



Bundesamt für  
Verbraucherschutz und  
Lebensmittelsicherheit



Bundesinstitut für Risikobewertung

## BVL-Report · 14.1 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

### ► Zoonosen-Monitoring 2018



## 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.

© 2019 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

Herausgeber:	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Dienststelle Berlin Mauerstraße 39-42, D-10117 Berlin
Schlussredaktion:	Doris Schemmel, Dr. Marion Rukavina (BVL)
Koordination:	Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115)
Redaktionsgruppe:	Dr. Katja Alt (BfR), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 115), Dr. Steffen Naumann (BVL, Ref. 133), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR)
ViSdP:	Nina Banspach (BVL, Pressestelle)
Umschlaggestaltung:	ORCA Affairs, Berlin
Titelbild:	waechter-media.de – stock.adobe.com
Satz:	ORCA Affairs, Berlin

---

# **Berichte zur Lebensmittelsicherheit**

## **Zoonosen-Monitoring 2018**

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 2018 .....	3
3.3	Untersuchungsmethoden.....	8
3.3.1	Erregernachweis .....	8
3.3.2	Resistenztestung.....	10
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung.....	13
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse .....	14
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	15
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	16
4.1	<i>Salmonella</i> spp. ....	16
4.1.1	Einleitung .....	16
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	17
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	18
4.2	<i>Campylobacter</i> spp.....	19
4.2.1	Einleitung .....	19
4.2.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	20
4.2.3	Ergebnisse der Typisierung.....	22
4.3	<i>Listeria monocytogenes</i> .....	23
4.3.1	Einleitung .....	23
4.3.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	24
4.3.3	Ergebnisse der Typisierung.....	25
4.4	Shigatoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (STEC).....	26
4.4.1	Einleitung .....	26
4.4.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	27
4.4.3	Ergebnisse der Typisierung.....	27
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	<i>Yersinia enterocolitica</i> .....	30
4.6.1	Einleitung .....	30
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	30
4.6.3	Ergebnisse der Typisierung .....	31
4.7	<i>Clostridioides difficile</i> .....	31
4.7.1	Einleitung .....	31
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	32
4.7.3	Ergebnisse der Typisierung .....	32
4.8	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen (AmpC) bildende <i>E. coli</i> .....	33
4.8.1	Einleitung .....	33
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen .....	33
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. ....	36
5.3	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA) .....	42
5.4	Kommensale <i>Escherichia coli</i> .....	44
5.5	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i> .....	46
6	Bewertung der Ergebnisse .....	48
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen .....	61
8	Literaturquellen .....	68



# 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 2018

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2018 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und dem Einzelhandel vor. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelte es sich zum einen um die klassischen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes*, shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC) und *Yersinia enterocolitica* und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Clostridioides difficile* (*C. difficile*), kommensale *Escherichia (E.) coli*, Extended-Spectrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-*E. coli*), Carbapenemase-bildende *E. coli* sowie um *Enterococcus faecium/faecalis*. 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 Endverbraucher handelte. Dies galt aber

nicht für Proben von Hähnchenfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU ausschließlich aus dem Einzelhandel stammen sollten. Auf der Ebene des Einzelhandels konnten auch importierte Lebensmittel berücksichtigt werden, wenn sie den Kriterien des Zoonosen-Stichprobenplans entsprachen. Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Matrices auf unterschiedlichen Stufen der Lebensmittelketten auf Bundesebene. Für die Probenahmen wurden jeweils die am besten geeigneten Stufen der Lebensmittelkette ausgewählt. Die Untersuchungen von Proben aus der Primärproduktion zielten darauf ab, die Prävalenz der Erreger bzw. ihre Resistenzeigenschaften in den Erzeugerbetrieben abzuschätzen. Probenahmen aus Schlachtbetrieben zu Beginn oder während des Schlachtprozesses zielten darauf ab, den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Mit der Beprobung am Ende des Schlachtprozesses (nach der Kühlung und vor der Weiterverarbeitung) sollte die Beurteilung der Übertragung der Erreger auf das Fleisch und in die weitere Verarbeitung ermöglicht werden. Die Untersuchungen im Einzelhandel waren darauf ausgerichtet, abzuschätzen, wie häufig kontaminierte Lebensmittel zum Verbraucher gelangen. Die Untersuchungen von Proben aus Mischfuttermittelwerken zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit Salmonellen und den möglichen Eintrag in die Tierbestände zu beurteilen. Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* und STEC erfolgen im Zoonosen-Monitoring, weil es sich bei diesen Bakterien um bedeutende über Lebensmittel übertragbare Zoonoseerreger handelt, die im Anhang I Teil A der Richtlinie 2003/99/EG als überwachungspflichtige Erreger aufgelistet sind. Die Untersuchungen zum Vorkommen von MRSA im Rahmen des Zoonosen-Monitorings dienen dazu, die Verbreitung von MRSA in den Lebensmittelketten zu beobachten und das Vorkommen neuer Stämme oder human-adaptierter Stämme in der Lebensmittelproduktion frühzeitig zu erkennen. Die Untersuchungen von Schweineschlachtkörpern und Schweinehackfleisch auf *Salmonella* spp. und von Hähnchenschlachtkörpern und frischem Hähnchenfleisch auf *Campylobacter* spp. werden aufgrund des Beschlusses der "Länderarbeitsgemeinschaft Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft" (AFFL) bis zum Jahr 2021 jährlich im Zoonosen-Monitoring durchgeführt. Untersuchungen auf *C. difficile* dienen dazu, die Datenlage zum Vorkommen dieses Erregers in Fleisch zu verbessern, um das Risiko für eine Übertragung von *C. difficile* über Lebensmittel auf den Menschen abschätzen zu können. Auf pathogene *Yersinia enterocolitica* wurde untersucht, da es

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

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern erfolgte bei den Programmen, für die ein Probenumfang festgelegt wurde, auf Ebene der Erzeugerbetriebe anteilig nach der Zahl der gehaltenen Tiere bzw. Haltungsplätze für die betreffende Tierart und auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachttierzahlen

der jeweiligen Tierart, wobei in Bezug auf Masthähnchen und Mastputen ausschließlich in Deutschland gemästete und geschlachtete Tiere berücksichtigt werden sollten. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölkerungszahl der Bundesländer. Die Zuordnung der Probenzahlen für Mischfuttermittel zu den Ländern richtete sich nach dem Produktionsvolumen der Mischfuttermittel für Mastschweine im Jahr 2015.

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2018 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2018.

**Tab. 3.1** Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2018 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	STEC	MRSA	<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>	Kommensale <i>E. coli</i>	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	<i>Clostridioides difficile</i>
Erzeugerbetrieb	Mastputen (konventionell) <sup>1</sup> :											
	Kot							#	#			
	Staubtupfer					#						
	Mastputen (ökologisch) <sup>1</sup> :											
Schlachthof	Kot							#	#			
	Staubtupfer					#						
	Mastschwein:											
	Schlachtkörper	384										
	Masthähnchen:											
	Blinddarminhalt	384	500				384	204	300	300		
Futtermittelbetrieb	Halshaut	384 <sup>2</sup>	384 <sup>3</sup>									
	Mastputen:											
	Blinddarminhalt	384	455				384	204	300	300		
	Halshaut	384 <sup>2</sup>										
Einzelhandel	Alleinfuttermittel (für Mastschweine)	120										
	Hähnchenfleisch:											
	frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384 <sup>4</sup>	384		384		384	384	384		
	Putenfleisch (konventionell):											
	frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384			384		384	384			
	Putenfleisch (ökologisch):											
	frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	##	##			##		##	##			
	Schweinefleisch:											
	Hackfleisch	384									384	##
	Rohwürste, streichfähig oder schnittfest:											
	aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch	##	## <sup>5</sup>	## <sup>4</sup>								
	vegetarischer Wurstaufschnitt			384 <sup>4,6</sup>								
pflanzliche Lebensmittel:												
Sesamsaaten, unbehandelt	384				384							

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

## Kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchung nach Verfügbarkeit von geeigneten Proben bzw. der Verfügbarkeit der Methodik (siehe *C. difficile*) stattfindet. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, angestrebt werden.

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

<sup>2</sup> Die Isolate aus diesen Proben werden für die Resistenztestung ergänzt um *Salmonella*-Isolate, die im Rahmen der Durchführung der VO (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel gewonnen wurden.

<sup>3</sup> quantitative Untersuchung auf *Campylobacter* spp.

<sup>4</sup> qualitative und quantitative Untersuchung

<sup>5</sup> nur streichfähige Rohwürste

<sup>6</sup> Untersuchung zum Ende des MHD

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2018 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
<b>Erzeugerbetrieb</b>	
Mastputen, konventionell und ökologisch (Kot)	Kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
Mastputen, konventionell und ökologisch (Staubtupfer)	MRSA
<b>Schlachthof</b>	
Mastschweine (Schlachtkörper)	<i>Salmonella</i> spp.
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.
<b>Mischfutterwerk</b>	
Alleinfuttermittel für Mastschweine	<i>Salmonella</i> spp.
<b>Einzelhandel</b>	
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, konventionell und ökologisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i> , ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>
Schweinehackfleisch	<i>Salmonella</i> spp.
Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp.
unbehandelte Sesamsaaten	<i>Salmonella</i> spp., STEC

### **Salmonella spp.**

In Mischfuttermittelwerken sollten Alleinfuttermittel für Mastschweine 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 2019 fortgesetzt. Die Berichterstattung erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2019. An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge nach dem Zurichten, aber vordem KühlendieHauteinesSchweineschlachtkörpers beprobt und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf Salmonellen untersucht werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel auf Salmonellen erfolgen. Von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen sollten an Schlachthöfen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von zehn 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 Ver-

gleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Ergänzend sollten hierzu auf der Ebene des Einzelhandels frisches, gekühltes, nicht tiefgefrorenes Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut und schnittfeste oder streichfähige Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. beprobt werden. Frisches Putenfleisch sollte in getrennten Stichproben aus konventioneller und ökologischer Haltung stammen, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von Salmonellen zu erfassen. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben unbehandelter Sesamsaaten für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. gewonnen werden.

### **Campylobacter spp.**

Auf der Ebene des Schlachthofes sollte von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von zehn Tieren und von Masthähnchen zusätzlich die Haut eines Schlachtkörpers auf das Vorkommen von *Campylo-*

*bacter* 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 eine Keimzahlbestimmung von *Campylobacter* spp. durchgeführt werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut und von ausschließlich streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch aus dem Einzelhandel auf *Campylobacter* erfolgen. Bei den Hähnchenfleischproben sollte neben der Prävalenzuntersuchung auch eine Keimzahlbestimmung von *Campylobacter* spp. durchgeführt werden. Frisches Putenfleisch sollte in getrennten Stichproben aus konventioneller und ökologischer Haltung stammen, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von *Campylobacter* spp. zu erfassen.

#### ***Listeria monocytogenes***

Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch ohne Haut, von schnittfesten oder streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch und von geschnittenem vegetarischem Wurstaufschnitt für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* gewonnen werden. Bei den Proben von streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch und von vegetarischem Wurstaufschnitt sollte neben der Prävalenzuntersuchung auch eine Keimzahlbestimmung von *Listeria monocytogenes* durchgeführt werden. Die Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt sollten zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums untersucht werden.

#### **Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC)**

Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben unbehandelter Sesamsaaten für die Untersuchung auf STEC gewonnen werden.

#### **Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)**

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mastputenbetrieben Staubtupfer entnommen und auf MRSA untersucht werden. Die Probenahme sollte innerhalb von drei Wochen vor dem Transport zur Schlachtung erfolgen. Des Weiteren sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut aus dem Einzelhandel auf MRSA untersucht werden. Auf Ebene der Primärproduktion sollten konventionelle und ökologische Mastputenbetriebe und im Einzelhandel konventionelles

und ökologisches Putenfleisch in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von MRSA zu erfassen zu erfassen.

#### ***Yersinia enterocolitica***

Im Einzelhandel sollten Proben von Schweinehackfleisch entnommen und auf das Vorkommen von pathogenen *Yersinia enterocolitica* untersucht werden.

#### ***Clostridioides difficile***

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

#### **Kommensale *E. coli***

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten auf der Ebene der Primärproduktion in Mastputenbetrieben Isolate von kommensalen *E. coli* gewonnen werden. An Schlachthöfen sollten je Schlachtcharge von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen Isolate von kommensalen *E. coli* aus dem Blinddarminhalt von zehn Tieren und im Einzelhandel aus Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut gewonnen werden. Auf Ebene der Primärproduktion sollten konventionelle und ökologische Mastputenbetriebe und im Einzelhandel konventionelles und ökologisches Putenfleisch in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen in der Verbreitung von Antibiotikaresistenzen bei kommensalen *E. coli* zu erfassen.

#### **ESBL/AmpC-bildende *E. coli***

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten in Mastputenbetrieben Kotproben entnommen und selektiv auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. An Schlachthöfen sollten je Schlachtcharge von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen der Blinddarminhalt von zehn Tieren gewonnen werden und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* untersucht werden. Auf der Ebene des Einzelhandels sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchen- und Putenfleisch ohne Haut auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. Auf Ebene der Primärproduktion sollten konventionelle und ökologische Mastputenbetriebe und im Einzelhandel konventionelles und ökologisches Putenfleisch in getrennten Stichproben untersucht werden, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* zu erfassen.

### Carbapenemase-bildende *E. coli*

An Schlachthöfen sollten je Schlachtcharge von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen der Blinddarminhalt von zehn Tieren gewonnen werden und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* untersucht werden. Ergänzend hierzu sollten auf der Ebene des Einzelhandels entnommene Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch auf Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden.

### *Enterococcus faecium/faecalis*

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten an Schlachthöfen je Schlachtcharge von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen Isolate von *Enterococcus faecium/faecalis* aus dem Blinddarminhalt von zehn Tieren gewonnen 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 länderspezifisch in den jeweiligen amtlichen Untersuchungseinrichtungen. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2018 vorgeschlagenen Untersuchungsmethoden können der Tabelle 3.3 entnommen werden.

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Salmonella</i> spp.	DIN EN ISO 6579-1:2017-07 (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben)	Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof
	DIN EN ISO 6579-1:2017-07 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-20:2008-12) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben) (Die alte Fassung der DIN EN ISO 6579:2002+A1:2007 wurde im Juli 2017 zurückgezogen, bleibt aber bis zur Übernahme in die ASU Gegenstand der ASU § 64 LFGB, Technische Regel L 00.00-20:2008-12.)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Schlachtkörper von Mastschweinen</li> <li>• Halshaut von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> <li>• Alleinfuttermittel für Mastschweine</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch</li> <li>• frisches Putenfleisch</li> <li>• Schweinehackfleisch</li> <li>• schnitt- oder streichfähige Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch</li> <li>• Sesamsaaten</li> </ul>
<i>Campylobacter</i> spp.	ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren C: Methode zum Direktnachweis – Den Kot mit Peptonwasser oder PBS aufschwemmen (Volumen variabel, ca. 1:2) und davon (wenn nötig – abhängig von Begleitflora) eine 1:10-Verdünnung anfertigen. Verdünnung auf mCCDA (3-fach Ösenausstrich) und qual. Nachweis von <i>Campylobacter</i> zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B).	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> </ul>
	qualitativ: ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren B, Anreicherung in Preston Bouillon (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben: Real-time PCR-Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang A oder Anhang B); zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)  quantitativ: ISO 10272-2:2017 zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Halshaut von Masthähnchen (quantitativ)</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch (qualitativ und quantitativ)</li> <li>• frisches Putenfleisch (qualitativ)</li> <li>• (nur streichfähige) Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch (qualitativ)</li> </ul>

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Listeria monocytogenes</i>	<p>qualitativ: DIN EN ISO 11290-1 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-32:2006-09) (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren)</p> <p>quantitativ: DIN EN ISO 11290-2:2017-09</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• frisches Hähnchenfleisch (qualitativ)</li> <li>• schnitt- oder streichfähige Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch (qualitativ und quantitativ)</li> <li>• vegetarischer Wurstaufschnitt (qualitativ und quantitativ)</li> </ul>
Shigatoxinbildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	<p>folgende Methoden können eingesetzt werden:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-150(V):2014-08 (Übernahme DIN CEN ISO/TS 13136, Ausgabe April 2013)</li> <li>- ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-92:2006-12 (Übernahme DIN 10118, Ausgabe Juni 2004)</li> <li>- ASU § 64 LFGB Technische Regel BVL L 07.18-1:2002-05</li> <li>- Nachweis von shigatoxinbildenden <i>E. coli</i> (STEC)</li> <li>- in frischen pflanzlichen Lebensmitteln mittels Real-time PCR</li> <li>- Real-time PCR-Systeme zum Nachweis der Shigatoxin-Gene <i>stx1</i> und <i>stx2</i> und des Intimin-Gens <i>eae</i></li> <li>- Protokoll zur Isolierung von shigatoxinbildenden <i>E. coli</i> (STEC) nach Identifikation mittels Real-time PCR</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Sesamsaaten</li> </ul>
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	<p>nach Methodenvorschrift BfR, Fassung von 2015</p> <p>Hinweis: Mit dieser Methode werden MRSA-verdächtige <i>Staphylococcus aureus</i> nachgewiesen. Der endgültige Nachweis von MRSA erfolgt durch den Nachweis der Kombination eines speziesspezifischen Gens mit dem Resistenzgen*.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Staubtupfer aus Mastputenbetrieben</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch</li> <li>• frisches Putenfleisch</li> </ul>
<i>Yersinia enterocolitica</i>	<p>DIN EN ISO 10273:2017-8 „Mikrobiologie der Lebensmittelkette – Horizontales Verfahren zum Nachweis von pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i>“; ggf. vorab PCR (ISO/TS 18867:2015 „Polymerase-Kettenreaktion [PCR] zum Nachweis von pathogenen Mikroorganismen in Lebensmitteln – Nachweis von pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i> und <i>Yersinia pseudotuberculosis</i>“) mit kultureller Bestätigung positiver Proben</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Schweinehackfleisch</li> </ul>
<i>Clostridioides difficile</i>	<p>qualitative BfR-Hausmethode (Selektivanreicherung), die im Ringversuch validiert wurde</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Schweinehackfleisch</li> </ul>
Kommensale <i>E. coli</i>	<p>Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben.</p> <p>Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen.</p> <p>Für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Falls eine Voranreicherung durchgeführt wird, soll bevorzugt hieraus ein Ausstrich gefertigt werden. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Kot aus Mastputenbetrieben</li> <li>• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch</li> <li>• frisches Putenfleisch</li> </ul>

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR), Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Kot aus Mastputenbetrieben</li> <li>• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch</li> <li>• frisches Putenfleisch</li> </ul>
Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> <li>• frisches Hähnchenfleisch</li> </ul>
<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"> <li>• Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof</li> </ul>

\* Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate (94,4 %) 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*, *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* sowie von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten, quantitativen Verfahren für die Resistenzbestimmung (Bouillonmikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2006 bzw. CLSI M07) im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Antibiotikaresistenz bzw. nach CLSI VET06 und M45A im NRL für *Campylobacter* untersucht.

Die Isolate wurden dem am BfR etablierten Untersuchungsspektrum antimikrobieller Substanzen unterzogen. Hierfür wurden die fertig konfektionierten Plattenformate EUVSEC und ggf. EUVSEC2 (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken), EUCAMP2 (*Campylobacter* spp.) und EUST (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems/Thermo Fisher Scientific verwendet.

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

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

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

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

**Tab. 3.4** Resistenztestung von *Salmonella* spp. und *E. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2018. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 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 <sup>a</sup>	64	8	1024
	Trimethoprim	2	2	0,5	32
Tetrazykline	Tetrazyklin	8	8	1	64
Azalide	Azithromycin	16 <sup>a</sup>	16 <sup>a</sup>	2	64
Carbapeneme	Meropenem	0,125	0,125	0,03	16
Glycylzykline	Tigecyclin	1	1	0,25	8

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

**Tab. 3.5** Resistenztestung von *Campylobacter jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2018. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off-Wert ≤	Konzentrationsbereich	
			Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	0,125	16
	Streptomycin	4	0,25	16
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	16	1	64
	Ciprofloxacin	0,5	0,125	16
Tetrazykline	Tetrazyklin	1* / 2**	0,5	64
Makrolide	Erythromycin	4* / 8**	1	128

\* Cut-Off-Werte für *C. jejuni*

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

**Tab. 3.6** Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (Epidemiologische Cut-Off-Werte von EUCAST) für 2018

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

**Tab. 3.7** Resistenztestung von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2018. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Vorgaben im Durchführungsbeschluss 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 <sup>1</sup>	keine Angabe	1	0,5	64
Glycylcycline	Tigecyclin <sup>2</sup>	0,25	0,25	0,03	4
Glykopeptide	Teicoplanin	2	2	0,5	64
	Vancomycin	4	4	1	128

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

<sup>2</sup> Bei der Testung gegen Tigecyclin kam es zu technischen Schwierigkeiten, sodass die Messwerte aus Gründen der Qualitätssicherung aus der Auswertung ausgeschlossen wurden.

### 3.3.2.1 Bewertungskriterien bei der Resistenztestung

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

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

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

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

### 3.3.3 Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse

Die Untersuchungsergebnisse wurden von den entsprechenden Einrichtungen der Länder an das BVL übermittelt. Die Übermittlung erfolgte nach den Vorgaben der AVV *Data*. Für Informationen, die auf diesem Weg nicht übermittelt werden konnten, wurden Excel-Tabellen zur Bereitstellung von sogenannten Zusatzinformationen genutzt. Die Zuordnung der Datensätze zu den Programmen erfolgte anhand der angegebenen Programmnummer im Kommentarfeld. Datensätze, die keinem Programm zugeordnet werden konnten, sowie Ergebnisse, die zwar einem Programm zugeordnet werden konnten, bei denen z. B. die Matrix oder der Entnahmeort jedoch nicht den Vorgaben des Stichprobenplans entsprach, wurden nicht berücksichtigt. Für das Jahr 2018 konnten so insgesamt sechs Proben bei der Auswertung nicht berücksichtigt werden. Bei der Datenauswertung im Hinblick auf die Prävalenz wurde jede positive Probe nur einmal berücksichtigt, auch wenn verschiedene Subtypen (z. B. *Salmonella*-Serovare, *Campylobacter*-Spezies, STEC-Serotypen, -Pathovare) nachgewiesen und berichtet wurden.

Die rohe Prävalenz der Erreger in den verschiedenen Matrixgruppen wurde als Anteil positiver Proben

berechnet und mit dem dazugehörigen 95 %-Konfidenzintervall dargestellt (s. Tabellen in Kapitel 4). Das 95 %-Konfidenzintervall wurde nach dem Verfahren von Agresti und Coull ermittelt (Agresti und Coull 1998). Dieses Verfahren liefert bei kleiner Prävalenz und selbst bei fehlenden Nachweisen zuverlässige Konfidenzintervalle.

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

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

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

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

Bei dem statistischen Vergleich von Prävalenzen wurden diejenigen Prävalenzen als signifikant verschieden

Tab. 3.8 Anzahl Proben nach Ländern<sup>1</sup>

Herkunft	Probenanzahl
Brandenburg	171
Berlin	115
Baden-Württemberg	490
Bayern	929
Bremen	28
Hamburg	57
Hessen	266
Mecklenburg-Vorpommern	220
Niedersachsen	2053
Nordrhein-Westfalen	839
Rheinland-Pfalz	98
Schleswig-Holstein	125
Saarland	67
Sachsen	254
Sachsen-Anhalt	158
Thüringen	104
<b>Gesamt</b>	<b>5974</b>

<sup>1</sup> Enthält die Anzahl untersuchter Futtermittelproben. Die Berichterstattung hierzu erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2019.

Tab. 3.9 Anzahl Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Mastputen in konventionellen Erzeugerbetrieben	564
Mastputen in ökologischen Erzeugerbetrieben	65
Mastschweine am Schlachthof	395
Masthähnchen am Schlachthof	936
Mastputen am Schlachthof	850
Alleinfuttermittel für Mastschweine <sup>1</sup>	92
frisches Hähnchenfleisch	450
frisches Putenfleisch, konventionell	527
frisches Putenfleisch, ökologisch	247
Schweinehackfleisch	495
streichfähige oder schnittfeste Rohwürste	461
vegetarischer Wurstaufschnitt	433
Sesamsaaten	459
<b>Gesamt</b>	<b>5974</b>

<sup>1</sup> Die Berichterstattung zum Futtermittelprogramm erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2019.

gewertet, deren zugehörige Konfidenzintervalle sich nicht überlappen. Die Anzahl der für die Auswertung herangezogenen Proben ist den Tabellen 3.8 und 3.9 zu entnehmen. Die Anzahl der Proben entspricht nicht der Anzahl der Untersuchungen, da eine Probe in der Regel auf mehrere Erreger untersucht wurde.

### 3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2018 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2018 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-Monitoring betrachteten Zoonoseerreger (z. B. *Salmonella* spp.) bzw. um *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium* oder *Enterococcus faecalis* 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 Isolate aus einer Probe, die im Rahmen der Programme zusätzlich eingesandt worden waren. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation empfohlen wird, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Dieses Verfahren kam vor allem bei *E.-coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen sowie bei Hähnchenfleisch im Einzelhandel 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> )	MRSA	<i>Enterococcus</i> spp. ( <i>E. faecalis</i> + <i>E. faecium</i> )	Kommensale <i>E. coli</i>
<b>Gesamt</b>	<b>Getestete Isolate</b>	<b>220</b>	<b>1006</b> (673 + 333)	<b>351</b>	<b>625</b> (336 + 289)	<b>1154</b>
Erzeugerbetrieb	Mastpute, konventionell, Kot/Staub	-	-	51	-	200
	Mastpute, ökologisch, Kot/Staub	-	-	1	-	30
Schlachthof	Mastschwein (Schlachtkörper)	19	-	-	-	-
	Masthähnchen (Blinddarminhalt)	9	229 (175 + 54)	-	300 (145 + 155)	214
	Masthähnchen (Halshaut)	42	101 (85 + 16)	-	-	-
	Mastpute (Blinddarminhalt)	1	305 (120 + 185)	-	325 (191 + 134)	199
	Mastpute (Halshaut)	91	-	-	-	-
Einzelhandel	Hackfleisch vom Schwein	6	-	-	-	-
	Masthähnchen (frisches Fleisch)	26	206 (172 + 34)	74	-	181
	Mastpute, konventionell (frisches Fleisch)	18	92 (70 + 22)	198	-	196
	Mastpute, ökologisch (frisches Fleisch)	7	73 (51 + 22)	27	-	134
	Geflügel (Rohwürste)	1	-	-	-	-

- Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2018 nicht vorgesehen

## Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern

### 4.1 *Salmonella* spp.

#### 4.1.1 Einleitung

*Salmonella* spp. sind gramnegative, stäbchenförmige Bakterien, welche beim Menschen eine akute Darm-entzündung auslösen können, die einige Tage anhalten kann und in der Regel auch ohne ärztliche Behandlung ausheilt. Bei Kleinkindern und älteren Erwachsenen kann ein lebensbedrohlicher Flüssigkeitsverlust des Körpers auftreten. In seltenen Fällen kann es auch zu einer schweren Allgemeininfektion mit zum Teil tödlichem Ausgang kommen (RKI 2019a).

Europaweit sind *Salmonella* Typhimurium inklusive der monophasischen Variante und *Salmonella* Enteritidis die Serovare, die beim Menschen am häufigsten Infektionen hervorrufen (EFSA und ECDC 2017a). Die Salmonellose ist in Deutschland und europaweit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2018, RKI 2019b). Der seit dem Jahr 2008 EU-weit zu beobachtende abnehmende Trend der gemeldeten Salmonellose-Fälle hat sich in den Jahren 2012 bis 2017 stabilisiert. Im Jahr 2017 ist allerdings erstmalig seit 2014 die Zahl der in der EU gemeldeten Salmonellose-Fälle beim Menschen mit 91.662 bestätigten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr (94.530 bestätigte Fälle) wieder leicht zurückgegangen (EFSA und ECDC 2018). Der in einigen Mitgliedstaaten zu beobachtende Anstieg der gemeldeten Salmonellose-Fälle ist hauptsächlich auf Erkrankungsfälle durch *Salmonella* Enteritidis zurückzuführen und wird zum Teil mit einer verstärkten und umfassenderen Berichterstattung an ECDC sowie mit Verbesserungen bei der Überwachung der Salmonellose beim Menschen in einigen Mitgliedstaaten erklärt. Der Anteil der Salmonellose-Erkrankungen, der durch *Salmonella* Typhimurium inklusive der monophasischen Variante hervorgerufen wurde, ist insgesamt gegenüber 2017 gesunken (EFSA und ECDC 2018).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von frischem Geflügelfleisch in den letzten Jahren abge-

nommen haben, aktuell aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten zu verzeichnen ist (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017a). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2010 untersuchten Konsumeiern waren 0,7 % der Poolproben von Eierschalen mit Salmonellen kontaminiert. In Proben vom Eiinhalt wurden keine Salmonellen nachgewiesen (BVL 2012). In Schweinefleisch und Rindfleisch wurden Salmonellen deutlich seltener nachgewiesen als in Geflügelfleisch (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018).

