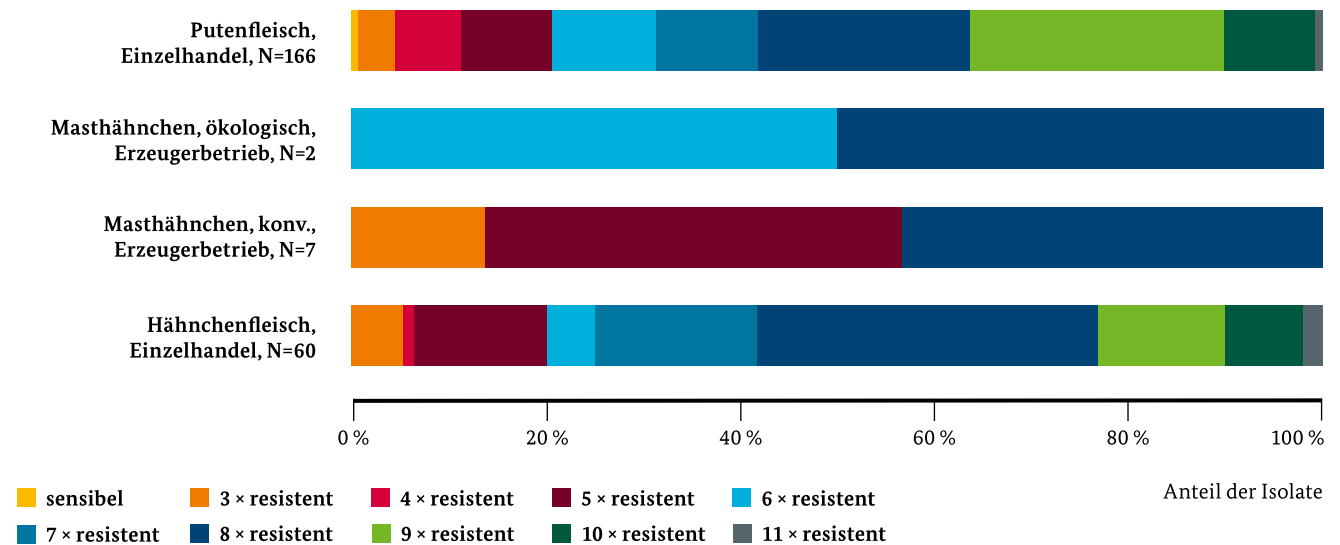
Tierart Probenahmeort Matrix	Wildschwein gejagt Kot	
	N	%
Anzahl untersucht	24	
Gentamicin	1	4,2
Chloramphenicol	1	4,2
Cefotaxim	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0
Nalidixinsäure	1	4,2
Ciprofloxacin	1	4,2
Ampicillin	1	4,2
Colistin	0	0,0
Sulfamethoxazol	1	4,2
Trimethoprim	1	4,2
Tetrazyklin	1	4,2
Azithromycin	0	0,0
Meropenem	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0
sensibel	23	95,8
1x resistent	0	0,0
2x resistent	0	0,0
3x resistent	0	0,0
4x resistent	0	0,0
> 4x resistent	1	4,2

5.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 235 MRSA-Isolate getestet, die einem der 4 vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in Tabelle 5.8 zusammengefasst.

Alle Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 3 der 16 getesteten Substanzklassen (s. Abb. 5.4). Sensible Isolate wurden aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt. Bis auf Mupirocin wurde für jede Substanz mindestens ein resistentes Isolat identifiziert. Dabei wurde gegenüber Vancomycin nur ein resistentes Isolat identifiziert (0,4% aller Isolate), gegenüber Sulfamethoxazol, Linezolid und Rifampicin waren es jeweils 2 (0,9%). Gegen Cefoxitin und gegenüber Penicillin waren alle bis auf ein Isolat resistent. Gegenüber Tetrazyklin waren 90,2% der Isolate resistent.

Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei MRSA 2016. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.8 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter MRSA-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Erzeugerbetrieb konventionell		Masthähnchen Erzeugerbetrieb ökologisch		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	7		2		60		166	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	4	6,7	19	11,4
Kanamycin	0	0,0	0	0,0	6	10,0	30	18,1
Streptomycin	1	14,3	0	0,0	11	18,3	34	20,5
Chloramphenicol	1	14,3	0	0,0	5	8,3	5	3,0
Cefoxitin	7	100,0	2	100,0	60	100,0	166	100,0
Ciprofloxacin	2	28,6	0	0,0	23	38,3	108	65,1
Penicillin	7	100,0	2	100,0	59	98,3	166	100,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	1,2
Trimethoprim	3	42,9	2	100,0	49	81,7	119	71,7
Tetrazyklin	6	85,7	2	100,0	52	86,7	152	91,6
Clindamycin	5	71,4	2	100,0	53	88,3	130	78,3
Erythromycin	4	57,1	1	50,0	51	85,0	118	71,1
Mupirocin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Rifampicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	1,2

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Erzeugerbetrieb konventionell		Masthähnchen Erzeugerbetrieb ökologisch		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	1,2
Fusidinsäure	0	0,0	0	0,0	4	6,7	10	6,0
Quinupristin/ Dalfopristin	3	42,9	1	50,0	34	56,7	85	51,2
Tiamulin	3	42,9	2	100,0	40	66,7	103	62,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	0,6
sensibel	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
1x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	0,6
3x resistent	1	14,3	0	0,0	2	3,3	9	5,4
4x resistent	0	0,0	0	0,0	1	1,7	10	6,0
5x resistent	3	42,9	0	0,0	9	15,0	14	8,4
6x resistent	0	0,0	1	50,0	3	5,0	18	10,8
7x resistent	0	0,0	0	0,0	10	16,7	17	10,2
8x resistent	3	42,9	1	50,0	21	35,0	36	21,7
9x resistent	0	0,0	0	0,0	8	13,3	43	25,9
10x resistent	0	0,0	0	0,0	5	8,3	16	9,6
11x resistent	0	0,0	0	0,0	1	1,7	2	1,2

5.5 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1530 *E.-coli*-Isolate getestet, die den durchgeführten Programmen zugeordnet werden konnten. Falls deutlich mehr als die geforderten 170 Isolate eingesandt wurden, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Testung ausgewählt. Dies war bei den Isolaten aus Blinddarminhalten vom Schlachthof und aus Fleisch im Einzelhandel der Fall, sowie bei den Isolaten aus Wildschweinkot. Aus den übrigen Matrices wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Abbildung 5.5 zeigt die Untersuchungsergebnisse der kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der einzelnen Programme sind in den Tabellen 5.9 bis 5.12 gegenübergestellt. Der Anteil sensibler Isolate aus der Hähnchenfleischkette lag zwischen 13,3 % (konventionelle Hähnchenhaltung im Bestand) und 71 % (ökologische Hähnchenhaltung im Bestand) (s. Tab. 5.9). Die höchsten Resistenzraten wurden bei Isolaten von konventionellen Masthähnchen im Bestand beobachtet. Die Anteile resistenter Isolate waren bei den Isolaten von Hähnchen am

Schlachthof (17,5 % sensible Isolate) und aus Fleisch im Einzelhandel etwas geringer (19,8 % sensible Isolate). Durchweg die niedrigsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten von Hähnchen aus ökologischen Beständen festgestellt.

Der höchste Anteil gegen die Cephalosporine der 3. Generation resistenter Isolate wurde beim Hähnchenfleisch im Einzelhandel festgestellt (4,9%). Diese Resistenz wurde bei Isolaten von den ökologisch bewirtschafteten Hähnchen nicht beobachtet. Der Anteil resistenter Isolate gegenüber Ciprofloxacin aus den drei konventionellen Herkünften der Hähnchenfleischkette lag zwischen 44,5 % und 59,9 %, gegenüber 9,7 % aus Ökobeständen. Resistenzen gegenüber Meropenem und Tigecyclin wurden nicht beobachtet. Gegenüber Colistin waren Isolate aus ökologischen Hähnchenbeständen nicht resistent. Bei den anderen Herkünften der Hähnchenfleischkette lag der Anteil zwischen 4 % und 8,3 %.

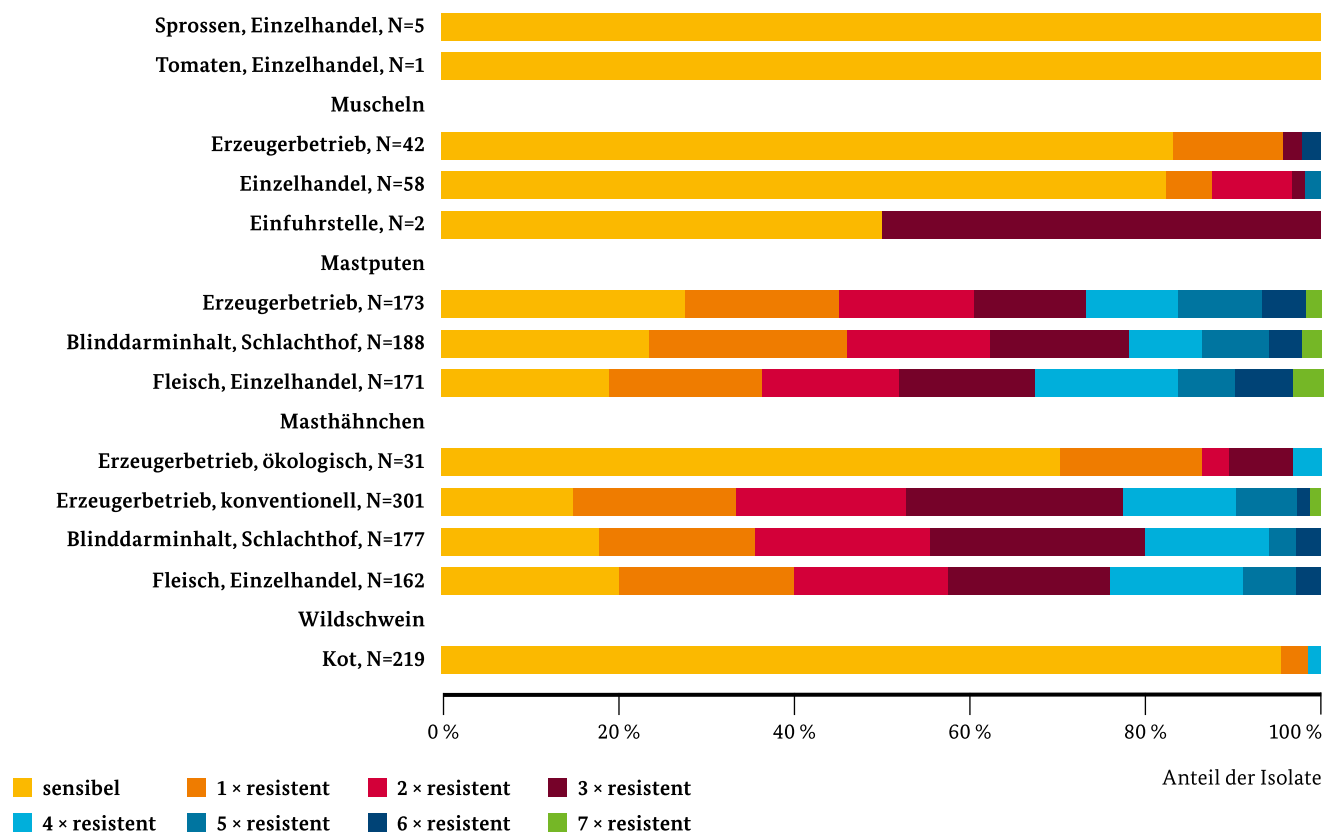
Von den Isolaten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (s. Tab. 5.10) waren etwa 20 % sensibel. Lediglich gegen Meropenem wurde bei keinem Isolat eine Resistenz beobachtet. Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation waren selten (2,8%), gegen Colistin

etwas häufiger (8,5%). Gegen Ampicillin waren die meisten Isolate resistent (62,0%), gefolgt von Tetracyclin (47,7%), Sulfamethoxazol (36,8%) und Ciprofloxacin (36,5%).

Isolate aus Muscheln waren ganz überwiegend (82,4%) voll sensibel (s. Tab. 5.11). Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation, Meropenem und Tigecyklin wurden nicht beobachtet, allerdings kamen Resistenzen gegen Ciprofloxacin (5 Isolate) und Colistin (1 Isolat) vor. Je ein Isolat war gegen 5 bzw. 6 Klassen von Antibiotika resistent.

Die wenigen Isolate aus Sprossen und Tomaten waren vollständig sensibel. Auch Isolate von Wildschweinen waren fast immer (95,9%) sensibel. Sie wiesen keine Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation und gegen Meropenem auf, waren aber selten gegen Ciprofloxacin (0,9%) oder gegen Colistin (1,8%) resistent (s. Tab. 5.12).

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



Tab. 5.9 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Bestand, konv. Kot		Masthähnchen Bestand, ökol. Kot		Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	301		31		177		162	
Gentamicin	4	1,3	1	3,2	12	6,8	9	5,6
Chloramphenicol	23	7,6	0	0,0	17	9,6	16	9,9
Cefotaxim	5	1,7	0	0,0	2	1,1	8	4,9
Ceftazidim	5	1,7	0	0,0	2	1,1	7	4,3
Nalidixinsäure	125	41,5	3	9,7	100	56,5	73	45,1
Ciprofloxacin	134	44,5	3	9,7	106	59,9	81	50,0
Ampicillin	212	70,4	7	22,6	105	59,3	94	58,0
Colistin	25	8,3	0	0,0	7	4,0	7	4,3
Sulfamethoxazol	178	59,1	3	9,7	83	46,9	75	46,3
Trimethoprim	158	52,5	2	6,5	68	38,4	58	35,8
Tetrazyklin	121	40,2	3	9,7	49	27,7	54	33,3
Azithromycin	5	1,7	0	0,0	4	2,3	2	1,2
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	40	13,3	22	71,0	31	17,5	32	19,8
1x resistent	55	18,3	5	16,1	31	17,5	33	20,4
2x resistent	61	20,3	1	3,2	36	20,3	29	17,9
3x resistent	73	24,3	2	6,5	43	24,3	27	16,7
4x resistent	48	15,9	1	3,2	27	15,3	30	18,5
5x resistent	19	6,3	0	0,0	6	3,4	8	4,9
6x resistent	3	1,0	0	0,0	3	1,7	3	1,9
7x resistent	2	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.10 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Bestand Kot		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	173		188		171	
Gentamicin	17	9,8	12	6,4	22	12,9
Chloramphenicol	34	19,7	30	16,0	28	16,4
Cefotaxim	2	1,2	4	2,1	9	5,3
Ceftazidim	3	1,7	3	1,6	9	5,3
Nalidixinsäure	45	26,0	42	22,3	47	27,5
Ciprofloxacin	68	39,3	61	32,4	65	38,0
Ampicillin	101	58,4	119	63,3	110	64,3
Colistin	11	6,4	17	9,0	17	9,9
Sulfamethoxazol	63	36,4	57	30,3	76	44,4
Trimethoprim	39	22,5	42	22,3	54	31,6
Tetrazyklin	73	42,2	81	43,1	98	57,3
Azithromycin	2	1,2	4	2,1	10	5,8
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	1	0,5	0	0,0

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Bestand Kot		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Einzelhandel Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
sensibel	49	28,3	46	24,5	32	18,7
1x resistent	30	17,3	42	22,3	27	15,8
2x resistent	26	15,0	30	16,0	30	17,5
3x resistent	23	13,3	29	15,4	27	15,8
4x resistent	17	9,8	18	9,6	28	16,4
5x resistent	17	9,8	12	6,4	11	6,4
6x resistent	8	4,6	7	3,7	11	6,4
7x resistent	3	1,7	4	2,1	5	2,9

Tab. 5.11 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus Muscheln sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Matrix Probenahmeort	Muscheln Erzeugerbetrieb		Muscheln Einzelhandel		Muscheln Einfuhrstelle	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	42		58		2	
Gentamicin	1	2,4	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	1	1,7	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	1	2,4	2	3,4	0	0,0
Ciprofloxacin	1	2,4	4	6,9	0	0,0
Ampicillin	4	9,5	5	8,6	1	50,0
Colistin	1	2,4	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	3	7,1	4	6,9	1	50,0
Trimethoprim	3	7,1	3	5,2	1	50,0
Tetrazyklin	2	4,8	5	8,6	1	50,0
Azithromycin	1	2,4	1	1,7	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	35	83,3	48	82,8	1	50,0
1x resistent	5	11,9	3	5,2	0	0,0
2x resistent	0	0,0	5	8,6	0	0,0
3x resistent	1	2,4	1	1,7	1	50,0
4x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
5x resistent	0	0,0	1	1,7	0	0,0
6x resistent	1	2,4	0	0,0	0	0,0
7x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.12 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus Tomaten, Sprossen und dem Kot erjagter Wildschweine sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Matrix Probenahmeort	Tomaten Einzelhandel		Sprossen Einzelhandel		Wildschweinkot freie Wildbahn	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	1		5		219	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	2	0,9
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0	2	0,9
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0	2	0,9
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	1	0,5
Colistin	0	0,0	0	0,0	4	1,8
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0	2	0,9
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0	2	0,9
Tetrazyklin	0	0,0	0	0,0	1	0,5
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	1	100,0	5	100,0	210	95,9
1x resistent	0	0,0	0	0,0	7	3,2
2x resistent	0	0,0	0	0,0	1	0,5
3x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
4x resistent	0	0,0	0	0,0	1	0,5
5x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
6x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
7x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

