



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



Bundesinstitut für Risikobewertung

BVL-Report · 17.3 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2021



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.

© 2022 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

Herausgeber:	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Bundesallee 51 38116 Braunschweig
E-Mail:	poststelle@bvl.bund.de
Koordination und Schlussredaktion:	Doris Schemmel, Dr. Marion Rukavina (BVL, Ref. Presse und Öffentlichkeitsarbeit)
Koordination:	Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115)
Redaktionsgruppe:	Dr. Víctor Cristóbal López (BVL, Ref. 133), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 115), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), Dr. Carolina Plaza Rodriguez (BfR), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR)
ViSdP:	Harald Händel (BVL, Ref. Presse und Öffentlichkeitsarbeit)
Titelbild:	©Fotolia - photoGrapHie
Satz:	fischerAppelt, Hamburg

Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2021

Zoonosen-Monitoring 2021

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 2021.....	3
3.3	Untersuchungsmethoden.....	8
3.3.1	Erregernachweis	8
3.3.2	Resistenztestung.....	11
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung.....	14
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse.....	14
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	15
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	17
4.1	<i>Salmonella</i> spp.	17
4.1.1	Einleitung	17
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	18
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	20
4.2	<i>Campylobacter</i> spp.....	20
4.2.1	Einleitung	20
4.2.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	22
4.2.3	Ergebnisse der Typisierung.....	23
4.3	<i>Listeria monocytogenes</i>	24
4.3.1	Einleitung	24
4.3.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	26
4.3.3	Ergebnisse der Typisierung.....	27
4.4	Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	28
4.4.1	Einleitung	28
4.4.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	30
4.4.3	Ergebnisse der Typisierung.....	30
4.5	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	32
4.5.1	Einleitung	32
4.5.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	32
4.5.3	Ergebnisse der Typisierung	33
4.6	<i>Yersinia enterocolitica</i>	34
4.6.1	Einleitung	34
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	35
4.6.3	Ergebnisse der Typisierung	35
4.7	<i>Clostridioides difficile</i>	35
4.7.1	Einleitung	35
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	36
4.7.3	Ergebnisse der Typisierung	37

4.8	<i>Bacillus cereus</i>	37
4.8.1	Einleitung	37
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	38
4.8.3	Ergebnisse der Typisierung	38
4.9	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen und/oder AmpC Beta-Laktamasen bildende <i>E. coli</i>	39
4.9.1	Einleitung	39
4.9.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	39
4.9.3	Ergebnisse der Typisierung	41
4.10	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	42
4.10.1	Einleitung	42
4.10.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung	43
5	Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern	44
5.1	<i>Salmonella</i> spp.	44
5.2	<i>Campylobacter</i> spp.	46
5.3	Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	47
5.4	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	49
5.5	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	51
5.6	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	56
6	Bewertung der Ergebnisse.....	58
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen	72
8	Literaturquellen	81

Einleitung

1

Zoonosen sind Krankheiten bzw. Infektionen, die auf natürlichem Weg direkt oder indirekt zwischen Menschen und Tieren übertragen werden können. Als Zoonoseerreger kommen Viren, Bakterien, Pilze, Parasiten oder Prionen in Betracht. Zoonoseerreger sind in Tierpopulationen weit verbreitet und können von Nutztieren, die in der Regel selbst keine Anzeichen einer Infektion oder Erkrankung aufweisen, z. B. während der Schlachtung und Weiterverarbeitung auf das Fleisch übertragen werden. Mit Zoonoseerregern kontaminierte Lebensmittel stellen eine wichtige Infektionsquelle für den Menschen dar. Die Kontamination mit Zoonoseerregern kann auf allen Stufen der Lebensmittelkette von der Erzeugung bis zum Verzehr erfolgen. Lebensmittelbedingte Infektionen verlaufen häufig mild. Je nach Virulenz des Erregers sowie 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 und somit Kenntnisse über die Bedeutung verschiedener Lebensmittel als mögliche Infektionsquellen für den Menschen gewonnen werden. 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 zudem 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 zunehmenden 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 Futtermitteln, lebenden Tieren und Lebensmitteln zu erfassen, auszuwerten und zu veröffentlichen, um Aufschluss über Entwicklungstendenzen und Quellen von Zoonosen und Zoonoseerregern zu erhalten.

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

Vorrangig sollen diejenigen Zoonoseerreger überwacht werden, die eine besondere Gefahr für die menschliche Gesundheit darstellen. Im Anhang I, Teil A der *Richtlinie 2003/99/EG* sind die in allen Mitgliedstaaten überwachungspflichtigen Zoonosen und

Zoonoseerreger genannt. Weiterhin soll das Überwachungssystem das Erkennen aufkommender und neu auftretender Zoonoseerreger erleichtern.

Die Überwachung erfolgt auf den Stufen der Lebensmittelkette einschließlich der Primärproduktion, die hinsichtlich des jeweiligen Zoonoseerregers am besten dafür geeignet sind. Die *Richtlinie 2003/99/EG* sieht vor, dass die Überwachung von Resistenzen gegen antimikrobiell wirksame Stoffe neben Zoonoseerregern auch andere Erreger erfasst, wenn diese eine Gefahr für die öffentliche Gesundheit darstellen. Insbesondere müssen die Mitgliedstaaten gewährleisten, dass das Überwachungssystem auf Grundlage des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kommensalen Bakterien und zur Aufhebung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU* einschlägige Informationen über eine repräsentative Anzahl von Isolaten von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., kommensalen *E. coli* sowie ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* liefert, die von Rindern, Schweinen und Geflügel sowie von den von diesen Tieren gewonnenen Lebensmitteln stammen.

Material und Methoden

3.1 Organisation und Durchführung

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

Der bundesweit gültige Zoonosen-Stichprobenplan für das Zoonosen-Monitoring 2021 wurde vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) erstellt und nach Konsultation der Länder vom Ausschuss „Zoonosen“ beschlossen. Er enthält konkrete Vorgaben über die zu untersuchenden Zoonoseerreger, die zu überwachenden Tierpopulationen, die zu überwachenden Stufen der Lebensmittelkette, die Anzahl der zu untersuchenden Proben, die Probenahmeverfahren und die anzuwendenden Analyseverfahren. Bei der Erstellung des Stichprobenplans ließ sich das BfR von einer Expertengruppe, die aus Sachverständigen der Länder besteht, beraten. Dabei wurden auch Vorgaben der Europäischen Kommission und Empfehlungen der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) berücksichtigt und geprüft, welche Proben aus sonstigen laufenden Monitoring-, Überwachungs- oder Bekämpfungsprogrammen dem Stichprobenplan angerechnet werden können. Die Länder, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL), das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und das Robert Koch-Institut (RKI) können Vorschläge zum Stichprobenplan machen. Die von den Bundesländern im Rahmen des Zoonosen-Monitorings gewonnenen Untersuchungsergebnisse werden an das BVL gemeldet. Das BVL sammelt die Daten, wertet sie aus und veröffentlicht sie zusammen mit den Ergebnissen der Typisierung der Erreger, der Resistenztestung sowie der Bewertung der Ergebnisse durch das BfR in den jährlichen Zoonosen-Monitoring-Berichten. Die Untersuchungseinrichtungen der Länder senden die bei den Untersuchungen gewonnenen Isolate an die Nationalen Referenzlaboratorien des BfR. Diese führen im Rahmen der Risikobewertung eine weitergehende Charakterisierung der Isolate durch und untersuchen die Isolate auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen.

BVL und BfR übermitteln die Untersuchungsergebnisse gemäß den Bestimmungen des Artikels 9 der Richtlinie 2003/99/EG an die EFSA. Diese 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 2021

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2021 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, Erzeugerbetrieben und Schlachthöfen sowie von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel vor. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelte es sich zum einen um die klassischen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*), Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC) und *Yersinia enterocolitica* (*Y. enterocolitica*) und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Clostridioides difficile* (*C. difficile*), präsumtive *Bacillus cereus* (*B. cereus*), kommensale *Escherichia* (*E.*) *coli*, Extended-Spektrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-bildende *E. coli*), Carbapenemase-bildende *E. coli* sowie um *Enterococcus faecium/faecalis* (Enterokokken).

Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den beprobten Waren um Verpackungen für Endverbraucherinnen und -verbraucher handelte. Dies galt aber nicht für Proben von Schweinefleisch und Rindfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des Durchführungsbeschlusses 2020/1729/EU zur Überwachung und Meldung von antimikrobieller Resistenz bei zoonotischen und kom-

mensalen Bakterien und zur Aufhebung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU ausschließlich aus dem Einzelhandel bzw. von Grenzkontrollstellen stammen sollten. Auf der Ebene des Einzelhandels konnten auch importierte Lebensmittel berücksichtigt werden, wenn sie den Kriterien des Zoonosen-Stichprobenplans entsprachen. Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Matrices auf unterschiedlichen Stufen der Lebensmittelketten auf Bundesebene sowie die Gewinnung von Isolaten für die Untersuchung auf Antibiotikaresistenzen. Für die Probenahmen wurden jeweils die am besten geeigneten Stufen der Lebensmittelkette ausgewählt. Die Untersuchungen von Proben aus der Primärproduktion von Mastkälbern zielten darauf ab, Erkenntnisse über die Resistenzsituation bei Mastkälbern aus unterschiedlichen Aufzuchtssystemen und unterschiedlichen Alters zu gewinnen. 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 zu den Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangen. Die Untersuchungen von Proben von verarbeiteten Ölsaaten bei der Anlieferung an Mischfuttermittelwerke zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit Salmonellen und den dadurch möglichen Eintrag in die Futtermittelbetriebe und Tierbestände zu beurteilen. Mit den Untersuchungen von Schweine- und Rindfleisch von Grenzkontrollstellen sollten Erkenntnisse zum Eintrag von Erregern durch Rohware aus Drittländern gewonnen werden. Probenahmen an Grenzkontrollstellen von Schweine- und Rindfleisch werden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erstmalig durchgeführt, da Untersuchungen von importiertem Fleisch neuerdings im Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 vorgeschrieben sind. 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. sowie von Hähnchenschlachtkörpern und frischem Hähnchenfleisch auf *Campylobacter* spp. berücksichtigten die Beschlüsse der Arbeitsgruppe Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft (AFFL) der Länderarbeitsgemeinschaft Verbraucherschutz (LAV), die diese Untersuchungen von 2017 bis einschließlich 2021 in einem jährlichen Rhythmus vorsehen. Hiermit soll eine Datengrundlage geschaffen werden, um die Wirkung getroffener Maßnahmen auf die Reduzierung dieser Zoonoseerreger in der Geflügelfleisch- und Schweinefleischkette beurteilen zu können. Auf pathogene *Yersinia enterocolitica* wurde untersucht, da es sich hierbei um einen bedeutenden Zoonoseerreger handelt, dessen Prävalenz in Lebensmitteln bisher in Deutschland nicht systematisch erfasst wurde. Untersuchungen auf *C. difficile* dienten dazu, die Datenlage zum Vorkommen dieses Erregers während der Fleischgewinnung zu verbessern. Die Untersuchungen auf *Bacillus cereus*, der nicht als Zoonoseerreger gilt, jedoch lebensmittelbedingte Erkrankungen verursachen kann, dienten dazu, die Verbreitung dieses Erregers in pflanzlichen Lebensmitteln abzuschätzen.

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* und Enterokokken werden im Zoonosen-Monitoring durchgeführt, um ergänzend zu den Zoonoseerregern auch die Resistenzsituation bei diesen Kommensalen zu überwachen, da sie als Indikatorkeime für den beim Wirtsorganismus vorliegenden Selektionsdruck gelten. Für den gesundheitlichen Verbraucherschutz sind sie von besonderem Interesse, weil sie ein Reservoir von Resistenzgenen bzw. Resistenzmechanismen darstellen, die im Zuge des horizontalen Gentransfers auf andere, auch pathogene Keime übertragen werden können. Ziel dieser regelmäßigen Untersuchungen von kommensalen *E. coli* hinsichtlich ihrer Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ist das Erkennen von Entwicklungstendenzen und neu auftretenden Resistenzen. Untersuchungen von Proben auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis* erfolgten, um 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, bei denen die Untersuchungen von der Verfügbarkeit geeigneter Proben abhängen, wurde lediglich ein un-

verbindlicher 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 *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729* 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 Matrizes verbindlich vorschreibt. Darüber hinaus wurde das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* auch in Bereichen untersucht, in denen hierzu bisher keine Daten vorliegen.