Im Jahr 2018 wurden 45 % der dem RKI gemeldeten Erkrankungsfälle in Deutschland durch *Salmonella* Enteritidis ausgelöst. Bei 33 % der übermittelten Fälle wurde die Erkrankung durch *Salmonella* Typhimurium verursacht. In weitem Abstand folgten *Salmonella* Infantis (2,7 %), *Salmonella* Derby (1,5 %) und *Salmonella* Kentucky (0,9 %). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 17 % aus. Auch in Deutschland hat sich der seit dem Jahr 2001 zu beobachtende rückläufige Trend der gemeldeten Salmonellose-Fälle in den letzten beiden Jahren nicht fortgesetzt. Insgesamt wurden im Jahr 2018 dem RKI 13.592 und damit im Vergleich zum Vorjahr (14.273 Fälle) zwar 5,2 % weniger Salmonellose-Fälle gemeldet, die Anzahl der Erkrankungen lag aber weiterhin über der Zahl, die 2016 gemeldet wurde (12.974 Fälle). Die bundesweite Inzidenz lag bei 16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2019b).

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

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

#### 4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Mastschweinen, in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen und Mast-

puten, in Proben von frischem Schweinehack-, Hähnchen- und konventionellem und ökologischem Putenfleisch, in Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch sowie in Proben von unbehandelten Sesamsaaten sind den Tabellen 4.1 bis 4.5 zu entnehmen.

**Tab. 4.1** Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Mastschweinen sowie in Proben von Schweinehackfleisch 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)
<b>Schlachthof</b>			
Schlachtkörper	395	20	5,1 (3,3–7,7)
<b>Einzelhandel</b>			
Hackfleisch	468	6	1,3 (0,5–2,8)

**Tab. 4.2** Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof 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)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	590	11	1,9 (1,0–3,3)
Halshaut	459	35	7,6 (5,5–10,4)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	450	25	5,6 (3,8–8,1)

**Tab. 4.3** Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Putenfleisch 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)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	484	1	0,2 (0,0–1,3)
Halshaut	428	97	22,7 (18,9–26,9)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Putenfleisch, konventionell (ohne Haut)	528	21	4,0 (2,6–6,0)
frisches Putenfleisch, ökologisch (ohne Haut)	245	7	2,9 (1,3–5,9)

**Tab. 4.4** Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch 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)
<b>Einzelhandel</b>			
streichfähige oder schnittfeste Rohwürste	462	1	0,2 (0,0–1,3)

**Tab. 4.5** Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von unbehandelten Sesamsaaten 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)
<b>Einzelhandel</b>			
Sesamsaaten, unbehandelt	460	0	0,0 (0,0–1,0)

Insgesamt wurden 4969 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. Schlachtkörper von Mastschweinen waren zu 5,1 % positiv für Salmonellen. Frisches Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 1,3 % auf. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof betrug 1,9 %. In Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, wurden Salmonellen zu 7,6 % und damit deutlich häufiger nachgewiesen. Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate von 5,6 % auf. Bei Mastputen am Schlachthof waren 0,2 % der Blinddarmproben positiv für Salmonellen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Halshautproben der Schlachtkörper, die aus derselben Schlachtcharge entnommen werden sollten, war mit 22,7 % deutlich höher. Frisches Fleisch von Mastputen aus konventioneller Haltung wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 4,0 % auf. Frisches Fleisch von ökologisch gehaltenen Mastputen war zu 2,9 % positiv für Salmonellen. In 0,2 % der Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch wurden Salmo-

nellen nachgewiesen. In den auf der Ebene des Einzelhandels entnommenen Proben von unbehandelten Sesamsaaten wurden keine Salmonellen nachgewiesen.

### 4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

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

Insgesamt standen 220 Isolate von *Salmonella* spp. für die Typisierung zur Verfügung (siehe Tab. 4.6). Diese gehörten 23 Serovaren an. Die häufigsten Serovare waren *Salmonella* (S.) Typhimurium der monophasischen Variante (S. 4,[5],12:i:-; 53 Isolate), *S. Agona* (34 Isolate) und *S. Infantis* (33 Isolate).

Tab. 4.6 Anzahl der *Salmonella*-Serovare aus den Programmen des Zoonosen-Monitorings 2018 (N=220)

Serovar	Mastschwein, Schlachtkörper, Schlachthof, N = 19	Schweinehackfleisch, Einzelhandel, N = 6	Rohwürste aus Geflügelfleisch, Einzelhandel, N = 1	Masthähnchen, Blinddarminhalt, Schlachthof, N = 9	Masthähnchen, Halshaut, Schlachthof, N = 42	Hähnchenfleisch, Einzelhandel, N = 26	Mastputen, Blinddarminhalt, Schlachthof, N = 1	Mastputen, Halshaut, Schlachthof, N = 91	Putenfleisch, konventionell, Einzelhandel, N = 18	Putenfleisch, ökologisch, Einzelhandel, N = 7	Gesamt
<i>S. Typhimurium</i>	3				5	1		1	2		12
<i>S. 4,[5],12:i:-</i>	2	3	1		6			39	2		53
<i>S. Agona</i>	1				2			21	4	6	34
<i>S. Infantis</i>				3	9	18		3			33
<i>S. Subspez. I</i>					2	2		10	1	1	16
<i>S. Paratyphi B</i>				2	5	5		1			13
<i>S. Subspec. I Rauform</i>	8	1									9
<i>S. Indiana</i>				3	3			2			8
<i>S. Bareilly</i>					6						6
<i>S. Derby</i>	4	1						1			6
<i>S. Hadar</i>							1	2	3		6
<i>S. Newport</i>								4			4
<i>S. Saintpaul</i>				1	2				1		4
<i>S. Schwarzengrund</i>					1			3			4
<i>S. Brandenburg</i>	1	1						1			3
<i>S. Hessarek</i>									2		2
<i>S. Blockley</i>								1			1
<i>S. Bredeney</i>									1		1
<i>S. Enteritidis</i>					1						1
<i>S. Kentucky</i>									1		1
<i>S. Livingstone</i>									1		1
<i>S. Senftenberg</i>								1			1
<i>S. Stourbridge</i>								1			1

Die meisten Isolate stammten aus den Untersuchungen von Halshautproben am Schlachthof. Dabei handelt es sich um 91 Isolate von Mastputen (41,4 %) und 42 Isolate von Masthähnchen (19,1 %). Neun Isolate (4,0 %) wurden aus Blinddarmproben von Masthähnchen am Schlachthof und 26 (11,8 %) aus Hähnchenfleischproben aus dem Einzelhandel gewonnen. Aus Putenfleisch aus konventioneller Produktion stammten weitere 18 Isolate (8,2 %). Sieben Isolate (3,2 %) wurden aus Putenfleisch aus ökologischer Produktion zur Typisierung bereitgestellt. Aus Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch wurde ein Isolat eingesandt. Aus der Schweinefleischkette stammten 25 Isolate (11,4 %), und zwar 19 (8,6 %) von Karkassen am Schlachthof und 6 (2,7 %) aus Proben von Hackfleisch aus dem Einzelhandel.

## 4.2 *Campylobacter* spp.

### 4.2.1 Einleitung

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

Vögel stellen das wichtigste Reservoir von *Campylobacter* spp. dar. Die bei Vögeln im Vergleich zu anderen Tieren vorherrschende höhere Körpertemperatur von 42 °C stellt für *Campylobacter* spp. optimale Lebensbedingungen dar (Wysocki und Uradzinski 2009). *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* und *Campylobacter* (*C.*) *coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2017, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt eher beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein nachgewiesen wird (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2016b, BVL 2017a, BVL 2018 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 2018, 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 2018, RKI 2019b). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2018 insgesamt 67.872 Erkrankungen gemeldet, was einer Inzidenz von 82 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Erkrankungszahlen liegen damit auf dem Niveau der letzten fünf Jahre. Als Erreger überwog *C. jejuni* (75 % der auf Speziesebene identifizierten Infektionen) gegenüber *C. coli* (10 %) (RKI 2019b). Seit dem Jahr 2005 wird ein europaweiter Anstieg der gemeldeten Campylobacter-Erkrankungen beobachtet. Im Jahr 2017 wurden 246.158 bestätigte Campylobacter-Fälle EU-weit gemeldet. Dies entspricht einem geringen Rückgang gegenüber dem Vorjahr (246.307 bestätigte Fälle) (EFSA und ECDC 2018). Die EFSA geht davon aus, dass die Campylobacteriose sehr häufig nicht erkannt und gemeldet wird und vermutet, dass in der EU mindestens zwei Millionen Fälle von klinischer Campylobacteriose pro Jahr auftreten (EFSA 2010).

Bei Campylobacter-Infektionen ist auffällig, dass neben Kleinkindern auch Erwachsene im Alter von 20 bis 29 Jahren vermehrt von der Erkrankung betroffen sind (RKI 2019b). Im Unterschied zu den meisten anderen bakteriellen Zoonoseerregern, wie z. B. Salmonellen und pathogenen *E. coli*, können sich *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln nicht vermehren (Wysocki und Uradzinski 2009). Die zur Auslösung einer lebensmittelassoziierten Infektion des Menschen erforderliche Keimzahl (Dosis infectiosa minima) von *Campylobacter* spp. ist allerdings so gering, dass eine Erkrankung auch ohne Vermehrung der Keime im ursächlichen Lebensmittel möglich ist.

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA 2010). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Hähnchenfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2018). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war in bisherigen Untersuchungen zu 30 % bis 54 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017a, BVL 2018). Proben von frischem Putenfleisch waren mit 15 % bis 27 % 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 bisher nur selten im Zoonosen-Monitoring nachgewiesen (< 1 % positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2016b). Auch mit *Campylobacter* spp. verunreinigte Rohmilch stellt ein mögliches Vehikel für die Übertragung der Erreger auf den Menschen dar und führte schon zu größeren lebensmittelbedingten Ausbrüchen (RKI 2019b).

Im Zoonosen-Monitoring waren in den vergangenen Jahren 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 2018). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle jedoch häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007). Aufgrund der Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* zu einer deutlichen Reduktion der menschlichen Infektionen führen könnte, wurde mit der Verordnung (EU) Nr. 1495/2017 die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel um ein Prozesshygienekriterium bei der Schlachtung von Masthähnchen ergänzt. Das seit 01.01.2018 in Kraft

getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wird am 01.01.2020 auf 30 %, 5 Jahre später dann auf 20 % gesenkt werden.

#### 4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof und in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen, in Proben von frischem Hähnchen- und konventionellem und ökologischem Putenfleisch sowie in Proben von streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch sind den Tabellen 4.7 bis 4.11 zu entnehmen. Abbildung 4.1 zeigt die Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof.

**Tab. 4.7** Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof und von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

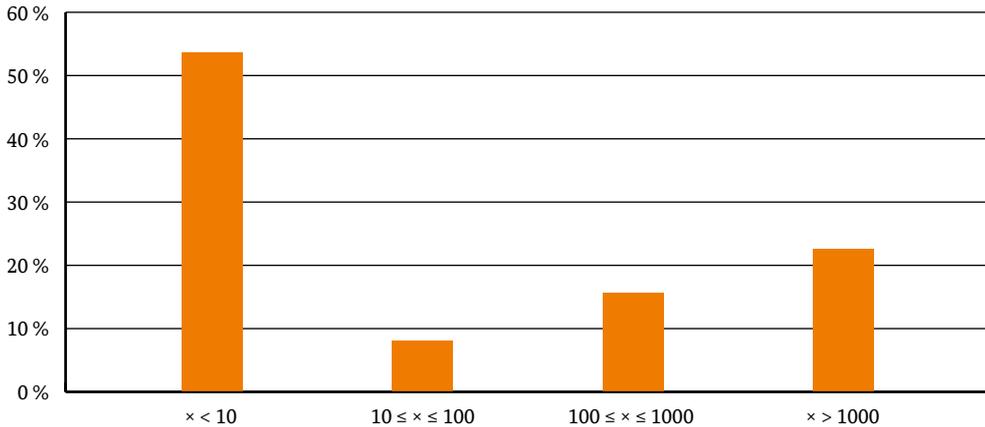
Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	Campylobacter-positive Proben (n)	Campylobacter-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	592	246	41,6 (37,7–45,6)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	431	206	47,8 (43,1–52,5)

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

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
<b>Schlachthof</b>					
Halshaut	434	201 (46,3)	9	970	$5,6 \times 10^5$
<b>Einzelhandel</b>					
frisches Hähnchenfleisch	383	21 (5,5)	10	20	3010

**Tab. 4.9** Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (KbE/g)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis $\geq 10$ KbE/g und $\leq 100$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis $> 100$ KbE/g und $\leq 1000$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis $> 1000$ KbE/g
Halshaut	434	35 (8,1)	68 (15,7)	98 (22,6)

**Campylobacter-Keimzahlen (in %) in Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern**

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

**Tab. 4.10** Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem konventionell und ökologisch erzeugtem Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	Campylobacter-positive Proben (n)	Campylobacter-positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	485	312	64,3 (60,0–68,5)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Putenfleisch, konventionell (ohne Haut)	527	102	19,4 (16,2–23,0)
frisches Putenfleisch, ökologisch (ohne Haut)	245	80	32,7 (27,1–38,8)

**Tab. 4.11** Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	Campylobacter-positive Proben (n)	Campylobacter-positive Proben (in %) (95% Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
streichfähige Rohwurst	203	1	0,5 (0,0–3,0)

Insgesamt wurden 2934 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 41,6 % nachgewiesen. In den Halshautproben der Masthähnchenschlachtkörper, die aus derselben Schlachtcharge stammen sollten, ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode zu 46,3 % nachweisen. 8,1 % der quantitativ untersuchten Halshautproben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 15,7 % der Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1000 KbE/g wurden in 22,6 % der Proben nachgewiesen (s. Abb. 4.1). Die Kontaminationsrate von frischem

Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 47,8 %. In 5,5 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode nachweisen, wobei die höchste gemessene Keimzahl bei  $3,01 \times 10^3$  KbE/g lag. In Poolproben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof betrug die *Campylobacter*-Nachweisrate 64,3 %. Frisches Putenfleisch aus konventioneller Haltung war zu 19,4 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert, während ökologisch erzeugtes Putenfleisch eine Kontaminationsrate mit *Campylobacter* spp. von 32,7 % aufwies. In Proben von streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch im Einzelhandel wurden *Campylobacter* spp. zu 0,5 % nachgewiesen.

### 4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Auch waren insgesamt 59 eingesandte Isolate mit Zuordnung zu einem Programm im NRL nicht anzüchtbar. Von 1012 berücksichtigten Isolaten von *Campylobacter* (*C.*) spp. wurde der überwiegende Anteil aus Blinddarminhalt von Mastputen (N = 305; 30,1 %) und Masthähnchen (N = 229; 22,6 %) am Schlachthof eingesandt. Weitere 101 Isolate (10,0 %) stammten aus qualitativen und quantitativen Untersuchungen von Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und 206 Isolate (20,4 %) aus frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel. Von Putenfleisch im Einzelhandel stammten 93 (9,2 %) Isolate aus Proben aus konventioneller und 78 Isolate (7,7 %) aus ökologischer Produktion.

Sechs Isolate wurden im NRL als *C. lari* bestimmt. Diese Isolate wurden aus Putenfleisch isoliert, welches überwiegend (5/6) aus ökologischer Produktion stammte. Mit Ausnahme von Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof, gehörten die meisten Isolate der Spezies *C. jejuni* an. So waren 175 (76,4 %) der Isolate von Blinddarminhalt von Masthähnchen, 85 (84,2 %) von Halshautproben von Masthähnchen und 172 (83,5 %) von frischem Hähnchenfleisch *C. jejuni*, bei den verbleibenden Isolaten handelte es sich um *C. coli*. Aus Putenfleisch waren 70 (75,3 %) und 51 (65,4 %) der Isolate jeweils aus konventioneller und ökologischer Produktion *C. jejuni*. Aus Proben von Blinddarminhalt von Mastputen waren 120 Isolate (39,3 %) *C. jejuni*, der dominierende Teil wurde als *C. coli* identifiziert. Auch in 2016 war der Anteil von *C. coli* in Putenblinddarmproben höher als im Putenfleisch (45,7 % gegen 11,5 %) (siehe Abb. 4.2).

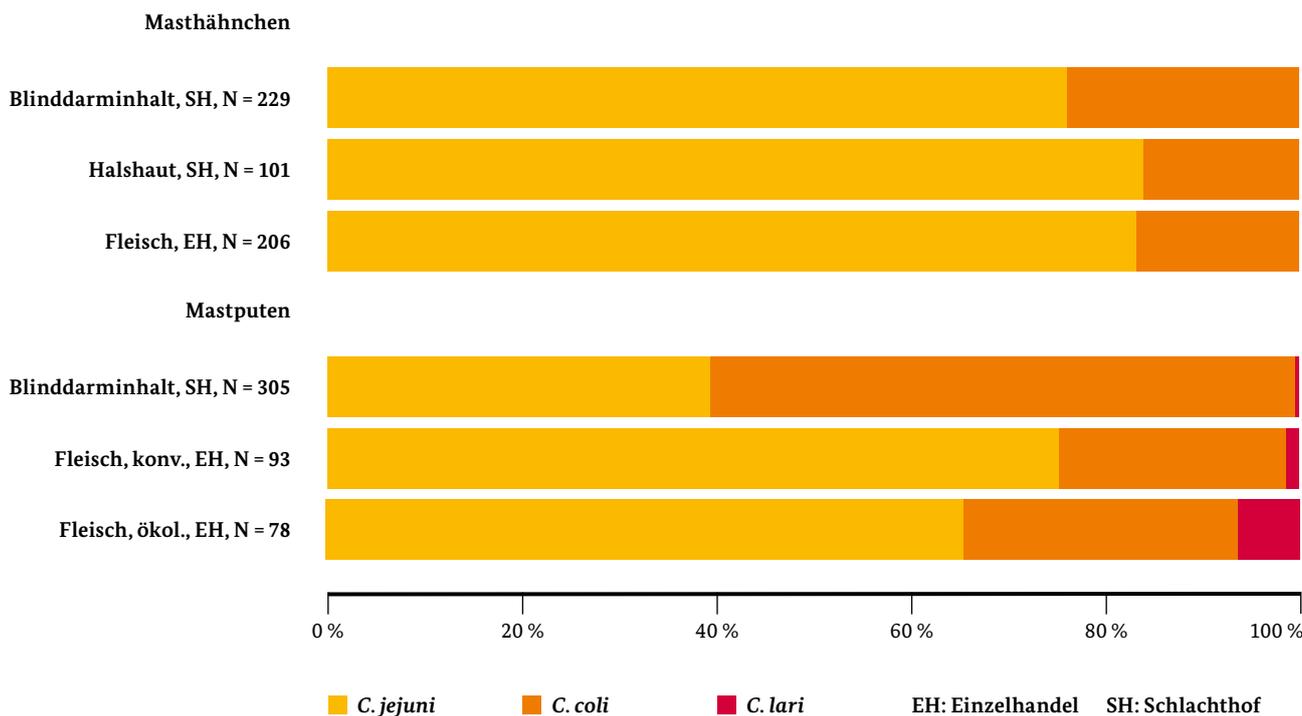


Abb. 4.2 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus dem Zoonosen-Monitoring 2018

## 4.3 *Listeria monocytogenes*

### 4.3.1 Einleitung

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

Erkrankungen des Menschen mit Listerien werden vornehmlich durch die Spezies *Listeria (L.) monocytogenes* hervorgerufen (RKI 2019b). Listerien können Tiere vieler Arten infizieren, führen aber verhältnismäßig selten zu klinischen Symptomen. Am häufigsten erkranken Wiederkäuer (v. a. Schafe und Ziegen), die sich in der Regel über mit Listerien kontaminierte Silage infiziert haben. Hier kann die Listeriose zu Hirnhautentzündungen, Septikämien, Milchdrüsenentzündungen, Durchfallerkrankungen und Fehlgeburten führen. *L. monocytogenes* und *L. ivanovii* sind die für Haustiere pathogenen Spezies (Brugère-Picoux 2008).

Infektionen mit Listerien treten im Vergleich zu Salmonellen- und Campylobacter-Infektionen seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit einigen Jahren nimmt die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europaweit zu, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über 60 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2018, RKI 2019b). Im Jahr 2017 wurden EU-weit 2.480 bestätigte Listeriose-Fälle gemeldet. Damit liegen die Erkrankungszahlen auf demselben Niveau wie im Vorjahr (2536 gemeldete Fälle). Die Listeriose ist die zoonotische Erkrankung mit der höchsten Sterberate (13,8 %), die in der EU überwacht wird (EFSA und ECDC 2018). In Deutschland ist es in der Zeit von 2011 bis 2017 zu einer Verdoppelung der Fallzahlen von 362 auf 769 gekommen. 2018 waren die Erkrankungszahlen mit 701 gemeldeten Fällen allerdings erstmalig gegenüber dem Vorjahr rückläufig. Die Inzidenz liegt damit bei 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2019b). 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 2015, RKI 2019b). 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, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2015). Listerien sind in der Umwelt weit verbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *L. monocytogenes* in erster Linie über kontaminierte Lebensmittel. Hierzu zählen nicht wärmebehandelte Lebensmittel tierischer Herkunft wie Rohmilchprodukte, Rohwürste, rohe Hackfleischzubereitungen (z. B. Mett) und unverarbeitete oder kaltgeräucherte Fischereierzeugnisse (z. B. Sushi, Räucherlachs), aber auch erhitzte und nachträglich kontaminierte Lebensmittel (BfR 2014a). Verzehr fertige 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. Unter Berücksichtigung aller Stufen der Lebensmittelkette wurden *L. monocytogenes* EU-weit am häufigsten in verzehrfertigen Fischereierzeugnissen (6 % positive Proben), gefolgt von verzehrfertigen Salaten (4,2 % positive Proben), verzehrfertigen Fleischerzeugnissen (1,8 % positive Proben), Weichkäse und halbfestem Schnittkäse (0,9 % positive Proben), Obst und Gemüse (0,6 % positive Proben) sowie Hartkäse (0,1 % positive Proben) nachgewiesen (EFSA und ECDC 2018). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bisher berücksichtigten Untersuchungen von verzehrfertigen Lebensmitteln wurden folgende Ergebnisse erzielt: Verpackter geräucherter Fisch oder Graved-Fisch war zu 6,1 % (nach Entnahme) bzw. 8,0 % (zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums), Weichkäse und halbfester Schnittkäse aus Rohmilch zu 1,6 % und Pökelfleischerzeugnisse und Brühwurst/Brühwurstpastete zu 0,9 % bzw. 2,7 % mit dem Erreger kontaminiert. Die höchsten Keimgehalte an *L. monocytogenes* wurden in einzelnen untersuchten Fisch ( $6,4 \times 10^4$  KbE/g) und Käseproben aus Rohmilch ( $6,2 \times 10^3$  KbE/g) zum Ende der Haltbarkeit gemessen (BVL 2013). Proben von Tatar/Schabefleisch waren zu 11,2 % und von streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch zu 12,2 % positiv für *L. monocytogenes*. Während die Keimgehalte in Tatar/Schabefleisch bei maximal 35 KbE/g lagen, wurden in streichfähigen Rohwürsten Keimge-

halte an *L. monocytogenes* gemessen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen (220 KbE/g und 550 KbE/g) (BVL 2018). Auch pflanzliche Lebensmittel können mit Listerien kontaminiert sein. Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten Proben von vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten, von nicht vorgeschnittenen Blatt- und Kopfsalaten, frischen Erdbeeren und frischen Sprossen waren zu etwa 1,0 % bis 2,5 % mit *L. monocytogenes* kontaminiert. Allerdings wurden in keiner Probe pflanzlicher Lebensmittel Keimgehalte oberhalb des Grenzwertes von 100 KbE/g gemessen (BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2017a).

### 4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *L. monocytogenes* in Proben von frischem Hähnchenfleisch, in Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch sowie in Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt sind in den Tabellen 4.12 bis 4.16 dargestellt.

**Tab. 4.12** Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	442	68	15,4 (12,3–19,1)

**Tab. 4.13** Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
streichfähige oder schnittfeste Rohwürste	446	15	3,4 (2,0–5,5)

**Tab. 4.14** Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
streichfähige oder schnittfeste Rohwürste	385	0	–	–	–

**Tab. 4.15** Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
vegetarischer Wurstaufschnitt	432	0	0,0 (0,0–1,1)

**Tab. 4.16** Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
vegetarischer Wurstaufschnitt	367	0	–	–	–

Insgesamt wurden 1341 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In 15,4 % der untersuchten Proben von frischem Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. 3,4 % der qualitativ untersuchten Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch im Einzelhandel waren positiv für *L. monocytogenes*. Bei der quantitativen Bestimmung ließen sich allerdings in keiner Probe von Rohwürsten Keimzahlen von *L. monocytogenes* oberhalb der Nachweisgrenze messen. In Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt aus dem Einzelhandel wurden sowohl bei der qualitativen als auch bei der quantitativen Untersuchung keine *L. monocytogenes* nachgewiesen.

### 4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden aus den Untersuchungsprogrammen zu frischem Hähnchenfleisch und Rohwürsten aus Geflügelfleisch insgesamt 71 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. 62 Isolate stammten aus Hähnchenfleisch und gehörten mit 87,1 % überwiegend dem molekularen Serotypen IIa an. Weitere 9 Isolate aus Rohwürsten wurden vor allem den molekularen Serotypen IIa (55,6 %) und IIc (22,2 %) zugeordnet (siehe Abb. 4.3).

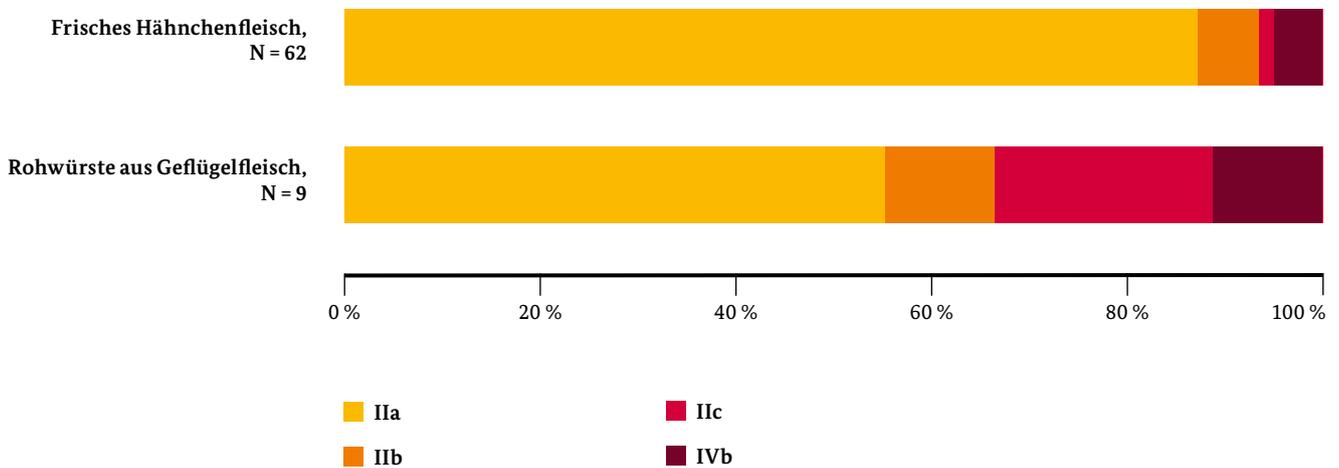


Abb. 4.3 Übersicht über die Verteilung der molekularen Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus Proben im Einzelhandel

## 4.4 Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC)

### 4.4.1 Einleitung

Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC) sind gram-negative, stäbchenförmige Bakterien, die bestimmte Zytotoxine (Shigatoxine) bilden können. Diese Toxine können akute Darmentzündungen hervorrufen, die bei 10 % bis 20 % der Erkrankten einen schweren Verlauf mit einer hämorrhagischen Kolitis und krampfartigen Abdominalschmerzen nehmen können. Insbesondere bei Kindern kann eine Infektion mit STEC das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auslösen (5 % bis 10 % der symptomatischen STEC-Infektionen), bei dem es zur Ausbildung einer hämolytischen Anämie, Thrombozytopenie und eines akuten Nierenversagens kommt (RKI 2011a). HUS ist die häufigste Ursache für akutes Nierenversagen bei Kindern und macht bei etwa 66 % der Erkrankten eine Dialysebehandlung notwendig (Scheiring et al. 2010). Die bei Menschen weltweit am häufigsten isolierte Serogruppe von STEC ist O157 (RKI 2011a, Wadl et al. 2010). Zwischen unterschiedlichen STEC-Typen bestehen deutliche Virulenzunterschiede. Hochpathogene Stämme, die in der Lage sind, schwere Erkrankungen beim Menschen hervorzurufen, werden sowohl im Tierbestand als auch in Lebensmitteln seltener nachgewiesen als andere STEC-Stämme (Blanco et al. 1996, Bülte und Heckötter 1997, Messelhäusser et al. 2008, Menrath 2009).