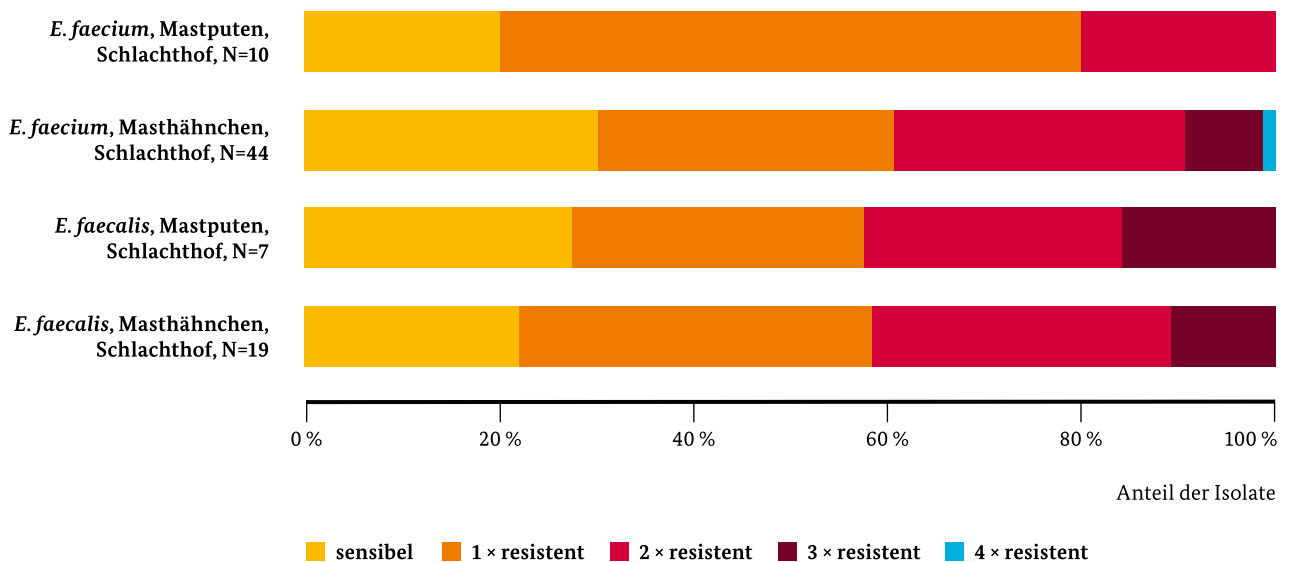
5.6 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

Untersucht wurden Enterokokken aus Blinddarminhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof. Insgesamt wurden 80 Isolate in die Resistenztestung einbezogen, von denen 26 *E. faecalis* und 54 *E. faecium* waren. Aus den Proben von Hähnchen wurden 63 Isolate eingesandt, aus denen der Pute 17 (Tab. 5.13, Abb. 5.6).

Der Anteil der sensiblen Isolate lag bei beiden Spezies und beiden Matrizes zwischen 20% und 32%. Die höchste Resistenzrate bestand bei *E. faecium* gegenüber Quinupristin/Dalfopristin. Aufgrund einer natürlichen Resistenz von *E. faecalis* gegenüber Quinupristin/Dalfopristin wurde die Resistenz gegen diese Substanzkombination bei der Zählung der Mehrfachresistenzen bei beiden Spezies nicht gewertet, um die Vergleichbarkeit zwischen den Spezies zu gewährleisten. Hohe Resistenzraten wurden bei beiden Spezies auch gegenüber Tetrazyklin und Erythromycin beobachtet.

Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin, Tigazyklin und Vancomycin wurden nicht beobachtet.

Abb. 5.6 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt 2016. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren



Tab. 5.13 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter Enterokokken-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Programm Tierart Probenahmeort Matrix	<i>Enterococcus faecalis</i>				<i>Enterococcus faecium</i>			
	Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	19		7		44		10	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	2	4,5	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	1	14,3	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	2	10,5	0	0,0	7	15,9	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	4	9,1	1	10,0
Tetrazyklin	9	47,4	5	71,4	15	34,1	5	50,0
Erythromycin	14	73,7	3	42,9	22	50,0	3	30,0
Daptomycin	0	0,0	0	0,0	2	4,5	1	10,0
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Quinupristin/ Dalfopristin ¹	nicht anwendbar		nicht anwendbar		35	79,5	8	80,0
Teicoplanin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	4	21,1	2	28,6	14	31,8	2	20,0
1x resistent	7	36,8	2	28,6	13	29,5	6	60,0
2x resistent	6	31,6	2	28,6	13	29,5	2	20,0
3x resistent	2	10,5	1	14,3	3	6,8	0	0,0
4x resistent	0	0,0	0	0,0	1	2,3	0	0,0
5x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0

¹ Quinupristin/Dalfopristin wurde bei der Zählung der Mehrfachresistenzen nicht berücksichtigt, da es bei *E. faecalis* eine natürliche Resistenz gegen diese Substanzkombination gibt.

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2016

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2016 (ZSP 2016). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend des ZSP 2016 war insgesamt gut. Abweichungen vom Probensoll sind unter zwei Aspekten problematisch. Zum einen steigt bei zu geringen Probenzahlen die Ungenauigkeit der Schätzung, zum anderen können deutliche Abweichungen vom Probensoll vor allem dann zu Verzerrungen des Schätzers führen, wenn sie Länder mit einem hohen Anteil am Soll betreffen und der Erreger sehr ungleich verteilt ist. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Bei den Untersuchungen im Erzeugerbetrieb wurden die erforderlichen Probenumfänge zu mindestens 82% erreicht. Bei den Programmen zur Gewinnung von *E. coli* für die Resistenztestung wurden häufig deutlich mehr Proben untersucht, als vom Stichprobenplan vorgegeben. In den Programmen in konventionellen Hähnchenbeständen ergaben sich zum Teil deutliche Abweichungen vom gewünschten Probenumfang gemäß Stichprobenplan. Ein Land untersuchte deutlich weniger, zwei Länder deutlich mehr Proben auf *E. coli* als die im Stichprobenplan vorgesehene Probenzahl. Im Hinblick auf MRSA untersuchten mehrere Länder deutlich weniger Proben als im Plan vorgesehen. Diese Länder hatten jeweils aber nur begrenzte Probenzahlen zu untersuchen. Daher sind die Auswirkungen auf die Genauigkeit der Prävalenzschätzung vermutlich gering. Beim Putenprogramm waren die Abweichungen vom Stichprobenplan in beide Richtungen (d. h. zu hohe oder zu geringe untersuchte Probenzahlen) weniger deutlich ausgeprägt.

Bei den Probenahmen am Hähnchenschlachthof war die Beteiligung insgesamt gut, aber auch hier waren Abweichungen vom Probensoll in beide Richtungen zu beobachten. Ein Land mit einem kleineren Probenkontingent beteiligte sich nicht an diesem Programm. Bei der quantitativen Untersuchung von *Campylobacter* spp. auf Halshaut wurden z. T. deutlich weniger Proben untersucht als vorgesehen. An der Gewinnung von Enterokokken von Masthähnchen für die Resistenztestung beteiligten sich vier Länder.

An Putenschlachthöfen war die Erfüllung des Stichprobenplans gleichmäßiger. Hier nahm nur ein Land deutlich weniger Proben als vorgesehen. Abweichungen nach oben ergaben sich wiederum v. a. in Ländern mit geringer geplanter Probenzahl.

Bei dem Programm zu Wildschweinen nahm ein Land ein Mehrfaches der geforderten Probenzahl. Die Auswirkungen auf die Prävalenzschätzungen waren hier für die meisten untersuchten Erreger minimal, da die in dem Land ermittelten Prävalenzen denen entsprachen, die ohne die Einbeziehung der Proben aus diesem Land ermittelt wurden. Lediglich bei der Untersuchung auf VTEC kam es zu einer deutlichen Abweichung von den Gesamtwerten (s. dort).

Im Einzelhandel entsprach die Verteilung der untersuchten Proben je Bundesland weitestgehend dem Stichprobenplan. Die selektive Untersuchung auf Carbapenemase-verdächtige *E. coli* wurde von einem Land nicht durchgeführt. Dieses Land hatte aber nur einen geringen Anteil an der Stichprobe. Die Untersuchung auf präsumptive *Bacillus cereus* wurde von zwei Ländern nicht durchgeführt. Auch diese hatten jeweils einen geringen Anteil am Gesamtprobensoll, sodass ein gravierender Einfluss auf den Prävalenzschätzer unwahrscheinlich ist.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2016 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 (Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus*, Extended-Spektrum Beta-Laktamase 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 2016 zu schätzen, wurde insgesamt erreicht. Die Ergebnisse ergänzen die verfügbaren Kenntnisse und tragen so zur verbesserten Bewertung der derzeitigen Situation sowie zur Bewertung künftiger Entwicklungstendenzen nach erneuter Durchführung der Programme bei.

Mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings 2016 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus acht Jahren (2009–2016) vor. Für einige Erreger-/Matrix-Kombinationen stehen erstmals Daten zur Verfügung.

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

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern, kommensalen *E. coli* und Enterokokken sowie spezifisch resistenten Keimen wie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* und ESBL/AmpC- bzw. Carbapenemase-verdächtige *E. coli* und deren Eigenschaften gewonnen werden. Nachfolgend werden die erzielten Ergebnisse für die einzelnen Erreger bewertet.

Bei der weitergehenden Analyse der Ergebnisse müssen die Einschränkungen bei der Durchführung der Programme berücksichtigt werden. Erst nach sorgfältiger Berücksichtigung der Abweichungen vom Stichprobenplan ist eine abschließende Bewertung möglich. Auch wenn – wie oben erläutert – nicht zu erwarten ist, dass die Abweichungen vom Stichprobenplan zu einer grundlegenden Verschiebung der Ergebnisse geführt haben, kann es im Einzelfall zu Verzerrungen kommen, die für die Bewertung von Bedeutung sind. Insofern wurde bei deutlichen Abwei-

chungen vom Probenumfang geprüft, ob die Ergebnisse des Landes, das einen deutlich erhöhten Probenumfang aufwies, sich von denen der anderen Länder unterschieden. Hierauf wird bei den einzelnen Kapiteln dann gesondert eingegangen.

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

Die Ergebnisse aus den ersten acht Jahren zeigen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelkette. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger und kommensalen *E. coli* sowie Enterokokken können auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette. Die Ergebnisse zeigen auch die Exposition der Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern und kommensalen *E. coli* über verschiedene vom Tier stammende Lebensmittel aus dem Einzelhandel. 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 Verarbeitung auch Erreger anderer Herkunft die Lebensmittel kontaminieren bzw. die Erreger aus Tiergruppen im Rahmen des Schlachtprozesses auf Schlachtkörper anderer Tiergruppen übertragen werden können.

Im Rahmen dieser Bewertung werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2016 zu den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre und der Literatur in Beziehung gesetzt. Bei der Literatur werden insbesondere die Ergebnisse der risikoorientierten Lebensmittelüberwachung der Vorjahre mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings verglichen, um festzustellen, ob sich die Ergebnisse der Überwachung, die jährlich vorliegen, deutlich von den im Rahmen des Monitorings erzielten Ergebnissen unterscheiden.

Die Bewertung der Antibiotikaresistenzen erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-off-Werte (www.eucast.org). Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (s. Kap. 3.3.2.1). Bei der Bewertung der Resistenzuntersuchungen über längere Zeiträume hinweg ist zu berücksichtigen, dass sich mit dem Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU ab dem Jahr 2014 die Rechtsgrundlage und in Folge auch das Panel der untersuchten Substanzen gegenüber den Vorjahren verändert hat. Bis 2013 wurden *E. coli* und Salmonellen auf ihre Empfindlichkeit gegen Kanamycin und Streptomycin sowie Florfenicol getestet. Seit 2014 sind im Austausch gegen diese Substanzen Azithromycin, Meropenem und Tigazyklin in die Testung aufgenommen worden.

Salmonella spp.

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Die Ergebnisse der Untersuchungen an Schlachthöfen zeigen eine im Vergleich zu 2014 unverminderte Prävalenz von Salmonellen auf Schlachtkörpern (6,7% vs. 7,0%). In Blinddarmproben wurden 2016 häufiger Salmonellen nachgewiesen als 2013 (2,3% vs. 1,0%). Die Ergebnisse der Erhebung im Rahmen der Bekämpfungsprogramme für Salmonellen in Masthähnchenbeständen weisen seit 2013 einen leicht ansteigenden Trend des Anteils positiv getesteter Herden auf (2,4% in 2016 vs. 1,5% in 2013) (BfR 2015). Dies deutet darauf hin, dass sich die Phase der Reduktion von Salmonellen in der Primärproduktion bei Masthähnchen zurzeit nicht fortsetzt und weiterhin mit einem Eintrag von Salmonellen in die Lebensmittelkette gerechnet werden muss.

Hinsichtlich der nachgewiesenen Serovare war auf den Schlachtkörpern das mit Hähnchen assoziierte Serovar *S. Paratyphi B dT+* (8 von 18 Isolaten, 44,4%) dominant und nicht mehr – wie in den Jahren 2013/2014 – *S. Indiana*. Die Isolate von *S. Paratyphi B dT+* stammten aus mehreren verschiedenen Bundesländern. *S. Indiana* wurde 2016 je dreimal in Blinddarmproben und auf Schlachtkörpern nachgewiesen. Die Nachweise erfolgten nach wie vor alle in dem Bundesland, in dem auch in den letzten Jahren *S. Indiana* gehäuft nachgewiesen wurde. Ein Bundesland wies mit 25% positiven Schlachtkörpern deutlich mehr positive Schlachtkörper auf als die anderen. Aus diesem Land stammten alle *S. Indiana* und 5 der 8 *S. Paratyphi B dT+*-Befunde von Schlachtkörpern.

Bis auf jeweils ein Isolat von *S. Livingstone* und *S. Anatum* waren die auf Schlachtkörpern nachweisbaren Serovare auch in Blinddarmproben nachweisbar.

Das bekämpfungsrelevante Serovar *S. Typhimurium* bzw. seine monophasische Variante wurde je einmal im Rahmen des Zoonosen-Monitorings aus Blinddarmproben sowie aus Schlachtkörpern von Hähnchen gewonnen und an das NRL eingeschickt. Im Rahmen der Untersuchungen im Bekämpfungsprogramm für Salmonellen in Masthähnchenbeständen wurde *S. Typhimurium* wie auch *S. Enteritidis* selten nachgewiesen (0,04% und 0,01% der untersuchten Herden, BfR 2017). Die Ergebnisse unterstreichen die Variabilität im Anteil positiver Schlachtkörper zwischen den Schlachthöfen, die schon in der Vergangenheit beobachtet wurde (BVL 2015, 2016a).

Frisches Hähnchenfleisch mit Haut im Einzelhandel war mit 4,7% positiven Proben ähnlich häufig positiv wie in den Jahren 2013 und 2014 (4,6% und 4,7%). Vorher war der Anteil über mehrere Jahre deutlich zurückgegangen. Auffällig war bei den Isolaten aus Hähnchenfleisch der hohe Anteil von *S. Infantis* an den eingesandten Isolaten. *S. Infantis* war zwar auch einmal aus einer Blinddarmprobe und dreimal von einem Schlachtkörper eingesandt worden, bei den Isolaten von Hähnchenfleisch stellte das Serovar jedoch 11 von 18 eingesandten Isolaten (61,1%). Auch 2014 war *S. Infantis* das mit Abstand häufigste Serovar auf Hähnchenfleisch (52,6% der typisierten Isolate). *S. Infantis* ist ein bei Masthähnchen regelmäßig beschriebenes Serovar, sodass die Tierhaltung als ursprüngliche Quelle dieses Serovars im Fleisch durchaus infrage kommt (BfR 2014, EFSA 2015 und Hartung et al. 2016a). Von den aus den Bekämpfungsprogrammen für Salmonellen eingesandten Isolaten aus Masthähnchen machte *S. Infantis* einen Anteil von 25% aus (6 von 24 Isolaten) (NRL für *Salmonella*, noch unveröffentlichte Daten).