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern erfolgte auf Ebene der Erzeugerbetriebe anteilig nach der Zahl der gehaltenen Kälber bis acht Monate und auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachttierzahlen der jeweiligen Tierart, wobei gemäß den Vorgaben des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729* ausschließlich in Deutschland gemästete und geschlachtete Tiere berücksichtigt werden sollten.

Die Anzahl der an Grenzkontrollstellen zu entnehmenden Proben in den Ländern mit Einfuhrstellen für importiertes Frischfleisch ist im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölkerungszahl der Bundesländer. Die Zuordnung der Probenzahlen für verarbeitete Ölsaaten zu den Ländern richtete sich nach dem Kontrollprogramm für Futtermittel des Bundes für die Jahre 2017 bis 2021.

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2021 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2021.

Tab. 3.1 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2021 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	Salmonella spp.	Campylobacter spp.	Listeria monocytogenes	STEC	MRSA	Kommensale E. coli	ESBL/AmpC-bildende E. coli	Carbapenemase-bildende E. coli	Enterococcus faecium/faecalis	Yersinia enterocolitica	Clostridioides difficile	Präsumtive Bacillus cereus
Erzeugerbetrieb	Kälber zur Mast (aufgezogen in Mastkälberbetrieben für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten): Kot						600	600					
	Kälber zur Mast (aufgezogen in Mastrinderbetrieben): Kot						600	600					
	Kälber zur Mast (aufgezogen in Milchrinderbetrieben): Kot						600	600					
Schlachthof	Masthähnchen: (Hals)haut		384 ¹									384 ³	
	Mastschweine: Blinddarminhalt	384	384				204	300	300	384			
	Schlachtkörper	384											
	Backenfleisch										384		
Mischfutterwerk	Mastkälber und Jungrinder: Blinddarminhalt	384	384				204	300	300	384			
	verarbeitete Ölsaaten (bei Anlieferung im LKW)	120											
Grenzkontrollstelle	Schweinefleisch: frisches Fleisch	#					#	#	#	#			
	Rindfleisch: frisches Fleisch	#			#	#	#	#	#				
Einzelhandel	Hähnchenfleisch: frisches Fleisch		384 ²										
	Schweinefleisch: frisches Fleisch	384					384	384	384				
	Schweinefleisch: Hackfleisch	384		384 ²									
	Rindfleisch: frisches Fleisch	384			384	384		384	384				
	Rindfleisch: Hackfleisch	384		384 ²	384			384	384				
	pflanzliche Lebensmittel: Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	384		384 ²	384			384					384 ¹

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

- 1 quantitative Untersuchung
- 2 qualitative und quantitative Untersuchung
- 3 Freiwillige Untersuchungen; für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, angestrebt werden.

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2021 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
Erzeugerbetrieb	
Kälber zur Mast für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
Kälber zur Mast, die in Mastrinderbetrieben aufgezogen werden (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
Kälber zur Mast, die in Milchviehbetrieben aufgezogen werden (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
Schlachthof	
Mastschweine	
(Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mastschweine	
(Schlachtkörper)	<i>Salmonella</i> spp.
Mastkälber und Jungrinder	
(Blinddarminhalt)	<i>Campylobacter</i> spp., VTEC, kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mischfutterwerk	
verarbeitete Ölsaaten	<i>Salmonella</i> spp.
Grenzkontrollstellen	
frisches Schweinefleisch	<i>Salmonella</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i>
frisches Rindfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC, MRSA, kommensale <i>E. coli</i>
Einzelhandel	
frisches Schweinefleisch	<i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Schweinehackfleisch	<i>Salmonella</i> spp.
frisches Rindfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC, MRSA
Rinderhackfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat	<i>Salmonella</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>

Erzeugerbetrieb

Auf Ebene der Primärproduktion sollten von Kälbern zur Mast aus unterschiedlichen Aufzuchtssystemen (Mastkälberbetriebe, Milchrinderbetriebe und Mastrinderbetriebe (Fresseraufzucht-/Bullenmastbetriebe)) Sammelkotproben für die Untersuchung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und für die Gewinnung von Isolaten von kommensalen *E. coli* für die Resistenztestung entnommen werden. Je Betriebsart sollten jeweils Sammelkotproben von jüngeren (2–3 Monate) und älteren (4–8 Monate) Tieren entnommen werden, um die Entwicklung von Antibiotikaresistenzen mit zunehmendem Alter beurteilen zu können.

Schlachthof

Von Masthähnchen am Schlachthof sollte je Schlachtcharge die Haut eines Schlachtkörpers für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. und *Clostridioides difficile* beprobt werden. In Bezug auf *Campylobacter* spp. sollte ausschließlich eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Bei in Deutschland gemästeten

Schweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern sollte je Schlachtcharge der Blinddarminhalt eines Schlachtieres entnommen und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden. Darüber hinaus sollten aus den Proben von Blinddarminhalt Isolate von kommensalen *E. coli* und *Enterococcus faecium/faecalis* für die Resistenztestung gewonnen werden. Von Schlachtschweinen sollte zudem je Schlachtcharge nach dem Zurichten, aber vor dem Köhlen die Haut eines Schlachtkörpers für die Untersuchung auf Salmonellen beprobt werden. Außerdem sollte je Schlachtcharge am Ende des Schlachtprozesses und vor Eingang in die Verarbeitung Backenfleisch eines Schlachtschweins für die Untersuchung auf *Yersinia enterocolitica* entnommen werden. Alle Proben sollten aus einer Schlachtcharge stammen, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Bei der Probenahme sollte der serologische *Salmonella*-Status nach der *Verordnung*

zur Verminderung der Salmonellenverbreitung durch Schlachtschweine (Schweine-Salmonellen-Verordnung) von dem Betrieb, aus dem die Mastschweine stammten, miterfasst werden, um Unterschiede in der Häufigkeit positiver Befunde bei Schweinen aus Betrieben mit unterschiedlicher *Salmonella*-Kategorisierung zu identifizieren.

Grenzkontrollstelle

An Grenzkontrollstellen sollte frisches Schweine- und Rindfleisch für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., MRSA, ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* beprobt werden. Frisches Rindfleisch sollte zudem auf das Vorkommen von STEC untersucht werden. Darüber hinaus sollten für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Schweine- und Rindfleischproben gewonnen werden.

Mischfutterwerk

An Mischfuttermittelwerken sollten verarbeitete Ölsaaten (Extraktionsschrote und Presskuchen) unmittelbar bei der Anlieferung mit dem LKW für die Untersuchung auf das Vorkommen von *Salmonella* spp. gewonnen werden. Dieses Programm ist auf zwei Jahre ausgelegt und wurde bereits im Zoonosen-Monitoring 2020 begonnen.

Einzelhandel

Im Einzelhandel sollten Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch ohne Haut für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. gewonnen werden. Neben der Prävalenzbestimmung sollte auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweinefleisch sollten auf *Salmonella* spp., ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden. Des Weiteren sollten aus den Proben Isolate von kommensalen *E. coli* für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen gewonnen werden.

Proben von Schweinehackfleisch sollten auf das Vorkommen von *Salmonella* spp. und *Listeria monocytogenes* untersucht werden. Neben der Prävalenzbestimmung sollte auch eine Keimzahlbestimmung von *Listeria monocytogenes* durchgeführt werden.

Im Einzelhandel sollten außerdem Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Rindfleisch gewonnen werden und auf das Vorkommen von

Salmonella spp., STEC, MRSA, ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden.

Proben von frischem Rinderhackfleisch sollten für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*, STEC und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gewonnen werden. In Bezug auf *Listeria monocytogenes* sollte neben der Prävalenzbestimmung auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Des Weiteren sollten aus den Proben Isolate von kommensalen *E. coli* für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen gewonnen werden.

Des Weiteren sollten Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen auf *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*, STEC und präsumtive *Bacillus cereus* untersucht werden. In Bezug auf *Listeria monocytogenes* sollte neben der Prävalenzbestimmung auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Außerdem sollten aus den Proben Isolate von kommensalen *E. coli* für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen 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 und des BfR 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 2021 vorgeschlagenen Untersuchungsmethoden können der Tabelle 3.3 entnommen werden.

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Salmonella</i> spp.	DIN EN ISO 6579-1:2020-08 ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben	<ul style="list-style-type: none"> • verarbeitete Ölsaaten • Blinddarminhalt von Mastschweinen • Schlachtkörper von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern • frisches Schweinefleisch • frisches Rindfleisch • Schweinehackfleisch • Rinderhackfleisch • Feldsalat, Rucola und Pflücksalat
<i>Campylobacter</i> spp.	<p>qualitativ : DIN EN ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren B, Anreicherung in Preston Bouillon (ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben: Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang A oder Anhang B); zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)</p> <p>quantitativ : DIN EN ISO 10272-2:2017</p> <p>zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • (Hals)haut von Masthähnchen (quantitativ) • frisches Hähnchenfleisch (qualitativ und quantitativ)
	<p>DIN EN 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></p> <p>zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Kot aus dem Blinddarm bzw. Blinddarmteile mit Inhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof
<i>Listeria monocytogenes</i>	<p>qualitativ: DIN EN ISO 11290-1:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-32/1:2018-03)</p> <p>ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren</p> <p>quantitativ: DIN EN ISO 11290-2:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-22:2018-03)</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Schweinehackfleisch • Rinderhackfleisch • Feldsalat, Rucola und Pflücksalat

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	<p>folgende Methoden können eingesetzt werden:</p> <ul style="list-style-type: none"> • DIN EN ISO/TS 13136:2013 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-150(V):2014-08) • ASU § 64 LFGB qualitativer Nachweis von Shiga-Toxin bildenden <i>Escherichia coli</i> (STEC) in frischen pflanzlichen Lebensmitteln L 25.00-6:2017-10- Real-time PCR-Systeme zum Nachweis der Shiga-Toxin-Gene <i>stx1</i> und <i>stx2</i> und des Intimin-Gens <i>eae</i> • Protokoll zur Isolierung von Shiga-Toxin bildenden <i>E. coli</i> (STEC) nach Identifikation mittels Real-time PCR • Detection of <i>Escherichia coli</i> producing the Stx2f subtype by Real-Time PCR: https://www.iss.it/web/iss-en/vtec-laboratory-methods 	<ul style="list-style-type: none"> • frisches Rindfleisch • Rinderhackfleisch • Feldsalat, Rucola und Pflücksalat
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	<p>nach Methodenvorschrift des BfR, Fassung von 2019</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 Resistenzgen¹.</p>	<ul style="list-style-type: none"> • frisches Schweinefleisch (Grenzkontrollstellen) • frisches Rindfleisch (Grenzkontrollstellen und Einzelhandel)
Kommensale <i>E. coli</i>	<p>Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben.</p> <p>Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen.</p> <p>Für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen.</p> <p>Für pflanzliche Lebensmittel wird die ISO 16649 Teil 1 oder ISO 16649 Teil 2 oder eine vergleichbare akkreditierte Methode empfohlen.</p> <p>ggf. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Mastkälbern • Blinddarminhalt von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern • frisches Schweinefleisch (Grenzkontrollstellen und Einzelhandel) • frisches Rindfleisch (Grenzkontrollstellen) • Rinderhackfleisch • Feldsalat, Rucola und Pflücksalat
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	<p>qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)</p> <p>Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Kot von Mastkälbern • Blinddarminhalt von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern • frisches Schweinefleisch • frisches Rindfleisch • Rinderhackfleisch
Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	<p>qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)</p> <p>Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern • frisches Schweinefleisch • frisches Rindfleisch

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>	Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben. Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Speziesbestimmung mit Hausmethode	<ul style="list-style-type: none"> • Blinddarminhalt von Mastschweinen • Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern
<i>Clostridioides difficile</i>	qualitative BfR-Hausmethode (Selektivanreicherung)	<ul style="list-style-type: none"> • (Hals)haut von Masthähnchen
Präsumtive <i>Bacillus cereus</i>	DIN EN ISO 7932:2005-03 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-33: 2006-09; Untersuchung von Lebensmitteln – Horizontales Verfahren zur Zählung von präsumtiven <i>Bacillus cereus</i> – Koloniezählverfahren bei 30 °C	<ul style="list-style-type: none"> • Feldsalat, Rucola und Pflücksalat

¹ Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate wird im vorliegenden Bericht jeweils über MRSA berichtet, obwohl die Länder MRSA-verdächtige Befunde melden.