Im Jahr 2017 wurden EU-weit 6.073 bestätigte STEC-Erkrankungen gemeldet, was einer Inzidenz von 1,66 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. In den letzten fünf Jahren (2013 bis 2017) war die Anzahl der jährlich gemeldeten STEC-Erkrankungen in der EU in etwa konstant (EFSA und ECDC 2018). Dem RKI wurden im Jahr 2018 insgesamt 2.226 STEC (EHEC)-Erkrankungen gemeldet, was einem Anstieg der Erkrankungszahlen gegenüber dem Vorjahr um 10 % und einer bundesweiten Inzidenz von 2,7 Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht. Als beteiligte Serogruppen wurden am häufigsten „O<sub>157</sub>“ (O-Antigen nicht typisierbar) (16 %), gefolgt von O<sub>91</sub> (14 %), O<sub>103</sub> (11 %) und O<sub>157</sub> (11 %) genannt (RKI 2019b). Erkrankungen an HUS werden getrennt von STEC (EHEC) an das RKI übermittelt, da in seltenen Fällen diese Erkrankung auch durch andere Erreger ausgelöst werden kann. Im Jahr 2017 trat mit 95 gemeldeten Erkrankungen die höchste Fallzahl an HUS-Erkrankungen seit dem großen EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 auf. 2018 wurden dem RKI 68 Erkrankungen und damit deutlich weniger als im Vorjahr gemeldet. Bei den nachgewie-

senen Erregern standen die Serogruppen O<sub>157</sub> und O<sub>26</sub> im Vordergrund. Wie in den Vorjahren waren überwiegend Kinder unter 5 Jahren von der Erkrankung betroffen. Die bundesweite Inzidenz für HUS liegt damit bei 0,08 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2019b).

STEC kommen vor allem im Darm von Wiederkäuern (Rinder, Schafe und Ziegen) und Wildwiederkäuern (Dam-, Reh-, Rot- und Sikawild) vor und werden über den Kot ausgeschieden, ohne dass die Tiere erkranken (Bülte und Heckötter 1997, Bülte 2002, Menrath 2009). In Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings waren in der Vergangenheit etwa 30 % der Kotproben von Mastkälbern und Jungrindern sowie etwa 20 % der Kotproben von Mastrindern STEC-positiv (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Mit 40,2 % positiver Kotproben waren Rehe noch häufiger Träger von STEC als Mastkälber und Mastrinder (BVL 2018). Das Vorhandensein von STEC im Darm von Wiederkäuern und Wildwiederkäuern birgt die Gefahr einer fäkalen Kontamination des Fleisches mit den Erregern während des Schlachtprozesses bzw. der Wildfleischgewinnung sowie einer Kontamination der Rohmilch während der Milchgewinnung. Dies kann durch die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bestätigt werden: Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern sowie Mastrindern waren zu 2 % bis 6 % mit STEC kontaminiert. Proben von Kalb- und Jungrindfleisch waren zu etwa 6 % und Proben von frischem Rindfleisch zu 1 % bis 2 % mit STEC belastet (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). In Proben von Tatar/Schabefleisch wurden STEC zu 3,5 % und in Proben von streichfähigen Rohwürsten zu 1,7 % nachgewiesen (BVL 2018). Das Fleisch von Wildwiederkäuern war im Vergleich zu Rindfleisch mit 16,1 % (Zoonosen-Monitoring 2012) bzw. 29,8 % (Zoonosen-Monitoring 2017) positiver Proben deutlich häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2014, BVL 2018).

In Rohmilch, die zur weiteren Bearbeitung bestimmt war, wurden STEC zu 1,5 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012). Verglichen damit war Rohmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben deutlich häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2016b). Mit 6,9 % positiver Kotproben zeigen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings zudem, dass auch Wildschweine ein Reservoir für STEC darstellen (BVL 2017a). Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln wurden STEC in Proben von Blatt- und Kopfsalaten nachgewiesen (1,3 % positive Proben) (BVL 2014). Bei der Ansteckung des Menschen mit STEC spielt neben kontaminierten Lebensmitteln und Wasser insbesondere bei Kindern auch der direkte Kontakt zu Wiederkäuern, z. B. in

Streichelzoos, eine bedeutende Rolle. Das Risiko, sich mit STEC zu infizieren, ist für Menschen, die in ländlichen Regionen mit einer hohen Rinderdichte leben, deutlich erhöht (Frank et al. 2008). Eine Ansteckung von Mensch zu Mensch ist ebenfalls möglich und wird vermutlich durch die sehr geringe Infektionsdosis des Erregers (< 100 Erreger für STEC O157) begünstigt (RKI 2004, RKI 2011a, Wadl et al. 2010).

#### 4.4.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von STEC in Proben von Sesamsaaten sind in der Tabelle 4.17 dargestellt.

Tab. 4.17 Prävalenz von STEC in Proben von Sesamsaaten im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
Sesamsaaten, unbehandelt	460	0	0,0 (0,0–1,0)

## 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 2016a). MRSA zeichnen sich durch eine Resistenz gegen sämtliche Beta-Laktam-Antibiotika (Penicilline und Cephalosporine) aus. Meist sind sie auch noch gegen weitere Klassen von antimikrobiellen Substanzen resistent (Layer et al. 2018). Sie spielen weltweit eine große Rolle als Verursacher von zum Teil schwerwiegenden Krankenhausinfektionen. Gesunde Menschen können persistierende oder vorübergehende Träger von MRSA sein, wobei eine 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 2016a).

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

### 4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden keine Isolate von STEC nachgewiesen.

ein spezifischer Typ von MRSA ausgebreitet, der als „clonal complex CC398“ beschrieben wird. Diese sogenannten „livestock associated“ MRSA (la-MRSA) treten insbesondere bei Schweinen, Kälbern und Geflügel auf und sind lediglich für einen kleinen Teil der MRSA-Infektionen beim Menschen in der EU verantwortlich (Layer et al. 2018). Allerdings bestehen diesbezüglich große regionale Unterschiede (Köck et al. 2013). Im Rahmen von Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring wurden bisher die höchsten Nachweisraten von nutztierassoziierten MRSA in der Geflügelfleischkette gefunden. Schlachtkörper von Mastputen waren mit über 60 % und frisches Putenfleisch mit 30 % bis 40 % positiver Proben besonders häufig mit MRSA kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2017a). Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in frischem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2017a). Im Zoonosen-Monitoring 2016 ist die MRSA-Nachweisrate in Proben von frischem Hähnchenfleisch allerdings auf 13 % gesunken (BVL 2017a). 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 und lag in derselben Größenordnung wie die MRSA-Nachweisrate in Proben von Sockentupfern

von Mastschweinen (38,1 %) (BVL 2016b, BVL 2018). 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, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Während die Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu 35,0 % bis 45,0 % MRSA-positiv waren, waren nur etwa 8 % der Mastrinder zum Zeitpunkt der Schlachtung nasal mit MRSA besiedelt. Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren mit 30,8 % positiver Proben ebenfalls deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als Schlachtkörper von Mastrindern, die nur zu 5,0 % eine Verunreinigung mit MRSA aufwiesen. Frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern war zu etwa 10 % bis 12 % und frisches Rindfleisch zu 5 % bis 8 % positiv für MRSA (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Tatar/Schabefleisch wies mit 6,9 % positiver Proben eine mit frischem Rindfleisch vergleichbare Nachweisrate von MRSA auf (BVL 2018). 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 Staubtupfern aus Mastputenbetrieben, in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Putenfleisch sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch sind den Tabellen 4.18 und 4.19 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder MRSA-verdächtige Isolate aus der Primärisolierung ein, die im Nationalen Referenzlabor für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR bestätigt werden. Von den 372 eingesandten Isolaten konnten 351 (94,4 %) als MRSA bestätigt werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz MRSA-verdächtigter Isolate weitgehend der Prävalenz von MRSA entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über MRSA berichtet, obwohl nicht alle positiven Befunde durch die PCR bestätigt wurden.

**Tab. 4.18** Prävalenz von MRSA in Staubtupfern aus konventionellen und ökologischen Mastputenbetrieben und in Proben von frischem konventionell und ökologisch erzeugtem Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Erzeugerbetrieb</b>			
Staubtupfer, konventionell	297	51	17,2 (13,3–21,9)
Staubtupfer, ökologisch	37	1	2,7 (0,0–15,1)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Putenfleisch, konventionell (ohne Haut)	525	224	42,7 (38,5–46,9)
frisches Putenfleisch, ökologisch (ohne Haut)	236	26	11,0 (7,6–15,7)

**Tab. 4.19** Prävalenz von MRSA in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	444	73	16,4 (13,3–20,2)

Es wurden insgesamt 1539 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In 17,2 % der Staubproben aus konventionellen Mastputenbetrieben wurden MRSA nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Staubproben aus ökologischen Mastputenbetrieben betrug 2,7 %. Proben von frischem Fleisch von Mastputen aus konventionellen Haltungen war zu 42,7 % mit MRSA kontaminiert, während die Nachweisrate von MRSA in Proben von ökologisch erzeugtem Fleisch 11,0 % betrug. Proben von frischem Hähnchenfleisch waren zu 16,4 % positiv für MRSA.

#### 4.5.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus (S.) aureus* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem an das BVL übermittelten positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei der vorliegenden Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der am BfR untersuchten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein.

Die 351 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus den vier geplanten Programmen (siehe Abb. 4.4). 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: Isolate, die mit dem klonalen Komplex (CC) 398 assoziiert sind bzw. diesem Komplex nicht angehören (non-CC398).

Insgesamt wurden 24 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die Typen t011 (16,5 %) und t034 (54,7 %) am häufigsten waren. Beide *spa*-Typen, t011 und t034, sind mit dem CC398 assoziiert. Insgesamt wiesen über 92,0 % der Isolate *spa*-Typen auf, die dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren; diese gehörten 13 verschiedenen *spa*-Typen an. Sechszwanzig Isolate gehörten zu neun *spa*-Typen, die nicht dem CC398 zugeordnet werden (t001, t11475, t127, t13177, t1419, t1422, t1430, t304, t579). Abbildung 4.4 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate stammten aus frischem Putenfleisch aus konventioneller Produktion (198 Isolate, 56,4 %) und frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (74 Isolate, 21,1 %). Siebenundzwanzig Isolate (7,7 %) stammten aus frischem Putenfleisch aus ökologischer Produktion im Einzelhandel. Im Erzeugerbetrieb konnten 52 Isolate von Mastputen gewonnen werden, davon stammte nur eines aus einem ökologisch wirtschaftenden Betrieb.

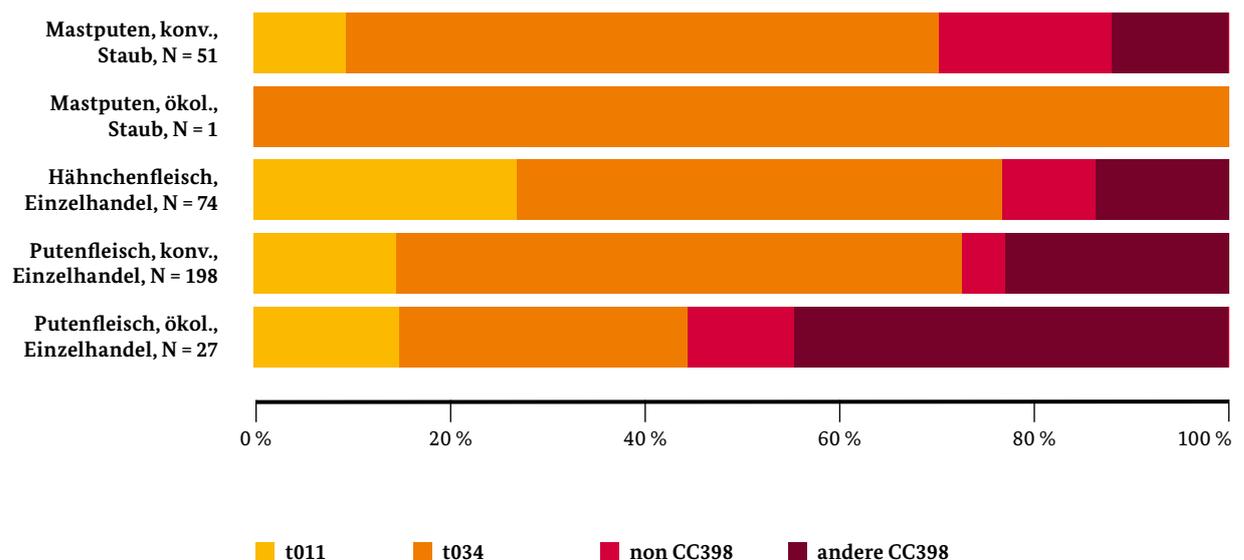


Abb. 4.4 Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen (eingeteilt aufgrund ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398) bei den Isolaten aus den verschiedenen Herkünften

## 4.6 *Yersinia enterocolitica*

### 4.6.1 Einleitung

*Yersinia (Y.) enterocolitica* sind gramnegative, stäbchenförmige Bakterien, die weltweit verbreitet sind und beim Menschen eine enterale Yersiniose hervorrufen können, die sich in Form von Durchfällen, Bauchschmerzen und Fieber äußert. Die Symptome einer Yersinieninfektion klingen meist nach ein bis zwei Wochen ab. Insbesondere bei Kleinkindern können aber auch schwere, zum Teil lebensbedrohliche Verlaufsformen auftreten. In seltenen Fällen kommt es zu Folgeerkrankungen wie reaktiven Gelenkentzündungen und Entzündungen des Unterhautgewebes (Erythema nodosum) (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999 und RKI 2019b). Innerhalb der Spezies der *Y. enterocolitica* werden die Stämme in verschiedene Sero- und Biotypen unterteilt, wobei die Serogruppen O:3, O:9 und O:5 in Europa am häufigsten Infektionen beim Menschen auslösen. Der Mensch infiziert sich mit *Y. enterocolitica* in der Regel über kontaminierte Lebensmittel (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999, RKI 2012, RKI 2019b und Yeasmin et al. 2011). Der Verzehr von rohem Schweinehackfleisch, z. B. in Form von Mett oder Hackepeter gilt hierbei als Hauptrisikofaktor (RKI 2012). Rohes Schweinehackfleisch wird in Deutschland insbesondere in den östlichen Bundesländern und hier auch von Kleinkindern häufig verzehrt (RKI 2012). Gesunde Hausschweine gelten als Hauptreservoir für humanpathogene *Y.-enterocolitica*-Serotypen, da der häufigste humanpathogene Serotyp O:3 vergleichsweise oft bei Schweinen (insbesondere in den Tonsillen) und in Schweinefleischprodukten nachgewiesen werden kann (Fredriksson-Ahomaa et al. 2001, Fredriksson-Ahomaa et al. 2007, Niemann et al. 2016 und Vanantwerpen et al. 2014). Bei der Übertragung der Erreger über Lebensmittel ist von beson-

derer Bedeutung, dass sich *Y. enterocolitica* auch bei niedrigen Temperaturen noch vermehren und hohe Keimzahlen erreichen können, sodass eine Kühlung von Lebensmitteln keinen ausreichenden Schutz gegen Keimwachstum bietet (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999). Die Yersiniose ist europaweit die am dritthäufigsten gemeldete lebensmittelbedingte bakterielle Zoonose (EFSA und ECDC 2018). Die Zahl der gemeldeten Yersiniose-Erkrankungen ist seit dem Jahr 2012 EU-weit und in Deutschland in etwa gleich geblieben (EFSA und ECDC 2018, RKI 2019b). Im Jahr 2017 wurden in der EU 6.823 bestätigte Yersiniose-Erkrankungen mit *Y. enterocolitica* als dominierende Spezies gemeldet (EFSA und ECDC 2018).

Dem RKI wurden im Jahr 2018 insgesamt 2.384 Fälle von Yersiniose gemeldet. Die Inzidenz ist gegenüber dem Vorjahr leicht gesunken und liegt bei 2,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen traten bei Kindern unter 5 Jahren sowie erneut in den Bundesländern Thüringen, Sachsen und Sachsen-Anhalt auf. Bei den Erkrankten wurde am häufigsten der Serotyp O:3 (85 % der Fälle) nachgewiesen. Die Serotypen O:9 und O:5,27 waren in 8,5 % bzw. 3,6 % der Erkrankungen, bei denen der Erreger typisiert wurde, Auslöser der Yersiniose (RKI 2019b). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von *Y. enterocolitica*: In 0,3 % der Proben streichfähiger Rohwürste aus Schweinefleisch wurden *Y. enterocolitica* nachgewiesen.

### 4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* in Proben von Schweinehackfleisch sind der Tabelle 4.20 zu entnehmen.

In 2,4 % der Proben von Schweinehackfleisch wurden *Y. enterocolitica* nachgewiesen.

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (n)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
Hackfleisch	457	11	2,4 (1,3-4,3)

### 4.6.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden 6 Isolate aus Schweinehackfleisch dem Konsiliarlabor für Yersinien zur weiteren Typisierung geschickt. Es handelte sich in 4 Fällen um pathogene *Yersinia enterocolitica* vom Biotyp 4 und Serotyp O:3, die die Virulenzgene *ail* und *virF* trugen. Zwei Isolate wurden als apathogene *Y. enterocolitica* des Biotyps 1A typisiert, von denen ein Isolat *ail*-positiv war.

## 4.7 *Clostridioides difficile*

### 4.7.1 Einleitung

*C. difficile* ist ein grampositives, sporenbildendes, anaerobes Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommt. Nach oraler Aufnahme keimen die Sporen im Intestinaltrakt aus und können vorübergehend oder chronisch den Dickdarm besiedeln. Altersabhängig sind viele Menschen mit diesem Keim kolonisiert, ohne zu erkranken (von Müller 2016). Pathogene Stämme besitzen die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B) zu bilden, die bei einer Störung der Darmmikrobiota zu einer akuten Darmentzündung führen können (Lübbert et al. 2014, RKI 2019c). Seit einigen Jahren wird in Nordamerika und Europa eine Zunahme der besonders schwer verlaufenden *C. difficile*-Infektionen beobachtet. Dies wird mit dem Auftreten sogenannter hypervirulenter Stämme etwa des Ribotyps 027 in Zusammenhang gebracht, die zusätzlich ein binäres Toxin produzieren und resistent gegenüber Fluorchinolonen sind (Lübbert et al. 2014, RKI 2008, RKI 2009, RKI 2019c, Schneider et al. 2007). In Deutschland werden Ribotyp-027-Stämme seit dem Jahr 2007 nachgewiesen, was zu der Einführung einer ärztlichen Meldepflicht bei schwer verlaufenden *Clostridioides-difficile*-Infektionen geführt hat, da diese als bedrohliche Krankheit mit Hinweis auf eine schwerwiegende Gefahr für die Allgemeinheit zu werten sind (RKI 2008, RKI 2011b). Mittlerweile wurde diese Meldepflicht auch auf ambulant erworbene Fälle, die stationär behandelt werden müssen, erweitert (RKI 2016c). Im Jahr 2018 wurden dem RKI insgesamt 2.824 schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen gemeldet. Die bundesweite Inzidenz liegt wie im Vorjahr bei 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2019b). *C. difficile* ist der häufigste Erreger von im Krankenhaus erworbenen und Antibiotika-assoziierten Durchfallerkrankungen (von Müller 2016).

Darüber hinaus ist *C. difficile* aber auch Verursacher von ambulant erworbenen Durchfallerkrankungen bei Patienten ohne die bekannten Risikofaktoren (Kuijper und van Dissel 2008, Lübbert et al. 2014, Schneider et al. 2007 und Weil et al. 2007). Zu den Hauptrisikofaktoren, an einer *Clostridioides-difficile*-Infektion zu erkranken, zählen eine Antibiotikatherapie, hohes Lebensalter (> 65 Jahre), Krankenhausaufenthalte, das Vorkommen zusätzlicher Grunderkrankungen und eine eingeschränkte Immunkompetenz (Lübbert et al. 2014, RKI 2019c und Schneider et al. 2007). Eine *Clostridioides-difficile*-Infektion führt typischerweise zu einer akuten wässrigen Durchfallerkrankung mit krampfartigen Unterbauchschmerzen, die meist 5 bis 10 Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie auftritt (Schneider et al. 2007). Vorwiegend bei älteren Menschen (> 70 Jahre) kommen aber auch schwere lebensbedrohliche Verläufe vor, die u. a. mit der Ausbildung einer pseudomembranösen Colitis oder eines Megacolons einhergehen. Ebenso ist aber auch eine Kolonisation des Darms ohne Ausbildung von Symptomen möglich (RKI 2019b). Die Infektion erfolgt auf fäkal-oralem Weg u. a. durch direkten Patientenkontakt, über kontaminierte Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt (Lübbert et al. 2014, RKI 2016a und RKI 2019b). Landwirtschaftliche Nutztiere stellen ein potenzielles Reservoir für *C. difficile* dar und werden daher als mögliche Quelle für Infektionen des Menschen diskutiert (von Müller 2016). Insbesondere wird der Ribotyp 078 häufig bei Tieren und Menschen nachgewiesen (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). Genetische Untersuchungen von *C. difficile*-Isolaten des Ribotyps 078 – der besonders häufig bei ambulanten *Clostridioides-difficile*-Infektionen des Menschen auftritt – von Schweinen und Menschen in den Niederlanden zeigten, dass Menschen und Schweine identische Stämme tragen, was auf eine Übertragung zwischen diesen Populationen hindeutet (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). In einer kürzlich erschienenen Publikation wurde diese Beobachtung auch in einem größeren, überregionalen Maßstab bestätigt (Knetsch et al. 2018). Eine Übertragung durch Lebensmittel vom Tier oder der Umwelt auf den Menschen ist bislang nicht belegt, doch findet man auch hier Studien über das Vorkommen von identischen MLST- (Multi Locus Sequence Typing) und Ribotypen von *C. difficile* zu humanen Isolaten (Knight et al. 2015).

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten im Jahr 2017 erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von *C. difficile*: 1,4 % der untersuchten Proben von Schweinehackfleisch waren positiv für *C. difficile*. Die beiden aus dem Schweinehackfleisch stammenden Isolate waren toxinogen und vom Ribotyp 078 bzw. 001 (BVL 2018).

#### 4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *C. difficile* in frischem Schweinehackfleisch sind der Tabelle 4.21 zu entnehmen: 0,7 % der Proben von Schweinehackfleisch waren positiv für *C. difficile*.

#### 4.7.3 Ergebnisse der Typisierung

Aus den durchgeführten Untersuchungen von Schweinehackfleisch auf *C. difficile* wurden 2 Isolate zur Typisierung an das BfR gesandt. Es handelte sich bei beiden um toxinogene Stämme, die je einmal den Ribotypen 078 und 126 zugeordnet werden konnten.

**Tab. 4.21** Prävalenz von *Clostridioides difficile* in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (n)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Einzelhandel</b>			
Hackfleisch	295	2	0,7 (0,0–2,6)

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

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

Im Zoonosen-Monitoring wurden in bisherigen Untersuchungen ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren in Betrieben von Zuchthühnern der Mastrichtung (45,2 % positive Kotproben) und Masthähnchen (50,2 % bzw. 64,9 % positive Kotproben) sowie in frischem Hähnchenfleisch (66,0 % bzw. 49,8 % positive Proben) häufig nachgewiesen (BVL 2015, BVL 2017a). Auffällig war, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in ökologischen Masthähnchenbetrieben (25,7 % positive Kotproben) signifikant seltener nachgewiesen wurden als in konventionellen Masthähnchenbetrieben (50,2 % positive Kotproben) (BVL 2017a). Im Blinddarminhalt von Mastputen (36,5 % positive Proben) und in frischem Putenfleisch (38,8 % positive Proben) wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* seltener nachgewiesen als in den entsprechenden Proben aus der Lebensmittelkette Masthähnchen. Etwa die Hälfte der Kotproben von Zuchtsauen (53,9 % positive Proben), Läufern (47,6 % positive Proben) und Mastschweinen (45,6 % positive Proben) sowie der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen (46,3 % bzw. 47,0 % positive Proben) waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Frisches Schweinefleisch wies eine Kontaminationsrate an ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 5,7 % bzw. 5,5 % auf (BVL 2016b, BVL 2018). Mastkälber und Jungrinder waren mit 60,6 % bzw. 68,0 % positiver Proben von Blinddarminhalt noch häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Masthähnchen und Schweine (BVL 2016b, BVL 2018). Bei Mastrindern (17,7 % positive Kotproben) traten ESBL/AmpC-bildende *E. coli* deutlich seltener auf (BVL 2016b). Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von etwa 4 % auf (BVL 2016b, BVL 2018). Kotproben von Wildschweinen und Rehen waren zu 6,4 % und 2,3 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* (BVL 2017a, BVL 2018). Die Kontaminationsrate von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern betrug 4,5 % (BVL 2018). In frischen Kräutern, Sprossen und vorgeschnittenen Blattsalaten wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu jeweils etwa 2 % nachgewiesen (BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2017a). In tiefgekühlten Himbeeren wurden dagegen keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018).

### 4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastputen, in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen und Masthähnchen, in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Putenfleisch sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch sind den Tabellen 4.22 und 4.23 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ein. Diese werden im Nationalen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz bestätigt. Von den 856 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2018 entnommen wurden, konnten 845 (98,7 %) phänotypisch als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt

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

**Tab. 4.22** Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastputen in konventionellen und ökologischen Mastputenbetrieben, in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem konventionell und ökologisch erzeugtem Putenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Erzeugerbetrieb</b>			
Kot, konventionell	284	147	51,8 (46,0–57,5)
Kot, ökologisch	38	14	36,8 (23,3–52,8)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	484	235	48,6 (44,1–53,0)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Putenfleisch, konventionell (ohne Haut)	521	196	37,6 (33,6–41,9)
frisches Putenfleisch, ökologisch (ohne Haut)	246	30	12,2 (8,6–16,9)

**Tab. 4.23** Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
<b>Schlachthof</b>			
Blinddarminhalt	575	269	46,8 (42,7–50,9)
<b>Einzelhandel</b>			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	444	157	35,4 (31,1–39,9)

Insgesamt wurden 2592 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. In 51,8 % der untersuchten Kotproben aus konventionellen Mastputenbetrieben und in 36,8 % der Kotproben aus ökologischen Mastputenbetrieben wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof betrug 48,6 %. Proben von frischem konventionell erzeugtem Putenfleisch war zu 37,6 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert, während die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von ökologisch erzeugtem Putenfleisch 12,2 % betrug. Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof waren zu 46,8 % positiv für ESBL/AmpC-verdächtige *E. coli*. Frisches Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel war zu 35,4 % mit ESBL/AmpC-verdächtigen *E. coli* kontaminiert.

#### 4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Auch wurden einzelne Isolate eingesandt, zu denen keine Daten an das BVL übermittelt wurden, weshalb diese Isolate aus der Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der der positiven Befunde überein. Die Eingruppierung der phänotypischen Ergebnisse erfolgte nach den Kriterien von EFSA (European Food Safety Authority) und ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) aus dem Jahr 2017 (EFSA und ECDC 2017b). Die Verteilung der Isolate auf die Matrizes/Programme gibt Tabelle 4.24 wieder.