Das auf Schlachtkörperproben häufigste Serovar *S. Paratyphi B dT+* wurde hingegen nicht so häufig bei Fleisch aus dem Einzelhandel gefunden (4 Isolate, 15,8%). Welche Faktoren die Nachweishäufigkeit der verschiedenen Serovare im Einzelhandel bestimmen, ist nicht vollständig klar. Beim Fleisch im Einzelhandel wurde in der Auswertung nicht berücksichtigt, ob die Tiere in Deutschland gemästet und das Fleisch in Deutschland gewonnen bzw. verarbeitet wurde, sodass es durch innergemeinschaftlichen Handel oder Import ebenfalls zu einer Beeinflussung des Serovarspektrums gekommen sein kann. Zudem kann eine Rolle spielen, dass die regional beobachtete Häufung der *S. Paratyphi B dT+*-Nachweise in der Primärproduktion sich nicht entsprechend in der Stichprobe von Hähnchenfleisch

widerspiegelt. Aufgrund des notwendigerweise begrenzten Umfangs der Stichprobe und der insgesamt geringen Prävalenz kann es aber auch zu Zufallseffekten kommen, was die Nachweise der Serovare angeht.

Insgesamt bleibt Hähnchenfleisch eine relevante mögliche Quelle für Salmonellen des Menschen und erfordert daher im Umgang eine hohe hygienische Sorgfalt. Die Differenzen zwischen den verschiedenen Schlachthöfen deuten für einige Schlachthöfe auf ein Verbesserungspotenzial hin.

Lebensmittelkette Putenfleisch

Die Lebensmittelkette Putenfleisch wurde analog zur Kette Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2016 berücksichtigt. Hier war die Nachweisrate von Salmonellen in Blinddarminhalten am Schlachthof niedriger als bei Blinddärmen von Masthähnchen (1,0 % vs. 2,3 %). Im Gegensatz dazu war die Nachweisrate von Salmonellen auf Schlachtkörpern höher als bei den Hähnchen (11,9 % vs. 6,7 %) und auch höher als im Jahr 2014 (7,1 %). Aufgrund der Verteilung der Schlachtkapazität wurden die allermeisten Puten in einem Land geschlachtet. Hier lag die Prävalenz positiver Proben sowohl in den Blinddarminhaltproben als auch in den Halshautproben in etwa bei dem Gesamtwert ohne Einbeziehung des Landes. Die vier Schlachthöfe dieses Landes unterschieden sich jedoch deutlich im Anteil positiver Schlachtkörper, wobei der Schlachthof mit dem höchsten Anteil positiver Schlachtkörperproben keine positive Blinddarmprobe aufwies. Das Serovarspektrum unterschied sich erwartungsgemäß zwischen der Hähnchen- und der Putenkette deutlich: Am häufigsten wurde auf Putenschlachtkörpern, aber auch in den Blinddarmproben *S. Hadar* (11 und 3 Isolate) nachgewiesen, auf Putenschlachtkörpern gefolgt von der monophasischen Variante von *S. Typhimurium*, *S. Schwarzengrund* und *S. Senftenberg* (je 6 Isolate) sowie *S. Blockley* (4 Isolate). Diese Serovare wurden alle nicht in Blinddarminhalten nachgewiesen. Andere Serovare wurden in beiden Matrizes nur vereinzelt nachgewiesen. *S. Hadar* ist in der Lebensmittelkette Putenfleisch auch in der Vergangenheit bereits häufig nachgewiesen worden (Schroeter and Käsbohrer 2010), war aber in den letzten Jahren bei Puten in Deutschland nur selten nachweisbar.

Im Gegensatz zu den Befunden bei Blinddarminhalten und auf Schlachtkörpern dominierte bei den an das NRL *Salmonella* im Jahr 2016 aus den Bekämpfungsprogrammen eingesandten Isolaten eindeutig die monophasische Variante von *S. Typhimurium*, während die anderen am Schlachthof und im Einzelhandel

dominierenden Serovare aus Putenbeständen selten eingesandt wurden. In der Primärproduktion wurde im Jahr 2016 im Rahmen der Bekämpfungsprogramme (VO (EG) Nr. 1190/2012) 1,0 % der Herden von Mastputen als positiv für Salmonellen identifiziert. Auch hier dominierten bei den erfassten Daten *S. Typhimurium* mit 0,6 % positiven Herden (BfR 2017).

Die Nachweisrate von Salmonellen auf Putenfleisch ohne Haut im Einzelhandel war geringer als die auf Hähnchenfleisch (2,6 % vs. 4,7 %). Allerdings war dieser Unterschied nicht signifikant. Die wenigen eingesandten Isolate wurden von *S. Hadar* und *S. Saintpaul* (je 3 von 11) dominiert. Auch hier war *S. Typhimurium* mit 2 von 11 Isolaten vertreten. Insgesamt gilt für Putenfleisch Ähnliches wie für Hähnchenfleisch. Die Nachweisraten in den Beständen sind im Rahmen der Bekämpfungsprogramme niedrig. Die erhebliche Kontaminationsrate von Schlachtkörpern erklärt, dass auch immer ein Teil der Fleischproben im Einzelhandel mit Salmonellen kontaminiert ist. Die Variabilität zwischen den Schlachthöfen deutet auf ein Verbesserungspotenzial bei einigen Schlachthöfen hin. Insgesamt bleibt auch Putenfleisch eine mögliche Quelle für eine Salmonelleninfektion des Menschen.

Wildschweine

Auch Wildschweine kommen als Reservoir für Salmonellen in Betracht. Interessanterweise gehörten 3 der 11 typisierten Isolate dem Serovar *S. Enteritidis* an, das bei Hausschweinen eine nur sehr untergeordnete Bedeutung hat. Der Befund stimmt aber mit spanischen Untersuchungen überein, die ebenfalls *S. Enteritidis* bei Wildschweinen nachwies (Chiari et al. 2013, Navarro-Gonzalez et al. 2012). Alle positiven Wildschweinbefunde stammten von ausgewachsenen Tieren, während keine Jungtiere positiv für *Salmonella* waren. Dies steht im Gegensatz zu der spanischen Studie, die eine mit dem Alter sinkende Prävalenz von *Salmonella* bei Wildschweinen postulierte (Navarro-Gonzalez et al. 2012). Aufgrund der besonderen Bedingungen bei der Fleischgewinnung von Wildschweinen ist eine Übertragung der Keime auf das Fleisch möglich, sodass Fleisch von Wildschweinen als potenzielle Quelle von Salmonellen anzusehen ist, wie ja bereits im Zoonosen-Monitoring 2011 gezeigt wurde (BVL 2013). Auch im Fleisch von Wildschweinen war damals unter anderem *S. Enteritidis* nachgewiesen worden.

Sonstige Lebensmittel

Sprossen: In 3 untersuchten Sprossenproben (0,8%) wurden Salmonellen nachgewiesen. Bei einem dieser an das NRL eingesandten Isolate handelte es sich um *S. Typhimurium*. Salmonellen und andere Krankheitserreger auf Sprossen sind problematisch, weil diese Produkte häufig auch roh verzehrt werden und daher eine Abtötung der Erreger durch Hitzebehandlung vor dem Verzehr unterbleibt. *S. Typhimurium* ist derzeit der häufigste Erreger der Salmonellose des Menschen. Die Quelle der Kontamination der Sprossen ist unklar.

Zu keiner der untersuchten Tomatenproben wurden Salmonellen nachgewiesen. Somit unterstützen die Ergebnisse die bisherige Einschätzung, dass Tomaten bisher kein bedeutsames Vehikel lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sind.

Resistenzsituation bei *Salmonella* spp.

Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Salmonellen waren nur zu 20,2% sensibel gegen alle Testsubstanzen. Sie wiesen aber weder Resistenzen gegen Cephalosporine der 3. Generation (Cefotaxim und Ceftazidim) noch gegenüber Carbapenemen auf. Allerdings wiesen sie vereinzelt Resistenzen gegen Colistin auf (7 von 124 Isolaten, 5,6%) und sehr häufig Resistenzen gegen die ebenfalls als „highest priority critically important antimicrobials“ eingestuft (Fluor-)Chinolone Ciprofloxacin (71,8%) und Nalidixinsäure (66,7%). Auch Resistenzen gegen Tetrazyklin waren häufig (52,4%). Zwischen den Herkünften bestanden z. T. erhebliche Unterschiede in der Häufigkeit der Resistenz. Hier muss jedoch einschränkend gesagt werden, dass die Zahl der Isolate pro Herkunft gering war (< 20, Ausnahme Putenschlachtkörper) und von daher schon wenige Isolate das Ergebnis erheblich beeinflussen konnten.

Außerdem ist zu bedenken, dass zwischen den Schlachthöfen z.T. erhebliche Unterschiede in der Nachweisrate von Salmonellen bestanden (s. o.) und somit der Mehrfachnachweis einer für einen bestimmten Schlachthof spezifischen Salmonellen das Ergebnis beeinflussen konnte. Schließlich ist auf die enge Beziehung der Resistenz bei Salmonellen zu den Serovaren hinzuweisen (Schroeter and Käsbohrer 2010, 2012). Durch die Ausbreitung bestimmter Serovare in einer Lebensmittelkette kann daher das Resistenzbild entsprechend beeinflusst werden. So war im Monitoring 2014 der Anteil von *S. Indiana* besonders hoch (BVL 2016a). *S. Indiana* war gegen alle Testsubstanzen sensibel. Insofern führte der hohe Anteil von *S. Indiana* zu

einer relativ geringen Resistenzrate bei Salmonellen. Im Jahr 2016 wurden deutlich weniger *S. Indiana* nachgewiesen, dafür mehr *S. Infantis* und *S. Paratyphi B* dT+ sowie *S. Typhimurium* und *S. Saintpaul*. Diese Serovare sind seit langem für eher hohe Resistenzraten bekannt (Schroeter and Käsbohrer 2010).

Die Resistenz der *Salmonella*-Isolate aus der Hähnchenfleischkette war entsprechend im Jahr 2016 deutlich höher als 2014. Dies galt insbesondere für Tetrazyklin, Sulfamethoxazol sowie Ciprofloxacin und Nalidixinsäure, gegen die die allermeisten Isolate aus Fleisch im Einzelhandel, aber auch viele Isolate aus dem Schlachthof resistent waren. So waren alle 14 *S. Infantis*-Isolate von Schlachtkörpern (3) bzw. aus dem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (11) und alle 8 *S. Paratyphi B* dT+ von Hähnchenschlachtkörpern resistent gegen Ciprofloxacin. Im Gegensatz dazu waren nach wie vor alle Isolate von *S. Indiana* sensibel gegen alle Testsubstanzen.

Somit erklärt sich der beobachtete Anstieg in den Resistenzraten weitgehend durch die Verschiebung im Anteil der verschiedenen Serovare. Die Ursachen dieser Verschiebung im Serovarspektrum sind aber nicht bekannt. Der Anstieg der Resistenzen steht im Gegensatz zu der eher stabilen Resistenzsituation bei *E. coli* (s. u.). Auch die Isolate aus der Putenfleischkette waren weniger häufig vollständig sensibel als 2014. Dabei war das Spektrum der Resistenzen ähnlich dem bei den Isolaten aus der Hähnchenfleischkette mit Ausnahme einer geringeren Resistenz gegen Ampicillin und Trimethoprim und dem vereinzelt Auftreten von Resistenzen gegen Gentamicin. Die bei Schlachtkörpern besonders häufigen Serovare *S. Hadar* (11), *S. Schwarzengrund* und *S. Senftenberg* (je 6 Isolate) waren durchweg resistent gegen Ciprofloxacin. Auch die monophasischen *S. Typhimurium* (6 Isolate) waren überwiegend resistent gegen Ciprofloxacin.

Die Isolate von Wildschweinen waren ganz überwiegend (9 von 11) sensibel gegen alle Substanzen. Auch hier wurde jedoch bei einem Isolat eine Resistenz gegen Ciprofloxacin und bei einem anderen eine Resistenz gegen Colistin beobachtet. In beiden Fällen handelte es sich um *S. Enteritidis*. Resistenz von *S. Enteritidis* gegen Colistin ist dabei ein häufiger Befund, der auch in den letzten Jahren bereits berichtet wurde (Schroeter and Käsbohrer 2012).

Auch im Wildschweinfleisch aus dem Jahr 2011 war die Resistenzrate gegen Ciprofloxacin am höchsten. Allerdings waren die Resistenzraten in Wildschweinfleisch damals insgesamt etwas höher mit nur 69% (9 von 13) sensiblen Isolaten.

Das Isolat aus Sprossen war gegen alle Testsubstanzen sensibel, was den Ergebnissen für Isolate aus pflanzlichen Lebensmitteln der vergangenen Jahre entspricht, als die wenigen nachgewiesenen Isolate nur gegen Sulfamethoxazol resistent waren (BVL 2016a, b). Für die menschliche Gesundheit sind Salmonellen aus pflanzlichen Lebensmitteln v. a. in ihrer Eigenschaft als Krankheitserreger und weniger wegen ihrer Resistenz gegen Antibiotika problematisch.

Die Ergebnisse des Resistenzmonitorings bei Salmonellen unterstreichen die Komplexität der Resistenzsituation bei dieser Bakterienart von Tieren und in Lebensmitteln. Hohe Resistenzraten in den Geflügelfleischketten sind aufgrund der insgesamt sehr hohen Therapiehäufigkeit in diesem Bereich (BVL 2017) und der Erfahrungen aus den vergangenen Jahren (BVL 2014, 2015, 2016a; Tenhagen et al. 2014a) nicht überraschend. Aufgrund der unmittelbaren Relevanz von Salmonellen als Zoonoseerreger sind sie von besonderer Bedeutung für den gesundheitlichen Verbraucherschutz, insbesondere wenn sie Antibiotika betreffen, die zu den „highest priority critically important antimicrobials“ gehören (WHO 2017).

Campylobacter spp.

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Campylobacter wurden wie in den vergangenen Jahren häufig im Blinddarm geschlachteter Masthähnchen (43,5% der Proben) nachgewiesen. Auch 2016 war der Anteil positiver Halshautproben mit 76,9% wieder deutlich höher als der der positiven Blinddarmproben (43,5%). Entsprechend wurde auch im Fleisch im Einzelhandel häufig *Campylobacter* nachgewiesen (47,2%). Dieser Wert liegt etwas unter dem aus dem Jahr 2014, als Hähnchenfleisch mit Haut untersucht wurde. Ob die Differenz nur auf das Fehlen der Haut zurückzuführen ist, ist nicht bekannt, allerdings legen die Untersuchungen aus dem Jahr 2013 nur einen geringen Unterschied zwischen Fleisch im Einzelhandel mit und ohne Haut nahe. Im Jahr 2013 lag der Anteil positiver Proben mit Haut bei 39,1%, der ohne Haut bei 35,6%, wobei die Konfidenzintervalle weit überlappten (BVL 2015). Die Ergebnisse unterstreichen, dass der Schlachtprozess bei Masthähnchen und die Verarbeitung des Fleisches die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* nicht wirkungsvoll verhindert, sondern dass es im Gegenteil zu einer erheblichen Kreuzkontamination kommt. Dabei scheinen zwischen Schlachthöfen erhebliche messbare Unterschiede in der Dynamik der Kontamination auf unterschiedlichen Stufen des

Schlachtprozesses zu bestehen (Pacholewicz et al. 2015). Auch die Ergebnisse der Quantifizierung von *Campylobacter* auf der Halshaut von Hähnchenschlaktkörpern unterstreichen, dass es in diesem Bereich derzeit keinen Fortschritt gibt. Der Anteil von Proben, die über dem vorgeschlagenen Hygienekriterium von 10^3 KbE/g liegen, war 2016 mit 24,1% höher als in der Grundlagenstudie der EU im Jahre 2008, wo dieser Wert bei 15,7% lag (BfR 2009), und in der Untersuchung 2013, als 19,4% der Proben über 10^3 KbE/g aufwiesen (BVL 2015).

Wie in den vergangenen Jahren wurden in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch vor allem *C. jejuni* nachgewiesen (etwa 80% in allen drei untersuchten Matrices), deutlich seltener *C. coli*. *C. jejuni* ist beim Menschen die häufigste Ursache einer *Campylobacter*-Infektion (RKI 2017), was die Bedeutung der Hähnchenfleischkette für die Erkrankungen des Menschen hervorhebt, die in der Literatur wiederholt beschrieben wurde (EFSA 2010, Kittl et al. 2013 und Nauta et al. 2007).

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden in Blinddarmproben deutlich mehr *Campylobacter* nachgewiesen (73,7%) als im Masthähnchen, während die Nachweisrate im Putenfleisch deutlich niedriger war als im Hähnchenfleisch (15,9%). Dies bestätigt die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre (BVL 2014 und BVL 2016a) und der Überwachung (Hartung et al. 2016a). Es ist nicht bekannt, ob die Differenz auf den relativ geringeren Anteil der Haut am Schlachtkörper bei der Pute im Vergleich zum Hähnchen zurückzuführen ist. Halshautproben von Schlachtputen, die 2010 und 2012 untersucht wurden, wiesen unterschiedlich hohe Kontaminationsraten auf, die allerdings in beiden Jahren über 50% lagen, 2010 sogar bei 68%. Gleichwohl war auch 2010 der Anteil positiver Putenfleischproben geringer (17,3%) als der positiver Hähnchenfleischproben des Jahres 2011 (31,6%). Auch stieg der Anteil positiver Proben im Fleisch im Einzelhandel im Gegensatz zur Situation beim Hähnchen nicht an. Halshautproben wurden von Putenschlaktkörpern zuletzt 2012 untersucht. In dem Jahr waren diese Proben mit 53,5% häufiger positiv als die Blinddarmproben (44,6%), allerdings war die Differenz nicht so groß, wie sie beim Hähnchen beobachtet werden kann (BVL 2014). Die Nachweisraten im Putenfleisch waren im Jahr 2012 mit denen aus dem Jahr 2016 vergleichbar, was den stabilen Nachweisraten im Rahmen der Überwachung entspricht (Hartung et al. 2016a). 2014 waren etwas höhere Nachweisraten beobachtet worden, allerdings war hier explizit Fleisch mit Haut untersucht worden. Die Bedeutung dieses Unterschieds in der Methodik bei Putenfleisch muss noch untersucht werden.