3.3.2 Resistenztestung

Alle für diesen Bericht ausgewählten Isolate von *Salmonella* spp., *Campylobacter (C.) jejuni*, *Campylobacter (C.) coli*, *Escherichia (E.) coli*, Shiga-Toxin bildenden *E. coli* (STEC), *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* sowie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten, quantitativen Verfahren für die Resistenzbestimmung (Bouillon-Mikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2020 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 EUVSEC3 (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken), EUCAMP3 (*Campylobacter* spp.) und EUST (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems/Thermo Fisher Scientific verwendet.

Die Testung auf Resistenzen erfolgte unter Beachtung des *Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729*, in dem das Untersuchungsverfahren, die zu testenden Wirkstoffe sowie die Bewertungskriterien für die Mehrzahl der Erreger festgelegt sind. Soweit dort keine epidemiologischen Cut-Off-Werte beschrieben wurden, erfolgte die Bewertung anhand der Empfehlung der EFSA in Abstimmung mit dem Europäischen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz (EURL-AR).

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

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

Tab. 3.4 Resistenztestung von *Salmonella* spp. und *E. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2021. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off-Wert ≤		Konzentrationsbereich	
		<i>Salmonella</i> spp.	<i>E. coli</i>	Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Amikacin	4	8	4	128
	Gentamicin	2	2	0,5	16
Amphenicole	Chloramphenicol	16	16	8	64
Cephalosporine	Cefotaxim	0,5	0,25	0,25	4
	Ceftazidim	2	0,5	0,25	8
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	8	8	4	64
	Ciprofloxacin	0,06	0,06	0,015	8
Aminopenicilline	Ampicillin	8	8	1	32
Polymyxine	Colistin	2 ¹	2	1	16
Folatsynthesehemmer	Sulfamethoxazol	256 ¹	64	8	512
	Trimethoprim	2	2	0,25	16
Tetrazykline	Tetrazyklin	8	8	2	32
Azalide	Azithromycin	16 ¹	16 ¹	2	64
Carbapeneme	Meropenem	0,125	0,125	0,03	16
Glycylzykline	Tigecyclin	0,51	0,5	0,25	8

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA 2021).

Tab. 3.5 Resistenztestung von *C. jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2021. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Festlegung im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

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

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA 2021).

Tab. 3.6 Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (Epidemiologische Cut-Off-Werte von EUCAST¹) für 2021

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off-Werte >	Konzentrationsbereich	
			Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	4	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	2 (+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

¹ nach EFSA (2019)

Tab. 3.7 Resistenztestung von *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2021. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Vorgaben im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729*

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

¹ Werte nicht im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA 2021).

² *Enterococcus faecalis* ist intrinsisch resistent gegenüber der Kombination aus Quinopristin/Dalfopristin. Der ECOFF wurde ausschließlich für die Meldung der Daten an EFSA eingeführt (EFSA supporting publication 2021:EN-6652).

3.3.2.1 Bewertungskriterien bei der Resistenztestung

Isolate wurden als mikrobiologisch resistent bewertet, wenn die minimale Hemmkonzentration oberhalb des angegebenen epidemiologischen Cut-Off-Wertes lag. Als mehrfach mikrobiologisch resistent wurde ein Isolat bezeichnet, wenn eine Resistenz gegenüber mehr als 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 *Allgemeinen Verwaltungsvorschrift über den Austausch von Daten im Bereich der Lebensmittelsicherheit und des Verbraucherschutzes (AVV DatA)*. Für Informationen, die auf diesem Weg nicht übermittelt werden konnten, wurden Excel-Tabellen zur Bereitstellung von sogenannten Zusatzinformationen genutzt. 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 2021 konnten so insgesamt vier 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. Verschiedene Subtypen zu einer Probe wurden jedoch in den Typisierungsergebnissen berücksichtigt.

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

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

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

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

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

Bei dem statistischen Vergleich von Prävalenzen wurden diejenigen Prävalenzen als signifikant verschieden gewertet, deren zugehörige Konfidenzintervalle sich nicht überlappen. Die Anzahl der für die Auswertung herangezogenen Proben ist den Tabellen 3.8 und 3.9 zu entnehmen. Die Anzahl der Proben ist kleiner als die Anzahl der Untersuchungen, da eine Probe in der Regel auf mehrere Erreger untersucht wurde.

Tab. 3.8 Anzahl Proben nach Ländern

Herkunft	Probenanzahl
Brandenburg	122
Berlin	108
Baden-Württemberg	434
Bayern	1.034
Bremen	28
Hamburg	108
Hessen	227
Mecklenburg-Vorpommern	125
Niedersachsen	1.316
Nordrhein-Westfalen	1.080
Rheinland-Pfalz	160
Schleswig-Holstein	192
Saarland	62
Sachsen	207
Sachsen-Anhalt	253
Thüringen	110
Gesamt	5.566

Tab. 3.9 Anzahl Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Mastkälber (für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten)	132
Mastkälber (aufgezogen in Mastrinderbetrieben)	493
Mastkälber (aufgezogen in Milchviehbetrieben)	253
Masthähnchen am Schlachthof	415
Mastschweine am Schlachthof	1.179
Mastkälber und Jungrinder am Schlachthof	300
Ölsaaten aus Mischfutterwerken	65
frisches Schweinefleisch an Grenzkontrollstellen	7
frisches Rindfleisch an Grenzkontrollstellen	86
frisches Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel	472
frisches Schweinefleisch aus dem Einzelhandel	473
Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel	396
frisches Rindfleisch aus dem Einzelhandel	437
Rinderhackfleisch aus dem Einzelhandel	425
Feldsalat, Rucola und Pflücksalat	398
Gesamt	5.566

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 gewonnen wurden und zu denen auch dem BVL Daten übermittelt wurden. Alle in der Auswertung berücksichtigten Isolate wurden dahingehend geprüft, ob es sich um einen Vertreter der im Zoonosen-Stichprobenplan betrachteten Zoonoseerreger (inkl. MRSA) bzw. um *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium* oder *Enterococcus faecalis* handelte. Isolate für die eine Zuordnung zu einem Programm nicht möglich war, wurden von dieser Auswertung ausgeschlossen. Ebenso wurden Impfstämme von *Salmonella* spp. ausgeschlossen. *Campylobacter*-Isolate aus Hähnchenfleisch und von Masthähnchenschlachtkörpern wurden gemäß dem Beschluss der AFFL in ihrer Sitzung vom 3./4. Mai 2016 zur Schätzung der Keimzahl gewonnen. Sie wurden im Jahr 2021, wie schon 2017 und 2019 nicht für die Resistenztestung herangezogen, da es hierzu keine Verpflichtung gemäß *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* gab. Je Probe wurde nur ein Isolat der jeweiligen Bakterienspezies bzw. des Typs (bei STEC und MRSA) in die Resistenztestung einbezogen. Mehrere Isolate wurden dann untersucht, wenn es sich um unterschiedliche Serovare (bei *Salmonella* spp.) oder unterschiedliche Spezies (bei *Campylobacter* spp.) handelt. Von *E. coli* konnten so maximal vier Isolate in die Testung eingehen, ein nicht selektiv gewonnenes Isolat, ein Shiga-Toxin bildendes Isolat, ein Isolat aus der selektiven Anzucht von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* sowie ein Isolat aus der selektiven Anzucht der Carbapenemase-bildenden *E. coli*. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation als Minimum empfohlen wird (bspw. 170 kommensale *E. coli* aus Blinddarminhalt von Mastschweinen), wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Dieses Verfahren kam bei *E.-coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen, Mastkälbern und Jung-rindern zur Anwendung.

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

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

Ebene der Beprobung	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp. (<i>C. jejuni</i> + <i>C. coli</i>)	MRSA	<i>Enterococcus</i> spp. (<i>Enterococcus faecalis</i> + <i>Enterococcus faecium</i>)	Shiga-Toxin bildende <i>E. coli</i> (STEC)	Kom-mensale <i>E. coli</i>
Gesamt	Getestete Isolate	54	435 (136+299)	24	217 (108+109)	34	1.446
Erzeuger	Mastkälber	-	-	-	-	-	827
	- zur Schlachtung mit ≤ 12 Monaten	-	-	-	-	-	(122)
	- im Mastbetrieb	-	-	-	-	-	(471)
	- im Milchviehbetrieb	-	-	-	-	-	(234)
Schlachthof	Mastschwein (Blinddarminhalt)	30	261 (3+258)	-	84 (39+45)	-	190
	Mastschwein (Schlachtkörper)	11	-	-	-	-	-
	Mastkalb/Jungrind (Blinddarminhalt)	6	174 (133+41)	-	133 (69+64)	-	203
	Mastkalb/Jungrind (Schlachtkörper)	0	-	-	-	-	-
Mischfutterwerk	Ölsaaten, verarbeitet	0	-	-	-	-	-
Grenzkontrollstellen	Rindfleisch	0	-	8	-	2	3
	Schweinefleisch	0	-	1	-	-	0
Einzelhandel	Schwein, frisches Fleisch	2	-	-	-	-	72
	Hackfleisch vom Schwein	5	-	-	-	-	-
	Rind, frisches Fleisch	0	-	15	-	6	-
	Rind, Hackfleisch	0	-	-	-	23	106
	Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat	0	-	-	-	3	45

- Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2021 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 Darmentzündung auslösen können, die einige Tage anhalten kann und in der Regel auch ohne ärztliche Behandlung ausheilt. Bei Kleinkindern und älteren Erwachsenen kann ein lebensbedrohlicher Flüssigkeitsverlust des Körpers auftreten. In seltenen Fällen kann es auch zu einer schweren Allgemeininfektion mit zum Teil tödlichem Ausgang kommen (RKI 2019a).

Die drei Serovare *Salmonella* Typhimurium, seine monophasische Variante und *Salmonella* Enteritidis werden europaweit am häufigsten im Zusammenhang mit Salmonellose-Erkrankungen beim Menschen gemeldet und sind zusammen für über 70 % der in der EU erworbenen Fälle verantwortlich. *Salmonella* Infantis ist, gefolgt von *Salmonella* Derby, am vierthäufigsten mit menschlichen Salmonellose-Erkrankungen in der EU assoziiert (EFSA und ECDC 2021b).