**Tab. 4.24** Ergebnisse der phänotypischen Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E. coli*

	ESBL- verdächtig	AmpC- verdächtig	ESBL- und AmpC- verdächtig	Carbapenemase- verdächtig	Anzahl Isolate
Mastputen, konventionell, Kot, Bestand	125	11	13		149
Mastputen, ökologisch, Kot, Bestand	3	0	0	0	3
frisches Hähnchenfleisch, Einzelhandel	114	19	19		152
frisches Putenfleisch, konventionell, Einzelhandel	130	14	25		169
frisches Putenfleisch, ökologisch, Einzelhandel	25	5	1		31
Masthähnchen, Blinddarminhalt, Schlachthof	141	28	15		184
Mastputen, Blinddarminhalt, Schlachthof	130	15	12		157
<b>Gesamtergebnis</b>	<b>668</b>	<b>92</b>	<b>85</b>	<b>0</b>	<b>845</b>

## 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 – insbesondere andere Beta-Laktam-Antibiotika – 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 2016b, Pfennigwerth 2018). 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 Carbapenemase-Bildung nur schwer zu therapieren sind (Ruhr-Universität Bochum 2017). Auch im Darm von Nutztieren wurden bereits Carbapenemase-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2016, Irrgang et al. 2017 und Roschanski 2017). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten bisher selektive Untersuchungen auf Carbapenemase-bildende *E. coli* in Proben aus den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastputen, Mastkälber/Jungrinder und Mastschweine sowie in Proben von Wildwiederkäuerfleisch (BVL 2017a, BVL 2018). Allerdings wurden nur in zwei Proben aus dem Kot und Blinddarminhalt von Mastschweinen Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018).

### 4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

Insgesamt wurden 1495 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Von den 19 verdächtigen eingesandten Isolaten aus dem spezifischen Monitoring für Carbapenemase-bildende *E. coli* konnte keines im Nationalen Referenzlabor phänotypisch als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt werden. Achtzehn der verdächtigen Isolate stammten aus Proben von frischem Hähnchenfleisch und eines aus Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof.

## Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 3356 Isolaten von *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni* und *C. coli*, MRSA, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis* sowie *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der MHK erfolgte wie im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen (EFSA 2012a und EFSA 2012b). Isolate von STEC wurden in den Programmen 2018 nicht nachgewiesen.

### 5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 220 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Monitorings 2018 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1, Tab. 5.1 bis 5.3). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus den Lebensmittelketten Putenfleisch (N = 117) und Hähnchenfleisch (N = 77), wobei jeweils der größte Anteil der Isolate von Halshaut von Schlachtkörpern stammte (Tab. 5.1 und 5.2). Fünfundzwanzig Isolate wurden von Schlachtkörpern von Schweinen (N = 19) und aus Hackfleisch vom Schwein (N = 6) eingesandt. Ein Isolat stammte von schnittfesten bzw. streichfähigen Rohwürsten aus Geflügelfleisch. Aus Sesamsaaten wurde kein Isolat zur Resistenztestung eingesandt.

Von den Isolaten aus der Putenfleischkette waren 35,9 % sensibel gegen alle Testsubstanzen. Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Ciprofloxacin festgestellt (47,9 %), gefolgt von Tetrazyklin und Nalidixinsäure (jeweils 40,2 %). Weniger als 20 % der Isolate waren resistent gegen Ampicillin (17,9 %) und Sulfamethoxazol (15,4 %). Keine Resistenz wurde beobachtet gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, Colistin und gegenüber Meropenem. Zwei Isolate waren resistent gegen Azithromycin, eines gegen Tigecyclin. Isolate aus ökologischem Putenfleisch waren häufiger gegen alle Testsubstanzen sensibel (85,7 %) als solche aus konventionellem Putenfleisch (44,4 %), allerdings handelte es sich nur um wenige Isolate.

In der Hähnchenfleischkette waren 28,6 % der *Salmonella*-Isolate sensibel gegen alle Testsubstanzen. Auch hier wurden die höchsten Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin und Nalidixinsäure beobachtet (62,3 % bzw. 59,7 %). Die Resistenz gegenüber Tetra-

zyklin, Sulfamethoxazol und Trimethoprim war höher als bei den Isolaten aus Puten. Neun Isolate aus der Hähnchenfleischkette waren resistent gegenüber Tigecyclin (11,9 %). Keine Resistenz wurde beobachtet gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, Meropenem und Azithromycin. Ein Isolat war resistent gegen Colistin.

In der Schweinefleischkette waren Resistenzen gegen Tetrazyklin (48,0 %) am häufigsten, gefolgt von Ampicillin und Sulfamethoxazol (je 36,0 %). Hier wurden deutlich seltener Resistenzen gegen Ciprofloxacin (4,0 %, ein Isolat) nachgewiesen. Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, Colistin, Meropenem und Tigecyclin wurden bei den Isolaten von Schweinen nicht beobachtet. Ein Isolat war resistent gegen Azithromycin (siehe Tab. 5.3).

Das Isolat aus schnittfesten oder streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch war resistent gegenüber Chloramphenicol, Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin (siehe Tab. 5.2).

### 5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 1006 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 536 Isolate aus der Hähnchenfleischkette (siehe Tab. 5.6 und 5.7) und 470 Isolate aus der Putenfleischkette (siehe Tab. 5.4 und 5.5). Insgesamt wurden 673 Isolate von *C. jejuni* und 333 Isolate von *C. coli* auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht.

Die Darstellung und Bewertung der Untersuchungsergebnisse erfolgte getrennt für die beiden Spezies *C. jejuni* und *C. coli*. Abbildungen 5.2 und 5.3 zeigen die Untersuchungsergebnisse (Anzahl der Resistenzen je Isolat) der eingesandten *C.-jejuni*- und *C.-coli*-Isolate. In beiden Lebensmittelketten waren Isolate von *C. coli* häufiger resistent als solche von *C. jejuni*.

Insgesamt waren Resistenzen gegen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure am häufigsten, wobei zwischen den beiden Lebensmittelketten kein großer Unterschied bestand. Resistenzen gegen Tetrazyklin waren ebenfalls sehr häufig, auch hier ohne Unterschiede zwischen den beiden Lebensmittelketten.

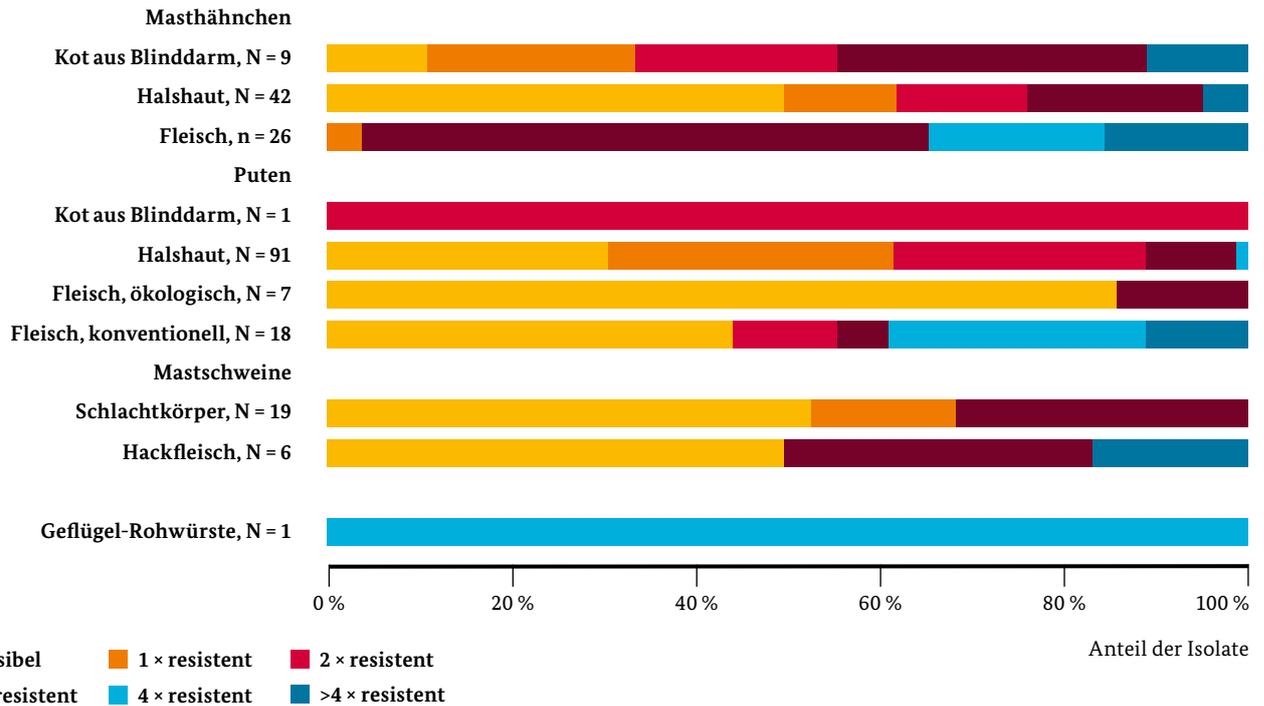


Abb. 5.1 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. in 2018; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastputen Schlachthof Halshaut		Putenfleisch konventionell Einzelhandel frisches Fleisch		Putenfleisch ökologisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>1</b>		<b>91</b>		<b>18</b>		<b>7</b>	
Gentamicin	0	0	0	0	3	16,7	0	0
Chloramphenicol	0	0	1	1,1	2	11,1	0	0
Cefotaxim	0	0	0	0	0	0	0	0
Ceftazidim	0	0	0	0	0	0	0	0
Nalidixinsäure	1	100	38	41,8	7	38,9	1	14,3
Ciprofloxacin	1	100	47	51,6	7	38,9	1	14,3
Ampicillin	0	0	12	13,2	9	50	0	0
Colistin	0	0	0	0	0	0	0	0
Sulfamethoxazol	0	0	12	13,2	5	27,8	1	14,3
Trimethoprim	0	0	3	3,3	1	5,6	0	0
Tetrazyklin	1	100	36	39,6	9	50	1	14,3
Azithromycin	0	0	1	1,1	1	5,6	0	0
Meropenem	0	0	0	0	0	0	0	0
Tigecyclin	0	0	0	0	1	5,6	0	0
sensibel	0	0	28	30,8	8	44,4	6	85,7
1 x resistent	0	0	28	30,8	0	0	0	0
2 x resistent	1	100	25	27,5	2	11,1	0	0
3 x resistent	0	0	9	9,9	1	5,6	1	14,3
4 x resistent	0	0	1	1,1	5	27,8	0	0
> 4 x resistent	0	0	0	0	2	11,1	0	0

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Schlachthof Halshaut		Masthähnchen Einzelhandel frisches Fleisch		Geflügel Einzelhandel schnittfeste bzw. streich- fähige Rohwürste	
	N	%	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>9</b>		<b>42</b>		<b>26</b>		<b>1</b>	
Gentamicin	0	0	0	0	0	0	0	0
Chloramphenicol	1	11,1	2	4,8	4	15,4	1	100
Cefotaxim	0	0	0	0	0	0	0	0
Ceftazidim	0	0	0	0	0	0	0	0
Nalidixinsäure	5	55,6	16	38,1	25	96,2	0	0
Ciprofloxacin	5	55,6	18	42,9	25	96,2	0	0
Ampicillin	4	44,4	3	7,1	5	19,2	1	100
Colistin	1	11,1	0	0	0	0	0	0
Sulfamethoxazol	5	55,6	10	23,8	24	92,3	1	100
Trimethoprim	2	22,2	6	14,3	9	34,6	0	0
Tetrazyklin	3	33,3	13	31,0	23	88,5	1	100
Azithromycin	0	0	0	0	0	0	0	0
Meropenem	0	0	0	0	0	0	0	0
Tigecyclin	0	0	2	4,8	7	26,9	0	0
sensibel	1	11,1	21	50	0	0	0	0
1 × resistent	2	22,2	5	11,9	1	3,8	0	0
2 × resistent	2	22,2	6	14,3	0	0	0	0
3 × resistent	3	33,3	8	19	16	61,5	0	0
4 × resistent	0	0	0	0	5	19,2	1	100
> 4 × resistent	1	11,1	2	4,8	4	15,4	0	0

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Schlachthof Schlaktkörper		Mastschwein Einzelhandel Hackfleisch	
	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>19</b>		<b>6</b>	
Gentamicin	0	0	0	0
Chloramphenicol	0	0	1	16,7
Cefotaxim	0	0	0	0
Ceftazidim	0	0	0	0
Nalidixinsäure	0	0	0	0
Ciprofloxacin	0	0	1	16,7
Ampicillin	6	31,6	3	50
Colistin	0	0	0	0
Sulfamethoxazol	6	31,6	3	50
Trimethoprim	0	0	1	16,7
Tetrazyklin	9	47,4	3	50
Azithromycin	0	0	1	16,7
Meropenem	0	0	0	0
Tigecyclin	0	0	0	0
sensibel	10	52,6	3	50
1 × resistent	3	15,8	0	0
2 × resistent	0	0	0	0
3 × resistent	6	31,6	2	33,3
4 × resistent	0	0	0	0
> 4 × resistent	0	0	1	16,7

In der Lebensmittelkette Putenfleisch unterschieden sich die Resistenzraten zwischen den Isolaten aus ökologischem und konventionellem Putenfleisch. Der Anteil sensibler Isolate lag bei *C. jejuni* aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch bei 52,9 %, während er bei konventionellem Putenfleisch bei 20,0 % lag. Bei *C. coli* war der Anteil sensibler Isolate aus ökologischem Putenfleisch geringer (4,5 %) als aus konventionellem Fleisch (9,1 %).

Gegenüber Tetrazyklin waren die Resistenzraten beider *Campylobacter* bei Isolaten aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch geringer als bei solchen aus konventionell erzeugtem Fleisch. Gegenüber Erythromycin war nur *C. coli* resistent, auch hier seltener bei Isolaten aus ökologisch erzeugtem Puten-

fleisch (4,5 % gegen 13,6 %). Gegenüber Streptomycin waren *C. coli* häufiger resistent als *C. jejuni*, wobei der Anteil resistenter Isolate bei *C. jejuni* aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch etwas höher war als aus konventionell erzeugtem Putenfleisch. Bei *C. coli* verhielt es sich umgekehrt. *C. jejuni* waren seltener resistent gegenüber Ciprofloxacin und Nalidixinsäure als *C. coli*. *C. jejuni* aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch wiesen eine deutlich geringere Resistenzrate gegenüber diesen Substanzen auf als solche aus konventionell erzeugtem Putenfleisch. Bei *C. coli* war der Unterschied gering.

Gegenüber Tetrazyklin war der Anteil resistenter Isolate aus konventionell erzeugtem Putenfleisch bei beiden Spezies höher als aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch.

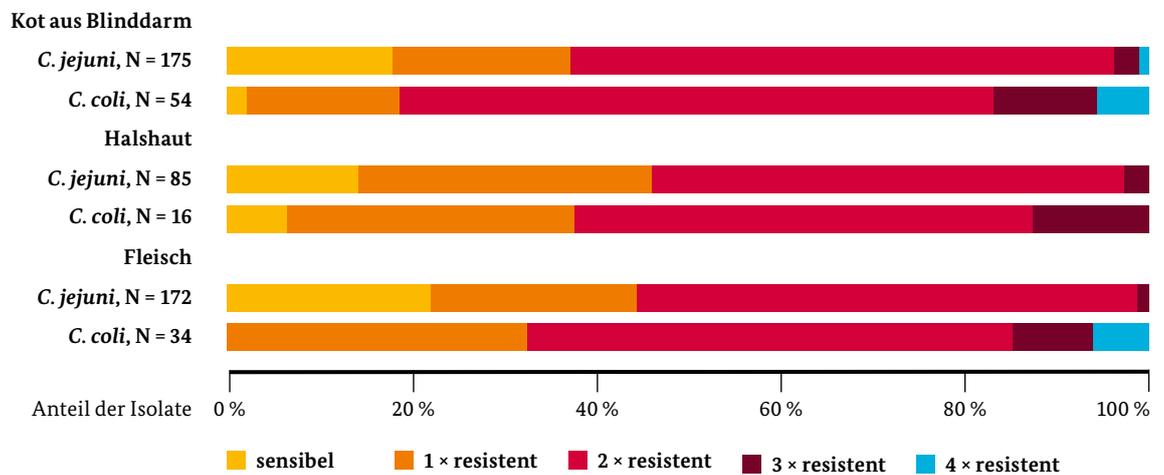


Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch 2018; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

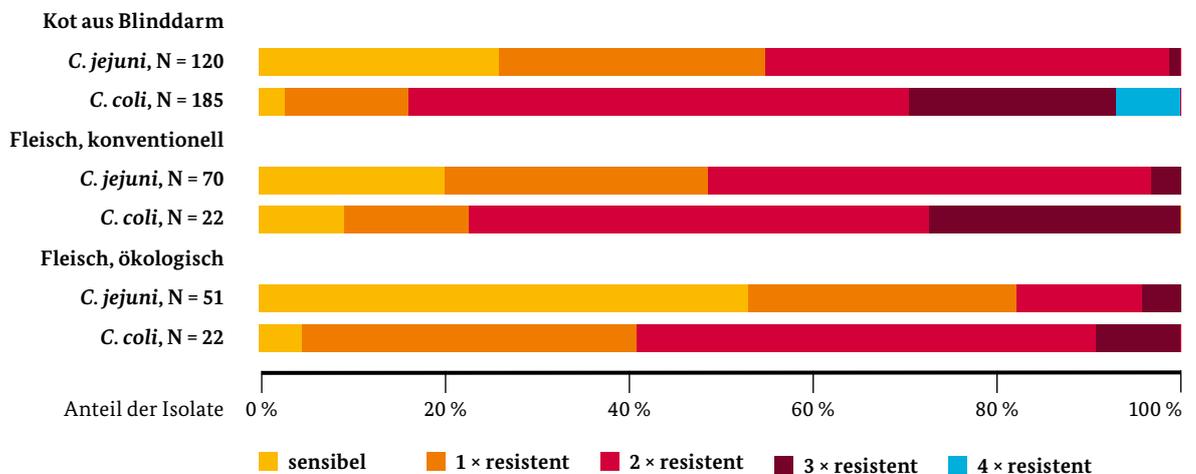


Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus der Lebensmittelkette Putenfleisch 2018; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

**Tab. 5.4** Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate aus der Putenfleischkette im Zoonosen-Monitoring 2018 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Putenfleisch konventionell Einzelhandel frisches Fleisch		Putenfleisch ökologisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>120</b>		<b>70</b>		<b>51</b>	
Gentamicin	0	0	0	0	0	0
Streptomycin	3	2,5	2	2,9	2	3,9
Ciprofloxacin	81	67,5	54	77,1	24	47,1
Nalidixinsäure	75	62,5	48	68,6	23	45,1
Erythromycin	0	0	0	0	0	0
Tetrazyklin	60	50	38	54,3	9	17,6
sensibel	31	25,8	14	20	27	52,9
1 × resistent	35	29,2	20	28,6	15	29,4
2 × resistent	53	44,2	34	48,6	7	13,7
3 × resistent	1	0,8	2	2,9	2	3,9
4 × resistent	0	0	0	0	0	0

**Tab. 5.5** Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate aus der Putenfleischkette im Zoonosen-Monitoring 2018 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Putenfleisch konventionell Einzelhandel frisches Fleisch		Putenfleisch ökologisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>185</b>		<b>22</b>		<b>22</b>	
Gentamicin	1	0,5	0	0	0	0
Streptomycin	22	11,9	4	18,2	1	4,5
Ciprofloxacin	162	87,6	18	81,8	19	86,4
Nalidixinsäure	162	87,6	18	81,8	19	86,4
Erythromycin	46	24,9	3	13,6	1	4,5
Tetrazyklin	171	92,4	18	81,8	15	68,2
sensibel	5	2,7	2	9,1	1	4,5
1 × resistent	25	13,5	3	13,6	8	36,4
2 × resistent	101	54,6	11	50	11	50
3 × resistent	41	22,2	6	27,3	2	9,1
4 × resistent	13	7	0	0	0	0

**Tab. 5.6** Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate aus der Hähnchenfleischkette im Zoonosen-Monitoring 2018 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Schlachthof Halshaut		Hähnchenfleisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>175</b>		<b>85</b>		<b>172</b>	
Gentamicin	2	1,1	0	0	0	0
Streptomycin	7	4,0	3	3,5	2	1,2
Ciprofloxacin	141	80,6	71	83,5	128	74,4
Nalidixinsäure	136	77,7	66	77,6	124	72,1
Erythromycin	2	1,1	0	0	0	0
Tetrazyklin	112	64,0	47	55,3	102	59,3
sensibel	31	17,7	12	14,1	38	22,1
1 × resistent	34	19,4	27	31,8	38	22,1
2 × resistent	104	59,4	44	51,8	94	54,7
3 × resistent	4	2,3	2	2,4	2	1,2
4 × resistent	2	1,1	0	0	0	0

**Tab. 5.7** Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate aus der Hähnchenfleischkette im Zoonosen-Monitoring 2018 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Schlachthof Halshaut		Hähnchenfleisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>54</b>		<b>16</b>		<b>34</b>	
Gentamicin	0	0	0	0	0	0
Streptomycin	8	14,8	1	6,3	5	14,7
Ciprofloxacin	51	94,4	13	81,3	27	79,4
Nalidixinsäure	51	94,4	13	81,3	27	79,4
Erythromycin	6	11,1	1	6,3	3	8,8
Tetrazyklin	44	81,5	12	75	29	85,3
sensibel	1	1,9	1	6,3	0	0
1 × resistent	9	16,7	5	31,3	11	32,4
2 × resistent	35	64,8	8	50	18	52,9
3 × resistent	6	11,1	2	12,5	3	8,8
4 × resistent	3	5,6	0	0	2	5,9

### 5.3 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 351 MRSA-Isolate getestet, die einem der fünf vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in den Tabellen 5.8 und 5.9 zusammengefasst.

Alle Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 2 der 16 getesteten Substanzklassen (siehe Abb. 5.4, Tab. 5.8 und 5.9). Sensible Isolate wurden aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt. Die höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus konventionellen Putenbeständen und konventionellem Putenfleisch nachgewiesen, aber auch in dem ökologisch erzeugten Putenfleisch war eine Resistenz gegen mehrere Substanzklassen weitverbreitet. Aus ökologischen Putenbeständen wurde nur ein Isolat von MRSA eingesandt.

Bis auf Sulfamethoxazol, Fusidinsäure und Vancomycin wurde für jede Substanz mindestens ein resistentes Isolat identifiziert, bei Mupirocin, Rifampin und Linezolid war es jeweils nur ein resistentes Isolat. Gegen Cefoxitin und gegenüber Penicillin waren fast alle Isolate resistent, was der Definition von MRSA entspricht. Gegenüber Tetrazyklin waren mehr als 90 % der Isolate resistent. Hier war der Anteil resistenter Isolate aus konventionellen Mastputenbeständen mit 82,4 % am geringsten, im konventionellen Putenfleisch mit 93,9 % am höchsten.

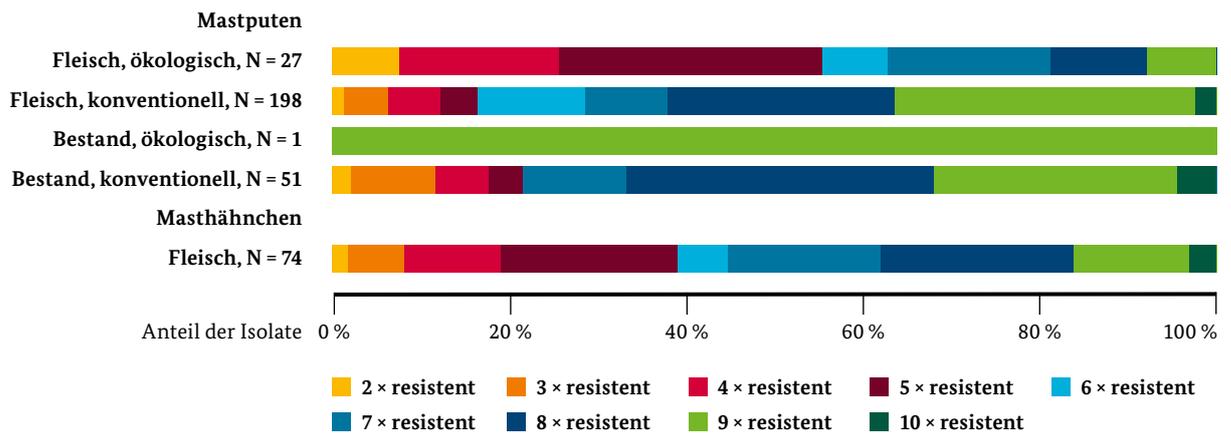


Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* 2018; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen, konventionell Bestand Kot		Mastputen, ökologisch Bestand Kot		Putenfleisch, konventionell Einzelhandel frisches Fleisch		Putenfleisch, ökologisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>51</b>		<b>1</b>		<b>198</b>		<b>27</b>	
Gentamicin	1	2,0	0	0	19	9,6	1	3,7
Kanamycin	4	7,8	0	0	18	9,1	3	11,1
Streptomycin	4	7,8	0	0	8	4,0	2	7,4
Chloramphenicol	1	2,0	0	0	1	0,5	0	0
Cefoxitin	51	100	1	100	198	100	27	100
Ciprofloxacin	33	64,7	1	100	129	65,2	11	40,7
Benzylpenicillin	50	98,0	1	100	198	100	27	100
Sulfamethoxazol	0	0	0	0	0	0	0	0
Trimethoprim	38	74,5	1	100	154	77,8	13	48,1
Tetrazyklin	42	82,4	1	100	186	93,9	24	88,9
Clindamycin	42	82,4	1	100	155	78,3	14	51,9
Erythromycin	41	80,4	1	100	149	75,3	10	37
Mupirocin	0	0	0	0	1	0,5	0	0
Rifampin	1	2,0	0	0	0	0	0	0
Linezolid	1	2,0	0	0	0	0	0	0
Fusidinsäure	0	0	0	0	0	0	0	0
Quinupristin/ Dalfopristin	29	56,9	1	100	117	59,1	5	18,5
Tiamulin	36	70,6	1	100	141	71,2	18	66,7
Vancomycin	0	0	0	0	0	0	0	0
2 × resistent	1	2,0	0	0	2	1,0	2	7,4
3 × resistent	5	9,8	0	0	11	5,6	0	0
4 × resistent	3	5,9	0	0	11	5,6	5	18,5
5 × resistent	2	3,9	0	0	9	4,5	8	29,6
6 × resistent	0	0	0	0	24	12,1	2	7,4
7 × resistent	6	11,8	0	0	18	9,1	5	18,5
8 × resistent	18	35,3	0	0	51	25,8	3	11,1
9 × resistent	14	27,5	1	100	68	34,3	2	7,4
10 × resistent	2	3,9	0	0	4	2,0	0	0

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Masthähnchen Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>74</b>	
Gentamicin	1	1,4
Kanamycin	1	1,4
Streptomycin	14	18,9
Chloramphenicol	1	1,4
Cefoxitin	74	100
Ciprofloxacin	21	28,4
Benzylpenicillin	74	100
Sulfamethoxazol	0	0
Trimethoprim	45	60,8
Tetracyclin	66	89,2
Clindamycin	55	74,3
Erythromycin	49	66,2
Mupirocin	0	0
Rifampin	0	0
Linezolid	0	0
Fusidinsäure	0	0
Quinupristin/Dalfopristin	31	41,9
Tiamulin	46	62,2
Vancomycin	0	0
2 × resistent	1	1,4
3 × resistent	5	6,8
4 × resistent	8	10,8
5 × resistent	15	20,3
6 × resistent	4	5,4
7 × resistent	13	17,6
8 × resistent	16	21,6
9 × resistent	10	13,5
10 × resistent	2	2,7

## 5.4 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1154 kommensale *E.-coli*-Isolate getestet, die den vorgeschlagenen sieben Programmen zugeordnet werden konnten. Falls deutlich mehr als 170 Isolate (von EFSA für die Resistenzbestimmung gefordert) eingesandt wurden, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Testung ausgewählt. Dies war bei den Isolaten aus Blinddarminhalten vom Schlachthof der Fall. Aus den übrigen Matrizes wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Abbildung 5.5 zeigt die Untersuchungsergebnisse der kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate aus den einzelnen Programmen sind in den Tabellen 5.10 bis 5.11 gegenübergestellt. Gegenüber Meropenem wurden keine resistenten Isolate festgestellt.

Der Anteil sensibler Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch lag zwischen 20,9 % (konventionelles Putenfleisch im Einzelhandel) und 53,3 % (ökologische Putenbestände) (Tab. 5.10 und 5.11). Der höchste Anteil von Isolaten, die gegenüber 3 oder mehr Substanzklassen resistent waren, fand sich bei den Isolaten aus konventionellem Putenfleisch (44,9 %), aus Blinddarminhalt am Schlachthof (44,7 %) und aus konventionellen Putenbeständen (41,0 %). Insgesamt waren Isolate aus der ökologischen Produktion (Primärproduktion und Einzelhandel) häufiger sensibel für alle Testsubstanzen (51,8 % vs. 22,7 %) und seltener resistent gegen 3 oder mehr Substanzklassen (17,7 % vs. 42,9 %) als solche aus konventioneller Produktion.