Hinsichtlich der beteiligten Spezies war der Anteil von *C. coli* auch im Jahr 2016 in der Putenfleischkette deutlich höher als in der Hähnchenfleischkette (41,5 % vs. 19,2 %). Allerdings bestanden Unterschiede zwischen den beiden untersuchten Matrices von Puten. Während etwa 54,3 % der Isolate aus Blinddärmen *C. jejuni* waren, lag der Anteil im Fleisch – ähnlich wie beim Hähnchen – bei über 80 %. Die Ursache für diese Differenz ist nicht bekannt. Sie wurde in dieser Deutlichkeit 2012 und 2014 nicht beobachtet (BVL 2014, 2016a).

Insgesamt bestätigen die Ergebnisse zu *Campylobacter* in den beiden Geflügelfleischketten die Ergebnisse der vergangenen Jahre und weisen auf die Dringlichkeit hin, hier zu Verbesserungen zu kommen. *Campylobacter* war auch 2016 wieder der häufigste Erreger bakterieller Zoonosen beim Menschen in Deutschland, und die Tendenz der Zahl der gemeldeten Fälle weist immer noch nach oben (RKI 2017).

Resistenzsituation bei *Campylobacter* spp.

Insgesamt war die Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen bei den *Campylobacter*-Isolaten aus den beiden Geflügelfleischketten ähnlich. Die höchsten Resistenzraten wurden in beiden Lebensmittelketten und bei beiden *Campylobacter*-Spezies gegenüber Ciprofloxacin und Nalidixinsäure beobachtet, wobei die Resistenzrate gegen Ciprofloxacin bei *C. coli* höher (92,7 %) war als bei *C. jejuni* (75,0 %). Die hier ermittelten Resistenzraten waren auch in beiden Lebensmittelketten nochmals höher als in den Untersuchungen 2014 (BVL 2016a). Die Isolate von *C. jejuni* wiesen 2014 insgesamt eine Resistenzrate von 50,2 % gegen Ciprofloxacin auf, die *C.-coli*-Isolate eine von 87,4 %. Zwischen den verschiedenen Stufen der Lebensmittelketten bestanden kaum Unterschiede, was die Wahrscheinlichkeit unterstreicht, dass die auf Schlachtkörpern und Fleisch nachgewiesenen *Campylobacter* ganz überwiegend aus der Tierhaltung stammen und während der Schlachtung und Verarbeitung über Darminhalt aus den Tieren auf das Fleisch gelangte. Daher ist es von besonderer Bedeutung, den Einsatz antimikrobieller Substanzen und insbesondere der Fluorchinolone in der Geflügelhaltung auf ein unbedingt erforderliches Minimum zu reduzieren.

Auch gegenüber Tetracyclin wurden hohe Resistenzraten beobachtet, die sich nicht zwischen den beiden Geflügelfleischketten unterschieden. Auch hier war die Resistenz bei *C. coli* häufiger als bei *C. jejuni*. Im Vergleich mit 2014 ergaben sich jedoch keine Unterschiede.

Die Resistenz gegenüber Erythromycin ist aufgrund der besonderen Bedeutung der Makrolide für die Behandlung der Campylobacteriose des Menschen von besonderem Interesse. Die Resistenzrate war insgesamt geringer als 2014. Von *C. jejuni* waren nur einzelne Isolate resistent (3 Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch), während von den insgesamt untersuchten 273 *C. coli* etwa 13 % resistent gegen das Makrolid waren. Der Anteil der Erythromycin-Resistenz war in der Hähnchenfleischkette wie in der Vergangenheit etwas geringer als in der Putenfleischkette (10,2 % vs. 14,9 %). 2014 hatte der Anteil der gegen Erythromycin resistenten *C. coli* in den beiden Geflügelfleischketten noch bei 20,2 % (Hähnchenfleischkette) bzw. 34,3 % (Putenfleischkette) gelegen (BVL 2016a).

Ob diese Reduktion einem verringerten Einsatz von Makroliden bei Masthähnchen und Mastputen geschuldet ist, ist nicht bekannt, weil diesbezügliche Daten nicht vorliegen. Gegenüber Gentamicin wurden nur ganz vereinzelt Resistenzen beobachtet. Auch die Resistenzraten gegenüber Streptomycin waren relativ gering und entsprachen denen aus dem Jahr 2014 (BVL 2016a).

Bei Isolaten von Puten aus ökologischer Tierhaltung wurden 2012/2013 geringere Resistenzraten festgestellt als im Rahmen des Monitorings im selben Zeitraum (El-Adawy et al. 2015). Zwar liegen im Monitoring keine vollständigen Angaben darüber vor, ob die Tiere aus konventioneller oder ökologischer Produktion stammen, allerdings wird der Anteil von Proben aus ökologischer Tierhaltung aufgrund seines sehr niedrigen Marktanteils immer gering sein.

Listeria monocytogenes

Als Ursache lebensmittelbedingter Ausbrüche durch *Listeria monocytogenes* treten auch pflanzliche Lebensmittel wie z. B. Sprossen in Erscheinung (Garner and Kathariou 2016). Der Erreger wurde wiederholt, wenn auch nur zu geringen Prozentsätzen, im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in pflanzlichen Lebensmitteln nachgewiesen (BVL 2015 und BVL 2016a, b). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 wurde er bei der Untersuchung von Tomaten gar nicht und auf Sprossen nur in Einzelfällen (5 von 271 Proben) nachgewiesen. Die Nachweise bei Sprossen erfolgten nur im qualitativen Verfahren, die untersuchten Proben wiesen Keimzahlen unter 10 KBE/g auf. Insbesondere Personen, die einer der Risikogruppen für Listerioseerkrankungen angehören (Schwangere, Immungeschwächte, alte Personen) sollten vom Rohverzehr von Sprossen absehen.

Verotoxinbildende *Escherichia coli* (VTEC)

Verotoxinbildende *Escherichia coli* können regelmäßig bei Rindern und anderen Wiederkäuern nachgewiesen werden, allerdings auch auf pflanzlichen Lebensmitteln (Hartung et al. 2016b). Im Jahr 2016 wurden Kotproben erlegter Wildschweine sowie Tomaten und Sprossen als pflanzliche Lebensmittel auf VTEC untersucht. Während die Untersuchung der pflanzlichen Lebensmittel keine Nachweise erbrachte, waren Kotproben von Wildschweinen häufiger mit VTEC kontaminiert (6,9%). Hier zeigten sich deutliche Unterschiede in der Nachweishäufigkeit in den Ländern. Während das Land mit der deutlich erhöhten Untersuchungszahl eher wenig positive Befunde aufwies (1,7%), wurden die meisten positiven Proben (20 von 37 insgesamt positiven) aus nur einem anderen Bundesland gemeldet. Die Ursache dieser hohen Variabilität ist nicht bekannt und sollte in künftigen Untersuchungen näher beleuchtet werden.

Die Typisierung der VTEC erfolgte vor allem anhand der O- und der H-Antigene sowie anhand des Vorkommens der Shigatoxin-Gene *stx1* und *stx2*, des *eae*-Gens, das für die Bildung des Intimin codiert, sowie des *e-hly*-Gens für Enterohämolysin. Enterohämolysin ist neben *eae* ein weiterer wichtiger Virulenzfaktor von VTEC (Bielaszewska et al. 2014).

Serologisch ist eine vollständige Typisierung nicht immer möglich, sodass die Zuordnung zu Serogruppen teilweise anhand molekularbiologischer Methoden erfolgte. Auch in den Fall-Statistiken des Robert Koch-Instituts sind nicht vollständig typisierte VTEC prominent vertreten (RKI 2017).

Im Rahmen der Typisierung der Wildschweinisolat wurden neben anderen Stämmen auch solche des Serotyps O157:H7 nachgewiesen, die sowohl das *eae*-Gen als auch das *stx2*- und *e-hly*-Gen trugen und sich damit als humanpathogen auswiesen. Die Serogruppen O26 und O157 gehörten 2016 zu den häufigsten Erregern sowohl der EHEC-Erkrankung als auch des hämolytisch-urämischen Syndroms (RKI 2017). Auch die Serogruppen O128 und O146, die 2016 zu den 10 häufigsten Erregern der EHEC-Erkrankungen des Menschen gehörte (RKI 2017), wurden in Wildschweinkot nachgewiesen.

Der Nachweis von VTEC in Kotproben von Wildschweinen wurde bereits zuvor beschrieben, auch der Nachweis des Serotyps O157:H7 und des ebenfalls nachgewiesenen Serotyps O146:H28 aus Kotproben von Wildschweinen ist in der Literatur bereits dokumentiert (Alonso et al. 2017 und Navarro-Gonzalez et al. 2015). Weitere Untersuchungen müssen zeigen, inwieweit Wildschweine tatsächlich ein Reservoir für diese Keime darstellen oder ob sie nur ein temporärer Wirt sind.

Da bei der Fleischgewinnung im Rahmen der Jagd die Kontamination des Fleisches durch Darminhalt nicht sicher ausgeschlossen werden kann, ist der Nachweis von VTEC in Wildschweinen ein weiterer Hinweis darauf, dass Fleisch von Wildschweinen nicht roh verzehrt werden sollte. Im Zoonosen-Monitoring 2011, als Wildschweinfleisch untersucht wurde, waren VTEC nicht in das Untersuchungsprofil einbezogen. Allerdings wiesen Isolate aus Wildschweinfleisch, das zwischen 2005 und 2009 untersucht wurde, auch einen im diesjährigen Monitoring aufgetretenen Serotyp auf (O146:H28) (Martin and Beutin 2011).

Antibiotikaresistenz bei VTEC

Fast alle Isolate aus Wildschweinkot waren voll sensibel gegen die 14 Testsubstanzen. Dies entspricht sowohl den Ergebnissen zur Untersuchung von *E. coli* aus Wildfleisch (BVL 2013 und BVL 2014) als auch den umfangreicheren Ergebnissen zu kommensalen *E. coli* aus Wildschweinkot (s. u.), die jeweils nur geringe Resistenzraten aufwiesen und darauf hindeuten, dass der geringe antimikrobielle Selektionsdruck, dem die Darmbakterien von Wild unterliegen, auch mit einem geringen Anteil resistenter Keime einhergeht. Die bei dem resistenten Isolat festgestellte Multiresistenz deutet auf eine mögliche Herkunft entweder aus der Tierhaltung oder vom Menschen hin.

Im Hinblick auf Infektionen des Menschen mit VTEC sind die Resistenzen insgesamt von untergeordneter Bedeutung, weil bei der Behandlung von EHEC-Infektionen meist keine Antibiotika eingesetzt werden, um einer erheblichen Freisetzung von Toxinen aus den abgetöteten Bakterien keinen Vorschub zu leisten. Allerdings können VTEC, wie andere *E. coli*, als Reservoir von Resistenzgenen dienen, die durch horizontalen Gentransfer auf andere Keime übertragbar sind.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 87,7% als MRSA bestätigt. In der Bewertung der Prävalenz-ergebnisse wird daher wie im Ergebnisteil auf MRSA referenziert, obwohl sich die gemeldeten Prävalenzen auf das Vorkommen von MRSA-verdächtigen Isolaten beziehen. Im Vergleich zu den vergangenen Jahren, in denen circa 95% übereinstimmende Ergebnisse erzielt wurden, hat sich der Anteil der vom NRL bestätigten Isolate damit leicht verringert. Auffällig war bei den Untersuchungen 2016 allerdings, dass sämtliche mit MRSA-Verdacht eingesandten Isolate aus Wildschweinen sich im NRL nicht als MRSA bestätigten, sondern sich als Methicillin-sensible *S. aureus* erwiesen. Es ist zudem zu vermuten, dass die fälschlicherweise als MRSA identifizierten *S. aureus* aufgrund anderer Resistenzmechanismen, wie einer gesteigerten Beta-Laktamase-Aktivität (McDougal und Thornsberry 1986), in der Lage waren, in den Selektivmedien zu überleben.

Der Großteil der bestätigten und typisierten Isolate stammte aus Putenfleisch. Insgesamt waren von 458 Proben von frischem Putenfleisch 44,5% mit MRSA kontaminiert. Dies bestätigt die Untersuchungen zu MRSA in Putenfleisch in den vergangenen Jahren, die immer die höchste Prävalenz im Fleisch von Puten nachwies (BVL 2011, 2014, 2016a). Hähnchenfleisch hingegen war seltener positiv für MRSA (13,0%), vor allem seltener als in den vergangenen Jahren, als die Nachweisraten durchweg über 20% lagen (BVL 2011, 2013, 2015). Der Grund für diesen Rückgang ist nicht bekannt. Trotz des regelmäßigen Nachweises von MRSA auf Geflügelfleisch und vereinzelter Hinweise darauf, dass Putenfleisch als mögliche Quelle für MRSA-Besiedlungen des Menschen infrage kommt (Fetsch et al. 2017), gilt Fleisch immer noch als wenig bedeutende Quelle für die Verbreitung von MRSA unter Menschen. Dennoch sollte diese mögliche Übertragungsquelle auf den Menschen weiter intensiv im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersucht werden, um auf mögliche Veränderungen frühzeitig reagieren zu können.

Die Versuche, MRSA im Rahmen des Zoonosen-Monitorings im Hähnchenbestand nachzuweisen, führten in der Vergangenheit immer zu sehr geringen Nachweisraten – im Verhältnis zu anderen Tierarten, aber auch im Verhältnis zum Anteil positiver Schlachtkörper (BVL 2011, 2015). Aufgrund dieser Erfahrungen wurden 2016 zusätzlich zu den Staubproben auch Hauttupfer von den Hähnchen gewonnen. Im Ergebnis wurden die Resultate der vergangenen Jahre bestätigt, d.h. die geringen Nachweisraten in der Vergangenheit

waren vermutlich nicht methodisch bedingt, sondern spiegeln tatsächlich die Situation in den Beständen zum Zeitpunkt der Untersuchung wider. Auch von den 354 Hauttupfern waren nur 6 positiv (1,7%), wobei alle positiven Hauttupfer von Hähnchen aus konventionellen Hähnchenbeständen stammten (6 von 318, 1,9%), während die Hauttupfer aus den ökologischen Beständen negativ waren.

Im Gegensatz dazu waren 2 Staubproben aus ökologischen und 2 aus konventionellen Hähnchenbeständen positiv für MRSA. Der erhebliche numerische Unterschied im Anteil positiver Proben (0,6% vs. 5,4% in konventionellen bzw. ökologischen Hähnchenbeständen) sollte dabei aufgrund der geringen Probenzahl in ökologischen Beständen nicht überbewertet werden. Die Untersuchungen zeigen jedoch, dass auch in ökologischen Hähnchenbeständen MRSA auftreten können. Dies deckt sich mit den Befunden aus Tankmilchproben von Milchrindern im Zoonosen-Monitoring 2014, als ebenfalls aus ökologischen Milchviehbeständen MRSA isoliert werden konnten (BVL 2016a) und mit Untersuchungen aus Niedersachsen in ökologischen Schweinebeständen, die ebenfalls auch positive Befunde erbrachten (Heine 2011). Allerdings war in den beiden zitierten Untersuchungen die Nachweisrate in ökologischen Beständen jeweils deutlich niedriger als in konventionellen Beständen, was für die Hähnchenbestände anhand der diesjährigen Monitoring-ergebnisse nicht festzustellen ist.

Die nachgewiesenen *spa*-Typen bestätigen ebenfalls die schon in den vergangenen Jahren beobachtete Dominanz von Typen, die dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen sind und als nutztierassoziierte MRSA beschrieben werden. Unter den Isolaten, die diesem klonalen Komplex nicht zuzuordnen waren, dominierte ebenfalls wie in den vergangenen Jahren der *spa*-Typ t1430. MRSA des *spa*-Typs t1430 werden zum klonalen Komplex CC9 gezählt, der auch in den vergangenen Jahren mit Geflügel assoziiert war.

Resistenzsituation bei MRSA

MRSA sind definitionsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Isolate waren darüber hinaus fast ausnahmslos resistent gegen Tetracyclin (90,2%), eine Eigenschaft, die für nutztierassoziierte MRSA (laMRSA) häufig beschrieben wird (Argudin et al. 2011, Schroeter and Käsbohrer 2012, Tenhagen et al. 2014b, Vossenkühl et al. 2014) und von einigen Autoren sogar als Marker für die Identifizierung von laMRSA vorgeschlagen wird (McCarthy et al. 2012).