Im Jahr 2020 wurde in der EU mit insgesamt 52.702 bestätigten Salmonellose-Fällen beim Menschen die geringste Zahl an Erkrankten seit dem Jahr 2007 gemeldet. Die Inzidenz lag damit bei 13,7 Fällen pro 100.000 Einwohner, was einem Rückgang gegenüber der Rate aus dem Vorjahr von 29,7 % entspricht. Berücksichtigt man die Daten aus Großbritannien nicht, lag der Rückgang bei 32,8 %. Trotz dieser auffälligen Abnahme, die die EFSA mit den Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und dem Austritt Großbritanniens aus der EU in Zusammenhang bringt, zeigte der Gesamttrend der Salmonellose in den Jahren 2016 bis 2020 statistisch gesehen keine deutliche Zu- oder Abnahme. Die Salmonellose ist nach der Campylobacteriose nach wie vor die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen in der EU (EFSA und ECDC 2021b). Die Einschränkungen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie können zum einen dazu geführt haben, dass Menschen mit Symptomen einer lebensmittelbedingten Infektion seltener

eine Arztpraxis aufgesucht haben bzw. die Diagnose durch eine Laboruntersuchung seltener bestätigen ließen. Andererseits können aber auch Änderungen der Essgewohnheiten (z. B. kein Catering bei Veranstaltungen oder Buffet während des Sommers) zu einem Rückgang an Salmonellose-Erkrankungen geführt haben. Maßnahmen wie häufigeres Händewaschen und Händedesinfektion sowie der Lockdown können darüber hinaus zu einer verminderten Ausbreitung der Salmonellose geführt haben. Durch die selteneren Auslandsreisen während des Lockdowns traten zudem weniger reiseassoziierte Salmonellose-Erkrankungen auf (EFSA und ECDC 2021b).

In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2021 insgesamt 8.122 Salmonellose-Fälle gemeldet. Damit lag die Zahl der gemeldeten Salmonellose-Erkrankungen in einer ähnlichen Größenordnung wie im Vorjahr, in dem 8.703 Fälle gemeldet wurden (RKI 2022a). Gegenüber dem Jahr 2019, in dem 13.693 Erkrankungen gemeldet wurden, stellt dies einen starken Rückgang der übermittelten Fälle dar, der bereits im Jahr 2020 bei den meisten meldepflichtigen Infektionskrankheiten zu beobachten war und auf die COVID-19-Pandemie und den damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen zurückgeführt wurde (Schranz und Ullrich 2021). In diesem Zusammenhang wurde vermutet, dass es zum einen zu einem tatsächlichen Rückgang von Infektionskrankheiten durch Maßnahmen wie Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln, aber auch Schul- und Kita-Schließungen gekommen ist. Andererseits wurde angenommen, dass durch eine verminderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen durch die Bevölkerung und durch eine verminderte Testung Fälle meldepflichtiger Infektionskrankheiten seltener erkannt und übermittelt worden sind (Schranz und Ullrich 2021).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von Geflügelschlachtkörpern und frischem Geflügelfleisch in den Jahren 2009 bis 2014 abgenommen haben, seitdem aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nach-

weisraten zu verzeichnen ist (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017, BVL 2019, BVL 2021). Bei Putenschlachtkörpern ist sogar eine deutliche Zunahme der Salmonellen-Nachweisrate zu beobachten (BVL 2017, BVL 2019, BVL 2021). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2010 untersuchten Konsumeiern waren 0,7% der Poolproben von Eierschalen mit Salmonellen kontaminiert, während 2020 in keiner Probe Salmonellen auf den Schalen nachgewiesen wurden (BVL 2012, BVL 2021). Eiinhalt, der im Zoonosen-Monitoring 2010 mituntersucht wurde, wies ebenfalls keine Salmonellen auf (BVL 2012). In Schweinefleisch, Mastkalb- und Jungrindfleisch und in Rindfleisch wurden Salmonellen in weniger als 1% der untersuchten Proben und damit deutlich seltener nachgewiesen als in Geflügelfleisch (etwa 3% bis 5% positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2020). Die Kontaminationsrate von frischem Lammfleisch mit Salmonellen lag bei 1,1% (BVL 2021). Der Eintrag von Salmonellen in die Schlachthöfe über *Salmonella*-positive Schweine hat sich in den letzten Jahren nicht geändert: Etwa 6% der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen waren *Salmonella*-positiv. Schweineschlachtkörper wiesen eine Kontaminationsrate von 3% bis 5% auf (BVL 2013, BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020, BVL 2021). Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren zu 1,0% mit Salmonellen kontaminiert (BVL 2020).

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

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

4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Proben aus Mischfutterwerken und Schlachthöfen sowie von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.1 bis 4.4 zu entnehmen.

Tab. 4.1 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von verarbeiteten Ölsaaten aus Mischfutterwerken

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Mischfutterwerk			
verarbeitete Ölsaaten	150	1	0,7 (0,0-4,1)

Tab. 4.2 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastschweinen am Schlachthof, in Proben von frischem Schweinefleisch an Grenzkontrollstellen sowie in Proben von frischem Schweinefleisch und Schweinehackfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in%) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	369	31	8,4 (5,9–11,7)
Schlachtkörper	401	13	3,2 (1,9–5,5)
Serologische Kategorisierung			
Blinddarminhalt Kat. I	281	24,0	8,5 (5,8–12,4)
Blinddarminhalt Kat. II	45	4	8,9 (3,0–21,3)
Blinddarminhalt Kat. III	1	0	0,0 (0,0–83,3)
Blinddarminhalt ohne Angabe des Salmonellenstatus	42	3	7,1 (1,8–19,7)
Grenzkontrollstelle			
frisches Schweinefleisch	7	0	0,0 (0,0–40,4)
Einzelhandel			
frisches Schweinefleisch	473	2	0,4 (0,0–1,6)
Hackfleisch	394	5	1,3 (0,5–3,0)

Tab. 4.3 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof, in Proben von frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen sowie in Proben von frischem Rindfleisch und Rinderhackfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in%) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	283	6,0	2,1 (0,9–4,7)
Grenzkontrollstelle			
frisches Rindfleisch	86	0	0,0 (0,0–5,1)
Einzelhandel			
frisches Rindfleisch	437	0	0,0 (0,0–1,1)
Hackfleisch	422	1	0,2 (0,0–1,5)

Tab. 4.4 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in%) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	433	0	0,0 (0,0–1,1)

Insgesamt wurden 3.455 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. In 0,7% der Proben von verarbeiteten Ölsaaten wurden Salmonellen nachgewiesen. Am Schlachthof waren 8,4% der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen positiv für Salmonellen. Auf Schlachtkörpern von Mastschweinen, die von denselben Schlachtchargen stammen sollten, wurden Salmonellen zu 3,2% nachgewiesen. In den sieben Proben von frischem Schweinefleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Frisches Schweinefleisch im Einzelhandel war zu 0,4% und Schweinehackfleisch zu 1,3% positiv für Salmonellen. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof betrug 2,1%. Weder in Proben von frischem Rindfleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, noch in Rindfleischproben aus dem Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen. Rinderhackfleisch war zu 0,2% positiv für Salmonellen. In den untersuchten Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden keine *Salmonella* spp. nachgewiesen.

4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

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

Insgesamt standen 54 Isolate von *Salmonella enteri-*

ca subsp. enterica für die Typisierung zur Verfügung. Diese gehörten 7 Serovaren an. Die häufigsten Serovare waren *Salmonella* (S.) Typhimurium inkl. dessen monophasischer Variante mit 31 (57,4%) Isolaten und S. Derby mit 14 (25,9%) Isolaten (Tab. 4.5).

Die allermeisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Schweinefleischkette: von Schweinen am Schlachthof aus Blinddarminhalt 30 Isolate (55,5%), von Schlachtkörpern 11 Isolate (20,4%), aus Schweinehackfleisch (5 Isolate, 9,2%) und aus frischem Schweinefleisch (2 Isolate, 3,7%). Die restlichen 6 Isolate (11,1%) stammten aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern bzw. Jungrindern am Schlachthof.

Aus Untersuchungen von Proben von verarbeiteten Ölsaaten, Rinderhackfleisch und frischem Rindfleisch im Einzelhandel, frischem Rindfleisch und Schweinefleisch an Grenzkontrollstellen und Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden keine Isolate eingesandt.

4.2 *Campylobacter* spp.

4.2.1 Einleitung

Campylobacter spp. sind gramnegative, thermophile, spiral- oder helikal geformte Bakterien, die den Darm verschiedener Wild-, Haus- und Nutztiere in der Regel symptomlos besiedeln. Vögel stellen das wichtigste Reservoir von *Campylobacter* spp. dar. Die bei Vögeln im Vergleich zu anderen Tieren vorherrschende höhere Körpertemperatur von 42 °C stellt für *Campylobacter* spp. optimale Lebensbedingungen dar (Wysok und Uradzinski 2009). *Campylobacter* (C.) *jejuni* und *C. coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2020, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt häufiger

Tab. 4.5 Anzahl der *Salmonella*-Serovare von Mastschweinen und Mastkälbern bzw. Jungrindern (N = 54)

Tierart/Lebensmittel	Mastschwein	Mastschwein	Mastschwein	Mastschwein	Mastkalb/ Jungrind
Matrix	Blinddarminhalt	Schlachtkörper	frisches Fleisch	Hackfleisch	Blinddarminhalt
Matrixdetail	Einzelprobe	Einzelprobe	gekühlt	gekühlt	Einzelprobe
Probenahmeort	Schlachthof	Schlachthof	Einzelhandel	Einzelhandel	Schlachthof
Anzahl untersucht	N = 30	N = 11	N = 2	N = 5	N = 6
S. Derby	7	4	1	2	
S. Dublin					2
S. Infantis	2	1			
S. Ohio		1			
S. Subsp. I Rauform	1	1		1	
S. Typhimurium	7	1			
S. Typhimurium monophasisch	13	3	1	2	4

beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein nachgewiesen wird (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2016b, BVL 2017, BVL 2018, BVL 2020 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. Allerdings werden in ca. 30 % der akuten Fälle zur Behandlung Antibiotika eingesetzt (Rosner et al. 2017). Als seltene Komplikation können reaktive Gelenkentzündungen auftreten. Auch das Guillain-Barré-Syndrom, eine seltene, schwere neurologische Erkrankung, wird mit einer vorhergegangenen *C. jejuni*-Infektion in Verbindung gebracht (RKI 2018a, Zhang et al. 2010, Zautner et al. 2010).

Die Campylobacteriose ist seit dem Jahr 2005 die häufigste gemeldete Zoonose beim Menschen in der EU (EFSA und ECDC 2021b). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2021 insgesamt 47.734 *Campylobacter*-Erkrankungen gemeldet (RKI 2022a). Die Zahl liegt in einer ähnlichen Größenordnung wie im Vorjahr (46.296 *Campylobacter*-Fälle) und damit deutlich unter der im Jahr 2019 gemeldeten Anzahl von *Campylobacter*-Erkrankungen, die bei 61.526 lag (RKI 2020, RKI 2022a). Dieser deutliche Rückgang der übermittelten *Campylobacter*-Erkrankungen wurde auf die COVID-19-Pandemie und die damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen sowie auf die verminderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen zurückgeführt (s. Kap. 4.1.1). Im Jahr 2020 wurde mit 120.946 bestätigten *Campylobacter*-Fällen die geringste Zahl an Erkrankten in der EU seit dem Jahr 2007 gemeldet, was die EFSA auf die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und den Austritt Großbritanniens aus der EU zurückführt (s. Kap. 4.1.1). Im Vergleich zu 2019 ist es im Jahr 2020 durch die EU-weiten und internationalen Einschränkungen des Reiseverkehrs insbesondere auch zu einem starken Rückgang der reiseassoziierten *Campylobacter*-Fälle gekommen. Unter Berücksichtigung der Daten aus Großbritannien lag die Inzidenz damit bei 40,3 Fällen pro 100.000 Einwohner, was einem Rückgang gegenüber der Rate aus dem Jahr 2019 um 33,4 % entspricht. Berücksichtigt man die Daten aus Großbritannien nicht, liegt der Rückgang bei 25,4 %. Trotz dieses Rückgangs zeigte der Gesamttrend der Campylobacteriose in den Jahren 2016 bis 2020 statistisch gesehen keine deutliche Zu- oder Abnahme (EFSA und ECDC 2021b).