Die höchsten Resistenzraten wurden in der Lebensmittelkette Putenfleisch gegenüber Ampicillin beobachtet, wobei wiederum die Resistenzrate in den Isolaten aus konventioneller Produktion höher war als in denen aus ökologischer Produktion (64,4 % vs. 37,2 %). Ähnlich verhielt es sich für die Antibiotika Tetracyclin, Sulfamethoxazol und Ciprofloxacin und Colistin. Resistenzen gegen Cefotaxim, ein Cephalosporin der 3. Generation, waren dagegen im ökologischen Bereich höher (3,7 % vs. 2,0 %). Ähnlich verhielt es sich bei dem anderen getesteten Cephalosporin Ceftazidim (3,0 % vs. 1,5 %).

In der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch waren Isolate aus dem Blinddarminhalt am Schlachthof häufiger resistent als solche aus dem Fleisch im Einzelhandel. Hier war die Resistenz gegen Ampicillin, Ciprofloxacin, Nalidixinsäure und Sulfamethoxazol am häufigsten. Die Resistenzraten gegen Colistin und Cefotaxim lagen bei 4,6 % bzw. 2,3 %.

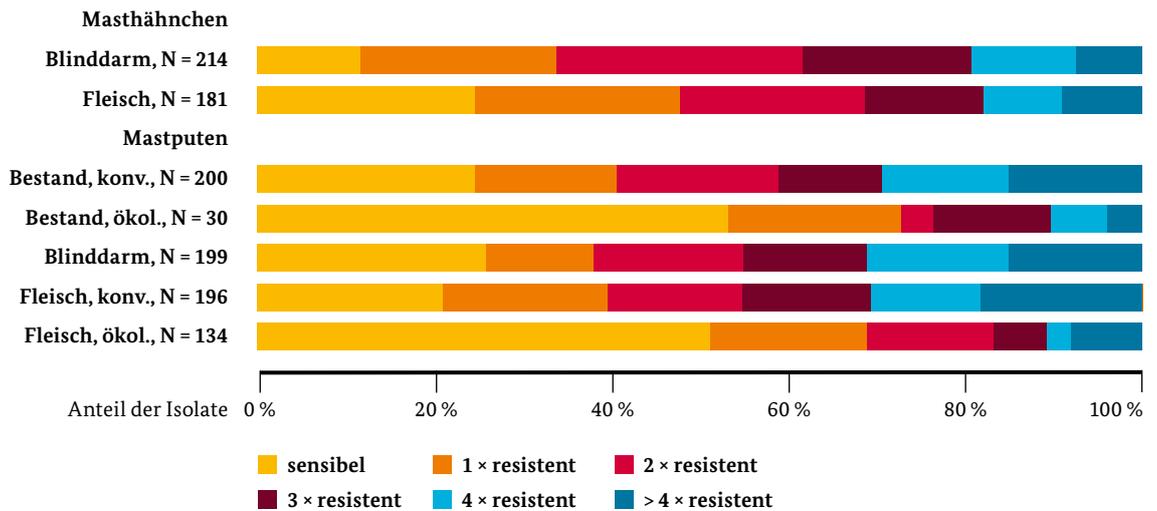


Abb. 5.5 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* 2018. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>199</b>		<b>214</b>		<b>181</b>	
Gentamicin	11	5,5	15	7,0	3	1,7
Chloramphenicol	41	20,6	18	8,4	16	8,8
Cefotaxim	5	2,5	3	1,4	6	3,3
Ceftazidim	4	2,0	3	1,4	5	2,8
Nalidixinsäure	41	20,6	112	52,3	71	39,2
Ciprofloxacin	65	32,7	119	55,6	85	47,0
Ampicillin	133	66,8	139	65,0	97	53,6
Colistin	18	9,0	10	4,7	8	4,4
Sulfamethoxazol	83	41,7	106	49,5	66	36,5
Trimethoprim	54	27,1	72	33,6	53	29,3
Tetrazyklin	100	50,3	53	24,8	49	27,1
Azithromycin	3	1,5	5	2,3	3	1,7
Meropenem	0	0	0	0	0	0
Tigecyclin	0	0	0	0	0	0
sensibel	52	26,1	25	11,7	44	24,3
1 × resistant	24	12,1	47	22,0	43	23,8
2 × resistant	34	17,1	60	28,0	38	21,0
3 × resistant	28	14,1	41	19,2	24	13,3
4 × resistant	32	16,1	26	12,1	16	8,8
> 4 × resistant	29	14,6	15	7,0	16	8,8

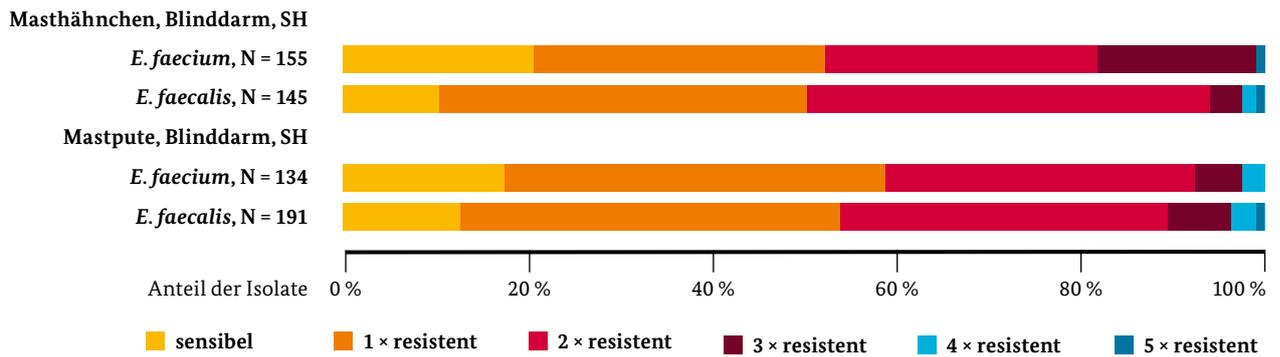
**Tab. 5.11** Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastputen, konventionell Bestand Kot		Mastputen, ökologisch Bestand Kot		Putenfleisch, konventionell Einzelhandel frisches Fleisch		Putenfleisch, ökologisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
<b>Anzahl untersucht</b>	<b>200</b>		<b>30</b>		<b>196</b>		<b>134</b>	
Gentamicin	10	5,0	0	0	15	7,7	6	4,5
Chloramphenicol	40	20,0	3	10,0	43	21,9	15	11,2
Cefotaxim	3	1,5	2	6,7	5	2,6	4	3,0
Ceftazidim	3	1,5	2	6,7	3	1,5	3	2,2
Nalidixinsäure	46	23,0	4	13,3	46	23,5	17	12,7
Ciprofloxacin	70	35,0	5	16,7	70	35,7	22	16,4
Ampicillin	131	65,5	12	40,0	125	63,8	49	36,6
Colistin	18	9,0	0	0	13	6,6	7	5,2
Sulfamethoxazol	72	36,0	6	20,0	82	41,8	22	16,4
Trimethoprim	46	23,0	4	13,3	64	32,7	13	9,7
Tetrazyklin	98	49,0	5	16,7	111	56,6	36	26,9
Azithromycin	5	2,5	1	3,3	3	1,5	0	0
Meropenem	0	0	0	0	0	0	0	0
Tigecyclin	1	0,5	0	0	0	0	0	0
sensibel	49	24,5	16	53,3	41	20,9	69	51,5
1 × resistent	33	16,5	6	20,0	37	18,9	24	17,9
2 × resistent	36	18,0	1	3,3	30	15,3	19	14,2
3 × resistent	24	12,0	4	13,3	29	14,8	8	6
4 × resistent	29	14,5	2	6,7	24	12,2	4	3
> 4 × resistent	29	14,5	1	3,3	35	17,9	10	7,5

### 5.5 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

In die Resistenztestung wurden 625 Enterokokken-Isolate (336 *E. faecalis*, 289 *E. faecium*) aus Blinddarm-inhalten von Masthühnern und Mastputen am Schlachthof einbezogen. Aus den Proben von Masthähnchen stammten 300 Isolate, aus denen von Mastputen 325 Isolate (siehe Abb. 5.6, Tab. 5.12).

Der Anteil der sensiblen Isolate lag bei den Enterokokken-Spezies und beiden Herkünften zwischen 10,3 % und 20,6 %. Dabei war der Anteil jeweils bei *E. faecium* höher als bei *E. faecalis*. Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Tetrazyklin und Erythromycin beobachtet, wobei bei den Putenisolaten die Resistenz gegenüber Tetrazyklin höher war, bei den Hähnchenisolaten gegenüber Erythromycin. Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin, Tigecyclin und Vancomycin wurden bei beiden Spezies nicht beobachtet (siehe Tab. 5.12).



**Abb. 5.6** Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt 2018; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren.

**Tab. 5.12** 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	<i>Enterococcus faecalis</i>		<i>Enterococcus faecalis</i>		<i>Enterococcus faecium</i>		<i>Enterococcus faecium</i>	
	Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Masthähnchen Schlachthof Kot aus Blinddarm		Mastputen Schlachthof Kot aus Blinddarm	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	145		191		155		134	
Gentamicin	2	1,4	5	2,6	1	0,6	2	1,5
Chloramphenicol	5	3,4	11	5,8	0	0	1	0,7
Ciprofloxacin	8	5,5	17	8,9	22	14,2	7	5,2
Ampicillin	1	0,7	0	0	32	20,6	8	6
Tetrazyklin	94	64,8	154	80,6	64	41,3	79	59
Erythromycin	104	71,7	95	49,7	103	66,5	77	57,5
Daptomycin	0	0	0	0	5	3,2	5	3,7
Linezolid	0	0	0	0	0	0	0	0
Teicoplanin	0	0	0	0	0	0	0	0
Tigecyclin	0	0	0	0	0	0	0	0
Vancomycin	0	0	0	0	0	0	0	0
sensibel	15	10,3	24	12,6	32	20,6	23	17,2
1 × resistent	58	40,0	79	41,4	49	31,6	56	41,8
2 × resistent	64	44,1	68	35,6	46	29,7	45	33,6
3 × resistent	5	3,4	14	7,3	27	17,4	7	5,2
4 × resistent	2	1,4	5	2,6	0	0	3	2,2
5 × resistent	1	0,7	1	0,5	1	0,6	0	0

## Bewertung der Ergebnisse

### Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2018

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan (ZSP) 2018. Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend des ZSP 2018 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 2018 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Untersuchungen im Erzeugerbetrieb wurden in der Lebensmittelkette Putenfleisch durchgeführt. Dabei waren konventionelle und ökologische Bestände getrennt zu beproben. Bei den ökologischen Beständen gab es keine Vorgaben zum Untersuchungsumfang. Es sollten alle Bestände im Land beprobt werden, die über mindestens 250 Haltungsplätze für Mastputen verfügten.

Im konventionellen Bereich wurden bei der Untersuchung auf kommensale *E. coli* und der selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* die erforderlichen Probenumfänge (je  $N = 204$ ) insgesamt überschritten. Allerdings wurde in drei beteiligten Ländern der erforderliche Probenumfang unterschritten (35 % bis 78 % des Probensolls), während er in anderen Ländern, auch in solchen mit großen zuge teilten Probenkontingenten, deutlich überschritten wurde (max. 177 % des Probensolls).

Bei der Untersuchung auf MRSA, bei der ein größerer Probenumfang ( $N = 384$ ) vorgesehen war, wurde das Probensoll nicht erreicht. Dies ergab sich für die meisten Länder, wobei das Minimum bei 18 % des Solls lag.

Untersuchungen von Proben aus ökologisch bewirtschafteten Putenbeständen wurden in fünf Ländern durchgeführt. Alle diese Länder untersuchten auch Proben aus konventionellen Beständen. Da keine Zahlen über die ökologisch bewirtschafteten Putenbestände vorlagen, ist die insgesamt geringe Zahl der untersuchten Bestände nicht einzuordnen. In diesem Bereich ist für die Durchführung repräsentativer Untersuchungen eine Verbesserung des Kenntnisstands der Landesbehörden über die ökologisch bewirtschafteten Tierhaltungen erforderlich.

Bei den Programmen mit Probenahmen am Schlachthof wurde für Deutschland das Soll durchweg erreicht und häufig sogar deutlich überschritten. Alle Länder mit erheblichen Anteilen am Probensoll erfüllten das jeweilige Soll. Lediglich bei der quantitativen Untersuchung von Hähnchenschlachtkörpern und bei der Gewinnung von Enterokokken für die Resistenztestung fehlten aus einem Land die Daten. Das Land hatte allerdings nur einen Probenanteil von etwa 5 %. Bei der Untersuchung von Schweineschlachtkörpern auf Salmonellen wurden in einem Land mit geringem Probenanteil weniger Proben gemeldet als vorgesehen.

Die meisten Programme wurden 2018 im Einzelhandel durchgeführt. Insgesamt wurde das Probensoll für fast alle Programme erreicht. Bei einigen Programmen war entweder kein fester Probenumfang, sondern nur ein Orientierungswert vorgegeben (ökologisches Putenfleisch, Rohwürste), oder die Programme waren freiwillig (*C. difficile* im Hackfleisch).

Bei der Untersuchung von ökologischem Putenfleisch wurden 61 % bis 64 % der standardmäßig vorgesehenen 384 Proben untersucht. Alle Länder beteiligten sich an dem Programm.

Bei dem Programm zu *C. difficile* im Hackfleisch war vorab bekannt, dass die erforderliche Methodik in einigen Landeslaboren nicht etabliert ist, da sie für Routineuntersuchungen nicht benötigt wird. Zehn Länder beteiligten sich an dem Programm.

Bei der Untersuchung von Rohwürsten war im Stichprobenplan nur ein Orientierungswert für die Proben-

zahl benannt worden. Trotzdem wurde für die meisten Untersuchungen der angestrebte Probenumfang erreicht. Bei der Untersuchung auf *Campylobacter* sollten nur die streichfähigen Rohwürste berücksichtigt werden, sodass hier auch unter diesem Aspekt ein geringerer Probenumfang zu erwarten war.

### **Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2018 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 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 2018 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 2018 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus einem Zeitraum von zehn Jahren (2009 bis 2018) vor. Für einige Erreger/Matrix-Kombinationen stehen erstmals Daten zur Verfügung.

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

Als Herausforderung zeigt sich im Rahmen der Stichprobenplanung die Verfügbarkeit von Informationen z. B. zu den ökologisch wirtschaftenden Betrieben und deren Produktionsumfang. Diese stehen den Ländern nach eigener Aussage nicht unmittelbar zur Verfügung und ihre Beschaffung ist mit erheblichem Aufwand verbunden.

Im Hinblick auf die Labormethodik sind bei der Planung die Erfordernisse des Qualitätsmanagements in den Laboren zu berücksichtigen. Für Untersuchungen, die nicht Teil der Routine der Überwachungslabore

sind, entsteht ein erheblicher Aufwand für die Methodenetablierung, der insbesondere bei geringen zugeteilten Probenmengen für das Land in einem sehr ungünstigen Verhältnis zur Bedeutung der Ergebnisse steht.

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern, kommensalen *E. coli* und Enterokokken sowie von spezifisch resistenten Keimen wie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* und ESBL/AmpC-bildenden bzw. Carbapenemase-verdächtigen *E. coli* und ihren 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.

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 werden. Diese Hypothesen müssen dann ggf. in weiterführenden Studien geprüft werden.

Die Ergebnisse aus dem Zeitraum von insgesamt zehn Jahren belegen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelkette. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger, Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*, ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, kommensalen *E. coli* sowie Enterokokken können auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der jeweiligen Lebensmittelkette. Die Ergebnisse belegen auch, dass eine Exposition der Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern, den Keimen mit besonderen Resistenzeigenschaften und den kommensalen *E. coli* über verschiedene tierische Lebensmittel

aus dem Einzelhandel stattfinden kann. Die Ergebnisse der Charakterisierung der eingesandten Isolate durch die NRLs unterstützen die Hypothese, dass die Erreger entlang der Lebensmittel- und Produktionsketten verschleppt werden. Sie weisen aber auch darauf hin, dass im Rahmen der Gewinnung und Verarbeitung 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 2018 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](http://www.eucast.org)). Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (siehe 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 Tigecyclin in die Testung aufgenommen worden.

## **Salmonella spp.**

### **Lebensmittelkette Hähnchenfleisch**

Die Ergebnisse der Untersuchungen an Schlachthöfen zeigen eine im Vergleich zu 2014 und 2016 unveränderte Prävalenz von Salmonellen auf Schlachtkörpern (7,6 % vs. 6,7 % (2016) und 7,0 % (2014)). In Blinddarmproben wurden 2018 häufiger Salmonellen nachgewiesen als 2013 (1,9 % vs. 1,0 %), allerdings geringfügig weniger als 2016 (2,3 %). 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 (2,7 % in 2018 vs. 1,5 % in 2013) (BfR 2015b). Dies deutet darauf hin, dass nach anfänglichen Reduktions-

erfolgen die Prävalenz von Salmonellen in der Primärproduktion bei Masthähnchen nicht mehr sinkt und auch weiterhin mit einem Eintrag von Salmonellen in diese Lebensmittelkette gerechnet werden muss.

Hinsichtlich der nachgewiesenen Serovare waren auf den Schlachtkörpern *Salmonella* Typhimurium (11) inklusive seiner monophasischen Variante (6/11) und *S. Infantis* (9) die häufigsten Serovare, gefolgt von *S. Bareilly* (6) und *S. Paratyphi B dT+* (5). Auch *S. Enteritidis* wurde einmal nachgewiesen.

Wie in den vergangenen Jahren kam es zur schlachthofspezifischen Häufung bestimmter Serovare. So wurden 5 von 6 *S.*-Bareilly-Isolaten aus Proben eines einzigen Schlachthofs gewonnen.

Auch wurden in einigen Schlachthöfen überdurchschnittlich häufig Salmonellen nachgewiesen. Wie bereits aus früheren Untersuchungen bekannt, deutet dies darauf hin, dass es zwischen den Schlachthöfen Unterschiede in der Vermeidung der Übertragung von Salmonellen auf den Schlachtkörper gibt, die Raum für Verbesserungen aufzeigen.

Die intensiven Bemühungen in den Hähnchenmastbetrieben, die Prävalenz des bekämpfungsrelevanten Serovars *S. Typhimurium* bzw. seiner monophasischen Variante zu vermindern, führten zu einem nur sehr geringen Anteil von positiven Befunden für diese Serovare im Rahmen der Beprobung im Bekämpfungsprogramm. Auch in den Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof werden diese Serovare selten nachgewiesen. Der häufige Nachweis dieser Serovare am Ende des Schlachtprozesses weist jedoch darauf hin, dass immer noch mit diesen *Salmonella*-Serovaren auf Hähnchenfleisch zu rechnen ist und dass den Schlachthöfen bei der Kontamination der Karkassen eine herausragende Bedeutung zukommt.

Frisches Hähnchenfleisch ohne Haut im Einzelhandel war mit 5,6 % positiven Proben etwas häufiger positiv als in den Jahren 2013, 2014, und 2016 (4,6 %, 4,7 % und 4,7 %). Bis 2013 war der Anteil über mehrere Jahre deutlich zurückgegangen (2009: 7,6 %, 2011: 6,3 %). Auffällig war bei den eingesandten Isolaten aus Hähnchenfleisch der wiederum sehr hohe Anteil von *S. Infantis*. *S. Infantis* wurde dreimal aus einer Blinddarmprobe und neunmal von einem Masthähnchen-Schlachtkörper eingesandt. Bei den Isolaten von Hähnchenfleisch stellte das Serovar jedoch 18 von 26 eingesandten Isolaten (69 %). Auch 2014 und 2016 war *S. Infantis* das mit Abstand häufigste Serovar auf Hähnchenfleisch (53 % bzw. 61 % 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 2014b, EFSA 2015, Hartung et al. 2016).

Ein Drittel der Isolate (3/9) aus Blinddärmen gehörte zu diesem Serovar. Von den aus den Bekämpfungsprogrammen für Salmonellen an das NRL für *Salmonella* eingesandten Isolaten aus Masthähnchen machte *S. Infantis* einen Anteil von 32 % aus (9/28 Isolaten). Beim Menschen ist *S. Infantis* nach *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* das häufigste an gemeldeten Erkrankungen beteiligte Serovar.

Das auf Schlachtkörperproben häufigste Serovar *S. Typhimurium* wurde hingegen nur selten bei Fleisch aus dem Einzelhandel gefunden (nur ein Isolat, 2,4 %). Welche Faktoren die Nachweishäufigkeit der verschiedenen Serovare im Einzelhandel bestimmen, ist nicht vollständig klar. Beim Fleisch im Einzelhandel war nicht bekannt, 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. 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.

### Lebensmittelkette Putenfleisch

Die Lebensmittelkette Putenfleisch wurde analog zur Kette Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2018 berücksichtigt. Hier war die Nachweisrate von Salmonellen in Blinddarminhalten am Schlachthof niedriger als bei Blinddärmen von Masthähnchen (0,2 % vs. 1,9 %). Im Gegensatz dazu war die Nachweisrate von Salmonellen auf Schlachtkörpern wesentlich höher als bei Masthähnchen (22,7 % vs. 7,6 %) und auch deutlich höher als in den Jahren 2014 (7,1 %) und 2016 (11,9 %).

Die am häufigsten nachgewiesenen Serovare waren *S. Typhimurium* inklusive seiner monophasischen Variante (44 %; 40/91 Isolaten), *S. Agona* (23,1 %; 21/91 Isolaten) und *S. subspez. I* (11 %, 10/91 Isolaten). Weitere Serovare wurden nur in einzelnen Proben nachgewiesen.

Bei der Betrachtung der Verteilung der positiven Befunde fiel wie in den Vorjahren eine Häufung positiver Befunde in einzelnen Schlachthöfen auf. Von den 91 eingesandten Isolaten stammten 79 (86,8 %) aus nur drei Schlachthöfen, die damit Nachweisraten von 58,1 %, 37,2 % und 36,8 % hatten. Innerhalb dieser Schlachthöfe wurde in einem Schlachthof nur ein Serovar (*S.*

*Agona*) nachgewiesen und in einem zweiten waren 34 von 36 Isolaten (94,4 %) vom selben Serovar (*S. Typhimurium*, monophasisch). Im dritten Schlachthof wurden neun unterschiedliche Serovare nachgewiesen mit einer Häufung von *S. Agona* und *S. subspez. I* (jeweils 9/36, 25,0 %). Die Häufungen einzelner Serovare in den Schlachthöfen deuten auf eine schlachthofspezifische Flora und regelmäßige Verschleppung auf die Tierkörper hin, da die Blinddarmproben nur in Ausnahmefällen (0,2 %) positiv für *Salmonella* waren. Da *S. Typhimurium* zu den beim Menschen häufigsten Erregern meldepflichtiger Salmonellen gehört, ist die beständige Kontamination von Putenschlachtkörpern mit monophasischen *S. Typhimurium* als besorgniserregend einzustufen.

Auf Putenfleisch im Einzelhandel wurden deutlich seltener Salmonellen nachgewiesen, wobei es keinen signifikanten Unterschied zwischen konventionellem (4,0 %) und ökologischem Putenfleisch gab (2,9 %). Interessanterweise waren 6 der 7 Isolate von Putenfleisch *S. Agona* und die Herkunftsangabe auf den Verpackungen entsprach dem Schlachthof, in dem ausschließlich *S. Agona* nachgewiesen wurde. Dies unterstreicht ebenfalls die Wichtigkeit einer guten Schlachthygiene.

Insgesamt gilt für Putenfleisch ähnliches wie für Hähnchenfleisch. Die Nachweisraten in den Beständen sind im Rahmen der Bekämpfungsprogramme konstant zwischen 0,4 % und 1,0 % und erfüllen das Bekämpfungsziel. Die erhebliche Kontaminationsrate von Schlachtkörpern lässt erwarten, dass auch immer ein Teil der Fleischproben im Einzelhandel mit Salmonellen kontaminiert ist. Insgesamt bleibt auch Putenfleisch eine mögliche Quelle für Salmonellen für den Menschen.

In Rohwürsten aus Geflügelfleisch, die schnitt- oder streichfähig sind, wurde in einem Fall *S. Typhimurium* nachgewiesen. Da diese Produkte typischerweise vor dem Verzehr nicht erhitzt werden, stellen auch sie für den Verbraucher ein Gesundheitsrisiko dar.

### Lebensmittelkette Schweinefleisch

Auch im Jahr 2018 wurden Schlachtkörper von Schweinen sowie Hackfleisch vom Schwein auf Salmonellen untersucht. Insgesamt waren 5,1 % der Proben von Schlachtkörpern positiv, ein Wert, der höher liegt als in den letzten Jahren (2017: 2,9 %, 2015: 4,5 %) und der auch deutlich höher liegt als der aus den Untersuchungen der Lebensmittelunternehmer ermittelte Wert der letzten Jahre (0,8 % bis 2 %, seit 2016 nach VO (EU) Nr. 17/2014 der EU-Kommission mitteilungsspflichtig). Wie beim Geflügel stammten auch hier die meisten

positiven Befunde von drei Schlachthöfen (14/20, 70 %).

In den Proben wurde überwiegend die Rauform von *S. subsp. I* nachgewiesen (8/19 Isolate, aber auch fünfmal *S. Typhimurium* (davon zweimal die monophasische Variante) und viermal *S. Derby*. Der Nachweis dieser Serovare entspricht den Ergebnissen der vergangenen Jahre.

Die gesteigerte Nachweishäufigkeit bei Schlachtkörpern unterstreicht, dass die Verhinderung der Verschleppung von Salmonellen auf Schweineschlachtkörper eine Herausforderung bleibt, insbesondere in einigen Schlachthöfen. Welche Faktoren für die erhöhten Nachweisraten in einigen Schlachthöfen im Einzelnen verantwortlich sind, kann anhand dieser Daten nicht bewertet werden.

In der Konsequenz ist auch der Nachweis von Salmonellen in den Hackfleischproben vom Schwein nicht überraschend, zumal hier dieselben Serovare nachgewiesen wurden wie auf den Schlachtkörperproben. Da Hackfleisch in Deutschland häufig auch roh verzehrt wird, geht von hier ein erhebliches Risiko für den Menschen aus.

### Sonstige Lebensmittel

In den untersuchten unbehandelten Sesamsaaten wurden Salmonellen nicht nachgewiesen. In der Literatur wurden wiederholt lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche beschrieben, die mit Sesamsaaten assoziiert waren (Centers for Disease and Prevention 2012, Paine et al. 2014, EFSA und ECDC 2017b). Allerdings haben andere Untersuchungen in Sesamsaaten keine Salmonellen nachweisen können (Zhang et al. 2017). Es ist denkbar, dass die Erregerkonzentration in den Lebensmitteln so gering und/oder ungleichmäßig verteilt ist, dass die Menge von 25 g für einen zuverlässigen Nachweis nicht ausreicht (Van Doren et al. 2013).

### Resistenzsituation bei *Salmonella* spp.

Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Salmonellen waren nur zu 35,0 % sensibel gegen alle Testsubstanzen, wobei die untersuchten Isolate von Schlachtkörpern von Schweinen und von Schweinehackfleisch häufiger sensibel waren (52,0 %) als solche aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (35,9 %) und der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (28,6 %). Insgesamt wurden die höchsten Resistenzraten gegen 8 der 14 getesteten Substanzen in der Hähnchenfleischkette nachgewiesen. Für 3 Substanzen (Gentamicin, Ampicillin und Azithromycin) war die Resistenzrate

in einer anderen Lebensmittelkette numerisch höher. Allerdings waren diese Unterschiede durchweg nicht signifikant. Aufgrund der geringen Anzahl der Isolate aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch ist ein valider Vergleich der Resistenzsituation zu den Isolate aus konventionell erzeugtem Putenfleisch nicht möglich.

Keines der untersuchten Isolate wies eine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation (Cefotaxim und Ceftazidim) oder gegen die getesteten Carbapeneme auf. Ein Isolat aus Blinddarmkot von Masthähnchen am Schlachthof (1/9, 11,1 %) war resistent gegen Colistin. Sehr häufig waren Resistenzen gegen das von der WHO für die Therapie in der Humanmedizin als „highest priority critically important antimicrobial“ (WHO 2019) eingestufte Fluorchinolon Ciprofloxacin (47,7 %). Hier bestanden deutliche Unterschiede zwischen den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (62,3 %) und Putenfleisch (47,9 %) auf der einen Seite und Schweinefleisch (4,0 %) auf der anderen. Dies bestätigt die Ergebnisse der Untersuchungen aus den vergangenen Jahren, die bei Salmonellen in der Regel deutlich höhere Resistenzraten bei Isolate vom Geflügel ergaben als von Rind und Schwein. Es reflektiert auch den häufigeren Einsatz dieser Substanzklasse beim Geflügel im Vergleich zu Rind und Schwein, wie er sich aus den Ergebnissen der Evaluierung der 16. AMG-Novelle ergibt (Flor et al. 2019).