Diese Eigenschaft unterscheidet sie auch von den in den Einrichtungen des Gesundheitswesens vorherrschenden "healthcare associated" MRSA, die nur zu einem geringen Prozentsatz (8,3%) resistent gegen Tetrazyklin sind (Layer et al. 2015).

Hinsichtlich ihrer Resistenz gegen Antibiotika unterschieden sich die Isolate aus Hähnchenfleisch bzw. Putenfleisch kaum. Lediglich im Hinblick auf die Resistenz gegen Ciprofloxacin zeigten die Putenfleischisolate deutlich höhere Resistenzraten (65,1% vs. 38,3%). Hingegen wiesen die Isolate aus Hähnchenfleisch höhere Resistenzraten gegenüber Erythromycin auf (85,0% vs. 71,1%). Dass im Rahmen des Zoonosen-Monitorings isolierte MRSA aus der Putenfleischkette Unterschiede in ihrem Resistenzspektrum gegenüber Isolaten aus der Hähnchenfleischkette aufweisen, wurde bereits gezeigt (Kraushaar et al. 2017). Bei MRSA wurde zudem wiederholt gezeigt, dass die Resistenzmuster eine enge Beziehung zu den unterschiedlichen *spa*-Typen aufweisen (Tenhagen et al. 2014b, Vossenkühl et al. 2014). Eine geringe Resistenz gegenüber Ciprofloxacin war bisher ein spezifisches Kennzeichen der MRSA vom Typ CC398, während non CC398 und auch die aus humanmedizinischer Sicht dominierenden klonalen MRSA-Linien häufig Resistenzen gegenüber Fluorchinolonen aufweisen (Layer et al. 2015, Vossenkühl et al. 2014). Zwar wird Ciprofloxacin in der Humanmedizin wg. der hohen Resistenzraten nicht zur Therapie von MRSA eingesetzt, allerdings könnten sich durch eine erhöhte Resistenz gegenüber dem in der Humanmedizin für gramnegative Erreger häufig eingesetzten Ciprofloxacin die Vermehrungsbedingungen für solche Stämme im Krankenhaus verbessern.

Erfreulich erscheint auch aus humanmedizinischer Sicht der im Vergleich zu 2014 leichte Rückgang von MRSA aus Putenfleisch mit mikrobiologischen Resistenzen gegen das für die Therapie von MRSA-Infektionen beim Menschen eingesetzte Antibiotikum Linezolid (2014: 5,1%, 2016: 1,2%) sowie das Fehlen einer phänotypischen Resistenz gegen Mupirocin bei allen untersuchten Isolaten aus den verschiedenen Programmen.

Kommensale *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 wurden frische Sprossen auf ihre Kontamination mit *E. coli* als Hygieneindikator untersucht. In 17 (4,8%) der 357 untersuchten Proben ließen sich *E. coli* quantitativ bestimmen, was auf eine mögliche fäkale Verunreinigung der Sprossen hindeutet. Von diesen Proben wiesen die meisten (14) einen Keimgehalt von ≤ 1000 KbE/g

auf. In drei Proben wurden Keimgehalte von > 1000 KbE/g nachgewiesen mit einem Höchstwert von $7,2 \times 10^4$ KbE/g. Dieser Wert liegt deutlich über dem in Verordnung (EG) 2073/2005 festgelegten Grenzwert ($M = 1000$ KbE/g) für verzehrfertiges, vorzerkleinertes Gemüse während der Herstellung.

Resistenzsituation bei kommensalen *E. coli*

Die Ergebnisse der Resistenztestung von kommensalen *E. coli* im Monitoring 2016 bestätigen die im Monitoring 2009 bis 2015 aufgezeigte hohe Variabilität der Resistenz in Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate (BVL 2014, 2015, 2016a, b und Schroeter und Käsbohrer 2012).

Von den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch erwiesen sich weniger als 20% als sensibel gegenüber allen Testsubstanzen. Eine Ausnahme bildeten die Isolate aus ökologischen Hähnchenbeständen, von denen 71% empfindlich gegen alle getesteten Substanzen waren. Zwar wurden aus dieser Herkunft nur 31 Isolate untersucht, sodass dieser Anteil ein breites Konfidenzintervall (55,0% – 87,0%) aufweist. Allerdings ergibt sich auch unter Berücksichtigung dieser geringen Isolatanzahl ein signifikanter Unterschied, da das Konfidenzintervall des Anteils sensibler Isolate aus konventionellen Beständen weit entfernt liegt (13,3%, 95% KI 9,5% – 17,1%). Dieser Unterschied bestätigt die Ergebnisse aus ökologischen Milchviehbetrieben in 2014 (BVL 2016a) sowie die bereits zitierten Differenzen bei *Campylobacter*-Isolaten aus ökologischen Putenbeständen im Vergleich zu Ergebnissen zu Puten aus konventioneller Haltung (El-Adawy et al. 2015). Aus dem Hähnchenbereich liegen in Deutschland keine Vergleichsdaten zum Einsatz von Antibiotika in konventionellen und ökologischen Hähnchenbeständen vor. Aufgrund der Regelungen in der einschlägigen EU-Verordnung (VO (EG) Nr. 889/2008, Art. 24) ist jedoch davon auszugehen, dass der Einsatz von Antibiotika in diesen Beständen geringer ist als in den konventionellen Herden. Hierzu sollten zur besseren Bewertung dringend verlässliche und vergleichbare Daten erhoben werden. Auch über weitere mögliche Ursachen, etwa eine unterschiedliche Kükenherkunft, ist in diesen Beständen nichts bekannt.

Im Vergleich zu 2014 unterschied sich der Anteil der Isolate aus der Hähnchenfleischkette, die gegen sämtliche Testsubstanzen empfindlich waren, kaum. Im Hinblick auf die Einzelsubstanzen war hingegen der Anteil resistenter Isolate aus den konventionellen Hähnchenbeständen bei den meisten Substanzen geringfügig niedriger. Eine Ausnahme bildete Colistin, wo die Resistenzrate 2016 bei Isolaten aus Hähnchen-

beständen und vom Fleisch im Einzelhandel höher war (8,3 % vs. 4,9 % und 4,3 % vs. 1,0 %). Dies bedarf aufgrund der weiterhin steigenden Bedeutung von Colistin für die Humanmedizin der genauen Beobachtung. Die WHO hat 2016 die Polymyxine, zu denen Colistin gehört, in die Liste der „highest priority critically important antimicrobials“ aufgenommen und auch die Europäische Arzneimittelbehörde hat dazu aufgerufen, den Einsatz von Colistin in der Tierhaltung deutlich zu senken, um der weiteren Ausbreitung der übertragbaren Colistinresistenz entgegenzuwirken. Zwischen 2010 und 2015 hatte der Anteil Colistin-resistenter Isolate tendenziell eher abgenommen, was auch im Einklang mit dem deutlich verminderten Verkauf dieser Substanz an Tierärzte stand. Eine Erklärung für den erneuten Anstieg dieser Resistenz gibt es derzeit noch nicht.

Im Gegensatz dazu sank der Anteil von Isolaten, die gegen die Cephalosporine der 3. Generation Cefotaxim und Ceftazidim resistent sind, in allen Stufen der Hähnchenfleischkette leicht ab. Cephalosporine sind für den Einsatz beim Geflügel nicht zugelassen. Der Anteil gegen Ciprofloxacin resistenter Isolate sank in den Beständen minimal, während er bei Isolaten aus Blinddarminhalten und vom Fleisch im Einzelhandel leicht anstieg. Cephalosporine der 3. Generation und die Fluorchinolone, zu denen Ciprofloxacin gehört, werden von der WHO ebenfalls den „highest priority critically important antimicrobials“ zugerechnet. Eine weitere Zunahme von Resistenzen gegen diese Wirkstoffklassen ist daher besorgniserregend.

Die 31 Isolate aus ökologischen Hähnchenbeständen wiesen gegenüber allen Testsubstanzen entweder keine oder deutlich seltener Resistenzen auf als die aus konventionellen Beständen. Dies unterstreicht das Verbesserungspotenzial in der Hähnchenmast im Hinblick auf den antimikrobiellen Selektionsdruck.

In der Putenfleischkette stellte sich die Situation geringfügig anders dar. Hier stieg im Vergleich zu 2014 in allen drei Beprobungsstufen der Anteil sensibler Isolate geringfügig an. Auch hier zeigte sich aber bei Colistin ein etwas anderer Trend. Während der Anteil resistenter Isolate gegen Colistin aus den Beständen deutlich gegenüber 2014 zurückging (von 17,3 % auf 6,4 %), stieg er bei den Isolaten aus Blinddarminhalten (4,9 % auf 9,0 %) und vom Fleisch im Einzelhandel (5,9 % auf 9,9 %) an. Auch hier gilt das zur Hähnchenfleischkette im Hinblick auf den Colistin-Einsatz Ausgeführte. Gegenüber den getesteten Cephalosporinen der 3. Generation waren etwas mehr Isolate aus Fleisch resistent als in 2014. Eine Erklärung dafür gibt es nicht, da Cephalosporine für Geflügel nicht zugelassen sind und weder in den Beständen noch auf dem Schlachthof ein Anstieg

beobachtet wurde. Gegenüber Ciprofloxacin gingen die Resistenzraten geringfügig zurück. Gegenüber den meisten anderen Substanzen zeigte sich in allen drei Herkunftstypen ein leichter Rückgang der Resistenzen.

Insgesamt ist in den beiden Geflügelfleischketten der Anteil resistenter Isolate kaum zurückgegangen, sodass sie als Quelle für resistente Keime und Resistenzgene für den Übertrag auf Keime beim Menschen immer noch von Bedeutung sein können. Dies steht im Kontrast zur deutlichen Reduktion der nach § 58c AMG erfassten Therapiehäufigkeit (BVL 2017) in diesen Bereichen, die ja eigentlich das Ziel hat, das Vorkommen resistenter Keime in der Tierhaltung zu reduzieren. Die Ursache für diesen Kontrast ist nicht bekannt. Hierzu bedarf es einer weitergehenden Erfassung und Analyse von Behandlungsdaten.

Im Gegensatz zu den Geflügelfleischketten waren die Isolate aus den anderen 2016 untersuchten Herkunftstypen bis auf wenige Ausnahmen gegen alle Substanzen sensibel. Isolate aus Muscheln im Erzeugerbetrieb und solche aus dem Einzelhandel wiesen zwar vereinzelt Resistenzen auf, erreichten jedoch gegenüber keiner Substanz die Resistenzrate von 10 %. Unterschiede zwischen den beiden Produktionsstufen gab es im Hinblick auf die Resistenz der *E. coli* nicht.

Isolate aus Wildschweinkot waren zu über 95 % voll sensibel. Diese Ergebnisse entsprechen den niedrigen Resistenzraten bei Isolaten aus Wildfleisch in den vergangenen Jahren und bei VTEC aus Wildschweinkot in diesem Jahr. Allerdings wiesen die wenigen Isolate mit Resistenzen unter anderem Resistenzen gegen Colistin (4 Isolate, 1,8 %) und Ciprofloxacin (0,8 %) auf, also gegen „highest priority critically important antimicrobials“. Es ist wahrscheinlich, dass die Tiere diese Isolate aus der Umwelt aufgenommen haben, wobei die Quelle der Isolate unklar bleibt.

Die 6 Isolate von pflanzlichen Lebensmitteln (5 von Sprossen, 1 von Tomaten) waren voll sensibel.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2016 bestätigten bisherige Erkenntnisse aus nationalen Forschungsprojekten (www.reset-verbund.de), dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* weitverbreitet sind. Der Anteil bestätigter Isolate von den eingesandten Isolaten entsprach dem der vergangenen Jahre und zeigt, dass solche Keime mit den vorgegebenen Isolationsmethoden mit akzeptabler Spezifität nachgewiesen werden können.

Nach Anwendung selektiver Nachweisverfahren konnten in allen Stufen der untersuchten Geflügelfleisch-

ketten häufig diese Keime nachgewiesen werden. Für die Putenfleischkette wurden die Untersuchungen erstmalig durchgeführt. In der Hähnchenfleischkette war der Anteil positiver Proben im Vergleich zu der Untersuchung 2013, an der noch nicht alle Untersuchungseinrichtungen teilnahmen, signifikant niedriger (BVL 2015), mit etwa 50 % aber immer noch sehr hoch. Beachtlich ist, dass auch in den ökologisch wirtschaftenden Betrieben der Anteil von Proben, die ESBL/AmpC-bildende *E. coli* enthielten, mit 25,7 % erheblich war. Wie im Jahr 2013 entsprach der Anteil positiver Proben aus Blinddärmen in etwa dem des Fleisches im Einzelhandel, was die schon bei *Salmonella* und *Campylobacter* dokumentierte hohe Übertragungsraten von Keimen von den Tieren auf das Lebensmittel reflektiert. Diese steht im Gegensatz zu den Ergebnissen beim Masthähnchen 2013 und beim Schwein 2015, als der Nachweis in Darminhalten häufig war, der auf dem Fleisch im Einzelhandel aber deutlich geringer (BVL 2015, 2016b).

Die Herkunft der ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in den Geflügelbeständen ist nicht bekannt. Eine mögliche Erklärung ist die Einschleppung in die Bestände entweder über die Küken, aus der Stallumgebung oder ein Verbleiben resistenter Keime aus den vorherigen Durchgängen. Zudem kann der Einsatz von verschiedenen Antibiotikaklassen selektiv auch auf das Überleben von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* wirken. In den Untersuchungen zu ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Jahr 2013 wurden auch Elterntierherden von Masthähnchen untersucht. Von den Proben aus diesen Herden waren in jenem Jahr 45,2 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*, sodass sie als Quelle für diese Keime durchaus infrage kommen (BVL 2015). Der Eintrag von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* aus den Elterntierherden ist in der Literatur beschrieben worden (Laube et al. 2013), allerdings wird seine Bedeutung unterschiedlich eingeschätzt (Laube et al. 2013 und Projahn et al. 2017).

Der Nachweis ESBL/AmpC-verdächtiger *E.-coli*-Isolate im Kot von Wildschweinen (6,4 %) unterstreicht, dass diese Keime auch außerhalb von landwirtschaftlichen Tierhaltungen verbreitet sind. Der Anteil positiver Proben entsprach dabei in etwa der Nachweisrate, die bei Querschnittsstudien in der Humanmedizin in Deutschland beobachtet wurden (Valenza et al. 2014). Der Anteil von ESBL- bzw. AmpC-verdächtigen Isolat an allen bestätigten Isolat unterschied sich bei den Isolat aus Wildschweinen nicht von dem im Gesamtkollektiv der im Jahr 2016 eingesandten Isolat. Somit reflektiert der Anteil der nachgewiesenen ESBL/AmpC-bildenden Isolat beim Wildschwein mög-

licherweise die allgemeine Verbreitung derartiger Keime in der Umwelt. In der Literatur wird das Vorkommen solcher Bakterien bei Wildtieren regelmäßig beschrieben (Alonso et al. 2016, Cristovao et al. 2017, Guenther et al. 2010, Poeta et al. 2009). Neben der landwirtschaftlichen Tierhaltung kommen auch Abwässer aus Siedlungen als Quellen in Betracht. Hierzu bedarf es künftig detaillierter regionaler Untersuchungen, um mögliche Expositionsquellen für Wildtiere zu identifizieren.

Auch auf Sprossen wurden vereinzelt ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli* nachgewiesen. Diese haben eine besondere Bedeutung für den gesundheitlichen Verbraucherschutz, weil Sprossen häufig auch roh verzehrt werden und diese Keime dann mit aufgenommen werden. Der Nachweis dieser Keime auf pflanzlichen Lebensmitteln entspricht den Ergebnissen der vergangenen Jahre und anderweitig veröffentlichten Studien (BVL 2016a, b, Nuesch-Inderbinen et al. 2015 und Zurfluh et al. 2015). Im Gegensatz dazu wurden auf Tomaten keine ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* nachgewiesen.

In allen Herkünften dominierten bei der phänotypischen Typisierung die ESBL-Typen. Der Anteil von AmpC-Phänotypen war in der Hähnchenfleischkette deutlich höher als in der Putenfleischkette (22,2 % vs. 8,1 %) oder bei den Isolat aus Wildschweinen (8,0 %).

Die Ergebnisse unterstreichen, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in der Geflügelpopulation weitverbreitet sind, dass die Nachweisrate in der Wildschweinpopulation, aber auch in der ökologischen Hähnchenhaltung, jedoch geringer ist. Die hohe Nachweisrate auch im Geflügelfleisch deutet darüber hinaus auf eine erhebliche Verschleppung der Keime entlang der Geflügelfleischketten hin. Dies entspricht den beobachteten Ergebnissen bei *Salmonella*, *Campylobacter*, kommensalen *E. coli* und MRSA. Die Verschleppung von Keimen während des Schlacht- und Verarbeitungsprozesses deutet auf Schwachpunkte in diesem Bereich hin, die sich auf die Übertragung all dieser Keime auswirken, obwohl kürzlich gezeigt wurde, dass sich die quantitative Dynamik im Hähnchenschlachtprozess zwischen *E. coli* auf der einen und *Campylobacter* auf der anderen Seite unterscheidet (Pacholewicz et al. 2015).