Die EFSA geht davon aus, dass die Campylobacteriose sehr häufig nicht erkannt und gemeldet wird, und vermutet, dass in der EU mindestens zwei Millionen Fälle von klinischer Campylobacteriose pro Jahr auftreten (EFSA 2010).

Bei *Campylobacter*-Infektionen ist auffällig, dass neben Kleinkindern auch Erwachsene im Alter von 20 bis 29 Jahren vermehrt von der Erkrankung betroffen sind (RKI 2020). Im Unterschied zu den meisten anderen bakteriellen Zoonoseerregern, wie z.B. Salmonellen und pathogenen *E. coli*, können sich *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln nicht vermehren (Wysok und Uradzinski 2009). Die zur Auslösung einer lebensmittelassoziierten Infektion des Menschen erforderliche Keimzahl (Dosis infectiosa minima) von *Campylobacter* spp. ist allerdings so gering (nur wenige Hundert Keime reichen aus), dass eine Erkrankung auch ohne Vermehrung der Keime im ursächlichen Lebensmittel möglich ist.

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA 2010). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Geflügelfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2021b). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war in bisherigen Untersuchungen zu etwa 30 % bis 55 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017, BVL 2018, BVL 2019, BVL 2020, BVL 2021). Proben von frischem Putenfleisch waren mit 15 % bis 32,7 % positiver Proben ebenfalls häufig mit *Campylobacter* verunreinigt (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2019). 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 (RKI 2020). Im Zoonosen-Monitoring waren in den vergangenen Jahren etwa 1 % bis 2,5 % der Proben von Tankmilch *Campylobacter*-positiv (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2020). Es konnte allerdings kürzlich gezeigt werden, dass die Anzahl lebender *Campylobacter* durch Verlust der Kultivierbarkeit in Rohmilch mittels Routinemethoden deutlich unterschätzt werden kann (Wulsten et al. 2020). Dies weist auf die Notwendigkeit des Einsatzes verbesserter Nachweisverfahren in der Routinediagnostik hin. Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speis Zubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition der Verbraucherinnen und der Verbraucher gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls möglich (RKI 2018a). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007). Die Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen

Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* zu einer deutlichen Reduktion der menschlichen Infektionen führen könnte, führte dazu, dass mit der Verordnung (EU) Nr. 1495/2017 die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel um ein Prozesshygienekriterium bei der Schlachtung von Masthähnchen ergänzt wurde. Das seit 1. Januar 2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1.000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wurde am 01.01.2020 auf 30 % reduziert und wird am 01.01.2025 auf 20 % gesenkt werden.

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben aus Schlachthöfen und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.6 bis 4.10 zu entnehmen.

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

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	385	276	71,7 (67,0–76,0)

Tab. 4.7 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	291	191	65,6 (60,0–70,9)

Tab. 4.8 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

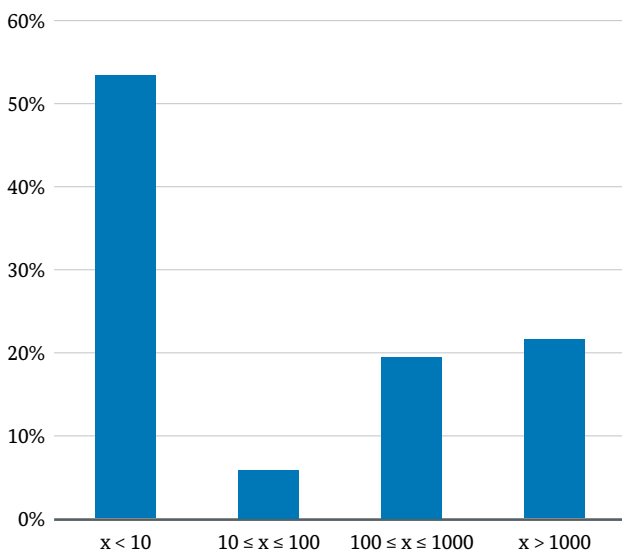
Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	465	218	46,9 (42,4–51,4)

Tab. 4.9 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Halshaut	413	193 (46,7)	9	850	$9,2 \times 10^5$
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	466	13 (2,8)	10	25	110

Tab. 4.10 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (KbE/g) (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis unterhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und ≤ 100 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 100 KbE/g und ≤ 1.000 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 1.000 KbE/g
Halshaut	413	220 (53,3)	24 (5,8)	80 (19,4)	89 (21,6)
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	466	453 (97,2)	12 (2,6)	1 (0,2)	–

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

Insgesamt wurden 1.556 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 71,7% bzw. zu 65,6% nachgewiesen. In den Halshautproben der Masthähnchenschlachtkörper ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode zu 46,9% nachweisen. 5,8% der quantitativ untersuchten Halshautproben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 19,4% der Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1.000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1.000 KbE/g wurden in 21,6% der Proben nachgewiesen (s. Abb. 4.1). Die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 46,9%.

In 2,8% der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode nachweisen, wobei lediglich eine Probe mehr als 100 KbE/g aufwies und die höchste gemessene Keimzahl bei 110 KbE/g lag.

4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Campylobacter-Isolate aus Hähnchenfleisch und von Masthähnchenschlachtkörpern wurden gemäß dem Beschluss der AFFL in ihrer Sitzung vom 3./4. Mai 2016 zur Schätzung der Keimzahl gewonnen. Sie wurden nicht typisiert und sind damit nicht Gegenstand des vorliegenden Berichtes.

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen sowie von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei der Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Anzahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein.

Auch waren insgesamt 24 eingesandte Isolate mit Zuordnung zu einem Programm im NRL nicht anzüchtbar (11 Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen und 13 Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern). Zwei Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern wurden im NRL als *Campylobacter* *hyointestinalis* bestimmt. Die 435 berücksichtigten Isolate von *Campylobacter* (*C.*) spp. stammten aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen (N = 261; 60%) und Mastkälbern/Jungrindern (N = 174; 40%) am Schlachthof.

Abbildung 4.2 gibt die Speziesverteilung unter den Isolaten für das Jahr 2021 wieder. Aus Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof wurde der Großteil (N = 258, 98,9%) der Isolate als *C. coli* typisiert, drei (1,15%) Isolate gehörten der Spezies *C. jejuni* an. Anders verhielt es sich bei den Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern. Von den 174 Isolaten

gehörten 133 (76,4%) zu *C. jejuni* und 41 (23,6%) wurden als *C. coli* identifiziert.

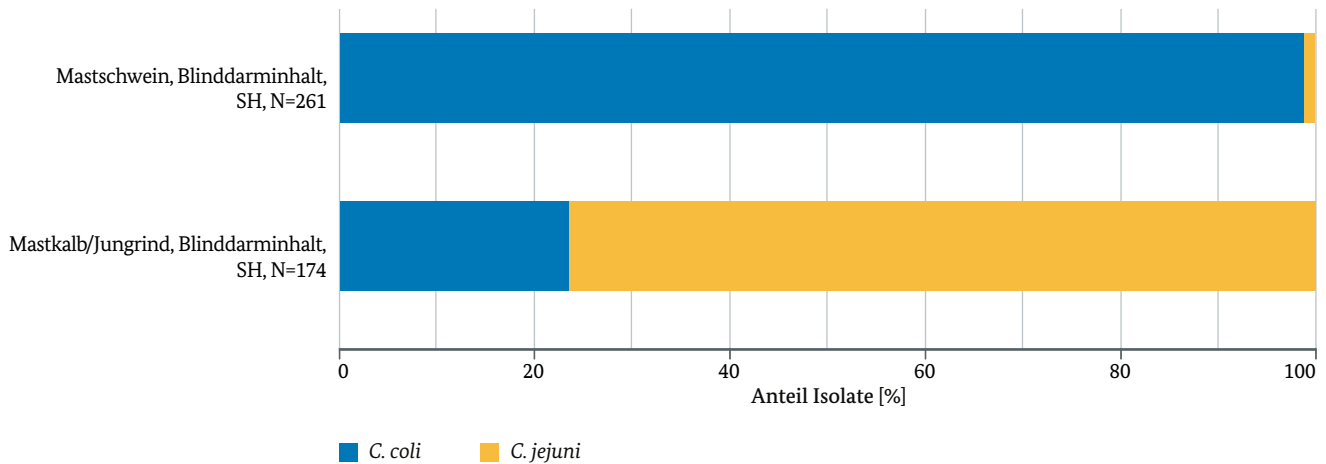


Abb. 4.2 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus dem Zoonosen-Monitoring 2021 (N = 435) (SH: Schlachthof)

4.3 *Listeria monocytogenes*

4.3.1 Einleitung

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

Erkrankungen des Menschen mit Listerien werden vornehmlich durch die Spezies *Listeria (L.) monocytogenes* hervorgerufen (RKI 2020). Listerien können Tiere vieler Arten infizieren, führen aber verhältnismäßig selten zu klinischen Symptomen. Am häufigsten erkranken Wiederkäuer (vor allem Schafe und Ziegen), die sich in der Regel über mit Listerien kontaminierte Silage infiziert haben. Hier kann die Listeriose zu Hirnhautentzündungen, Septikämien, Milchdrüsenentzündungen, Durchfallerkrankungen und 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 deutlich seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit Beginn der Überwachung auf EU-Ebene im Jahr 2008 hat die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europaweit zugenommen, wobei der Anstieg hauptsächlich durch

Erkrankungen älterer Menschen von über 64 und dabei insbesondere von Menschen im Alter von über 84 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2021b, RKI 2020). Der Gesamttrend der Listeriose zeigte in den letzten fünf Jahren allerdings statistisch gesehen keine deutliche Zu- oder Abnahme (EFSA und ECDC 2021b). Aufgrund der zunehmenden Alterung der Gesellschaft in den meisten Mitgliedstaaten ist es wichtig, das Bewusstsein und das Risiko für die Listeriose-Erkrankung insbesondere bei den älteren Menschen zu schärfen, zumal sie oftmals zu bestimmten Kosumgewohnheiten, wie z. B. dem Verzehr von verpackten Fischprodukten, neigen, die mit einem erhöhten Risiko einhergehen, an einer Listeriose zu erkranken (EFSA und ECDC 2021b).

Im Jahr 2020 wurden EU-weit 1.876 bestätigte invasive Listeriose-Fälle gemeldet. Damit lag die Inzidenz bei 0,42 Fällen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Der Austritt Großbritanniens aus der EU führte zu einem Rückgang der Inzidenz um 14,2% gegenüber der Rate im Jahr 2019. Ohne Berücksichtigung der Daten aus Großbritannien im Jahr 2019 beträgt der Rückgang bei der Inzidenz 7,1%. Diese Verringerung führt die EFSA auf die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie zurück (s. Kap. 4.1.1), sie ist im Vergleich zu anderen lebensmittelbedingten Zoonosen allerdings weniger stark ausgeprägt. Die Listeriose ist auch 2020 eine der lebensmittelbedingten Infektionen mit der

höchsten Mortalität gewesen. Damit gehört sie zu den schwerwiegendsten durch Lebensmittel übertragbaren Krankheiten. Die Sterberate lag bei 13,0% und war damit etwas niedriger als in den Vorjahren (2019: 17,6%, 2018: 15,6%) (EFSA und ECDC 2021b).