Auch Resistenzen gegen Tetrazyklin waren häufig (44,5 %). Zwischen den Herkünften bestanden für diese Substanz aber kaum Unterschiede. Im Gegensatz dazu waren gegenüber Ampicillin häufiger die Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch resistent (36,0 %), während Isolate aus den Geflügel-Lebensmittelketten mit 17,9 % (Puten) und 15,6 % (Hähnchen) seltener resistent waren.

Bei der Bewertung ist auf die enge Beziehung der Resistenz bei *Salmonella* zu den Serovaren hinzuweisen (Schroeter und Käsbohrer 2010, 2012). Es ist ferner zu bedenken, dass zwischen den Schlachthöfen zum Teil erhebliche Unterschiede in der Nachweisrate von Salmonellen bestanden (s.o.) und somit der Mehrfachnachweis eines für einen bestimmten Schlachthof spezifischen Salmonellen-Stammes das Ergebnis beeinflussen könnte. So erklärt sich der erhebliche Unterschied in der Resistenz zwischen Hähnchenfleisch im Einzelhandel (alle Isolate gegen mindestens eine Testsubstanz resistent) und den Schlachtkörpern (50 % sensible Isolate). Durch die Ausbreitung bestimmter Serovare in einer Lebensmittelkette kann daher das Resistenzbild entsprechend beeinflusst werden. So war im Monitoring 2018 der Anteil von *S. Agona* auf Hähnchenschlachtkörpern besonders hoch. Dieses Serovar

ist gegen alle Testsubstanzen sensibel. Ähnlich verhielt es sich 2014 mit *S. Indiana* auf Hähnchenschlächtkörpern (BVL 2016a). Auch dieses Serovar war gegen alle Testsubstanzen sensibel. Insofern führte der hohe Anteil von *S. Agona* (2018) bzw. *S. Indiana* (2014) zu einer insgesamt relativ geringen Resistenzrate bei Salmonellen auf den Hähnchenschlächtkörpern. Im Hähnchenfleisch wurde dagegen häufiger *S. Infantis* gefunden, ein Serovar, das seit Langem für eher hohe Resistenzraten bekannt ist (Schroeter und Käsbohrer 2010).

Das Isolat aus der Rohwurst aus Geflügelfleisch war gegen vier Substanzen (Ampicillin, Tetrazyklin, Sulfamethoxazol und Chloramphenicol) resistent, was für *S. Typhimurium* typisch ist (Schroeter und Käsbohrer 2010).

Die Ergebnisse des Resistenzmonitorings bei Salmonellen unterstreichen die Komplexität der Resistenzsituation bei dieser Bakterienart. Hohe Resistenzraten in den Geflügelfleischketten sind aufgrund der insgesamt sehr hohen Therapiehäufigkeiten in diesem Bereich (BVL 2017b, BMEL 2019) und der Erfahrungen aus den vergangenen Jahren (BVL 2014, Tenhagen et al. 2014a, BVL 2015, 2016a) 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 2019).

## ***Campylobacter* spp.**

### **Lebensmittelkette Hähnchenfleisch**

*Campylobacter* spp. wurden wie in den vergangenen Jahren häufig im Blinddarm geschlachteter Masthähnchen (41,6 % der Proben) nachgewiesen. Auf den Schlachtkörpern wurden mittels der quantitativen Bestimmungsmethode in 46,3 % der Proben *Campylobacter* spp. nachgewiesen, wobei 22,6 % der Proben Keimkonzentrationen von  $> 10^3$  KbE/g enthielten. Entsprechend wurde auch im Fleisch im Einzelhandel häufig *Campylobacter* spp. nachgewiesen (47,8 %). Dies unterstreicht, dass der Schlachtprozess bei Masthähnchen und die Verarbeitung des Fleisches die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. nicht wirkungsvoll verhindert. Im Gegenteil kommt es zu einer erheblichen Kreuzkontamination. Dabei scheinen zwischen Schlachthöfen erhebliche messbare Unterschiede in der Dynamik der Kontamination auf unterschiedlichen Stufen des Schlachtprozesses zu bestehen (Pacholewicz et al. 2015).

Die Ergebnisse der Quantifizierung von *Campylobacter* spp. auf der Halshaut von Hähnchenschlächtkörpern unterstreichen, dass es in diesem Bereich derzeit keinen Fortschritt gibt. Der Anteil von Proben, der über dem festgelegten Prozesshygienekriterium von  $10^3$  KbE/g liegt, war 2018 mit 22,6 % wiederum höher als in der Grundlagenstudie der EU im Jahre 2008, wo dieser Wert bei 15,7 % lag (BfR 2009b) und in der Untersuchung 2013, als 19,4 % der Proben über  $10^3$  KbE/g aufwiesen (BVL 2015). Gegenüber den Erhebungen im Zoonosen-Monitoring in 2016 und 2017, als entsprechend 24,1 % und 22,7 % der Proben diesen Wert aufwiesen, ist keine Verbesserung der Situation zu beobachten.

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 2019b), was die Bedeutung der Hähnchenfleischkette für die Erkrankungen des Menschen hervorhebt, die in der Literatur wiederholt beschrieben wurde (Nauta et al. 2007, EFSA 2010, Kittl et al. 2013, Rosner et al. 2017).

### **Lebensmittelkette Putenfleisch**

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden in Blinddarmproben deutlich häufiger *Campylobacter* spp. nachgewiesen (64,3 %) als im Masthähnchen, während die Nachweisrate im Putenfleisch deutlich niedriger war als im Hähnchenfleisch. Allerdings zeigten sich hier signifikante Unterschiede zwischen konventionellem (19,4 %) und ökologischem Putenfleisch (32,7 %). Die Ursache dieses Unterschiedes ist nicht bekannt und bedarf weiterer Untersuchungen entlang der beiden Lebensmittelketten.

In schnittfesten und streichfähigen Rohwürsten, überwiegend aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch hergestellt, wurden in einer Probe *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Das Ergebnis zeigt, dass die Herstellungsprozesse dieser Wurstwaren *Campylobacter* spp. nicht sicher abtöten, was aufgrund des verzehrfertigen Angebotes dieser Lebensmittel problematisch ist.

Hinsichtlich der beteiligten Spezies war der Anteil von *C. coli* auch im Jahr 2018 in der Putenfleischkette deutlich höher als in der Hähnchenfleischkette (48,7 % vs. 19,4 %). Allerdings bestanden Unterschiede zwischen den untersuchten Matrices von Puten. Während etwa 39,3 % der Isolate aus Blinddärmen *C. jejuni* waren, lag der Anteil im Fleisch – ähnlich wie beim Hähnchen – bei über 69,9 % (ökologisches Putenfleisch) bis 76,1 % (konventionelles Putenfleisch). Die Ursache für diese Differenz ist nicht bekannt. Es ist aber zu beachten, dass

aus Blinddarm *Campylobacter* durch Direktausstrich ohne Anreicherung isoliert werden (ISO10272-1C:2017), während eine Anreicherung von *Campylobacter* über Preston-Nährmedium bei Putenfleisch durchgeführt wird. Dieser Unterschied im Untersuchungsverfahren führte allerdings in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch nicht zu einer Verschiebung des Verhältnisses der Spezies. Die Differenz zwischen den Blinddarmproben und den Fleischproben bei Puten wurde bereits 2016 beobachtet (BVL 2017a), vorher aber nicht in dieser Deutlichkeit (BVL 2014, 2016a).

Die beobachteten Unterschiede in der *Campylobacter*-Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch bestätigen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre (BVL 2014, 2016a, 2017a) und der Überwachung (Hartung et al. 2016).

Insgesamt bestätigen die Ergebnisse zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. in den beiden Geflügelfleischketten die Ergebnisse der vergangenen Jahre und weisen auf die Dringlichkeit hin, hier zu Verbesserungen zu kommen, da *Campylobacter* spp. auch 2018 wieder der häufigste Erreger bakterieller Zoonosen beim Menschen in Deutschland war, wenn auch gegenüber 2017 nicht mehr mit steigender Tendenz (RKI 2019b).

### Resistenzsituation bei *Campylobacter* spp.

Insgesamt waren die Resistenzraten 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 (87,1 %) war als bei *C. jejuni* (74,1 %). Dabei war die Resistenzrate bei *C. coli* etwas niedriger als 2016 (92,4 %), während sie bei *C. jejuni* weitgehend konstant war (2016: 75,0 %) (BVL 2017a). Zwischen den verschiedenen Stufen der Lebensmittelketten bestanden kaum Unterschiede, was die Wahrscheinlichkeit unterstreicht, dass die auf Schlachtkörpern und Fleisch nachgewiesenen *Campylobacter* spp. ganz überwiegend aus der Tierhaltung stammen und während der Schlachtung und Verarbeitung aus dem Darm der Tiere auf das Fleisch gelangen. Allerdings waren die Resistenzraten bei *Campylobacter* spp. aus ökologischem Putenfleisch insgesamt deutlich niedriger als bei Isolaten aus konventionellem Fleisch. Dies betraf insbesondere die Resistenz gegen Tetracycline sowie Ciprofloxacin und Nalidixinsäure bei *C. jejuni*. Bei *C. coli* waren die Unterschiede geringer, allerdings wurden hier nur jeweils 22 Isolate untersucht.

Die Resistenz gegenüber Erythromycin ist aufgrund der besonderen Bedeutung der Makrolide für die Behandlung der *Campylobacter*iose des Menschen und der Einstufung der Makrolide als „highest priority critically important antimicrobials“ durch die WHO (WHO 2019) von besonderem Interesse. Die Resistenzrate gegenüber Erythromycin war insgesamt gering. Von *C. jejuni* waren nur einzelne Isolate resistent (2 Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch), während von den insgesamt 333 untersuchten *C. coli*-Isolaten etwa 18 % resistent gegen das Makrolid waren. Der Anteil der Erythromycin-Resistenz war in der Hähnchenfleischkette wie in der Vergangenheit etwas geringer als in der Putenfleischkette (9,6 % vs. 21,8 %). Gegenüber 2016 waren die Werte fast unverändert (BVL 2017a). 2014 hatte der Anteil der gegen Erythromycin resistenten *C. coli* in den beiden Geflügelfleischketten bei 20,2 % (Hähnchenfleischkette) bzw. 34,3 % (Putenfleischkette) gelegen (BVL 2016a). In *Campylobacter coli*-Isolaten aus ökologisch produziertem Putenfleisch war der Wert tendenziell geringer als in denen aus konventionellem Putenfleisch, allerdings wurden hier nur jeweils 22 Isolate untersucht. Ob die Reduktion gegenüber 2014 einem verringerten Einsatz von Makroliden bei Masthähnchen und Mastputen geschuldet ist, ist nicht bekannt, allerdings hatten sich 2017 gegenüber 2014/15 die Therapiehäufigkeiten mit Makroliden sowohl bei den Masthähnchen als auch bei den Mastputen signifikant verringert (Flor et al. 2019).

Gegenüber Gentamicin wurden nur ganz vereinzelt Resistenzen beobachtet (2 Isolate von *C. jejuni* aus Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof und ein Isolat von *C. coli* aus Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof).

Auch die Resistenzraten gegenüber Streptomycin waren relativ gering, wobei die Resistenzraten bei *C. coli* etwas höher waren. Die Isolate von *C. coli* aus ökologischem Putenfleisch wiesen etwas niedrigere Resistenzraten auf als die aus konventionellem Fleisch, allerdings wurden hier nur jeweils 22 Isolate untersucht.

Im Rahmen einer Studie in 2012/2013 wurden bei *Campylobacter*-Isolaten von Puten aus ökologischer Tierhaltung in Deutschland ebenfalls geringere Resistenzraten festgestellt als im Rahmen des Zoonosen-Monitorings im selben Zeitraum (El-Adawy et al. 2015). Für das Zoonosen-Monitoring 2012 und 2013 liegen keine vollständigen Angaben darüber vor, ob die Tiere aus konventioneller oder ökologischer Produktion stammten. Allerdings kann aufgrund des sehr niedrigen Marktanteils des ökologischen Putenangebots angenommen werden, dass bei einer zufälligen Stichprobe ganz überwiegend Tiere aus konventioneller Haltung beprobt wurden. Die vorliegenden Ergebnisse deuten darauf hin, dass sich die von El-Adawy (2015) beschriebenen Unterschiede auch im Putenfleisch im Einzelhandel beobachten lassen.

Insgesamt ergibt sich für den Vergleich des konventionellen und ökologischen Putenfleischs ein differenziertes Bild. Einerseits erscheint die Belastung von ökologischem Fleisch mit *Campylobacter* spp. insgesamt höher. Unter den positiven Befunden ist der Anteil der häufiger gegen antimikrobielle Substanzen resistenten Spezies *C. coli* an allen *Campylobacter*-Befunden höher. Andererseits ist die Resistenz der Isolate aus ökologischem Putenfleisch insgesamt geringer als aus konventionellem Fleisch. In der Summe ist der Anteil von Proben, die mit einem resistenten Stamm von *Campylobacter* spp. kontaminiert waren, im ökologischen Putenfleisch etwas höher als im konventionellen Fleisch (18,4 % vs. 14,4 %,  $p > 0,05$ ). Dies unterstreicht die Bedeutung der Hygiene bei der Fleischgewinnung von Putenfleisch.

### **Listeria monocytogenes**

*Listeria monocytogenes* wurde in Hähnchenfleisch häufig nachgewiesen (15,4 %). Dieses Ergebnis wird von den Daten aus der Lebensmittelüberwachung unterstützt (Ergebnisse aus der Reihe „Erreger von Zoonosen in Deutschland“ für die Erhebungsjahre 2011, 2012, 2015 und 2016; Hartung und Käsbohrer 2013, 2018a, b).

Dabei ist zu bedenken, dass es sich bei frischem Hähnchenfleisch nicht um ein verzehrfertiges Lebensmittel handelt, sondern um ein Lebensmittel, das vor dem Verzehr in der Regel noch erhitzt wird, was auch im Hinblick auf die anderen Zoonoseerreger wichtig ist. Andererseits werden aus rohem Geflügelfleisch aber teilweise auch verzehrfertige Lebensmittel hergestellt, ohne dass ein Erhitzungsschritt erfolgt. Im Zoonosen-Monitoring 2018 wurden deshalb auch Rohwürste aus Geflügelfleisch untersucht. *L. monocytogenes* wurde in diesen Lebensmitteln nachgewiesen, aber durchweg unterhalb von 10 KBE/g, was auf eine, trotz des möglicherweise kontaminierten Ausgangsmaterials, geringe Belastung von Rohwürsten überwiegend aus Geflügelfleisch mit *L. monocytogenes* hindeutet. Trotzdem sollten Personen, die einer der Risikogruppen für Listerioseerkrankungen angehören (Schwangere, Immungeschwächte, alte Personen) vom Verzehr von Rohwürsten aus Geflügelfleisch absehen.

Vegetarische Wurstwaren waren durchweg negativ für *L. monocytogenes*, sodass von ihnen kein erkennbares Risiko einer Listeriose-Erkrankung ausgeht. Ob dies an Unterschieden in der Herstellung oder daran liegt, dass es zu keinem Eintrag in die Produktion über die Rohstoffe kommt, ist nicht bekannt. Allerdings wurden in der Vergangenheit im Zoonosen-Monitoring auch *L. monocytogenes* in geringer Keimkonzentration aus pflanzlichen Lebensmitteln isoliert (vgl. Kap. 4.3).

### **Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC)**

Im Zoonosen-Monitoring 2018 sollten unbehandelte Sesamsaaten auf shigatoxinbildende *Escherichia coli* untersucht werden. In keiner der 460 untersuchten Proben wurden STEC nachgewiesen, was auf eine sehr geringe Belastung dieses Lebensmittels mit STEC hindeutet. Allerdings weisen die Erfahrungen bei dem großen mit Sprossen assoziierten EHEC-Krankheitsausbruch aus dem Jahr 2011 darauf hin, dass das Fehlen des Nachweises von STEC in einem Lebensmittel keine Gewähr bietet, vor einer Infektion mit STEC geschützt zu sein. Für Salmonellen wurde vermutet, dass die untersuchte Probenmenge von 25 g vielleicht nicht ausreicht, die Erreger nachzuweisen (Van Doren et al. 2013). Ähnliche Vermutungen wurden auch für die Untersuchung von anderen trockenen, pflanzlichen Lebensmitteln wie Mehl auf STEC publiziert (Mäde et al. 2017, Gill et al. 2019).

### **Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)**

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 94,4 % als MRSA bestätigt. In der Bewertung der Prävalenzergebnisse wird daher wie im Ergebnisteil auf MRSA referenziert, obwohl sich die gemeldeten Prävalenzen auf das Vorkommen von MRSA-verdächtigen Isolaten beziehen.

Der Großteil der bestätigten und typisierten Isolate stammte aus konventionellem Putenfleisch. Insgesamt waren von 525 Proben von frischem konventionellem Putenfleisch 42,7 % 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 2010, 2014, 2016a, 2017a). Putenfleisch aus ökologischer Produktion war dagegen deutlich seltener (11,0 %) mit MRSA kontaminiert. Dies entsprach auch der deutlich geringeren Nachweisrate in ökologischen Putenbeständen (2,7 %) gegenüber der konventionellen Produktion (17,2 %). Das Ergebnis aus der konventionellen Produktion entsprach weitgehend den Ergebnissen aus dem Jahr 2012 (BVL 2014).

Hähnchenfleisch war seltener positiv für MRSA (16,4 %) als konventionelles Putenfleisch (42,7 %). Dies entspricht in etwa dem Ergebnis aus dem Jahr 2016, als 13,0 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch positiv waren (BVL 2017a). Auch in einer gesonderten Untersuchung zur quantitativen Belastung von Hähnchenfleisch mit MRSA wurde 2017/2018 eine qualitative Nachweisrate von 13 % erzielt, wobei die positiven

Proben jedoch sehr geringe Keimzahlen aufwiesen (Pauly et al. 2019). In den Jahren zuvor waren häufiger (23,7 % bis 26,5 %) MRSA auf Hähnchenfleisch gefunden worden (BVL 2010, 2013, 2015). 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 beim Menschen. Diese Bewertung wird durch die quantitativen Untersuchungen von Pauly et al. (2019) unterstrichen. Es ist unwahrscheinlich, dass die geringen Keimkonzentrationen für eine Besiedlung im Rahmen des Verzehrs ausreichen, zumal Hähnchenfleisch in aller Regel vor dem Verzehr erhitzt wird. Im Falle einer Kreuzkontamination wird erwartet, dass die Belastung des kontaminierten Lebensmittels vermutlich geringer ist als die Belastung des Hähnchenfleischs, von dem die Kreuzkontamination ausgeht. Auch in einer Modellberechnung konnte gezeigt werden, dass auf dem Wege der Kreuzkontamination im Küchenumfeld zwar MRSA aus Hähnchenfleisch zum Verzehr gelangen können, dass dies aber relativ selten geschieht und die Keimkonzentration gering ist (Plaza-Rodríguez et al. 2019).

Dennoch sollte diese mögliche Quelle für eine Exposition des Menschen weiter intensiv im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersucht werden, um auf mögliche Veränderungen der Prävalenz oder der beteiligten MRSA-Stämme frühzeitig reagieren zu können.

Die deutlich geringere Nachweisrate in ökologischen Putenbeständen im Vergleich zu konventionellen entspricht der geringeren Nachweisrate im ökologischen Putenfleisch. Sie passt auch zu Ergebnissen vergleichender Studien zwischen ökologischen und konventionellen Produktionsformen bei Schweinen (Heine 2011) sowie bei Tankmilchproben von Milchkühen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2014 (BVL 2016a, Tenhagen et al. 2018). Im Gegensatz dazu waren 2016 je zwei Staubproben aus ökologischen und konventionellen Hähnchenbeständen positiv für MRSA (BVL 2017a). 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, dass auch in ökologischen Putenbeständen wie in anderen ökologischen Tierbeständen MRSA auftreten können, auch wenn die Nachweisrate – wie bei den meisten bisher untersuchten ökologischen Tierbeständen – geringer war als bei der entsprechenden konventionellen Produktion. Die Quelle der MRSA in den ökologischen Beständen ist ebenso wie in den konventionellen Beständen nicht

klar. Grundsätzlich kommen ein horizontaler Eintrag über die zugekauften Küken, Mitarbeiter oder Gerätschaften in Betracht. Auch ein Eintrag aus benachbarten Tierbeständen ist grundsätzlich denkbar. Hinweise für einen möglichen Eintrag aus benachbarten Tierbeständen sind in der Vergangenheit für Milchviehbetriebe publiziert worden (Locatelli et al. 2016). Die Unterschiede in der Prävalenz werden ggf. durch den Selektionsdruck bei Antibiotikaaanwendung beeinflusst.

Die nachgewiesenen *spa*-Typen bestätigen die schon in den vergangenen Jahren beobachtete Dominanz von Typen, die dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen sind und als nutztierassoziierte MRSA beschrieben werden. Unter ihnen dominiert im Jahre 2018 eindeutig der *spa*-Typ t034, und zwar in allen fünf untersuchten Herkünften aus der Putenfleischkette. Bemerkenswert war der vergleichsweise hohe Anteil (25,9 %) von Isolatens des *spa*-Typs t1451 im ökologischen Putenfleisch (3 % in konventionellem Putenfleisch). Die Ursache dieser Häufung ist nicht klar, deutet aber auf eine gemeinsame Eintragsquelle hin. Unter den Isolatens, die nicht dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren, dominierte, 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. Beim Menschen ist dieser *spa*-Typ sehr selten.

## 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 Tetrazyklin (90,9 %), eine Eigenschaft, die für nutztierassoziierte MRSA (laMRSA) häufig beschrieben wird (Argudin et al. 2011, Schroeter und Käsbohrer 2012, Tenhagen et al. 2014b, Vossenkuhl 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 MRSA, die nur zu einem geringen Prozentsatz (13,5 %) resistent gegen Tetrazyklin sind. Von den am Nationalen Referenzzentrum untersuchten gegen Tetrazyklin resistenten MRSA war dabei die Hälfte dem nutztierassoziierten klonalen Komplex 398 zuzuordnen (Layer et al. 2018).

Gegen 7 der 19 untersuchten Substanzen lagen keine oder nur einzelne Resistenzen vor. Hinsichtlich ihrer Resistenz gegen weitere Antibiotika unterschieden sich die Isolate aus Hähnchenfleisch und konventionellem Putenfleisch. Bei 9 der 12 weiteren Substanzen

war die Resistenzrate in Isolaten aus konventionellem Putenfleisch numerisch höher als in solchen aus Hähnchenfleisch. Lediglich gegenüber Streptomycin war die Resistenzrate im Hähnchenfleisch höher (18,9 % vs. 4,0 %). Besonders große Differenzen zeigten sich für die Substanzen Ciprofloxacin (65,2 % vs. 28,4 %), Trimethoprim 77,8 % vs. 60,8 % und Quinupristin/Dalfopristin (59,1 % vs. 41,9 %). Die Resistenz der Isolate aus konventionellem Putenfleisch gegenüber Ciprofloxacin ist damit fast genauso hoch wie die für die Humanmedizin 2016 berichtete mit 75,5 % (Layer et al. 2018).

Dass im Rahmen des Zoonosen-Monitorings isolierte MRSA aus der Putenfleischkette Unterschiede in ihrem Resistenzspektrum gegenüber Isolaten aus der Hähnchenfleischkette aufweisen, wurde bereits nachgewiesen (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, Vossenkuhl et al. 2014). Isolate aus konventionellen Putenbeständen und konventionellem Putenfleisch wiesen höhere Anteile des *spa*-Typs t034 auf. Im Hinblick auf die Resistenz gegen Ciprofloxacin zeigten sich jedoch größere Unterschiede zwischen Hähnchen- und Putenfleisch bei den Isolaten der anderen *spa*-Typen des CC398, inklusive des t011.

Erfreulich erscheint aus humanmedizinischer Sicht der nach wie vor geringe Anteil von MRSA mit mikrobiologischen Resistenzen gegen die für die Therapie von Infektionen mit MRSA beim Menschen eingesetzten Antibiotika Linezolid, Rifampin und Mupirocin (je ein Isolat, 0,3 %) sowie das Fehlen einer phänotypischen Resistenz gegen Fusidinsäure und Vancomycin bei allen untersuchten Isolaten aus den verschiedenen Programmen.

### ***Clostridioides difficile***

Wie im vergangenen Jahr wurden in Hackfleischproben vom Schwein zweimal *C. difficile* nachgewiesen. Aufgrund der größeren Probenzahl war der prozentuale Anteil positiver Proben geringer (0,7 % vs. 1,4 %). Es handelte sich bei beiden Isolaten um toxinogene Stämme, die je einmal den Ribotypen 078 und 126 zugeordnet werden konnten.

Der Ribotyp 078 wurde 2018 auch beim Menschen im Rahmen von *C. difficile*-Erkrankungen nachgewiesen (SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Datenstand 07.08.2019, Zugang am 09.08.2019). Er gehört international zu den eher häufigen Erregern von außerhalb von Krankenhäusern erworbenen *C. difficile*-Infektionen. Er ist ein bei Isolaten vom Schwein sehr häufig anzutreffender Ribotyp (Schneeberg et al. 2013, Knight

und Riley 2019), sodass hier eine Verschleppung aus dem Tierbestand denkbar wäre. Allerdings kommt er auch beim Menschen häufig vor und die wechselseitige Übertragung von *C. difficile* dieses Ribotyps zwischen Mensch und Schwein wurde gezeigt (Knight und Riley 2019). Für genauere Aufschlüsse bedarf es weitergehender Untersuchungen entlang der Lebensmittelkette. Der Ribotyp 126 ist ein eher selten beschriebener Ribotyp, gehört aber zur selben phylogenetischen Gruppe wie der RT078 (Knetsch et al. 2011) und taucht bisher in den Meldestatistiken des RKI nicht auf. Da Hackfleisch in Deutschland auch häufig roh verzehrt wird, ist von einer Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber diesem Keim über das Lebensmittel Hackfleisch auszugehen. Ob und ggf. wie häufig dies zur Besiedlung des Menschen oder gar zu Erkrankungen des Menschen führt, ist derzeit nicht bekannt und bedarf weiterer Untersuchungen.

### ***Yersinia enterocolitica***

Erstmals wurde 2018 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings Hackfleisch vom Schwein auf pathogene *Y. enterocolitica* untersucht. Von den untersuchten Proben waren 2,4 % positiv für *Y. enterocolitica*. Der Verzehr rohen Hackfleischs vom Schwein geht daher mit dem Risiko einer Infektion des Menschen einher. Schweinefleisch wird in der Literatur als wesentliche Quelle von Yersinien für Infektionen des Menschen angesehen (Fosse et al. 2008, Rosner et al. 2012).

Die ans Konsiliarlabor für Yersinien gesandten Isolate von pathogenen *Y. enterocolitica* wiesen in 4/6 Fällen das Virulenzgen *ail* und das Gen *virF* auf. Das Protein AIL spielt eine wesentliche Rolle in der Adhäsion von *Y. enterocolitica* an Zellen und deren Invasion (Bancerz-Kisiel et al. 2018). In diesem Zusammenhang ist *virF* ein wichtiges Regulatorgen für andere Virulenzfaktoren wie *yadA* (*Yersinia*-Adhäsion) und *yop* (*Yersinia* outer membrane proteins), die wiederum eine Rolle für die Invasivität der Yersinien spielen (Bancerz-Kisiel et al. 2018). Da unter den 6 an das Konsiliarlabor eingesandten Isolate nur 5 als pathogen typisiert werden konnten, ist davon auszugehen, dass die Prävalenz (11/457) in den untersuchten Hackfleischproben sowohl pathogene als auch apathogene Stämme einbezieht.

### **Kommensale *E. coli***

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2018 wurden kommensale *E. coli* ausschließlich zum Zweck der Resistenztestung isoliert. Die 1154 Isolate stammten

überwiegend aus den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch und Putenfleisch.

In der Lebensmittelkette Putenfleisch waren Isolate aus der konventionellen Produktion häufiger resistent als Isolate aus der ökologischen Produktion. Dies traf sowohl für die Untersuchungen in der Primärproduktion als auch für das Fleisch im Einzelhandel zu. Da eine Selektion resistenter Mikroorganismen überwiegend in der Tierhaltung stattfindet, sind mutmaßlich die Unterschiede zwischen konventionellem und ökologischem Management der Grund für diese Abweichung. Auch die Isolate aus Blinddarmproben am Schlachthof stammten vermutlich ganz überwiegend aus konventionell bewirtschafteten Tierhaltungen, da der Anteil der ökologischen Produktion an der Putenmast sehr gering ist. Sie wiesen ein ähnliches Resistenzniveau auf wie die Isolate aus dem Bestand und von konventionell produziertem Fleisch im Einzelhandel.