Der Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* mittels selektiver Verfahren auch in Populationen, bei denen zufällig ausgewählte kommensale *E. coli* geringe Resistenzraten und keine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation aufwies, zeigt, dass diese Keime nur einen geringen Anteil der gesamten *E.-co-*

li-Population in diesen Herkünften ausmachen, was die Wahrscheinlichkeit einer Übertragung auf den Menschen geringer erscheinen lässt. Allerdings reflektieren diese Daten auch, dass antibiotischer Selektionsdruck schnell derartige Übertragungswahrscheinlichkeiten begünstigen kann.

Es liegen zwar keine Daten dazu vor, inwieweit cephalosporinresistente *E. coli* im Rahmen der Jagd auf das Fleisch übertragen werden. Aus den Ergebnissen der Untersuchung von Wildfleisch auf andere Erreger in den Jahren 2011 und 2012 ergibt sich aber, dass aufgrund der Bedingungen bei der Fleischgewinnung von einer nicht unerheblichen Übertragung auf das Wildfleisch auszugehen ist. Daher sollte Wildfleisch, ähnlich wie Geflügelfleisch keineswegs roh verzehrt werden. Zudem sollte auf die Einhaltung der allgemeinen Hygieneregeln beim Umgang mit Fleisch geachtet werden.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Die Ergebnisse der selektiven Untersuchung von Proben aus den beiden Geflügelfleischketten auf das Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* belegen, dass es einer Verbesserung der Untersuchungsmethodik bedarf. So wurden in durchaus erheblichem Umfang verdächtige *E.-coli*-Nachweise berichtet, und auch bei 39 von 95 Verdachtsfällen jeweils ein Isolat an das Nationale Referenzlabor eingewendet. Es konnte aber in keinem der Fälle ein positiver Nachweis bestätigt werden. Eine gezielte Überwachung dieser Resistenztypen ist allerdings von besonderer Bedeutung, da vereinzelt positive Nachweise in Deutschland beschrieben wurden (Fischer et al. 2017 und Irrgang et al. 2017) und eine Ausbreitung derartiger Resistenzen frühzeitig erkannt werden muss (EFSA_Panel_on_Biological_Hazards 2013). Es sollte daher das Monitoring fortgesetzt werden. Gleichzeitig sollten Anstrengungen unternommen werden, um die Spezifität des Nachweisverfahrens zu erhöhen.

Präsumtive *Bacillus cereus*

Das Vorkommen von präsumtiven *Bacillus (B.) cereus* wurde in Proben von Tomaten und von Sprossen untersucht. Insgesamt wurden in Tomatenproben deutlich häufiger präsumtive *B. cereus* gefunden als in Sprossenproben. Keines der 14 eingesandten Isolate aus Sprossenproben ließ sich als *B. thuringiensis* identifizieren. Hingegen gehörten fast alle (99 von 100) eingesandten Isolate aus Tomatenproben dieser Bakterienspezies an.

B. cereus werden in Deutschland und Europa regelmäßig als Ursache lebensmittelbedingter Krankheitsausbrüche identifiziert (EFSA 2016). In einen Teil dieser Ausbrüche sind auch pflanzliche Lebensmittel involviert. Die Bedeutung von *B. thuringiensis* für das Auftreten lebensmittelbedingter Erkrankungen ist nicht genau bekannt. Bisher gibt es nur wenige Berichte über lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche durch *B. thuringiensis* (EFSA 2016).

Der Nachweis von *B. cereus* und *B. thuringiensis* auf Tomaten wurde bereits in der Literatur beschrieben (Frederiksen et al. 2006, Rosenquist et al. 2005). Bei den Isolaten aus Tomaten bestanden in diesen Studien z. T. Hinweise darauf, dass es sich möglicherweise um solche Stämme handelt, die als Biopestizid kommerziell eingesetzt werden.

Auch der Nachweis von präsumtiven *B. cereus* auf Sprossen ist in der Literatur schon beschrieben, inklusive eines lebensmittelbedingten Krankheitsausbruchs (Kim et al. 2004, Portnoy et al. 1976).

Die Ergebnisse des Monitorings bestätigen, dass Bakterien der *B.-cereus*-Gruppe auf pflanzlichen Lebensmitteln vorkommen können. In künftigen Programmen sollten zusätzlich die in den Proben vorhandenen Konzentrationen an präsumtiven *B. cereus* bestimmt und für die Datenauswertung übermittelt werden.

Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Salmonella spp.

In 2,4% der Kotproben von Wildschweinen wurden Salmonellen nachgewiesen, darunter auch die im Geflügelbereich bekämpfungsrelevanten Serovare *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium*. Im Vergleich zu Mastschweinen, die im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre zu etwa 6% bis 9% Träger von Salmonellen waren, waren Wildschweine damit deutlich seltener *Salmonella*-positiv. Andererseits war frisches Wildschweinfleisch, das im Jahr 2011 untersucht wurde, mit 3,4% positiver Proben häufiger mit Salmonellen kontaminiert als frisches Schweinefleisch (2011 und 2015: 0,4% positive Proben), was auf Hygienemängel bei der Wildfleischgewinnung hinweist. Hierzu tragen vermutlich die besonderen Bedingungen bei der Wildfleischgewinnung bei, die mit einem erhöhten Risiko einer Kontamination mit Keimen einhergehen (z. B. durch schussbedingte Verletzungen des Verdauungstraktes, geringeren Ausblutungsgrad im Vergleich zu Schlachttieren und verzögertes Ausweiden der Wildkörper). Um die Übertragung von Zoonoseerregern auf das Wildfleisch zu verhindern, muss deshalb eine besonders sorgfältige Hygiene bei der Gewinnung und der weiteren Behandlung und Vermarktung von Wildfleisch eingehalten werden.

Die Ergebnisse zeigen, dass sich der in den letzten Jahren zu beobachtende Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen im Zoonosen-Monitoring 2016 nicht weiter fortgesetzt hat. Die Ergebnisse der Untersuchungen von Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern (6,7% positive Proben) und Proben von frischem Hähnchenfleisch (4,7% positive Proben) lagen in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2014. Im Blinddarminhalt von Masthähnchen wurden Salmonellen mit 2,3% positiver Proben sogar etwas häufiger nachgewiesen als im im Zoonosen-Monitoring 2013 (1,0% positive Proben).

In der Lebensmittelkette Mastputen waren die Schlachtkörper mit 11,9% positiver Halshautproben häufiger mit Salmonellen kontaminiert als im Jahr

2014 (7,1% positive Proben). Auch frisches Putenfleisch wies mit 2,6% positiver Proben eine etwas höhere Kontaminationsrate mit Salmonellen auf als im vorherigen Untersuchungsjahr (1,7% positive Proben). Allerdings waren Mastputen im Jahr 2016 etwas seltener Träger von Salmonellen (1,0% positive Proben von Blinddarminhalt) als im Zoonosen-Monitoring 2012 (1,7% positive Proben von Blinddarminhalt). Auffallend war, dass zwischen den einzelnen Schlachthöfen sowohl bei den Masthähnchen als auch bei den Mastputen deutliche Unterschiede in der Häufigkeit der Kontamination der Schlachtkörper mit Salmonellen auftraten.

Sowohl bei Masthähnchen als auch bei Mastputen wurden Salmonellen auf den Schlachtkörpern der Tiere signifikant häufiger nachgewiesen als im Darminhalt, was auf eine erhebliche Verschleppung der Keime während der Schlachtung hinweist. Dies verdeutlicht, dass neben Maßnahmen in den landwirtschaftlichen Betrieben auch Verbesserungen der Hygienepraktiken bei der Schlachtung von Masthähnchen und Mastputen notwendig sind, um die Kontamination des Fleisches mit Salmonellen zu verhindern. Aufgrund der offenkundigen Variabilität des Anteils positiver Proben sollten die Schlachthöfe zur strikten Einhaltung der Prozesshygienekriterien für Salmonellen auf Schlachtkörpern von Geflügel angehalten und bei Überschreitung entsprechende Maßnahmen eingeleitet werden.

In keiner der untersuchten Proben von Tomaten aus dem Einzelhandel wurden *Salmonella* spp. nachgewiesen, sodass Tomaten als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit Salmonellen in Deutschland von untergeordneter Bedeutung zu sein scheinen.

Sprossen aus dem Einzelhandel stellen mit 0,8% positiver Proben eine mögliche Quelle für Infektionen des Menschen mit Salmonellen dar, zumal Sprossen häufig roh verzehrt werden, sodass vor dem Verzehr keine Keimreduktion stattfindet. Gemäß den gesetzlichen Anforderungen gelten verzehrfertige Keimlinge, in denen Salmonellen nachgewiesen werden, als gesundheitsschädlich und müssen vom Markt genommen

werden. Empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immunsupprimierten Menschen sowie Schwangeren wird angeraten, auf den Konsum von rohen Sprossen zu verzichten.

In Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate zeigte sich wie bereits in den Vorjahren eine starke Heterogenität der Resistenzsituation bei Salmonellen. Insgesamt waren lediglich 20,2% der Isolate sensibel gegen alle getesteten Antibiotika. Die *Salmonella*-Isolate aus der Lebensmittelkette Masthähnchen wiesen gegenüber den Ergebnissen aus dem Zoonosen-Monitoring 2014 deutlich höhere Resistenzraten auf, was weitgehend damit im Zusammenhang steht, dass im Jahr 2016 der Anteil an *S.*-Indiana-Isolaten – die sich durch sehr geringe Resistenzraten auszeichnen – deutlich geringer war als im Untersuchungsjahr 2014. Die im Zoonosen-Monitoring 2016 vorwiegend nachgewiesenen *Salmonella*-Isolate wie *S. Infantis* und *S. Paratyphi B dT+* zeichnen sich dagegen seit langem durch hohe Resistenzraten aus. Der Grund für diese Verschiebung im Serovarspektrum der *Salmonella*-Isolate ist nicht bekannt. Die *Salmonella*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastputen wiesen gegenüber dem Zoonosen-Monitoring 2014 ebenfalls einen Anstieg der Resistenzraten auf. Als positiv zu bewerten ist, dass gegenüber den getesteten Cephalosporinen der 3. Generation und gegenüber Carbapenemen keines der untersuchten *Salmonella*-Isolate resistent war. Allerdings wiesen die Isolate sehr häufig Resistenzen gegen die (Fluor-)Chinolone Ciprofloxacin (71,8 %) und Nalidixinsäure (66,7%) auf, die als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen gelten.

Das *Salmonella*-Isolat aus Sprossen war gegenüber allen Testsubstanzen sensibel.

***Campylobacter* spp.**

Die Nachweisraten von *Campylobacter* spp. in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen liegen nach wie vor auf einem hohem Niveau. In Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 76,9% und damit noch deutlich häufiger nachgewiesen als in den Vorjahren, in denen etwa 50% der Schlachtkörper mit *Campylobacter* spp. kontaminiert waren. Auch die Tiere waren mit 43,5% positiven Proben von Blinddarminhalt weiterhin häufig Träger von *Campylobacter*. Knapp ein Viertel (24 %) der Schlachtkörper von Masthähnchen wies *Campylobacter*-Keimzahlen oberhalb des ab dem Jahr 2018 geltenden Prozesshygienekriteriums von 1000 KbE/g auf. Damit ist der Anteil von Halshautproben mit hohen Keimzahlen gegenüber dem Zoo-

nosen-Monitoring 2013, in dem knapp 20% der Halshautproben Keimgehalte in dieser Höhe aufwiesen, noch gestiegen. Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate mit *Campylobacter* spp. von 47,2% auf. Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2014, in dem 54,0% der Proben von frischen Hähnchenschenkeln *Campylobacter*-positiv waren, war Hähnchenfleisch im Jahr 2016 demnach etwas seltener mit den Keimen kontaminiert. Dies steht möglicherweise damit im Zusammenhang, dass Hähnchenfleisch ohne Haut untersucht wurde, während im Zoonosen-Monitoring 2014 die untersuchten Proben Haut enthielten.

Mastputen waren mit knapp 74% positiver Proben von Blinddarminhalt noch deutlich häufiger mit *Campylobacter* besiedelt als Masthähnchen. Frisches Putenfleisch wies dagegen – wie bereits in den Vorjahren – mit knapp 16% positiver Proben eine deutlich geringere Kontaminationsrate mit *Campylobacter* spp. auf als frisches Hähnchenfleisch. Im Zoonosen-Monitoring 2016 waren gegenüber dem Jahr 2014 (26,5% positive Proben) signifikant weniger Proben von frischem Putenfleisch *Campylobacter*-positiv. Möglicherweise besteht auch hier ein Zusammenhang mit dem untersuchten Probenmaterial, da im Jahr 2016 Proben ohne Haut untersucht wurden, während im Zoonosen-Monitoring 2014 die Haut Teil der untersuchten Proben war.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette zu verringern, weiterhin intensiviert werden müssen. Hierzu wird das ab dem Jahr 2018 geltende Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern von 1000 KbE/g beitragen, da bei Überschreitung des Grenzwertes entsprechende Maßnahmen zur Sicherstellung der Prozesshygiene eingeleitet 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 Hähnchen- und Putenfleisch ein relativ häufiger Befund bleiben werden.

Wie in den vergangenen Jahren wiesen *Campylobacter coli*-Isolate durchweg höhere Resistenzraten auf als Isolate von *Campylobacter jejuni*. Die höchsten Resistenzraten traten in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen bei beiden *Campylobacter* Spezies gegenüber den (Fluor-)Chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure auf, wobei die ermittelten Resistenzraten von 92,7% bei *C. coli* und 75,0% bei *C. jejuni* gegenüber den im Zoonosen-Monitoring 2014 beobach-

teten Werten von 87,4% bzw. 50,2% noch gestiegen waren. Als positiv zu bewerten ist, dass die Resistenzrate der *Campylobacter*-Isolate gegenüber dem Wirkstoff Erythromycin im Vergleich zu den Untersuchungen aus dem Jahr 2014 gesunken ist. Dies ist insofern von Bedeutung als es sich hierbei um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der Campylobacteriose des Menschen von Bedeutung ist. Bei *C.-jejuni*-Isolaten traten nur vereinzelt und bei *C.-coli*-Isolaten zu 13% Resistenzen gegenüber Erythromycin auf.

Listeria monocytogenes

In keiner der untersuchten Proben von Tomaten aus dem Einzelhandel wurden *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass Tomaten als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *L. monocytogenes* in Deutschland von untergeordneter Bedeutung zu sein scheinen.

Frische Sprossen waren zu 1,8% positiv für *Listeria monocytogenes*. Mittels der quantitativen Methode wurden aber in keiner Probe Keimgehalte von *Listeria monocytogenes* oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g gemessen. Die Ergebnisse zeigen, dass grundsätzlich mit *Listeria monocytogenes* in frischen Sprossen zu rechnen ist. Die Keime wurden jedoch nicht in Mengen nachgewiesen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen. Eine Vermehrung vorhandener Listerien wird aber u. U. durch das feuchte Milieu bei frischen, fertig verpackten Sprossen begünstigt, sodass diese keine geeigneten Lebensmittel für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere darstellen. Von diesen Verbrauchergruppen sollten frische Sprossen grundsätzlich nur nach gründlicher Durcherhitzung verzehrt werden.

Verotoxinbildende Escherichia coli (VTEC)

In 6,9% der Kotproben von Wildschweinen wurden VTEC nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass auch Wildschweine ein Reservoir für VTEC darstellen können. Unter den VTEC-Isolaten wurden auch O-Gruppen nachgewiesen, die als häufige Erreger von EHEC-Infektionen und des hämolytisch urämischen Syndroms beim Menschen bekannt sind.

In Tomaten wurden keine VTEC nachgewiesen, sodass Tomaten als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit VTEC von untergeordneter Bedeutung zu sein scheinen.

Keine der untersuchten Proben von frischen Sprossen aus dem Einzelhandel war positiv für VTEC. Da es jedoch nachweislich bereits zu Infektionen des Menschen mit VTEC über den Verzehr roher Sprossen gekommen ist, sollten empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immunsupprimierte Menschen sowie Schwangere auf den Verzehr von rohen Sprossen verzichten und diese nur ausreichend durchgegart verzehren.

Die VTEC-Isolate aus dem Kot von Wildschweinen waren fast ausnahmslos empfindlich gegenüber den getesteten antibiotischen Substanzen.