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 (RKI 2019b). Im Jahr 2021 wurden dem RKI 543 Listeriose-Fälle gemeldet (RKI 2022a). Damit liegt die Zahl übermittelter Listeriose-Erkrankungen in derselben Größenordnung wie in den Jahren 2020 und 2019, in denen 572 bzw. 591 Fälle gemeldet wurden (RKI 2020, RKI 2022a). 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, Patientinnen und Patienten mit chronischen Erkrankungen und Schwangeren auf (Metelmann et al. 2010, RKI 2010, RKI 2020). Schwangere weisen in der Regel nur Symptome eines grippalen Infektes auf, können die Infektion aber auf das ungeborene Kind übertragen, mit der Gefahr einer Schädigung des Kindes bzw. einer Früh- oder Totgeburt. Bei älteren und abwehrgeschwächten Menschen manifestiert sich die Listeriose häufiger mit Blutvergiftungen und eitrigen Hirnhautentzündungen. Die Inkubationszeit beträgt bei der Listeriose 3 bis 70 Tage, sodass Krankheitserscheinungen oft erst drei Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2010). Listerien sind in der Umwelt weitverbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *L. monocytogenes* in erster Linie über kontaminierte Lebensmittel. Hierzu zählen nicht wärmebehandelte Lebensmittel tierischer Herkunft wie Rohmilchprodukte, Rohwürste, rohe Hackfleischzubereitungen (z. B. Mett) und unverarbeitete oder kaltgeräucherte Fischereierzeugnisse (z. B. Sushi, Räucherlachs), aber auch erhitzte und nachträglich kontaminierte Lebensmittel (BfR 2014). Verzehrferne Lebensmittel, in denen sich Listerien unter bestimmten Umständen vermehren und eine hohe Keimzahl entwickeln, sind die häufigste Infektionsquelle für den Menschen (EFSA 2007). Die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel enthält mikrobiologische Grenzwerte unter anderem für verzehrferne Lebensmittel, die von den Lebensmittelunternehmen eingehalten werden müssen. Bei Überschreitung eines Lebensmittelsicherheitskriteriums gilt ein Lebensmittel als inakzeptabel kontaminiert und muss – einhergehend mit entsprechenden

Verbesserungen im Produktionsprozess – vom Markt genommen werden. Das Auftreten von *Listeria monocytogenes* variiert je nach Kategorie des verzehrfernen Lebensmittels und nach der Stufe der Probenahme. Im Allgemeinen werden *Listeria monocytogenes* in verzehrfernen Produkten, die im Einzelhandel entnommen werden, seltener in unerwünschten Mengen nachgewiesen als in verzehrfernen Lebensmitteln, die auf der Ebene der Verarbeitungsbetriebe beprobt werden. Im Jahr 2020 wurden unbefriedigende Ergebnisse EU-weit am häufigsten in Proben von verzehrfernem Fisch gesehen (5,8% nicht zufriedenstellende Proben) (EFSA und ECDC 2021b).

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden *Listeria monocytogenes* bei folgenden verzehrfernen Produkten in Mengen nachgewiesen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen: In einzelnen Proben von verpacktem geräucherten Fisch oder Graved-Fisch wurden *Listeria monocytogenes* direkt nach der Probenahme in Mengen von 300 und 600 KbE/g nachgewiesen. Der höchste Keimgehalt an *Listeria monocytogenes* wurde in einer Fischprobe zum Ende der Haltbarkeit gemessen ($6,4 \times 10^4$ KbE/g) (BVL 2013). In einzelnen Proben von Brühwurst/Brühwurstpasteten und streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch wurden Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* von 220 KbE/g bzw. 550 KbE/g gemessen (BVL 2013 und BVL 2018).

In Proben von Weichkäse aus Rohmilch von Kühen als auch von Rohmilchkäse von Schafen und Ziegen wurden vereinzelt hohe Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* von $6,2 \times 10^3$ KbE/g bzw. 570 KbE/g nachgewiesen (BVL 2013 und BVL 2016a).

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Listeria monocytogenes* in Proben aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.11 bis 4.16 zu entnehmen.

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	376	46,0	12,2 (9,3–16,0)

Tab. 4.12 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Schweinehackfleisch 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	Ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis
Einzelhandel			
Hackfleisch	376	3 (0,8)	10 KbE/g

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	410	88	21,5 (17,8–25,7)

Tab. 4.14 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Rinderhackfleisch 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	Ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis
Einzelhandel			
Hackfleisch	408	5 (1,2)	zwischen 10 und 100 KbE/g

Tab. 4.15 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	433	10	2,3 (1,2–4,3)

Tab. 4.16 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat 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	Ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis
Einzelhandel			
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	433	0	–

Insgesamt wurden 1.219 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In Proben von Schweinehackfleisch wurden *L. monocytogenes* zu 12,2% und in Rinderhackfleischproben zu 21,5% nachgewiesen. Bei der quantitativen Bestimmung ließen sich in 0,8% der Schweinehackfleischproben und in 1,2% der Proben von Rinderhackfleisch *L. monocytogenes* nachweisen. Die Keimzahlen lagen bei den Proben von Schweinehackfleisch bei 10 KbE/g, während in Rinderhackfleisch Keimzahlen von bis zu 100 KbE/g gemessen wurden. In den untersuchten Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden *L. monocytogenes* zu 2,3% nachgewiesen. Quantitativ ließen sich allerdings in keiner Salatprobe *L. monocytogenes* bestimmen, da die Keimzahlen unterhalb der Nachweisgrenze lagen.

Ein weiteres Isolat aus Rinderhackfleisch wurde als *L. welshimeri* identifiziert und ebenfalls ausgeschlossen. Die verbleibenden 138 Isolate teilen sich nach den festgestellten molekularen Serotypen wie folgt auf: Isolate aus Schweinehackfleisch und aus Rinderhackfleisch im Einzelhandel gehörten jeweils überwiegend zu den molekularen Serotypen IIa (50,0% bzw. 48,8%) und IVb (31,8% bzw. 29,8%). Isolate aus Schweinehackfleisch wiesen zusätzlich zu gleichen Anteilen die molekularen Serotypen IIb und IIc auf (je 9,1%), Isolate aus Rinderhackfleisch neben IIb (4,8%) und IIc (13,1%) vereinzelt auch die molekularen Serotypen IVa (N = 1) und IVb-v1 (N = 2). Weitere 10 Isolate aus Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen im Einzelhandel wurden den molekularen Serotypen IVb (N = 5), IIa (N = 4) und IIb (N = 1) zugeordnet (Abb. 4.3).

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt. Für zehn positive Befunde fehlte das zugehörige Isolat. Dadurch stimmt im Ergebnisbericht die Anzahl der Isolate nicht mit der Anzahl positiver Befunde überein. Isolate, zu denen keine Daten zu positiven Befunden an das BVL übermittelt wurden, wurden von der Auswertung ausgeschlossen.

Für drei Untersuchungsprogramme wurden 144 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. Fünf Isolate wurden als *L. innocua* identifiziert und aus dem Ergebnisbericht ausgeschlossen (zwei Isolate aus Schweinehackfleisch und drei Isolate aus Rinderhackfleisch).

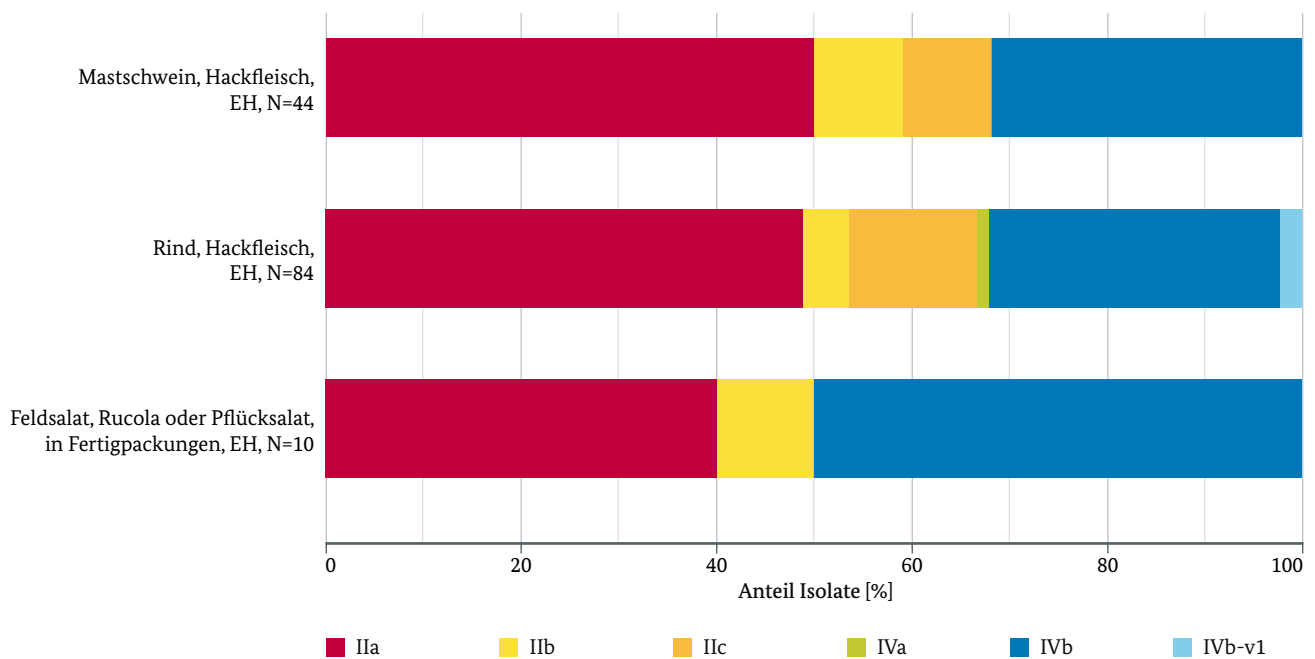


Abb. 4.3 Übersicht über die Verteilung der molekularen Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus Proben im Einzelhandel im Zoonosen-Monitoring 2021 (N = 138) (EH: Einzelhandel)

4.4 Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

4.4.1 Einleitung

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC) sind gram-negative, stäbchenförmige Bakterien, die bestimmte Zytotoxine (Shiga-Toxine syn. Vero-Toxine) 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. Sobald STEC Humanerkrankungen verursachen, werden sie auch als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bezeichnet. 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 am häufigsten isolierte Serogruppe von STEC ist O157 (RKI 2011a, Wadl et al. 2010, EFSA und ECDC 2021b). 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, Menrath 2009, Messelhäusser et al. 2008).

Im Fünf-Jahres-Zeitraum von 2015 bis 2019 ist ein Anstieg der in der EU gemeldeten STEC-Fälle zu beobachten. Hierzu können auch verbesserte Labormethoden und eine vermehrte Aufmerksamkeit für diesen Erreger als Folge mehrerer großer Ausbruchsgeschehen weltweit und in der EU beigetragen haben (EFSA und ECDC 2021a). Im Jahr 2020 ist es allerdings mit 4.446 bestätigten Fällen zu einem Rückgang der gemeldeten STEC-Erkrankungen in der EU gekommen, der vermutlich mit der COVID-19-Pandemie im Zusammenhang steht (Kap. 4.1.1). Die Inzidenz lag bei 1,5 Fällen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner, was bei einer Einbeziehung der Daten aus Großbritannien einem Rückgang gegenüber der Rate aus dem Jahr 2019 um 22,4 % bzw. um 18,2 % ohne Berücksichtigung der Daten aus Großbritannien entspricht. STEC ist damit im Jahr 2020 die vierthäufigste gemeldete lebensmittelbedingte Magen-Darm-Infektion beim Menschen in der EU gewesen (EFSA und ECDC 2021b).

In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2021 mit insgesamt 1.589 STEC-(EHEC-)Fällen mehr Erkrankungen als im Vorjahr gemeldet, in dem die Zahl gemeldeter EHEC-Fälle bei 1.364 lag (RKI 2022a). Gegenüber 2019, in dem die Zahl gemeldeter EHEC-Fälle bei 1.877 lag, wurden allerdings weniger Erkrankungen gemeldet.

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 2021 lag die Zahl gemeldeter HUS-Fälle bei 50 und damit ähnlich hoch wie zuvor (2020: 60 Fälle, 2019: 73 Fälle) (RKI 2022a, RKI 2020). Das RKI führte den allgemeinen Rückgang der übermittelten Fälle meldepflichtiger Erkrankungen im Jahr 2020 auf die COVID-19-Pandemie und die damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen zurück (s. Kap. 4.1.1).