Dass die Resistenzraten sich zwischen Isolaten aus der Tierhaltung und aus dem Fleisch im Einzelhandel kaum unterschieden, unterstreicht die Bedeutung der Verschleppung von Bakterien entlang der Lebensmittelkette vom Schlachttier auf den Schlachtkörper bis zum Fleisch im Einzelhandel. Die Übereinstimmung der Unterschiede zwischen Bestand und Fleisch aus konventioneller und ökologischer Produktion deuten auch darauf hin, dass es zu keiner erheblichen Verschleppung von Bakterien zwischen den beiden Produktionsweisen z. B. am Schlachthof kommt.

Die höchsten Resistenzraten wurden jeweils gegen Ampicillin, Sulfamethoxazol, Trimethoprim, Tetrazyklin und Ciprofloxacin festgestellt. Bei all diesen Substanzen war die Resistenz im konventionellen Bereich höher als im ökologischen. Resistenzen gegen Colistin wurden sowohl im konventionellen (insgesamt 31/396 Isolaten, 7,8 %) als auch im ökologischen Bereich festgestellt (7/164 Isolaten, 4,3 %).

Eine Ausnahme von den geringeren Resistenzraten im ökologischen Bereich stellten interessanterweise die Resistenzraten gegen Cephalosporine der 3. Generation dar. Hier gab es keine signifikanten Unterschiede zwischen der konventionellen und ökologischen Produktion. Cephalosporine der 3. Generation sind für die Behandlung von Geflügel in Deutschland nicht zugelassen.

Resistenzen gegen Meropenem und Tigecyclin wurden weder in Isolaten aus der ökologischen noch in solchen aus der konventionellen Produktion festgestellt.

Die Isolate aus der Hähnchenfleischkette unterschieden sich von denen aus der konventionellen Putenfleischkette darin, dass Resistenzen gegen Ciprofloxacin (51,6 % vs. 36,4 %) und Nalidixinsäure (46,3 % vs. 23,2 %) in der Hähnchenfleischkette häufiger waren. Resistenzen gegen Tetrazyklin waren dagegen seltener

(25,8 % vs. 52,8 %). Ansonsten bestanden keine deutlichen Unterschiede.

Bei den Isolaten aus Blinddarmproben von Puten und Masthähnchen am Schlachthof war die Resistenz im Vergleich zum Jahr 2016 weitgehend unverändert. Nur gegenüber Sulfamethoxazol ergab sich bei den Isolaten von Puten ein deutlicher Anstieg (41,7 % vs. 30,3 %).

Im Ergebnis zeigt sich, dass in der konventionellen Geflügelproduktion im Hinblick auf die Antibiotikaresistenz in 2018 keine Fortschritte erzielt wurden. Es kam im Gegenteil punktuell (Sulfamethoxazol) zu einer Trendumkehr mit einer steigenden Resistenzrate. In der ökologischen Putenproduktion wurden deutlich geringere Resistenzraten festgestellt, allerdings waren auch hier Resistenzraten bis zu 37,2 % gegen Ampicillin und 25,0 % gegen Tetrazyklin festzustellen.

### ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Im Zoonosen-Monitoring 2018 wurden erneut häufig ESBL/AmpC-bildende *E. coli* im Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof nachgewiesen. Der Anteil bestätigter Isolate von den eingesandten Isolaten war mit 98,7 % 2018 deutlich höher als in den Vorjahren, was auf eine ausreichende Spezifität der selektiven Nachweismethode hindeutet.

Bei den Masthähnchen war allerdings die Nachweisrate etwas geringer als im Jahr 2016 (46,8 % vs. 52,6 %). Auch im Hähnchenfleisch waren die Nachweise seltener als 2016 (35,4 % vs. 49,8 %). Im Gegensatz dazu war der Nachweis im Blinddarminhalt bei Mastputen häufiger als in 2016 (48,6 % vs. 36,5 %). Im Putenfleisch zeigte sich hier keine Veränderung zu 2016 (37,6 % vs. 38,8 %). Ein deutlicher Unterschied zeigte sich sowohl in der Tierhaltung als auch beim Fleisch im Einzelhandel zwischen der konventionellen und der ökologischen Produktion. Auf beiden Stufen der Lebensmittelkette war die Nachweisrate in der ökologischen Produktion deutlich niedriger als in der konventionellen Produktion. Allerdings waren auch in der ökologischen Produktion, ähnlich wie bei ökologisch gehaltenen Masthähnchen im Jahr 2016, die Nachweisraten auf beiden Produktionsstufen (Tierhaltung: 36,2 %, Hähnchenfleisch: 12,2 %) beträchtlich.

Die Herkunft der ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in den Geflügelbeständen wird im Rahmen des Monitorings nicht mit erfasst. 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* und die Ausbreitung wirken. In den Untersuchungen zu ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Jahr 2013 wurden auch Elterntierherden der Mastlinie 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, Projahn et al. 2017). Es kann allerdings sein, dass die unterschiedliche Einschätzung auch eine Folge von Veränderungen in der Geflügelhaltung ist. Das Vorkommen dieser Bakterien stand in den letzten Jahren sehr im Fokus von Bemühungen, die Resistenzsituation zu verbessern, was möglicherweise zu einer Verringerung der Prävalenz von ESBL/AmpC bildenden *E. coli* in den Elterntierherden geführt hat. Eine Wiederholung der Untersuchung bei Elterntierherden sollte daher angestrebt werden.

In allen Herkunftstypen dominierten bei der phänotypischen Typisierung die ESBL-Phänotypen. Der Anteil von AmpC-Phänotypen war in der Hähnchenfleischkette geringfügig höher als in der Putenfleischkette (24,1 % vs. 21,0 %). Hier deuten sich erhebliche Unterschiede zu Studien in früheren Jahren an (Irrgang et al. 2018, Kaesbohrer et al. 2019).

Die Ergebnisse unterstreichen, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in der Geflügelpopulation weit verbreitet sind. Sie zeigen auch, dass die Nachweisrate in der ökologischen Putenhaltung geringer ist als in der konventionellen Haltung. Die hohe Nachweisrate auch im Geflügelfleisch deutet darüber hinaus auf eine erhebliche Verschleppung der Keime entlang der Geflügelfleischketten hin. Dies kann für die ökologische Produktionsweise und die konventionelle Produktionsweise beobachtet werden und entspricht den Untersuchungsergebnissen bei *Salmonella*, *Campylobacter*, kommensalen *E. coli* und MRSA. Die Verschleppung von Keimen während des Schlacht- und Verarbeitungsprozesses deutet auf Schwachpunkte in diesen Bereichen hin, die die Übertragung dieser Keime begünstigen. Dass es hier durchaus erregerspezifische Unterschiede geben kann, wurde kürzlich gezeigt. Die Dynamik der quantitativen Belastung im Hähnchenschlachtprozess unterschied sich zwischen *E. coli* und *Campylobacter* (Pacholewicz et al. 2015).

Der Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* mittels selektiver Verfahren auch in Populationen, in denen die zufällig ausgewählten kommensalen *E. coli* geringe Resistenzraten gegenüber Cephalosporinen aufwiesen, besagt, dass diese Keime nur einen gerin-

gen Anteil an der gesamten *E.-coli*-Population in diesen Herkunftstypen ausmachen.

### **Carbapenemase-bildende *E. coli***

Die selektive Untersuchung von Proben aus den beiden Geflügelfleischketten auf das Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* erbrachten wie schon die Untersuchungen im Jahr 2016 keinen positiven Befund. Dies deutet darauf hin, dass Carbapenemresistente *E. coli* in den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch in Deutschland selten sind. Eine weitergehende Untersuchung in Niedersachsen im Rahmen eines Forschungsprojektes mit einer anderen Methodik führte ebenfalls nicht zu einem Nachweis Carbapenem-resistenter *E. coli* im Geflügel. Im Gegensatz dazu waren in der Lebensmittelkette Schweinefleisch 2015 und 2016 Carbapenem-resistente *E. coli* nachgewiesen worden (Irrgang et al. 2017). Eine gezielte Überwachung dieser Resistenztypen ist von besonderer Bedeutung, da vereinzelt positive Nachweise in Deutschland beschrieben wurden (Fischer et al. 2017, Irrgang et al. 2017) und eine Ausbreitung derartiger Resistenzen frühzeitig erkannt werden muss (EFSA\_Panel\_on\_Biological\_Hazards 2013). Daher ist die Fortsetzung dieses spezifischen Monitorings wichtig. Gleichzeitig sollten Anstrengungen unternommen werden, um die Spezifität des Nachweisverfahrens zu erhöhen, da auch in diesem Jahr wieder einige Isolate als Carbapenemase-verdächtig eingesandt wurden, die sich nicht als Carbapenem-resistent erwiesen. Andererseits hatten Nachfolgeuntersuchungen gezeigt, dass zum Teil nur mit erheblichem Aufwand eine Bestätigung eines Erstfundes erfolgen kann (BfR, unveröffentlichte Daten).

### ***Enterococcus faecium/faecalis***

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

Der Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU sieht ihre Untersuchung im Blinddarminhalt von Schlachttieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2018 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Masthähnchen und Mastputen bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Im Jahr 2018 wurden deutlich mehr Isolate getestet als im Jahr 2016. Dabei zeigten sich, wie in den Vorjahren, Unterschiede in den Resistenzen zwischen den Bakterienspezies und den Herkunftstypen.

Bei *E. faecalis* war bereits 2016 ein Unterschied im Resistenzmuster zwischen Isolaten von Masthähnchen und Mastputen beobachtet worden. Gegenüber Tetrazyklin wiesen die Isolate von Puten höhere Resistenzraten auf, gegenüber Erythromycin waren Isolate von Masthähnchen häufiger resistent. Die Ursache für diesen Unterschied ist nicht klar. Er wurde aber 2016 bereits mit deutlich weniger Isolaten beobachtet. Das Niveau der Resistenzraten gegen diese Substanzen war bei *E. faecalis* von Masthähnchen 2018 höher als 2016, bei Isolaten von Puten war der Unterschied nur gering.

Die Resistenzraten gegen andere Substanzen lagen 2018 durchweg unter 10 %, wobei Resistenzen gegen die für die Humanmedizin besonders wichtigen Substanzen Vancomycin, Teicoplanin, Linezolid und Tigecyklin weder bei *E. faecalis* noch bei *E. faecium* beobachtet wurden.

Die Resistenzraten von *E. faecium* waren, wie auch in 2016 von denen von *E. faecalis* verschieden. Die Differenz der Resistenz gegenüber Erythromycin und Tetrazyklin zwischen den beiden Tierarten war nicht so deutlich ausgeprägt, numerisch aber vorhanden. Deutlichere Differenzen zeigten sich bei der Resistenz gegenüber Ciprofloxacin und Ampicillin, die bei Isolaten aus Masthähnchen höher war als bei solchen aus Puten. Auch wurde bei *E. faecium* eine Resistenz gegenüber Daptomycin beobachtet, die bei *E. faecalis* nicht auftrat.

Die Abwesenheit von Resistenzen gegen die humanmedizinisch wichtigen Substanzen steht im Gegensatz zur Situation in der Humanmedizin, wo insbesondere bei *E. faecium* gegenüber Vancomycin und Teicoplanin häufiger Resistenzen beobachtet werden. Auch die Resistenzen gegenüber Ampicillin und Fluorchinolonen sind bei Isolaten aus der Humanmedizin sehr viel häufiger (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, abgefragt am 15.09.2019). Bei Isolaten von *E. faecalis* aus der Humanmedizin ist der Anteil resistenter Isolate gegenüber Ampicillin, Teicoplanin und Vancomycin ebenfalls gering. Der Anteil gegen Fluorchinolon resistenter Isolate ist geringer als bei *E. faecium*, aber deutlich höher als bei den Isolaten vom Geflügel im Zoonosen-Monitoring.

## Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

### **Salmonella spp.**

Die Kontaminationsrate von Schweineschlachtkörpern mit *Salmonella* spp. lag im Zoonosen-Monitoring 2018 bei 5,1 %. Damit waren die Schlachtkörper tendenziell häufiger mit Salmonellen verunreinigt als im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres, in dem 2,9 % der Proben positiv für Salmonellen waren. Dies trifft auch für die untersuchten Proben von Schweinehackfleisch zu, die zu 1,3 % mit Salmonellen kontaminiert waren. Im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres betrug die Salmonellen-Nachweisrate in Schweinehackfleisch 0,7 %. Die nachgewiesenen *Salmonella*-Serovare auf den Schlachtkörpern und im Hackfleisch stimmten überein. Einzelne Schlachthöfe wiesen besonders häufig positive *Salmonella*-Befunde auf, was verdeutlicht, wie wichtig es ist, eine gute Schlachthygiene einzuhalten, um die Verschleppung vom Keimen auf die Schlachtkörper zu verhindern.

Die Ergebnisse der Untersuchungen in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute der letzten Jahre zeigen, dass sich der bis zum Jahr 2014 zu beobachtende Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten auf den Schlachtkörpern und im frischen Fleisch nicht fortsetzt. Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern und Proben von frischem Hähnchenfleisch waren im Zoonosen-Monitoring 2018 zu 7,6 % bzw. 5,6 % und damit etwas häufiger mit Salmonellen kontaminiert als die entsprechenden Proben im Zoonosen-Monitoring 2016 (6,7 % bzw. 4,7 % positive Proben). In den Halshautproben von Mastputenschlachtkörpern wurden Salmonellen sogar zu 22,7 % und damit fast doppelt so häufig nachgewiesen wie im Zoonosen-Monitoring 2016 (11,9 % positive Proben). Frisches konventionelles Putenfleisch war mit 4,0 % positiver Proben ebenfalls etwas häufiger mit Salmonellen kontaminiert als Putenfleisch im vorherigen Untersuchungsjahr (2,6 % positive Proben). Frisches Putenfleisch aus ökologischen Haltungen wies eine Kontaminationsrate von 2,9 % auf.

Im Blinddarminhalt von Mastputen und Masthähnchen wurden Salmonellen mit 0,2 % bzw. 1,9 % posi-

tiver Proben im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2016 dagegen etwas seltener nachgewiesen (1,0 % bzw. 2,3 % positive Proben). Die häufigen Schlachtkörperkontaminationen weisen – trotz der insbesondere bei Mastputen niedrigen Nachweisraten von Salmonellen im Blinddarminhalt der Schlachttiere – auf eine erhebliche Verschleppung der Keime bzw. auf Kreuzkontaminationen bei der Geflügelschlachtung hin. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass neben Maßnahmen in den landwirtschaftlichen Betrieben auch Verbesserungen der Hygienepraktiken bei der Schlachtung von Masthähnchen und Mastputen unbedingt notwendig sind, um die Kontamination des Fleisches mit Salmonellen zu verhindern. Auffallend war, dass zwischen den einzelnen Schlachthöfen sowohl bei den Masthähnchen als auch bei den Mastputen erneut deutliche Unterschiede in der Häufigkeit der Kontamination der Schlachtkörper mit Salmonellen auftraten. Der häufige Nachweis einzelner *Salmonella*-Serovare in den Halshautproben von Mastputen weist auf eine Verschleppung schlachthofspezifischer *Salmonella*-Stämme auf die Schlachtkörper hin, zumal im Blinddarminhalt der Mastputen Salmonellen nur sehr selten nachgewiesen wurden.

Aufgrund der offenkundigen Variabilität des Anteils positiver Proben sollten die Schlachthöfe zur strikten Einhaltung der Prozesshygienekriterien nach Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 für Salmonellen auf Schlachtkörpern von Geflügel angehalten werden. Bei Überschreitung sollten entsprechende Maßnahmen eingeleitet werden.

Mit 0,2 % positiver Proben stellen Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Salmonella* spp. dar. Im Vergleich hierzu wurden in Rohwürsten aus Schweinefleisch im Zoonosen-Monitoring 2017 keine Salmonellen nachgewiesen.

In keiner Probe von unbehandelten Sesamsaaten aus dem Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen. Allerdings ist nicht auszuschließen, dass aufgrund von geringen Keimzahlen und/oder einer ungleichmäßigen

Verteilung von Salmonellen in der Matrix, positive Chargen von Sesamsaaten nicht identifiziert wurden. Möglicherweise sind größere Probemengen notwendig, um Salmonellen in Sesamsaaten zuverlässig nachweisen zu können. Hierfür spricht, dass Sesamsaaten wiederholt Ursache lebensmittelbedingter Salmonellose-Ausbrüche beim Menschen waren.

In Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate zeigte sich wie bereits in den Vorjahren eine starke Heterogenität der Resistenzsituation bei Salmonellen. Insgesamt waren lediglich 35,0 % der Isolate sensibel gegen alle getesteten Antibiotika, wobei die Salmonella-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastschwein häufiger sensibel waren (52,0 %) als die Isolate aus den Lebensmittelketten Masthähnchen (28,6 %) und Mastpute (35,9 %). Während alle getesteten Salmonella-Isolate aus Hähnchenfleisch zumindest gegen eine Testsubstanz resistent waren, wiesen nur 50 % der Salmonella-Isolate von Hähnchenschlachtkörpern eine Resistenz auf. Dies hängt damit zusammen, dass im Jahr 2018 der Anteil an *S. Agona*-Isolaten – die sich durch sehr geringe Resistenzraten auszeichnen – auf den Schlachtkörpern besonders hoch war, während im Hähnchenfleisch häufig das Serovar *S. Infantis* auftrat, das sich durch hohe Resistenzraten auszeichnet und auch bei erkrankten Menschen häufig nachgewiesen wird. 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 häufig Resistenzen gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin (47,7 %) auf, das als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen gilt. Auch hier waren die Isolate aus den Lebensmittelketten Masthähnchen (62,3 %) und Mastpute (47,9 %) deutlich häufiger resistent als die Isolate aus der Lebensmittelkette Mastschwein (4,0 %).

### ***Campylobacter* spp.**

Die Nachweisraten von *Campylobacter* spp. in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute liegen unverändert auf einem hohem Niveau. Mit 41,6 % positiver Proben von Blinddarminhalt waren Masthähnchen ähnlich häufig Träger von *Campylobacter* wie im Zoonosen-Monitoring 2016 (43,5 % positive Proben). In 46,3 % der Halshautproben ließen sich *Campylobacter* mittels der quantitativen Methode nachweisen. Der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1000 KbE/g ist mit 22,6 % trotz Einführung eines Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* auf Masthähnchen-

schlachtkörpern im Jahr 2018 etwa gleich hoch wie in den Jahren zuvor (2013: 19,4 %; 2016: 24,1 %, 2017: 22,7 %). Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring werden zeigen, inwieweit der eingeführte Grenzwert zu einer Verbesserung der Situation führt. Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 47,8 % und damit in derselben Größenordnung wie in den vorherigen Jahren (2014: 54,0 % positive Proben, 2016: 47,2 % positive Proben, 2017: 51,8 %).

Mastputen waren mit 64,3 % positiver Proben von Blinddarminhalt erneut noch deutlich häufiger mit *Campylobacter* besiedelt als Masthähnchen. Gegenüber der letzten Untersuchung ist die *Campylobacter*-Nachweisrate im Blinddarm der Mastputen dennoch signifikant gesunken (2016: 75,5 % positive Proben). Frisches konventionell erzeugtes Putenfleisch wies – wie bereits in den Vorjahren – mit knapp 19,4 % positiver Proben eine geringere Kontaminationsrate mit *Campylobacter* spp. auf als frisches Hähnchenfleisch. Auffallend war, dass Putenfleisch aus ökologischer Haltung mit 32,7 % positiver Proben signifikant häufiger mit *Campylobacter* kontaminiert war als konventionell erzeugtes Putenfleisch. Eine Erklärung für die höhere Prävalenz von *Campylobacter* in ökologisch erzeugtem Putenfleisch im Vergleich zu konventionell erzeugtem Putenfleisch gibt es zum jetzigen Zeitpunkt nicht. Hierfür sind weitere Untersuchungen entlang der Lebensmittelkette von Mastputen beider Produktionsformen notwendig.

Der Anteil *Campylobacter*-positiver Proben von streichfähigen Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch betrug 0,5 %. Damit stellen Rohwürste aus Geflügelfleisch ein mögliches Vehikel für die Übertragung von *Campylobacter* auf den Menschen dar.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette zu verringern, weiterhin intensiviert werden müssen. Hierzu soll das im Jahr 2018 eingeführte Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern von 1000 KbE/g beitragen, da bei Nichteinhaltung der Anforderungen entsprechende Maßnahmen zur Sicherstellung der Prozesshygiene eingeleitet werden müssen. Mit den fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring können die Auswirkungen dieses Grenzwertes beurteilt werden. Da es den Schlachthöfen offenbar unterschiedlich gut gelingt, die Verschleppung von *Campylobacter* zu begrenzen, sollte zukünftig der Fokus von Minimierungsstrategien in einem Vergleich von Schlachthöfen liegen, um ge-

eignete Maßnahmen zu identifizieren, die die Keimzahl auf dem Schlachtkörper reduzieren.

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 wird.

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 Mastpute bei beiden *Campylobacter*-Spezies gegenüber den (Fluor)Chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure auf, wobei die ermittelten Resistenzraten von 87,1 % bei *C. coli* und 74,1 % bei *C. jejuni* weitgehend den im Zoonosen-Monitoring 2016 beobachteten Werten entsprachen. Auffallend war, dass die *Campylobacter*-Isolate aus ökologisch erzeugtem Fleisch insgesamt niedrigere Resistenzraten aufwiesen als die Isolate aus konventionell erzeugtem Putenfleisch.

Als positiv zu bewerten ist, dass die Resistenzrate der *Campylobacter*-Isolate gegenüber dem Wirkstoff Erythromycin insgesamt gering ist. Sie liegt auf demselben Niveau wie im Jahr 2016 und damit deutlich unter den Werten aus dem Jahr 2014. Dies ist insofern von Bedeutung, als es sich hierbei um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der *Campylobacter*-Infektion des Menschen von Bedeutung ist. Möglicherweise steht die Abnahme der Resistenzrate gegenüber Erythromycin im Zusammenhang mit dem im Vergleich zum Jahr 2014 geringeren Einsatz von Makroliden bei Masthähnchen und Mastputen.

### ***Listeria monocytogenes***

Frisches Hähnchenfleisch war mit 15,4 % positiver Proben häufig mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert. Dabei ist zu bedenken, dass es sich bei frischem Hähnchenfleisch nicht um ein verzehrfertiges Lebensmittel handelt, sondern in der Regel vor dem Verzehr eine Hitzebehandlung erfolgt.

Untersuchungen am Schlachthof im Zoonosen-Monitoring 2013 haben gezeigt, dass Masthähnchen selbst kein bedeutendes Reservoir für *L. monocytogenes* zu sein scheinen, da in keiner Probe von Blinddarminhalt *L. monocytogenes* nachgewiesen wurden. Somit weisen die Ergebnisse darauf hin, dass eine Kontamination des Hähnchenfleisches bei der Gewinnung und Verarbeitung des Fleisches erfolgt. Eine mög-

liche Ursache wäre eine mangelhafte Betriebshygiene. Hierzu sind weitere Untersuchungen entlang der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch erforderlich, die auch auf Putenfleisch ausgedehnt werden sollten.

In 3,4 % der Proben von streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch wurden *L. monocytogenes* mittels der qualitativen Methode nachgewiesen. Allerdings waren die Keimzahlen gering, da in keiner Probe Listerien oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g der quantitativen Methode nachgewiesen wurden. Im Vergleich hierzu wurden in streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres in einzelnen Proben Keimgehalte an *L. monocytogenes* gemessen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen (220 KbE/g und 550 KbE/g).

In Proben von vegetarischem Wurstaufschnitt wurden keine *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. Aus diesen Ergebnissen lässt sich somit eine Ansteckungsgefahr des Menschen mit *L. monocytogenes* durch vegetarischen Wurstaufstrich nicht ableiten.

### **Shigatoxinbildende *Escherichia coli* (STEC)**

In keiner der untersuchten Proben von unbehandelten Sesamsaaten wurden STEC nachgewiesen, sodass sich daraus keine besondere Bedeutung von unbehandelten Sesamsaaten als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit diesen Keimen ableiten lässt. Möglicherweise sind aber, wie für den Nachweis von Salmonellen, auch in Bezug auf STEC größere Probenmengen notwendig, um den Erreger sicher nachweisen zu können.

### **Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)**

Frisches Hähnchenfleisch war mit 16,4 % positiver Proben etwas häufiger mit MRSA kontaminiert als im Zoonosen-Monitoring 2016 (13,0 % positive Proben). Der Wert liegt dennoch deutlich unter den Befunden der Vorjahre (2009: 23,7 % positive Proben, 2011: 7,7 % positive Proben, 2013: 24,2 % positive Proben). Die Ursache für den beobachteten Rückgang der MRSA-Nachweisraten in frischem Hähnchenfleisch ist nicht bekannt. Die fortlaufenden Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring werden zeigen, ob sich hieraus ein Trend entwickelt.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Proben aus konventionellen Mastputenbetrieben und von konventionell erzeugtem Putenfleisch auf das Vorkommen von MRSA decken sich mit den Erkenntnissen der Vorjahre und bestätigen, dass MRSA sowohl in den Beständen (17,2 % positive Staubproben) als auch in frischem Putenfleisch (42,7 % positive Proben) häufig vorkommen. Auffallend war, dass MRSA in den Staubproben aus ökologischen Putenbetrieben (2,7 % positive Proben) und in den Proben von ökologisch erzeugtem Putenfleisch (11,0 % positive Proben) deutlich seltener nachgewiesen wurden als in konventionellen Haltungen und konventionell erzeugtem Fleisch.

Die Übertragung von MRSA auf den Menschen scheint über den Verzehr von Lebensmitteln von untergeordneter Rolle zu sein. Verbraucher sollten dennoch im Umgang mit Lebensmitteln die auch im Hinblick auf andere Zoonoseerreger erforderliche Sorgfalt aufwenden.

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. MRSA-Isolate aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch wiesen gegenüber der Mehrzahl der getesteten Substanzen niedrigere Resistenzraten auf als MRSA-Isolate aus konventionell erzeugtem Putenfleisch. Die Unterschiede waren besonders groß gegenüber dem in der Humanmedizin wichtigen Wirkstoff Ciprofloxacin (65,2 % vs. 28,4 %). Als positiv zu bewerten ist, dass nur wenige MRSA-Isolate aus Putenfleisch gegenüber den Antibiotika Linezolid, Rifampin und Mupirocin, die für die Therapie von MRSA beim Menschen besonders wichtig sind, resistent waren.

### ***Yersinia enterocolitica***

In 2,4 % der Proben von Schweinehackfleisch wurden *Yersinia enterocolitica* nachgewiesen. Dabei ist davon auszugehen, dass darunter auch wenige apathogene Stämme nachgewiesen wurden. Die Ergebnisse bestätigen bekannte Befunde und unterstreichen, dass Schweinehackfleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit pathogenen *Y. enterocolitica* darstellt. Rohes Schweinehackfleisch sollte deshalb nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden.

### ***Clostridioides difficile***

Mit 0,7 % positiver Proben stellt Schweinehackfleisch ein potenzielles Vehikel für die Übertragung von *C. difficile* auf den Menschen dar. Dies konnte bereits im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres gezeigt werden, in dem in 1,4 % der Proben von Schweinehackfleisch *C. difficile* nachgewiesen wurde.

Die beiden aus Schweinehackfleisch stammenden *C.-difficile*-Isolate waren toxinogen und vom Ribotyp 078 und 126. Der Ribotyp 078 wurde bereits im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres nachgewiesen und kommt häufig beim Schwein vor, sodass hier Mast Schweine als Quelle der Verunreinigung denkbar sind. Die Bedeutung von *C.-difficile*-Stämmen von Schweinen als Auslöser für Erkrankungen beim Menschen ist derzeit Gegenstand von Forschungsaktivitäten.