Methicillin-resistente Staphylococcus aureus (MRSA)

MRSA wurden wie bereits in den Vorjahren nur sehr selten in Masthähnchenbeständen nachgewiesen. Lediglich 0,6% der Staubproben und 1,9% der Hauttupfer aus konventionellen Betrieben waren positiv für MRSA. Andererseits wiesen die Schlachtkörper von Masthähnchen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wiederholt hohe Kontaminationsraten mit MRSA von etwa 50% auf. Diese Ergebnisse weisen darauf hin, dass eine Kontamination bzw. Besiedelung der Masthähnchen mit MRSA erst während des Transports zum Schlachthof bzw. am Schlachthof erfolgt. Frisches Hähnchenfleisch war mit 13,0% positiver Proben signifikant seltener mit MRSA kontaminiert als im Zoonosen-Monitoring 2013 (24,2% positive Proben). Die Ursache hierfür ist nicht bekannt. Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring werden zeigen, ob sich hieraus ein Trend entwickelt.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von frischem Putenfleisch liegen in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre und bestätigen, dass MRSA in der Lebensmittelkette Mastputen sehr häufig vorkommen. Die Kontaminationsrate von frischem Putenfleisch mit MRSA war mit 44,5% noch deutlich höher als die von frischem Hähnchenfleisch. Der Verzehr oder die Handhabung von mit MRSA kontaminierten Lebensmitteln ist nach dem gegenwärtigen Stand der Wissenschaft nicht mit einem erhöhten Risiko verbunden, durch diese Bakterien besiedelt oder infiziert zu werden (EFSA 2009b).

In Nasentupfern von Wildschweinen wurden keine MRSA nachgewiesen. In der Lebensmittelkette Mastschweine wurden im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre MRSA dagegen häufig nachgewiesen (26,3% positive Proben aus dem Wartebereich von Zuchtsauen und 41,3% positive Proben aus dem Wartebereich von Läufern).

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 Resistenzrate von MRSA-Isolaten aus Putenfleisch gegenüber dem in der Humanmedizin wichtigen Wirkstoff Ciprofloxacin hat, wie bereits im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre beobachtet werden konnte, weiter zugenommen (2016: 65,1%, 2014: 55,4%). Als positiv zu bewerten ist, dass im Vergleich zu 2014 weniger MRSA-Isolate aus Putenfleisch gegenüber dem Antibiotikum Linezolid, das für die Therapie von MRSA beim Menschen eingesetzt wird, resistent waren (2016: 1,2%, 2014: 5,1%).

Präsumtive *Bacillus cereus*

In 28,4% der Proben von Tomaten und in 8,3% der Proben von frischen Sprossen wurden präsumtive *Bacillus cereus* nachgewiesen. Die aus Tomaten gewonnenen Isolate gehörten fast ausnahmslos der Spezies *Bacillus thuringiensis* an, die bisher nur sehr selten mit menschlichen Erkrankungen in Zusammenhang gebracht wurde. Unter den aus Sprossen eingesandten Isolaten von präsumtiven *Bacillus cereus* traten dagegen keine *Bacillus thuringiensis* auf.

Die Ergebnisse bestätigen, dass auf Tomaten und Sprossen Bakterien der *Bacillus-cereus*-Gruppe vorkommen können. Um die potenzielle Gesundheitsgefahr, die von mit dieser Bakterienspezies kontaminierten Lebensmitteln ausgeht, besser einschätzen zu können, sollten in künftigen Programmen auch die Keimzahlen von präsumtiven *Bacillus cereus* bestimmt werden.

Kommensale *Escherichia coli*

In 4,8% der Proben von frischen Sprossen wurden *E. coli* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen. Drei Proben (0,8%) wiesen Keimgehalte oberhalb des in der Verordnung (EG) 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien festgelegten Grenzwerts von 1.000 KbE/g für verzehrfertiges, vorzerkleinertes Gemüse auf, was auf Hygienemängel im Herstellungs-

prozess hinweist. Als höchste Keimbelastung wurden $7,2 \times 10^4$ KbE/g gemessen. *E. coli* gelten als Indikatorkoime für eine mögliche fäkale Verunreinigung der Ware. Der vereinzelte Nachweis von hohen Keimzahlen zeigt, dass frische Sprossen z.T. eine nicht zufriedenstellende hygienische Qualität aufweisen. Die Ergebnisse unterstreichen, wie wichtig es ist, Sprossen vor dem Verzehr unter fließendem Wasser gründlich zu waschen, um den Keimgehalt zu reduzieren.

Der Anteil resistenter *E.-coli*-Isolate aus konventionellen Masthähnchenbeständen ging insgesamt bei den meisten getesteten Antibiotika leicht zurück. Gegenüber dem in der Humanmedizin wichtigen Wirkstoff Colistin waren im Vergleich zu den Vorjahren aber mehr Isolate resistent. Dies bedarf der weiteren Beobachtung, zumal es in den Jahren zuvor tendenziell zu einem Rückgang der Resistenzraten gegenüber diesem Antibiotikum gekommen ist, der auch im Einklang mit der geringeren Abgabe dieser Substanz an Tierärzte stand. Auffallend ist, dass *E.-coli*-Isolate aus konventionellen Masthähnchenbetrieben insgesamt eine deutlich höhere Resistenzrate von 86,7% aufwiesen als Isolate aus ökologischen Masthähnchenbetrieben, die lediglich zu 29% gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen resistent waren. Außerdem waren deutlich mehr *E.-coli*-Isolate aus konventionellen Herkünften resistent gegenüber dem für die Humanmedizin als bedeutend eingestuftem Wirkstoff Ciprofloxacin (44,5% und 59,9% resistente Isolate) als Isolate aus ökologischen Masthähnchenbeständen (9,7% resistente Isolate).

Die Resistenzraten der *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastputen waren im Zoonosen-Monitoring 2016 gegenüber den Vorjahren insgesamt leicht rückläufig. Anders als bei den Masthähnchen waren die Isolate aus den Putenbeständen im Vergleich zum Jahr 2014 deutlich seltener gegenüber dem Wirkstoff Colistin resistent. Die *E.-coli*-Isolate aus Tomaten und Sprossen waren durchweg empfindlich gegenüber den getesteten Substanzen. Auch die Isolate aus Muscheln und von Wildschweinen waren überwiegend sensibel (82,4% bzw. 95,9% sensible Isolate). Allerdings traten aus beiden Herkünften vereinzelt auch Isolate mit Resistenzen gegenüber Ciprofloxacin und Colistin auf.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden mittels selektiver Verfahren in etwa der Hälfte der untersuchten Kotproben aus konventionellen Masthähnchenbetrieben (50,2% positive Proben) und Proben von frischem Hähnchenfleisch (49,8% positive Proben) nachge-

wiesen. Kotproben aus ökologischen Masthähnchenbetrieben waren zu 25,7% und damit signifikant seltener positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* als die entsprechenden Proben aus konventionellen Haltungen. Die Ergebnisse zeigen, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in der Lebensmittelkette Masthähnchen häufig vorkommen und dass es – wie es bereits im Zusammenhang mit anderen Erregern auch gezeigt werden konnte – zu einer erheblichen Verschleppung von Keimen im Rahmen der Schlachtung und Verarbeitung kommt. Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2013, in dem über 60% der Kotproben aus Erzeugerbetrieben von Masthähnchen und der Proben von frischem Hähnchenfleisch positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, ist die Nachweisrate im Jahr 2016 jedoch zurückgegangen.

Im Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mit 36,5% positiver Proben deutlich seltener nachgewiesen als in Kotproben von Masthähnchen aus den Beständen (50,2% positive Proben). Auch frisches Putenfleisch wies eine signifikant geringere Kontaminationsrate mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 38,8% auf als frisches Hähnchenfleisch (49,8%).

Im Kot von Wildschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu 6,4% nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* auch außerhalb von Nutztierhaltungen in der Umwelt vorkommen.

In Proben von Tomaten wurden keine ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen.

Die Kontaminationsrate von frischen Sprossen mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* betrug 2,2%. Der Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von frischen Sprossen ist im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz insofern von besonderer Bedeutung, weil diese häufig roh verzehrt werden und somit vor dem Verzehr keine Keimreduktion stattfindet.

Die Bedeutung der unterschiedlichen Übertragungswege von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ist Gegenstand intensiver Forschung. Nach derzeitigem wissenschaftlichen Kenntnisstand ist aber davon auszugehen, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können (BfR 2011a). Welchen Anteil dies an der Resistenzproblematik in der Humanmedizin hat, ist jedoch nicht bekannt.

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Die Ergebnisse der Untersuchungen auf Carbapenem-resistente *E. coli* weisen darauf hin, dass es Verbesserungen hinsichtlich der Spezifität der Untersuchungsmethodik bedarf, da zwar in einem nicht unerheblichem Umfang *E. coli* mit Verdacht auf Carbapenem-Resistenz in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen identifiziert wurden, aber keines der eingesandten Isolate phänotypisch als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt werden konnte.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Isolate von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen waren zu 68% bis 80% resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Bei beiden Spezies traten hohe Resistenzraten gegenüber Tetrazyklin und Erythromycin auf.

Fazit

Im Zoonosen-Monitoring werden einschlägige und vergleichbare Daten zum Vorkommen der wichtigsten Zoonoseerreger auf allen Stufen der Lebensmittelkette gewonnen, die es ermöglichen, Rückschlüsse auf das Infektionsrisiko für Verbraucher durch den Verzehr von Lebensmitteln ziehen zu können. Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring erlauben es, Tendenzen in der Verbreitung der Erreger bei Tieren und in Lebensmitteln zu erkennen. Die Resistenzuntersuchungen tragen zu einer wesentlichen Verbesserung der Datenlage in diesem Bereich bei und helfen, Beziehungen zwischen Antibiotikaaanwendung und Resistenzentwicklung besser analysieren zu können.

Die Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den Geflügelbeständen hatten in den vergangenen Jahren zu einem Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten in den Lebensmittelketten von Masthähnchen und Mastputen geführt, der auch von einem Rückgang der Zahl der Salmonellosefälle beim Menschen begleitet war. Die Belastung von Geflügelschlachtkörpern und Geflügelfleisch mit Salmonellen ist im Zoonosen-Monitoring 2016 im Vergleich zu den Vorjahren allerdings nicht weiter gesunken. Aufgrund des unveränderten Anteils positiver Schlachtkörper, der Unterschiede zwischen den Schlachthöfen und des steigenden Anteils positiver Blinddarmproben von Masthähn-

chen sollten in diesem Bereich weitere Anstrengungen unternommen werden, um ein gleichmäßig hohes Niveau der Hygiene zu erreichen.

Die Ergebnisse zeigen, dass bei der Verringerung von *Campylobacter* spp. in der Geflügelfleischkette keine Fortschritte erzielt wurden. Angesichts der Bedeutung von *Campylobacter* als Auslöser von Erkrankungen des Menschen besteht Handlungsbedarf, um die Belastung von Lebensmitteln mit diesen Keimen zu reduzieren. In diesem Zusammenhang wurde ein Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern von 1000 KBE/g eingeführt, das ab dem Jahr 2018 in der EU gilt. Die vorliegenden Ergebnisse belegen, dass ein erheblicher Teil der beprobten Schlachtkörper dieses Kriterium nicht erfüllt. Mit den fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring lassen sich die Auswirkungen dieser Anforderung auf das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette beurteilen.

Die Ergebnisse bestätigen, dass Wildschweine ein Reservoir für verschiedene Zoonoseerreger darstellen. Die besonderen Bedingungen bei der jagdlichen Wildfleischgewinnung begünstigen zudem die Kontamination des Fleisches mit Keimen. Wildfleisch sollte deshalb nur ausreichend durchgegart verzehrt werden.

Sprossen waren in Einzelfällen mit potenziell krankmachenden Keimen kontaminiert. Der Herstellungsprozess von Sprossen begünstigt die Vermehrung von Keimen, die z. T. schon in den Samen vorhanden sind, sodass Sprossen in mikrobiologischer Hinsicht mit einem hohen Risiko behaftet sind. Empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immunsupprimierte Menschen sowie Schwangere sollten Sprossen deshalb nicht roh, sondern nur nach ausreichender Erhitzung verzehren.

MRSA und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* kommen bei Geflügel häufig vor. Allerdings ist es im Jahr 2016 zu einem Rückgang der Nachweisraten dieser multiresistenten Keime in der Lebensmittelkette Masthähnchen gekommen. Ob sich hieraus ein Trend entwickelt, werden die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen.

Die Übertragung von MRSA auf den Menschen scheint über den Verzehr von Lebensmitteln von untergeordneter Rolle zu sein. Bei ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ist nach derzeitigem wissenschaftlichen Kenntnisstand dagegen davon auszugehen, dass diese resistenten Keime auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können. Allerdings ist der Anteil

der Übertragung über Lebensmittel an der Gesamtproblematik nicht zu quantifizieren.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen zeigen, dass der Anteil resistenter Isolate bei Mastgeflügel weiterhin hoch ist. Die z. T. steigenden Resistenzraten von Isolaten gegenüber Fluorchinolonen sind besorgniserregend und verdeutlichen, dass der Einsatz von Antibiotika und insbesondere von Fluorchinolonen bei Geflügel weiter reduziert werden muss.

Auffallend ist, dass Isolate von Masthähnchen aus ökologischen Haltungsbetrieben deutlich geringere Resistenzraten aufweisen als Isolate aus konventionellen Betrieben. Diese beobachteten Unterschiede können mit der im Vergleich zu konventionellen Masthähnchenbetrieben geringeren Therapiehäufigkeit mit Antibiotika in ökologischen Betrieben im Zusammenhang stehen. Weitere gezielte Untersuchungen sind notwendig, um mögliche Unterschiede in der Belastung von Tieren und Lebensmitteln mit antibiotikaresistenten Keimen zwischen ökologischer und konventioneller Erzeugung zu ermitteln. In diesem Zusammenhang ist es notwendig, verlässliche Daten zum Einsatz von Antibiotika in konventionellen und ökologischen Tierbeständen zu erheben.

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

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

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

Verbraucher können sich vor lebensmittelbedingten Infektionen schützen, indem sie das Fleisch gründlich durcherhitzen und eine strenge Küchenhygiene einhalten, die die Übertragung der Erreger vom rohen Fleisch auf verzehrfertige Lebensmittel (z. B. Salat) während der Speisenzubereitung verhindert. Um einer Vermehrung der Erreger im Fleisch und in bestimmten verzehrfertigen Lebensmitteln entgegenzuwirken, sollten insbesondere die Kühlketten aufrechterhalten und angemessen kurze Haltbarkeits- bzw. Verbrauchsfristen festgelegt werden. Rohes Hackfleisch und rohe

Fleisch- und Milchprodukte sowie bestimmte verzehfertige 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*, VTEC bzw. Listerien sowie zum Schutz vor Lebensmittelinfektionen im Privathaushalt herausgegeben (BfR 2007b, 2009b, 2011b und 2014b).

Literaturquellen

- Agresti, A. und B. A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119–126
- Alonso, C. A., D. Gonzalez-Barrio, C. Tenorio, F. Ruiz-Fons und C. Torres (2016): Antimicrobial resistance in faecal *Escherichia coli* isolates from farmed red deer and wild small mammals. Detection of a multiresistant *E. coli* producing extended-spectrum beta-lactamase. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* 45:34-39. doi: 10.1016/j.cimid.2016.02.003
- Alonso, C. A., A. Mora, D. Diaz, M. Blanco, D. Gonzalez-Barrio, F. Ruiz-Fons, C. Simon, J. Blanco und C. Torres (2017): Occurrence and characterization of stx and/or eae-positive *Escherichia coli* isolated from wildlife, including a typical EPEC strain from a wild boar. *Veterinary microbiology* 207:69-73. doi: 10.1016/j.vetmic.2017.05.028
- 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
- Argudin, M. et al. (2011): Virulence and resistance determinants of German *Staphylococcus aureus* ST398 isolates from non-human sources. *Applied and Environmental Microbiology* 77: 3052-3060
- Bamnia, M. und G. Kaul (2015): Cereulide and diarrheal toxin contamination in milk and milk products: a systematic review. *Toxin Reviews* 34: 119-124
- BfR (2007b): Verbrauchertipps: Schutz vor Lebensmittelinfektionen im Privathaushalt. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps_schutz_vor_lebensmittelinfektionen_im_privathaushalt.pdf
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_zuchtschweinebestaenden_vorgelegt.pdf
- BfR (2009b): Verbrauchertipps: Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit *Campylobacter*. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps_schutz_vor_lebensmittelbedingten-infektionen-mit-campylobacter.pdf
- BfR (2009c): 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_masthaehnen_vorgelegt.pdf
- BfR (2011a): 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 (2011b): Verbrauchertipps: Schutz vor Infektionen mit enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC). <http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps-schutz-vor-infektionen-mit-enterohaemorrhagischen-e-coli-ehec.pdf>
- BfR (2014a): Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin. <http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps-schutz-vor-lebensmittelinfektionen-mit-listerien.pdf>
- BfR (2014b): *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003: Ergebnisse für das Jahr 2013.