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 0,9 % bis 4,4 % mit STEC belastet (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). 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). Auch frisches Lammfleisch wies mit 13,2 % positiver Proben eine deutlich höhere Kontaminationsrate mit STEC auf als Kalb- und Jungrindfleisch sowie Rindfleisch (BVL 2021).

In Tankmilch von Milchkühen wurden STEC zu 1,4 % bis 4,9 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2020). Verglichen damit war Tankmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben deutlich häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2016b). Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln wurden STEC in Proben von Blatt- und Kopfsalaten (1,3 % positive Proben), frischem Babyspinat (1,2 % positive Proben), tiefgefrorener Petersilie (0,3 % positiver Proben) und getrockneten Blatt- und Grasprodukten (0,4 % positive Proben) nach-

gewiesen (BVL 2014, BVL 2020 und BVL 2021). 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 Grenzkontrollstellen und

aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.17 und 4.18 zu entnehmen.

Tab. 4.17 Prävalenz von STEC in Proben von frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen sowie in Proben von frischem Rindfleisch und Rinderhackfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Grenzkontrollstellen			
frisches Rindfleisch	86	2	2,3 (0,1–8,6)
Einzelhandel			
frisches Rindfleisch	431	9	2,1 (1,0–4,0)
Hackfleisch	420	28	6,7 (4,6–9,5)

Tab. 4.18 Prävalenz von STEC in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	423	8	1,9 (0,9–3,8)

Es wurden insgesamt 1.360 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von STEC einbezogen. In 2,3 % der Proben von frischem Rindfleisch im Einzelhandel und in 2,1 % der Rindfleischproben, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, wurden STEC nachgewiesen. Die auf der Ebene des Einzelhandels entnommenen Proben von Rinderhackfleisch waren zu 6,7 % positiv für STEC. Die Nachweisrate von STEC in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen betrug 1,9 %.

4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

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

Insgesamt wurden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 aus vier Programmen 34 Isolate als STEC eingesandt und bestätigt (Tab. 4.19). Die meisten Isolate stammten aus Rinderhackfleisch aus dem Einzelhandel (N = 23, 67,6 %), weitere acht Isolate aus frischem

Rindfleisch (sechs Isolate aus dem Einzelhandel und zwei von Grenzkontrollstellen) sowie drei Isolate aus Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen.

Von allen 34 Isolaten wiesen 47,1 % (N = 16) das Gen *stx1* und 76,4 % (N = 26) das Gen *stx2* auf. Die Kombination aus *stx1* und *stx2* enthielten acht der 34 Isolate (23,5 %), sieben davon stammten aus Rinderhackfleisch. Nur zwei dieser Isolate waren zusätzlich positiv für das *eae*-Gen. Das *eae*-Gen kam insgesamt bei neun Isolaten vor und in Kombination mit fünf unterschiedlichen Serogruppen in Isolaten aus drei unterschiedlichen Programmen. Das *eae*-Gen wurde in frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen nicht gefunden. Das *ehxA*-Gen wurde bei insgesamt 18 Isolaten (52,9 %) nachgewiesen, bei 15 von 23 Isolaten aus Rinderhackfleisch im Einzelhandel (65,2 %) und bei drei von sechs aus frischem Rindfleisch im Einzelhandel (50 %). In Proben aus anderen Programmen wurde es nicht gefunden.

Insgesamt gehörten die 34 Isolate 21 verschiedenen O-Serogruppen an. Vier Isolate konnten nicht typisiert werden. Von den Serogruppen waren O113 und O108/130 (N = 4 und N = 3) am häufigsten vertreten. Die Serogruppe O157 wurde nicht nachgewiesen.

Tab. 4.19 Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC-Isolate auf Shiga-Toxin einschließlich der Shiga-Toxin codierenden Gene (*stx1* und *stx2*) sowie des *eae*- und des *ehxA*-Gens (N = 34)

O-Gruppe	H-Gruppe	<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	<i>eae</i>	<i>ehxA</i>	Rindfleisch EH	Rinderhack- fleisch EH	Rucola, Feld- salat oder Pflücksalat in Fertig- packungen EH	Rindfleisch GK	Summe
		N = 16	N = 26	N = 9	N = 18	N = 6	N = 23	N = 3	N = 2	N = 34
2	H19	+	-	-	-				1	1
4	H4	-	+	-	-		1			1
8	H25	+	-	-	+		1			1
8	H19	-	+	-	-			1		1
22	H8	-	+	-	+		1			1
22	H8	+	+	-	+		1			1
23	H15	+	+	-	+		1			1
26	H11	+	-	+	+		1			1
63	H6	-	+	+	-			1		1
82	H8	-	+	-	+		1			1
91	H14	+	+	-	-		1			1
93	H28	+	+	-	+		1			1
108/130	H25	+	+	+	+		1			1
108/130	H25	+	-	+	+	1				1
108/130	H25	+	-	+	-		1			1
113	H21	-	+	-	+	1	2			3
113	H4	-	+	-	-		1			1
116	H21	-	+	-	+		1			1
125ac	H6	-	+	+	-			1		1
130	H25	+	-	+	+		1			1
136	H12	-	+	-	+		1			1
153	H15	+	-	-	-	1				1
156	H4	-	+	-	-	1				1
171	H2	-	+	-	-	1				1
183	H18	+	+	-	+		1			1
185	H7	-	+	-	-				1	1
NT	H11	+	+	+	+	1				1
NT	H11	+	+	-	-		1			1
NT	H48	-	+	-	-		1			1
NT	H8	-	+	-	-		1			1
Rau	H25	+	-	-	-		1			1
Rau	H25	-	+	+	+		1			1

EH: Einzelhandel

GK: Grenzkontrollstelle

NT: nicht typisierbar

Rau: serologisch rau

Die Zuordnung der H-Antigene erfolgte molekularbiologisch, nicht serologisch.

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

MRSA wurden auch bei Heim- und Nutztieren nachgewiesen (BfR 2009a, EFSA 2009a). Während bei Heimtieren überwiegend ähnliche Stämme wie bei Menschen nachgewiesen werden, hat sich bei Nutztieren ein spezifischer Typ von MRSA ausgebreitet, der als „clonal complex 398“ (CC398) beschrieben wird. Diese sogenannten „livestock associated“ MRSA (la-MRSA) treten insbesondere bei Schweinen, Kälbern und Geflügel auf und sind lediglich für einen kleinen Teil der MRSA-Infektionen beim Menschen in der EU verantwortlich (Layer et al. 2018). Allerdings bestehen diesbezüglich große regionale Unterschiede (Köck et al. 2013).

Im Rahmen von Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring wurden bisher die höchsten Nachweisraten von nutztierassoziierten MRSA in der Geflügelfleischkette gefunden. Schlachtkörper von Mastputen waren mit über 60 % und frisches Putenfleisch mit 30 % bis 40 % positiver Proben besonders häufig mit MRSA kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2017). Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in frischem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2017). Seit 2016 ist die MRSA-Nachweisrate in Proben von frischem Hähnchenfleisch allerdings auf unter 20 % gesunken (BVL 2017, BVL 2019). In der Lebensmittelkette Mastschwein kommen MRSA ebenfalls häufig vor: Knapp 40 % der Proben von Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben waren positiv für MRSA. Die Schlachtkörper von Mastschweinen waren zu etwa 20 %

und frisches Schweinefleisch zu etwa 13 % mit MRSA kontaminiert (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). 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). Lammfleisch wies eine Kontaminationsrate mit MRSA von 2,8 % auf (BVL 2021). Tankmilch aus Milchrinderbetrieben war zu 4 % bis 10 % mit MRSA verunreinigt (BVL 2011, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2020). 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 in der Landwirtschaft oder in Tierarztpraxen, die einen vermehrten Kontakt mit Tieren haben (Bisdorff et al. 2012, Reynaga et al. 2016 und Reynaga et al. 2017). Durch diese Berufsgruppen könnte dann der Erreger weiter verbreitet und z. B. in Krankenhäuser eingetragen werden. Menschen, die mit „nutztierassoziierten“ MRSA kolonisiert sind, scheinen seltener zu einer Ausbreitung von MRSA in Krankenhäusern beizutragen als Träger von „krankenhausassoziierten“ MRSA-Stämmen. Außerdem scheint eine Infektion des Menschen mit „nutztierassoziierten“ MRSA-Stämmen nur in seltenen Fällen zu schweren Krankheitserscheinungen zu führen (EFSA 2009b, Van Cleef et al. 2011). Allerdings werden alle Krankheitsbilder von Hautinfektionen bis Septikämien beschrieben (Köck et al. 2013).

4.5.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von MRSA in Proben von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.20 und 4.21 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 24 einge-

sandten Isolaten (eine Rindfleischprobe enthielt 2 Subtypen) konnten alle als MRSA bestätigt werden, sodass die Prävalenz MRSA-verdächtiger Isolate der Prävalenz von MRSA entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über MRSA berichtet.

Tab. 4.20 Prävalenz von MRSA in Proben von frischem Schweinefleisch an Grenzkontrollstellen

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Grenzkontrollstellen			
frisches Schweinefleisch	7	1	14,3 (0,5–53,3)

Tab. 4.21 Prävalenz von MRSA in Proben von frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Grenzkontrollstellen			
frisches Rindfleisch	73	8	11,0 (5,4–20,4)
Einzelhandel			
frisches Rindfleisch	405	14	3,5 (2,0–5,8)

Es wurden insgesamt 485 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In einer der sieben Proben von frischem Schweinefleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, wurde MRSA nachgewiesen. In Proben von frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen wurden MRSA zu 11,0 % nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Rindfleischproben aus dem Einzelhandel betrug 3,5 %.

4.5.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu allen positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* (NRL-Staph) am BfR eingesandt. Umgekehrt wurden zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei dieser Auswertung ausgeschlossen wurden. Alle 24 zur Bestätigung an das NRL-Staph eingesandten MRSA-verdächtigen Isolate wurden dort als MRSA bestätigt.

Die 24 bestätigten MRSA-Isolate (mit zwei Subkulturen für eine der frischen Rindfleischproben aus dem Einzelhandel) stammten aus den drei geplanten Programmen. Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des für das Protein A von *Staphylococcus 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 dem nutztierassoziierten klonalen Komplex (CC) 398 angehören und solche, die mit diesem Komplex nicht assoziiert sind (non-CC398).

Insgesamt wurden 14 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen nur vier, darunter auch to11 und to34, dem CC398 zuzuordnen sind (N = 10). Insgesamt 58,3 % (N = 14) der Isolate wiesen zehn verschiedene *spa*-Typen auf, die nicht dem CC398 zugeordnet werden konnten. Die *spa*-Typen to11 und to34 waren besonders häufig (jeweils vier Isolate). Abbildung 4.4 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate (N = 15, 62,5 %) stammten von frischem Rindfleisch aus dem Einzelhandel. Unter diesen Isolaten waren zehn (66,7 %) CC398-assoziiert. Acht (33,3 %) weitere Isolate konnten aus frischen Rindfleischproben gewonnen werden, die bei Grenzkontrollstellen entnommen worden waren. In Grenzkontrollproben von frischem Schweinefleisch wurde nur ein Isolat (4,2 %) gefunden. Keines der untersuchten Isolate aus den Grenzkontrollproben war CC398-assoziiert.