### **Kommensale *Escherichia coli***

Die Resistenzraten der *E.-coli*-Isolate aus der konventionellen Masthähnchen- und Mastputenproduktion lagen im Zoonosen-Monitoring 2018 weitgehend auf dem Niveau der Vorjahre, wobei es in Bezug auf einzelne Wirkstoffe sogar zu einer Steigerung der Resistenzrate gekommen ist. Auffallend war, dass *E.-coli*-Isolate aus ökologischen Mastputenbetrieben und aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch insgesamt deutlich niedrigere Resistenzraten (48,2 %) aufwiesen als die entsprechenden Isolate aus der konventionellen Produktion (77,3 %). Außerdem traten bei Isolaten aus der ökologischen Produktion seltener Multiresistenzen gegen drei oder mehr Substanzklassen auf als bei Isolaten aus Mastputenbetrieben und Putenfleisch der konventionellen Produktionsform (17,7 % vs. 42,9 %). *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Masthähnchen waren gegenüber Ciprofloxacin (51,6 % resistente Isolate) und Nalidixinsäure (46,3 % resistente Isolate) häufiger resistent als *E.-coli*-Isolate aus der konventionellen Mastputenproduktion (36,4 % bzw. 23,2 % resistente Isolate).

### **ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli***

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden mittels selektiver Verfahren in etwa der Hälfte der untersuchten Kotproben aus konventionellen Mastputenbetrieben (51,8 % positive Proben) und in etwa der Hälfte der Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof (48,6 % positive Proben) nachgewiesen. Konventionell erzeugtes Putenfleisch war zu 36,8 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. Im

Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2016, in dem 36,5 % der Proben von Blinddarminhalt positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, ist die Nachweisrate bei den Tieren im letzten Jahr deutlich höher. Die Ergebnisse der Untersuchungen von konventionellem Putenfleisch stimmen hingegen mit den Werten aus 2016 überein (38,8 % positive Proben). Auffallend war, dass Kotproben aus ökologisch wirtschaftenden Mastputenbetrieben und insbesondere Proben von ökologisch erzeugtem Putenfleisch mit Nachweisraten von 36,8 % bzw. 12,2 % deutlich seltener positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* als die entsprechenden Proben aus konventionellen Haltungen waren. Diese beobachteten Unterschiede können mit der im Vergleich zu konventionellen Mastputenbetrieben 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.

In Proben von frischem Hähnchenfleisch wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu 35,4 % und damit deutlich seltener nachgewiesen als in Hähnchenfleischproben aus dem Zoonosen-Monitoring 2016 (49,8 % positive Proben). Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof lag bei 46,8 % und damit ebenfalls unter dem Wert von 2016 (52,6 %). Damit setzt sich der in den letzten Jahren zu beobachtende abnehmende Trend im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in der Lebensmittelkette Masthähnchen fort.

### **Carbapenemase-bildende *Escherichia coli***

Von den mit Verdacht auf ESBL/AmpC-Bildung bzw. Carbapenem-Resistenz eingesandten Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof und aus frischem Hähnchenfleisch wurden keine Isolate phänotypisch als Carbapenem-resistente *E. coli* bestätigt.

### ***Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium***

Die Isolate von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute waren zu 80 % bis 90 % resistent gegenüber

mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Die im Zoonosen-Monitoring 2016 von Masthähnchen und Mastputen stammenden Isolate wiesen etwas niedrigere Resistenzraten von 70 % bis 80 % auf. Bei beiden Spezies traten erneut hohe Resistenzraten gegenüber Tetrazyklin und Erythromycin auf.

### **Fazit**

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

Die Ergebnisse der Untersuchungen in den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastpute und Mastschwein lagen im Zoonosen-Monitoring 2018 in vielen Bereichen in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren.

Allerdings setzte sich der in den letzten Jahren zu beobachtende abnehmende Trend der Salmonellen-Nachweisrate in der Lebensmittelkette Mastschwein im Zoonosen-Monitoring 2018 nicht fort. Auf den Schweineschlachtkörpern und im Schweinehackfleisch wurden Salmonellen etwas häufiger nachgewiesen als im Vorjahr.

Schweinehackfleisch stellt eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit krank machenden Keimen dar. Rohes Hackfleisch ist deshalb kein geeignetes Lebensmittel für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere.

Die Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den Geflügelbeständen hatten in den vergangenen Jahren zu einem Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute geführt, der auch von einem Rückgang der Zahl der Salmonellosefälle beim Menschen begleitet war. Die Belastung von Geflügelschlachtkörpern und Geflügelfleisch mit Salmonellen ist seit 2014 allerdings nicht weiter gesunken. Während in der Lebensmittelkette Masthähnchen seit einigen Jahren etwa gleichbleibende Salmonellen-Nachweisraten gesehen werden, hat die Kontamination von Putenschlachtkörpern noch deutlich zugenommen. Das ist besorgniserregend, da auf den Schlachtkörpern häufig *S. Typhimurium* nachgewiesen wird, das zu den Serovaren gehört, die am häufigsten Infektionen beim Menschen hervorrufen.

Die Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit, dass in diesem Bereich weitere Anstrengungen unternommen werden müssen, um die Schlachthygiene zu verbessern.

Bei der Reduzierung von *Campylobacter* in der Lebensmittelkette Masthähnchen wurden weiterhin keine Fortschritte erzielt: Knapp ein Viertel der Schlachtkörper wiesen Keimzahlen von über 1000 KBE/g auf, sodass sich das seit dem letzten Jahr geltende Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* bisher nicht auf die Ergebnisse im Zoonosen-Monitoring ausgewirkt hat.

Da es den Schlachthöfen offenbar unterschiedlich gut gelingt, die Verschleppung von *Campylobacter* auf die Schlachtkörper zu vermeiden, sollte der Fokus von Minimierungsstrategien in einem Vergleich von Schlachthöfen liegen, um geeignete Maßnahmen zu identifizieren, die die Keimzahl auf dem Schlachtkörper reduzieren.

Als positiv zu bewerten ist, dass in Bezug auf MRSA und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in der Lebensmittelkette Masthähnchen auf allen Ebenen rückläufige Nachweisraten zu verzeichnen sind.

Dies trifft für die Lebensmittelkette Mastpute nicht zu. Auffallend war hier, dass MRSA und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in ökologischen Putenbetrieben und in ökologisch erzeugtem Putenfleisch deutlich seltener als in konventionellen Haltungen und konventionell erzeugtem Fleisch nachgewiesen wurden.

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

Die Ergebnisse belegen, dass Rohwürste aus Hähnchen- und/oder Putenfleisch ein mögliches Vehikel für die Übertragung verschiedener Zoonoseerreger auf den Menschen darstellen und unterstützen die Empfehlung, dass diese Produkte nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden sollten.

Die Ergebnisse von unbehandelten Sesamsaaten und vegetarischem Wurstaufschnitt lassen kein erkennbares Risiko für eine Infektion des Menschen mit *Salmonella* spp., STEC oder *Listeria monocytogenes* erkennen.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen zeigen, dass die Resistenzraten unter den Nutztieren in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute am höchsten sind, was den im Vergleich zu Rindern und Schweinen häufigeren Einsatz von Antibiotika bei dieser Tiergruppe widerspiegelt. Ähnlich wie es bereits im Zoonosen-Monitoring 2016 in der Lebensmittelkette Masthähnchen beobachtet wurde, wiesen Bakterien-Isolate aus ökologisch wirtschaftenden Mastputenbetrieben und aus ökologisch erzeugtem Putenfleisch deutlich geringere Resistenzraten auf als Isolate aus der konventionellen Produktion. Dies ist vermutlich auf den geringeren Antibiotikaeinsatz bei ökologisch gehaltenen Tieren im Vergleich zu Geflügel aus konventionellen Betrieben zurückzuführen. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, den Antibiotikaeinsatz durch weitere Verbesserungen der Tiergesundheit beim Geflügel zu senken, weiter verstärkt werden müssen, um eine Reduktion der Resistenzraten zu erreichen. Ein Schwerpunkt hierbei sollte auch die Reduktion des Einsatzes kritischer Antibiotika sein. Die Dringlichkeit der Verringerung des Einsatzes von Fluorchinolonen wird durch die sehr hohen Resistenzraten gegen diese Substanzklasse unterstrichen. Aber auch der

Einsatz von Colistin muss aufgrund der identifizierten übertragbaren Resistenzgene und der gestiegenen Bedeutung der Substanz für die Humanmedizin weiter eingeschränkt werden.

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

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

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

## 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
- Argudin, M., B. A. Tenhagen, A. Fetsch, J. Sachsenröder, A. Käsbohrer, A. Schroeter, J. Hammerl, S. Hertwig, R. Helmuth, J. Braunig, M. C. Mendoza, B. Appel, M. R. Rodicio und B. Guerra (2011): Virulence and resistance determinants of German *Staphylococcus aureus* ST398 isolates from non-human sources. *Applied and Environmental Microbiology* 77:3052–3060
- Bancerz-Kisiel, A., M. Pieczywek, P. Lada und W. Szweda (2018): The Most Important Virulence Markers of *Yersinia enterocolitica* and Their Role during Infection. *Genes (Basel)* 9(5)doi: 10.3390/genes9050235
- Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (1999): *Yersinia enterocolitica*. Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 42: 613–621
- Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (2001): Hepatitis-A-Virus (HAV). Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 44:844–850
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen. <https://www.bfr.bund.de>
- BfR (2009b): Grundlagenstudie zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. und *Salmonella* spp. in Schlachtkörpern von Masthähnchen vorgelegt. [http://www.bfr.bund.de/cm/343/grundlagenstudie\\_zum\\_vorkommen\\_von\\_campylobacter\\_spp\\_und\\_salmonella\\_spp\\_in\\_schlachtkoerpern\\_von\\_masthaehnchen\\_vorgelegt.pdf](http://www.bfr.bund.de/cm/343/grundlagenstudie_zum_vorkommen_von_campylobacter_spp_und_salmonella_spp_in_schlachtkoerpern_von_masthaehnchen_vorgelegt.pdf)
- BfR (2011): ESBL-bildende Bakterien in Lebensmitteln und deren Übertragbarkeit auf den Menschen. Stellungnahme Nr. 002/2012 des BfR vom 5. Dezember 2011. [http://www.bfr.bund.de/de/a-z\\_index/esbl\\_bildende\\_bakterien-127699.html](http://www.bfr.bund.de/de/a-z_index/esbl_bildende_bakterien-127699.html)
- BfR (2014a): Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin. [www.bfr.bund.de](http://www.bfr.bund.de)
- BfR (2014b): Salmonella-Bekämpfungsprogramm gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003: Ergebnisse für das Jahr 2013
- BfR (2015a): Fragen und Antworten zu ESBL- und/oder AmpC-bildenden antibiotikaresistenten Keimen. [www.bfr.bund.de](http://www.bfr.bund.de)
- BfR (2015b): Salmonella-Bekämpfungsprogramm gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003: Ergebnisse für das Jahr 2014
- BfR (2016): Antibiotikaresistenz: Carbapenemase-bildende Keime in Nutztierbeständen. Aktualisierte Mitteilung Nr. 036/2016 des BfR vom 23.12.2016. <https://www.bfr.bund.de>
- 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
- BMEL (2019): Bericht des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft über die Evaluierung des Antibiotikaminimierungskonzepts der 16. AMG-Novelle, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft.

- 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](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2012): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2011. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2017a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. [www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring](http://www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring)
- BVL (2017b): 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. 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
- Centers for Disease and Prevention (2012): Multistate Outbreak of Salmonella Serotype Bovismorbificans Infections Associated with Hummus and Tahini – United States, 2011. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep* 61(46):944-947
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds blaCTX-M genes in different plasmids from German clinical *Escherichia coli* isolates. *J Med Microbiol* 59: 580-587
- Debast, S., A. L. van Leengoed, A. Goorhuis, C. Harmanus, E. Kuijper und A. Bergwerff (2009): *Clostridium difficile* PCR ribotype 078 toxinotype V found in diarrhoeal pigs identical to isolates from affected humans. *Environmental Microbiology* 11: 505-511
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Surveillance reports.
- EFSA (2007): Request for updating the former SCVPH opinion on *Listeria monocytogenes* risk related to ready-to-eat foods and scientific advice on different levels of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods and the related risk for human illness, Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards. *EFSA Journal* 599:1-42. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/599>
- EFSA (2009a): Analysis of the baseline survey on the prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in holdings with breeding pigs in the EU, 2008. Part A: MRSA prevalence estimates. *EFSA Journal* 7(11):1376 <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/1376>
- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. *EFSA Journal* 993:1-73. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. *EFSA Journal*, 8(1):1437, [89 pp.]

- EFSA (2011): Scientific Opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. *EFSA Journal* 9(4): 2105. [http://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/scientific\\_output/files/main\\_documents/2105.pdf](http://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/scientific_output/files/main_documents/2105.pdf)
- EFSA (2012a): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. *EFSA Journal* 10 (10):2897
- EFSA (2012b): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in *Salmonella*, *Campylobacter* and indicator *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. bacteria transmitted through food. *EFSA Journal* 10(6):2742
- EFSA (2015): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2013. *EFSA-Journal* 13(1):3991
- EFSA und ECDC (2017a): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2016. *EFSA-Journal* 15(12):5077
- EFSA und ECDC (2017b): Rapid Outbreak Assessment: Multi-country outbreak of new *Salmonella enterica* 11:z41:e,n,z15 infections associated with sesame seeds – 13 June 2017. EFSA supporting publication. EN-1256:10. doi: 10.2903/sp.efsa.2017.EN-1256
- EFSA und ECDC (2018): The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA Journal* 2018;16(12):5500
- 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. *Poult 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. Schmogger, 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
- Flor, M., A. Käsbohrer, H. Kaspar, B.-A. Tenhagen, J. Wallmann, and A. A. v. B. u. BVL (2019): Beiträge zur Evaluierung der 16. AMG-Novelle – Themenkomplex 1: Entwicklung der Antibiotikaabgabe- und -verbrauchsmengen sowie der Therapiehäufigkeit, Berlin.
- Fosse, J., H. Seegers und C. Magras (2008): Foodborne zoonoses due to meat: a quantitative approach for a comparative risk assessment applied to pig slaughtering in Europe. *Vet Res* 39(1):1. doi: 10.1051/vetres:2007039
- Frank, C., S. Kapfhammer, D. Werber, K. Stark und L. Held (2008): Cattle Density and Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Infection in Germany: Increased Risk for Most but Not All Serogroups. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 8:635-644
- Fredriksson-Ahomaa, M., M. Bucher, C. Hank, A. Stolle und H. Korekala (2001): High Prevalence of *Yersinia enterocolitica* 4:O3 on Pig Offal in Southern Germany: A Slaughtering Technique Problem. *System. Appl. Microbiol.* 24, 457-463
- Fredriksson-Ahomaa, M., A. Stolle und R. Stephan (2007): Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pigs slaughtered at a Swiss abattoir. *International Journal of Food Microbiology* 119, 207-212
- 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

- Gill, A., C. Carrillo, M. Hadley, R. Kenwell und L. Chui (2019): Bacteriological analysis of wheat flour associated with an outbreak of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O121. *Food microbiology* 82:474-481. doi: 10.1016/j.fm.2019.03.023
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hartung, M. und A. Käsbohrer (2013): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2011. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, and A. Käsbohrer. 2014. Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2012. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2016): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2014. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018a): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018b): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2016. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- 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. Schmoger, 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
- Irrgang, A., J. A. Hammerl, L. Falgenhauer, E. Giral, S. Schmoger, C. Imirzalioglu, J. Fischer, B. Guerra, T. Chakraborty und A. Käsbohrer (2018): Diversity of CTX-M-1-producing *E. coli* from German food samples and genetic diversity of the blaCTX-M-1 region on IncI1 ST3 plasmids. *Veterinary microbiology* 221:98-104. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.06.003
- Kaase, M. (2012): Carbapenemasen bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhaus-erreger. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 55:1401-1404
- Kaesbohrer, A., K. Bakran-Lebl, A. Irrgang, J. Fischer, P. Kampf, A. Schiffmann, C. Werckenthin, M. Busch, L. Kreienbrock und K. Hille (2019): Diversity in prevalence and characteristics of ESBL/pAmpC producing *E. coli* in food in Germany. *Veterinary microbiology* 233:52-60. doi: 10.1016/j.vetmic.2019.03.025
- Kittl, S., G. Heckel, B. M. Korczak und P. Kuhnert (2013): Source attribution of human *Campylobacter* isolates by MLST and fla-typing and association of genotypes with quinolone resistance. *Plos One* 8(11):e81796. doi: 10.1371/journal.pone.0081796
- Knetsch, C. W., M. P. Hensgens, C. Harmanus, M. W. van der Bijl, P. H. Savelkoul, E. J. Kuijper, J. Corver und H. C. van Leeuwen (2011): Genetic markers for *Clostridium difficile* lineages linked to hypervirulence. *Microbiology (Reading, England)* 157(Pt 11):3113-3123. doi: 10.1099/mic.0.051953-0
- Knetsch, C., T. Connor, A. Mutreja, S. van Dorp., I. Sanders., H. Browne, D. Harris, L. Lipman, E. Keessen, J. Corver et al. (2014): Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Euro Surveill.* 19:1-12. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.45.20954
- Knetsch, C. W., N. Kumar, S. C. Forster, T. R. Connor, H. P. Browne, C. Harmanus, I. M. Sanders und S. R. Harris (2018): Zoonotic Transfer of *Clostridium difficile* Harboring Antimicrobial Resistance between Farm Animals and Humans. *J Clin Microbiol.* 22;56(3). pii: e01384-17. doi: 10.1128/JCM.01384-17
- Knight, D., B. Elliott, B. Chang, T. Perkins und T. Riley (2015): Diversity and Evolution in the Genome of *Clostridium difficile*. *Clinical Microbiology Reviews* 28, 721-741 doi:10.1128/CMR.00127-14
- Knight, D. R. und T. V. Riley (2019): Genomic Delineation of Zoonotic Origins of *Clostridium difficile*. *Front Public Health* 7:164. doi: 10.3389/fpubh.2019.00164

- 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
- Kuijper, E. und J. van Dissel (2008): Spectrum of *Clostridium difficile* infections outside health care facilities. *CMAJ* 179(8): 747-748
- 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, C. Cuny, I. Noll, M. Abu Sin, T. Eckmanns und G. Werner (2018): Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016. *Epidemiologisches Bulletin* 2018 (Nr. 5):57-62
- Locatelli, C., P. Cremonesi, L. Bertocchi, M. G. Zanoni, A. Barberio, I. Drigo, G. Varisco, B. Castiglioni, V. Bronzo und P. Moroni (2016): Short communication: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in bulk tank milk of dairy cows and effect of swine population density. *J Dairy Sci* 99(3):2151-2156. doi: 10.3168/jds.2015-9940
- Lübbert, C., E. John und L. von Müller (2014): *Clostridium difficile*-Infektion. Leitliniengerechte Diagnostik- und Behandlungsoptionen. *Dtsch Arztebl*; 111: 723-31. DOI: 10.3238/arztebl.2014.0723
- Mäde, D., A. C. Geuthner, R. Imming und A. Wicke (2017): Detection and isolation of Shiga-Toxin producing *Escherichia coli* in flour in Germany between 2014 and 2017. *J Verbrauch Lebensm* 12(3):245-253. doi: 10.1007/s00003-017-1113-1
- Mäde, D., K. Trubner, E. Neubert, M. Hohne und R. Johne (2013): Detection and Typing of Norovirus from Frozen Strawberries Involved in a Large-Scale Gastroenteritis Outbreak in Germany. *Food Environ Virol* doi: 10.1007/s12560-013-9118-0
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin
- Messelhäuser, U., H. Beck, P. Gallien, B. Schalch und U. Busch (2008): Presence of Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* and thermophilic *Campylobacter* spp. in cattle, food and water sources on Alpine pastures in Bavaria. *Arch. Lebensmittelhyg.* 59:103-106
- Metelmann, C., K. Schulz, R. Geldschläger-Canda, S. Plötz und W. Handrick (2010): Listeriose bei Erwachsenen – Fallberichte und Literatur-Übersicht. *Wien Klin Wochenschr* 122:354-359
- 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
- Niemann, J.-K., T. Alter, G. Gözl, E. Tietze, A. Fruth, W. Rabsch, C. Münchhausen, R. Merle und L. Kreienbrock (2016): Simultaneous occurrence of *Salmonella enterica*, *Campylobacter* spp. and *Yersinia enterocolitica* along the pork production chain from farm to meat processing in five conventional fattening pig herds in Lower Saxony. *Berliner und Münchener tierärztliche Wochenschrift*, 129, 296-303
- Nordmann, P., T. Naas und L. Poirel (2011): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Emerging Infectious Diseases* 17, 1791-1798
- Nordmann, P., L. Poirel und L. Dortet (2012): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. Rapid Detection of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Emerging Infectious Diseases* 18, 1503-1507
- 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.ijfoodmicro.2015.04.006

- Paine, S., C. Thornley, M. Wilson, M. Dufour, K. Sexton, J. Miller, G. King, S. Bell, D. Bandaranayake und G. Mackereth (2014): An outbreak of multiple serotypes of salmonella in New Zealand linked to consumption of contaminated tahini imported from Turkey. *Food-borne Pathog Dis* 11(11):887-892. doi: 10.1089/fpd.2014.1773
- Pauly, N., H. Wichmann-Schauer, B. Ballhausen, N. Torres Reyes, A. Fetsch und B.-A. Tenhagen (2019): Detection and quantification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in fresh broiler meat at retail in Germany. *Int J Food Microbiol* 292:8-12. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.025
- Pfeifer, Y. (2010): ESBL, AmpC und Carbapenemasen: Vorkommen, Verbreitung und Diagnostik  $\beta$ -Lactamase-bildender Gram-negativer Krankheitserreger *J Lab Med* 34:205-215
- Pfeifer, Y. und C. Eller (2012): Aktuelle Daten und Trends zur  $\beta$ -Lactam-Resistenz bei gramnegativen Infektionserregern. *Bundesgesundheitsblatt* 55: 1405-2409
- Pfennigwerth, N. (2018): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhaus-erreger – Zeitraum 1. Januar 2017 – 31. Dezember 2017. *Epid Bull*; 28:263 – 267 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-034
- Plaza-Rodríguez, C., A. Käsbohrer und B.-A. Tenhagen (2019): Probabilistic model for the estimation of the consumer exposure to methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* due to cross-contamination and recontamination. *Microbiologyopen* Prepublished online doi: DOI: 10.1002/mbo3.900
- 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.
- RKI (2008): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2007. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2009): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2008. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2011a): EHEC-Erkrankung, RKI-Ratgeber [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_EHEC.html#doc2374530bodyText9](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_EHEC.html#doc2374530bodyText9)
- RKI (2011b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2010. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2012): Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 6
- RKI (2013): Zur aktuellen Situation bei Carbapenemase-bildenden gramnegativen Bakterien. Ein Bericht des NRZ für gramnegative Krankenhaus-erreger. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 19, 197-171
- RKI (2015): Listeriose, RKI-Ratgeber. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Listeriose.html](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Listeriose.html)
- RKI (2016a): Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA, RKI-Ratgeber Infektionskrankheiten – Merkblätter für Ärzte. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Staphylokokken\\_MRSA.html](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Staphylokokken_MRSA.html)
- RKI (2016b): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhaus-erreger Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 25, 213-225

- RKI (2016c): IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung: Zur Umsetzung der neuen Meldepflichten. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 16, 135-136
- RKI (2018): *Campylobacter*-Enteritis, RKI-Ratgeber. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Campylobacter.html;jsessionid=BCADE5DE8DC6C08C2EDF192915AA0C5E.2\\_cid381#doc2374558bodyText5](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Campylobacter.html;jsessionid=BCADE5DE8DC6C08C2EDF192915AA0C5E.2_cid381#doc2374558bodyText5)
- RKI (2019a): Salmonellose, RKI-Ratgeber. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Salmonellose.html#doc2374560bodyText7](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Salmonellose.html#doc2374560bodyText7)
- RKI (2019b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2019c): Clostridioides (früher Clostridium) difficile, RKI-Ratgeber. [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber\\_Clostridium.html#doc2393684bodyText2](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Clostridium.html#doc2393684bodyText2)
- Roschanski, N., A. Friese, C. von Salviati-Claudius, J. Hering, A. Kaesbohrer, L. Kreienbrock und U. Roesler (2017): Prevalence of carbapenemase producing Enterobacteriaceae isolated from German pig-fattening farms during the years 2011–2013. *Veterinary Microbiology* 200, 124-9
- Rosner, B. M., K. Stark, M. Hohle und D. Werber (2012): Risk factors for sporadic *Yersinia enterocolitica* infections, Germany 2009–2010. *Epidemiol Infect* 140(10):1738-1747. doi: 10.1017/S0950268811002664
- Rosner, B. M., A. Schielke, X. Didelot, F. Kops, J. Breidenbach, N. Willrich, G. Golz, T. Alter, K. Stingl, C. Josenhans, S. Suerbaum und K. Stark (2017): A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany, 2011-2014. *Sci Rep* 7(1):5139
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. [http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz\\_FAQs.html#\\_RefHeading\\_1533\\_1257451891](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
- Schneeberg, A., H. Neubauer, G. Schmoock, S. Baier, J. Harlizius, H. Nienhoff, K. Brase, S. Zimmermann und C. Seyboldt (2013): Clostridium difficile genotypes in piglet populations in Germany. *J Clin Microbiol* 51(11):3796-3803
- Schneider, T., T. Eckmanns, R. Ignatius, K. Weist und O. Liesenfeld (2007): Clostridium-difficile-assoziierte Diarrhö. Ein zunehmendes klinisches Problem durch neue hochvirulente Erreger. *Dtsch Arztebl* 104: 1588-1594
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2010): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2012): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink 2009. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- 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., B. Vossenkuhl, A. Käsbohrer, K. Alt, B. Kraushaar, B. Guerra, A. Schroeter und A. Fetsch (2014b): Methicillin-resistant Staphylococcus aureus in cattle food chains - prevalence, diversity, and antimicrobial resistance in Germany. *Journal of Animal Science* 92(6):2741-2751. doi: 10.2527/jas.2014-7665
- Tenhagen, B.-A., K. Alt, B. Pfefferkorn, L. Wiehle, A. Käsbohrer und A. Fetsch (2018): Short communication: Methicillin-resistant Staphylococcus aureus in conventional and organic dairy herds in Germany. *J Dairy Sci* 101(4):3380-3386. doi: 10.3168/jds.2017-12939
- 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

- Van Doren, J. M., R. J. Blodgett, R. Pouillot, A. Westerman, D. Kleinmeier, G. C. Ziobro, Y. Ma, T. S. Hammack, V. Gill, M. F. Muckenfuss und L. Fabbri (2013): Prevalence, level and distribution of Salmonella in shipments of imported capsicum and sesame seed spice offered for entry to the United States: observations and modeling results. *Food Microbiol* 36(2):149-160. doi: 10.1016/j.fm.2013.05.003
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner-Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Vanantwerpen, G., I. Van Damme, L. De Zutter und K. Houf (2014): Within-batch prevalence and quantification of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Y. pseudotuberculosis* in tonsils of pigs at slaughter. *Veterinary Microbiology* 169, 223-227
- von Müller, L. (2016): Aktuelles zu Clostridium-difficile-Infektionen. *Deutsche medizinische Wochenschrift* 141(16):e157
- 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
- Wassenaar, T. M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. *Arch. Lebensmittelhyg.* 61, 85-90
- WHO (2019): Critically Important Antimicrobials for Human Medicine, 6th Revision 2018, World Health Organisation, Genf, CH
- Wysok, B. und J. Uradzinski (2009): *Campylobacter* spp. – a significant microbiological hazard in food. I. Characteristics of *Campylobacter* species, infection source, epidemiology. *Pol J Vet Science* 12:141-148
- Yeasmin S., A. Rahman, R. C. Ray und D. Montet (2011): Review Article. *Yersinia enterocolitica*: Mode of Transmission, Molecular Insights of Virulence, and Pathogenesis of Infection. *Journal of Pathogens* Volume 2011, 10 pages, doi:10.4061/2011/429069
- Zautner, A. E., S. Herrmann und U. Gross (2010): *Campylobacter jejuni* – Die Suche nach Virulenz-assoziierten Faktoren. *Arch Lebensmittelhyg* 61:91-101
- Zhang, M., Q. Li, L. He, F. Meng, Y. Gu, M. Zheng, Y. Gong, P. Wang, F. Ruan, L. Zhou, J. Wu, L. Chen, C. Fitzgerald und J. Z. Zhang (2010): Association Study Between an Outbreak of Guillain-Barre Syndrome in Jilin, China, and Preceding *Campylobacter jejuni* Infection. *Foodborne Pathog Dis* 7:913-919
- Zhang, G., L. Hu, R. Pouillot, A. Tatavarthy, J. M. V. Doren, D. Kleinmeier, G. C. Ziobro, D. Melka, H. Wang, E. W. Brown, E. Strain, V. K. Bunning, S. M. Musser und T. S. Hammack (2017): Prevalence of Salmonella in 11 Spices Offered for Sale from Retail Establishments and in Imported Shipments Offered for Entry to the United States. *J Food Prot*:1791-1805. doi: 10.4315/0362-028X.JFP-17-072