- BfR (2015b): 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 (2017): *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003: Ergebnisse für das Jahr 2016. www.bfr.bund.de
- Bielaszewska, M., T. Aldick, A. Bauwens und H. Karch (2014): Hemolysin of enterohemorrhagic *Escherichia coli*: structure, transport, biological activity and putative role in virulence. *International journal of medical microbiology*: IJMM 304: 521-529
- Bisdorff, B., J. Scholholter, K. Claußen et al. (2012): MRSA-ST398 in livestock farmers and neighbouring residents in a rural area in Germany. *Epidemiology and Infection*. 140(10):1800-1808
- Blanco, M., J. E. Blanco, J. Blanco, E. A. Gonzales, A. Mora, C. Prado, L. Fernandez, M. Rio, J. Ramos und M. P. Alonso (1996): Prevalence and characteristics of *Escherichia coli* serotype O157:H7 and other verotoxin-producing *E. coli* in healthy cattle. *Epidemiol. Infect.*, (7), 251-257
- Brugère-Picoux, J. (2008): Ovine listeriosis. *Small Ruminant Res* 76:12-20
- Bülte, M. (2002): Veterinärmedizinische Aspekte der Infektionen durch enterohämorrhagische *E. coli*-Stämme (EHEC). *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz* 45:484-490
- Bülte, M. und S. Heckötter (1997): Vorkommen und Bedeutung von O157 und anderen verotoxinbildenden *E. coli* bei Tieren und in Lebensmitteln – Occurrence and significance of O157 and other verocytotoxigenic *E. coli* in animals and food. *Mitt Gebiete der Lebensm Hyg* 88:665-680
- BVL (2010): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2009 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2012): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2011 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2017): Bekanntmachung des Medians und des dritten Quartils der vom 1. Juli 2016 bis 31. Dezember 2016 erfassten bundesweiten betrieblichen Therapiehäufigkeiten für Mastrinder, Mastschweine, Masthühner und Mastputen nach § 58c Absatz 4 des Arzneimittelgesetzes. *Bundesanzeiger AT* 31.03.2017 B6
- Canton, R., A., 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
- Chiari, M., M. Zanoni, S. Tagliabue, A. Lavazza und L. G. Alborali (2013): *Salmonella* serotypes in wild boars (*Sus scrofa*) hunted in northern Italy. *Acta Vet Scand* 55:42. doi: 10.1186/1751-0147-55-42
- Cristovao, F., C. A. Alonso, G. Igrejas, M. Sousa, V. Silva, J. E. Pereira, C. Lozano, G. Cortes-Cortes, C. Torres und P. Poeta (2017): Clonal diversity of extended-spectrum beta-lactamase producing *Escherichia coli* isolates in fecal samples of wild animals. *Fems Microbiol Lett* 364(5)doi: 10.1093/femsle/fnx039
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds blaC-TX-M genes in different plasmids from German clinical *Escherichia coli* isolates. *J Med Microbiol* 59: 580-587

- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Surveillance reports.
- 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/en/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
<http://www.efsa.europa.eu/de/scdocs/doc/1376.pdf>
- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. EFSA Journal 993:1-73
<https://www.efsa.europa.eu/en/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. EFSA-Journal 2010 (8 (1)): 1437
- EFSA (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://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2011.2105/abstract>
- EFSA (2012): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food (2012): EFSA Journal 2012; 10 (10):289.7
- EFSA und ECDC (2015): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2014. EFSA Journal 2015; 13 (12):4329
- EFSA und ECDC (2016): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2015. EFSA Journal 2015; 14 (12):4634
- EFSA (2016): 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
<https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/4524>
- EFSA_Panel_on_Biological_Hazards (2013): Scientific Opinion on Carbapenem resistance in food animal ecosystems. EFSA Journal 11 (12):doi: 10.2903/j.efsa.2013.3501
- El-Adawy, H., M. F. Ahmed, H. Hotzel, H. Tomaso, B.-A. Tenhagen, J. Hartung, H. Neubauer und H. M. Hafez (2015): Antimicrobial susceptibilities of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* recovered from organic turkey farms in Germany. Poultry Sci 94(11):2831-2837. doi: 10.3382/ps/pev259
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>
- Fetsch, A., B. Kraushaar, A. Käsbohrer und J. A. Hammerl (2017): Turkey Meat as Source of CC9/CC398 Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Humans? Clin Infect Dis 64(1):102-103. doi: 10.1093/cid/ciw687
- Fischer, J., M. San Jose, N. Roschanski, S. Schmöger, B. Baumann, A. Irrgang, A. Friese, U. Roesler, R. Helmuth und B. Guerra (2017): Spread and persistence of VIM-1 Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in three German swine farms in 2011 and 2012. Veterinary microbiology 200:118-123. doi: 10.1016/j.vetmic.2016.04.026
- Frank, C., S. Kapfhammer, D. Werber, K. Stark und L. Held (2008): Cattle Density and Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Infection in Germany: Increased Risk for Most but Not All Serogroups. Vector-Borne and Zoonotic Diseases 8:635-644
- Frederiksen, K., H. Rosenquist, K. Jørgensen und A. Wilcks (2006): Occurrence of natural *Bacillus thuringiensis* contaminants and residues of *Bacillus thuringiensis*-based insecticides on fresh fruits and vegetables. Appl Environ Microbiol 72(5):3435-3440. doi: 10.1128/AEM.72.5.3435-3440.2006
- 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

- Garner, D. und S. Kathariou (2016): Fresh Produce-Associated Listeriosis Outbreaks, Sources of Concern, Teachable Moments, and Insights. *J Food Prot* 79(2):337-344. doi: 10.4315/o362-028X.JFP-15-387
- Granum, E. und T. Lund (1997): *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Lett* 157: 223-228
- Guenther, S., M. Grobbel, J. Beutlich, A. Bethe, N. D. Friedrich, A. Goedecke, A. Lubke-Becker, B. Guerra, L. H. Wieler und C. Ewers (2010): CTX-M-15-type extended-spectrum beta-lactamases-producing *Escherichia coli* from wild birds in Germany. *Environ Microbiol Rep* 2(5):641-645. doi: 10.1111/j.1758-2229.2010.00148.x
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2016a): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2014. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2016b): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Heine, U. (2011): Epidemiologische Studie zum Vorkommen von MRSA (Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus*) in ökologisch wirtschaftenden Schweinebeständen, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
- 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
- Kaase, M. (2012): Carbapenemasen bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger. *Bundesgesundheitsbl Gesundheitsforsch Gesundheitschutz* 55:1401-1404
- Kim, H. J., D. S. Lee und H. D. Paik (2004): Characterization of *Bacillus cereus* isolates from raw soybean sprouts. *J Food Prot* 67(5):1031-1035
- Kittl, S., G. Heckel, B. M. Korczak und P. Kuhnert (2013): Source attribution of human *Campylobacter* isolates by MLST and fla-typing and association of genotypes with quinolone resistance. *Plos One* 8(11):e81796. doi: 10.1371/journal.pone.0081796
- Köck, R., F. Schaumburg, A. Mellmann et al. (2013): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS. One* 8(2):e55040
- Kraushaar, B., B. Ballhausen, D. Leiser, B.-A. Tenhagen, A. Käsbohrer und A. Fetsch (2017): Antimicrobial resistances and virulence markers in Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from broiler and turkey: A molecular view from farm to fork. *Veterinary microbiology* 200:25-32. doi: 10.1016/j.vetmic.2016.05.022
- Laube, H., A. Friese, C. von Salviati, B. Guerra, A. Käsbohrer, L. Kreienbrock und U. Roesler (2013): Longitudinal monitoring of extended-spectrum-beta-lactamase/AmpC-producing *Escherichia coli* at German broiler chicken fattening farms. *Appl Environ Microbiol* 79(16):4815-4820. doi: 10.1128/AEM.00856-13
- Layer, F., B. Strommenger und C. Cuny (2015): Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2013/2014. *Epidemiologisches Bulletin* 2015: 303-308
- Liu, Y., Q. L. Lai, M. Goker, J. P. Meier-Kolthoff, M. Wang, Y. M. Sun, L. Wang und Z. Z. Shao (2015): Genomic insights into the taxonomic status of the *Bacillus cereus* group. *Scientific Reports*, 5, 11
- Martin, A. und L. Beutin (2011): Characteristics of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from meat and milk products of different origins and association with food producing animals as main contamination sources. *Int J Food Microbiol* 146(1):99-104. (S0168-1605(11)00065-1 pii;10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.041 doi)
- McDougal, L. K. und C. Thornsberry. (1986): The role of beta-lactamase in staphylococcal resistance to penicillinase-resistant penicillins and cephalosporins. *J Clin Microbiol* 23(5):832-839
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin

- Messelhäuser, U., H. Beck, P. Gallien, B. Schalch und U. Busch (2008): Presence of Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* and thermophilic *Campylobacter* spp. in cattle, food and water sources on Alpine pastures in Bavaria. *Arch. Lebensmittelhyg.* 59:103-106
- Messelhäuser, U., E. Frenzel, C. Blöchinger, R. Zucker, P. Kämpf und M. Ehling-Schulz (2014): Emetic *Bacillus cereus* are more Volatile than Thought: Recent Food-borne 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
- Miller, R. A., S. M. Beno, D. J. Kent, L. M. Carroll, N. H. Martin, K. J. Boor, und J. Kovac (2016): *Bacillus wiedmannii* sp. nov., a psychrotolerant and cytotoxic *Bacillus cereus* group species isolated from dairy foods and dairy environments. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66, 4744-4753
- Nauta, M. J., W. F. Jacobs-Reitsma und A. H. Havelaar (2007): A Risk Assessment Model for *Campylobacter* in Broiler Meat. *Risk Analysis* 27(4):845-861. doi: 10.1111/j.1539-6924.2006.00834.x
- Navarro-Gonzalez, N., G. Mentaberre, C. M. Porrero, E. Serrano, A. Mateos, J. M. Lopez-Martin, S. Lavin und L. Dominguez (2012): Effect of Cattle on *Salmonella* Carriage, Diversity and Antimicrobial Resistance in Free-Ranging Wild Boar (*Sus scrofa*) in Northeastern Spain. *Plos One* 7(12)
- Navarro-Gonzalez, N., M. C. Porrero, G. Mentaberre, E. Serrano, A. Mateos, A. Cabal, L. Dominguez und S. Lavin (2015): *Escherichia coli* O157:H7 in wild boars (*Sus scrofa*) and Iberian ibex (*Capra pyrenaica*) sharing pastures with free-ranging livestock in a natural environment in Spain. *Vet Quart* 35(2):102-106.
- 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
- Nuesch-Inderbinnen, M., K. Zurfluh, S. Peterhans, H. Hachler und R. Stephan (2015): Assessment of the Prevalence of Extended-Spectrum beta-Lactamase-Producing Enterobacteriaceae in Ready-to-Eat Salads, Fresh-Cut Fruit, and Sprouts from the Swiss Market. *J Food Prot* 78: 1178-1181
- Pacholewicz, E., A. Swart, M. Schipper, B. G. Gortemaker, J. A. Wagenaar, A. H. Havelaar und L. J. Lipman (2015): A comparison of fluctuations of *Campylobacter* and *Escherichia coli* concentrations on broiler chicken carcasses during processing in two slaughterhouses. *Int J Food Microbiol* 205:119-127. doi: 10.1016/j.ijfood-micro.2015.04.006
- 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
- Poeta, P., H. Radhouani, L. Pinto, A. Martinho, V. Rego, R. Rodrigues, A. Goncalves, J. Rodrigues, V. Estepa, C. Torres und G. Igrejas (2009): Wild boars as reservoirs of extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) producing *Escherichia coli* of different phylogenetic groups. *J Basic Microbiol* 49(6):584-588. doi: 10.1002/jobm.200900066
- Portnoy, B. L., J. M. Goepfert und S. M. Harmon (1976): An outbreak of *Bacillus cereus* food poisoning resulting from contaminated vegetable sprouts. *Am J Epidemiol* 103(6):589-594
- Projahn, M., K. Daehre, U. Roesler und A. Friese (2017): Extended-Spectrum-Beta-Lactamase- and Plasmid-Encoded Cephamycinase-Producing Enterobacteria in the Broiler Hatchery as a Potential Mode of Pseudo-Vertical Transmission. *Appl Environ Microbiol* 83(1) doi: 10.1128/AEM.02364-16
- Reynaga, E., M. Navarro, A. Vilamala, P. Roure, M. Quintana, M. Garcia-Nunez, R. Figueras, C. Torres, G. Lucchetti und M. Sabria (2016): Prevalence of colonization by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in pigs and pig farm workers in an area of Catalonia, Spain. *BMC Infect Dis* 16, 716

- Reynaga, E., C. Torres, M. Garcia-Nunez, M. Navarro, A. Vilamala, E. Puigoriol, G. E. Lucchetti und M. Sabria (2017): Clinical impact and prevalence of MRSA CC398 and differences between MRSA-TetR and MRSA-TetS in an area of Spain with a high density of pig farming: a prospective cohort study. *Clin Microbiol Infect* 23, 678 e671-678 e674
- RKI (2004): Risikofaktoren für sporadische STEC (EHEC)-Erkrankungen, Ergebnisse einer bundesweiten Fall-Kontroll-Studie. *Epidemiologisches Bulletin* 50, 433-436.
http://www.rki.de/cln_048/nn_196658/DE/Content/Infekt/EpidBull/Archiv/2004/50_04.templateId=ra-w,property=publicationFile.pdf/50_04.pdf
- RKI (2005): *Campylobacter*-Infektionen, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte.
https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/merkblaetter_node.html
- RKI (2008): Erkrankungen durch Enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte.
https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/merkblaetter_node.html
- RKI (2009a): Salmonellose (Salmonellen-Gastroenteritis), RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte.
https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/merkblaetter_node.html
- RKI (2009b): Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte.
https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/merkblaetter_node.html
- RKI (2010): Listeriose, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte.
https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/merkblaetter_node.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 (2016): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 25, 213-225
- RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. Robert Koch-Institut, Berlin
- 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
- Rosenquist, H., L. Smidt, S. R. Andersen, G. B. Jensen und A. Wilcks (2005): Occurrence and significance of *Bacillus cereus* and *Bacillus thuringiensis* in ready-to-eat food. *Fems Microbiol Lett* 250(1):129-136. doi: 10.1016/j.femsle.2005.06.054
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie.
http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading__1533_1257451891
- Scheiring, J., A. Rosales und L. B. Zimmerhackl (2010): Clinical practice – Today's understanding of the haemolytic uraemic syndrome. *Eur J Pediatr* 169:7-13
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2010): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2012): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink 2009. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- 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., A. Schroeter, I. Szabo, C. Dorn, B. Appel, R. Helmuth und A. Käsbohrer (2014a): Anstieg der Resistenz von Salmonellen aus Lebensmitteln gegenüber Fluorchinolonen und Cephalosporinen – Eine Übersicht über 10 Jahre. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 127(11-12):428-434.
- Tenhagen, B.-A. et al. (2014b): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in cattle food chains – prevalence, diversity, and antimicrobial resistance in Germany. *Journal of Animal Science* 92: 2741-2751

-
- Van Cleef, B. A., D. L. Monnet et al. (2011): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans. *Europe. Emerg Infect Dis* 17:502-505
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Vossenkuhl, B., J. Brandt, A. Fetsch, A. Käsbohrer, 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(5):e96308. doi: ARTN e96308 DOI 10.1371/journal.pone.0096308
- Wadl, M., D. E. Müller-Wiefel, K. Stark, A. Fruth, H. Karch und D. Werber (2010): Enteropathisches hämolytisch-urämisches Syndrom. Sporadischer Einzelfall oder Teil eines Krankheitsausbruchs? *Monatsschr Kinderheilkd* 159:152-160.
- Wassenar, T. M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. *Arch. Lebensmittelhyg.* 61, 85-90
- WHO (2017): Critically Important Antimicrobials for Human Medicine, 5th Revision 2016, World Health Organisation, Genf, CH.
- Wysok, B. und J. Uradzinski (2009): *Campylobacter* spp. – a significant microbiological hazard in food. I. Characteristics of *Campylobacter* species, infection source, epidemiology. *Pol J Vet Science* 12:141-148
- Zautner, A. E., S. Herrmann und U. Gross (2010): *Campylobacter jejuni* – Die Suche nach Virulenz-assoziierten Faktoren. *Arch Lebensmittelhyg* 61:91-101
- Zhang, M., Q. Li, L. He, F. Meng, Y. Gu, M. Zheng, Y. Gong, P. Wang, F. Ruan, L. Zhou, J. Wu, L. Chen, C. Fitzgerald und J. Z. Zhang (2010): Association Study Between an Outbreak of Guillain-Barre Syndrome in Jilin, China, and Preceding *Campylobacter jejuni* Infection. *Foodborne Pathog Dis* 7:913-919
- Zurfluh, K., M. Nuesch-Inderbinen, M. Morach, A. Zihler Berner, H. Hachler und R. Stephan (2015): Extended-spectrum-beta-lactamase-producing *Enterobacteriaceae* isolated from vegetables imported from the Dominican Republic, India, Thailand, and Vietnam. *Appl Environ Microbiol* 81(9):3115-3120. doi: 10.1128/AEM.00258-15