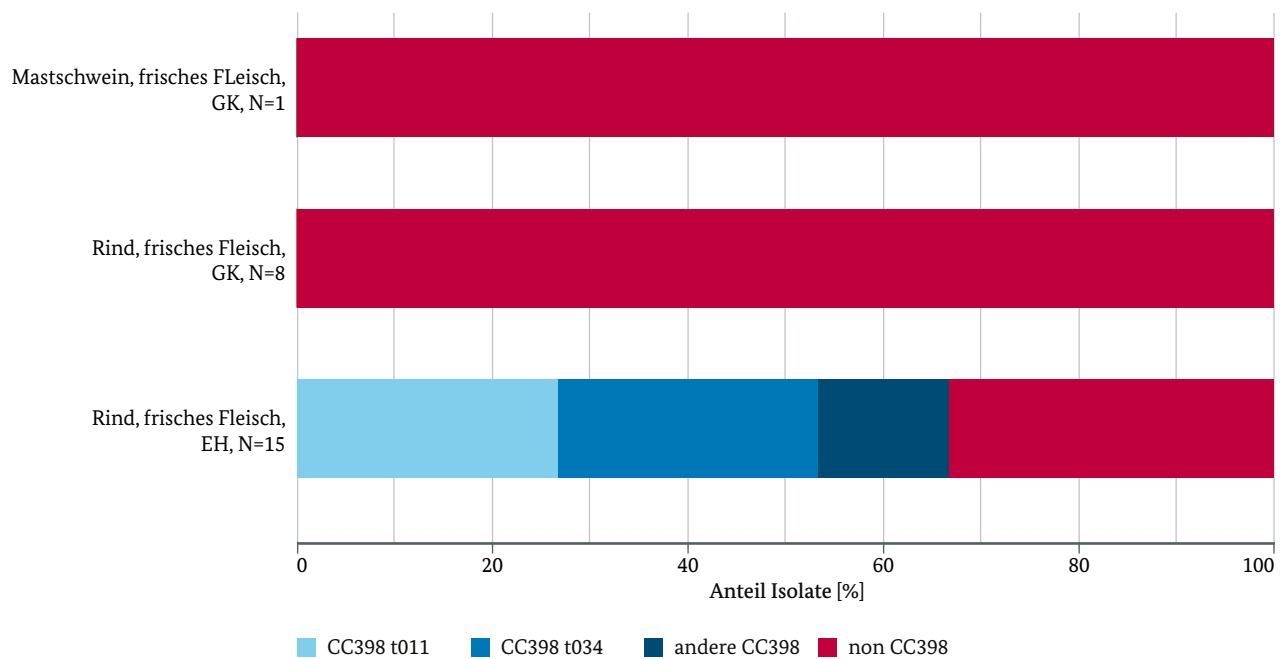


Abb. 4.4 Übersicht über die Verteilung der untersuchten MRSA-Isolate aus den verschiedenen Herkunft (anhand ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398) im Zoonosen-Monitoring 2021 (N = 24) auf die epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen im Nutztierbereich (GK: Grenzkontrollstellen, EH: Einzelhandel)

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. 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 *Y. enterocolitica* werden die Stämme in verschiedene Sero- und Biotypen unterteilt, wobei die Serogruppen O:3, O:9 und O:5,27 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). Ge-

sunde Hausschweine gelten als Hauptreservoir für humanpathogene *Y. enterocolitica*-Serotypen, da der häufigste humanpathogene Serotyp O:3 vergleichsweise oft bei Schweinen (insbesondere in den Tonsillen) und in Schweinefleischprodukten nachgewiesen werden kann (Fredriksson-Ahomaa et al. 2001, Fredriksson-Ahomaa et al. 2007, Niemann et al. 2016 und Vanantwerpen et al. 2014). Bei der Übertragung der Erreger über Lebensmittel ist von besonderer Bedeutung, dass sich *Y. enterocolitica* auch bei niedrigen Temperaturen noch vermehren und hohe Keimzahlen erreichen können, sodass eine Kühlung von Lebensmitteln keinen ausreichenden Schutz gegen Keimwachstum bietet (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999). Die Zahl der gemeldeten Yersiniose-Erkrankungen ist im Zeitraum von 2016 bis 2020 in der EU gesunken und lag im Jahr 2020 bei 5.668 bestätigten Fällen (EFSA und ECDC 2021b). Die Inzidenz betrug damit 1,8 Fälle pro 100.000 Einwohner, was einem Anstieg gegenüber der Vorjahresrate um 5,9% bei Hinzurechnung der Daten aus Großbritannien und einem Rückgang der Rate um 13,4% ohne Berücksichtigung der Daten aus Großbritannien entspricht. Die Yersiniose ist damit europaweit im Jahr 2020 die am dritthäufigsten gemeldete lebensmittelbedingte bakterielle Zoonose gewesen. Dem RKI wurden im Jahr 2021 insgesamt 1.891 Erkrankungen von Yersiniose gemeldet. Im Jahr zuvor lag die Zahl gemeldeter Yersiniose-Fälle mit 1.862 Erkrankungen in der selben Größenordnung.

In den Jahren vor der Coronapandemie (2019: 2.168 Fälle, 2018: 2.157 Fälle) war die Zahl der gemeldeten Yersiniose-Erkrankungen höher (RKI 2020, RKI 2019b).

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden *Y. enterocolitica* bisher in 2,7% der Proben von konventionell erzeugtem Schweinefleisch und in 1,7% der Proben von ökologisch erzeugtem Schweinefleisch nachgewiesen (BVL 2020). Streichfähige Rohwürste aus Schweinefleisch waren zu 0,3% und Schweinehackfleisch zu 2,4% positiv für *Yersinia enterocolitica* (BVL 2018, BVL 2019).

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* in Proben aus Schlachthöfen sind der Tabelle 4.22 zu entnehmen.

In 4,7% der Proben von Backenfleisch von Mastschweinen am Schlachthof wurden *Yersinia enterocolitica* nachgewiesen.

4.6.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden 18 Isolate aus Backenfleisch von Mastschweinen am Schlachthof dem Konsiliarlabor für Yersinien am BfR zur weiteren Typisierung geschickt. Es handelte sich in allen Fällen um pathogene *Yersinia enterocolitica*, überwiegend vom Biotyp 4 (N = 16, 88,8%). Die Typisierungsergebnisse sind in Tabelle 4.23 abgebildet.

Tab. 4.22 Prävalenz von *Yersinia enterocolitica* in Proben von Backenfleisch von Mastschweinen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (n)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Backenfleisch	384	18	4,7 (2,9–7,3)

Tab. 4.23 Eigenschaftsprofile eingesandter pathogener *Yersinia-enterocolitica*-Isolate (N = 18) im Zoonosen-Monitoring 2021

Biotyp	O-Antigen	<i>ail</i> -Gen	<i>virF</i> -Gen	Anzahl Isolate
2	O:5,27	+	+	1
2	O:9	+	+	1
4	O:3	+	+	13
4	O:3	+	-	3

4.7 *Clostridioides difficile*

4.7.1 Einleitung

Clostridioides (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). *C. difficile* ist der häufigste Erreger von im Krankenhaus erworbenen und mit einer antibiotischen Therapie assoziierten Durchfallerkrankungen (von Müller 2016). Darüber hinaus ist *C. difficile* aber auch Verursacher von ambulant erworbenen Durchfallerkrankungen bei

Patientinnen und Patienten ohne die bekannten Risikofaktoren (Kuijper und van Dissel 2008, Lübbert et al. 2014, Schneider et al. 2007 und Weil et al. 2007). Zu den Hauptrisikofaktoren, an einer *C.-difficile*-Infektion zu erkranken, zählen eine Antibiotikatherapie, hohes Lebensalter (> 65 Jahre), Krankenhausaufenthalte, das Vorkommen zusätzlicher Grunderkrankungen und eine eingeschränkte Immunkompetenz (Lübbert et al. 2014, RKI 2018b und Schneider et al. 2007). 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 2018b). 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 bi-

näres Toxin produzieren und resistent gegenüber Fluorchinolonen sind (Lübbert et al. 2014, RKI 2008, RKI 2009, RKI 2018b, Schneider et al. 2007). In Deutschland werden Ribotyp-027-Stämme seit dem Jahr 2007 beim Menschen 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 2016b). Im Jahr 2021 wurden dem RKI insgesamt 1.529 schwer verlaufende *C. difficile*-Erkrankungen und damit ähnlich viele Fälle wie im Vorjahr gemeldet, in dem 1.594 Erkrankungen erfasst wurden (RKI 2022a). Im Jahr 2019 wurden mit 2.262 Fällen deutlich mehr Erkrankungen an das RKI gemeldet (RKI 2020). Als mögliche Ursache für den Rückgang der gemeldeten Fälle wurde für das Jahr 2020 die Abnahme der Patientenzahlen während der COVID-19-Pandemie in den Krankenhäusern aufgrund der Empfehlung, planbare Eingriffe zu verschieben, bzw. aufgrund eines Aufnahmestopps in den Krankenhäusern genannt (Reuss et al. 2021). Als weitere Ursache wurden die strengeren allgemeinen Hygienemaßnahmen in den Krankenhäusern gesehen, mit denen die COVID-19-Ansteckungen verhindert werden sollten. Andererseits ist aber auch denkbar, dass die hohe Arbeitsbelastung des Klinikpersonals, der niedergelassenen Ärztinnen und Ärzte, der Labore und des öffentlichen Gesundheitsdienstes dazu geführt hat, dass weniger Erkrankungen gemeldet und übermittelt wurden (Reuss et al. 2021).

Eine *C. difficile*-Infektion führt typischerweise zu einer akuten wässrigen Durchfallerkrankung mit krampfartigen Unterbauchschmerzen, die meist fünf bis zehn Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie auftritt (Schneider et al. 2007). Vorwiegend bei älteren Menschen (> 70 Jahre) kommen aber auch schwere lebensbedrohliche Verläufe vor, die unter anderem mit der Ausbildung einer pseudomembranösen Kolitis oder eines Megakolons einhergehen. Ebenso ist aber auch eine Kolonisation des Darms ohne Ausbildung von Symptomen möglich (RKI 2020). Die Infektion erfolgt auf fäkal-oralem Weg unter anderem durch direkten Patientenkontakt, über kontaminierte Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt (Lübbert et al. 2014, RKI 2018b und RKI 2020). 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 *C. difficile*-Infektionen des Menschen auftritt – von Schweinen und Menschen in den Niederlanden zeigten, dass Menschen und Schweine identische Stämme tragen, was auf eine Übertragung zwischen diesen Populationen hindeutet (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). Diese Beobachtung wurde 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 waren bisher 0,0 % bis 1,4 % der untersuchten Proben von Schweinehackfleisch positiv für *C. difficile*. Die aus dem Schweinehackfleisch stammenden Isolate waren toxinogen und vom Ribotyp 078, 001 bzw. 126 (BVL 2018, BVL 2019, BVL 2020). In Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern wurden *C. difficile* bisher zu 1,6 % und in Halshautproben von Mastputenschlachtkörpern zu 0,2 % nachgewiesen. Die eingesandten Isolate waren allesamt toxinogen, es handelte sich aber nicht um Ribotypen, die in der Humanmedizin häufig beschrieben werden (BVL 2021).

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *C. difficile* in Proben aus Schlachthöfen sind der Tabelle 4.24 zu entnehmen. Die Nachweisrate von *C. difficile* in Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern betrug 2,8 %.

Tab. 4.24 Prävalenz von *Clostridioides difficile* in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	C.-difficile-positive Proben (n)	C.-difficile-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Halshaut	250	7	2,8 (1,2–5,8)

4.7.3 Ergebnisse der Typisierung

Aus den Untersuchungen von Halshautproben von Masthähnchen auf *Clostridioides difficile* wurden acht Isolate zur Bestätigung und Typisierung an das BfR gesandt. Die Isolate konnten den PCR-Ribotypen (RT) 001, 003, 005, 010 und 503 zugeordnet werden. Es handelte sich bei allen Isolaten mit Ausnahme solcher des RT010 um toxinogene Stämme (*tcdA*-, *tcdB*-positiv).

4.8 *Bacillus cereus*

4.8.1 Einleitung

Bacillus (B.) cereus ist der namensgebende Vertreter der sogenannten *B.-cereus*-Gruppe (*B. cereus sensu lato* (s. l.)), zu der mehrere eng verwandte Spezies gehören, die sich nur durch sehr aufwendige Laboruntersuchungen voneinander unterscheiden lassen. Zwischen den Spezies der *B.-cereus*-Gruppe findet in der Routinediagnostik kaum eine Unterscheidung statt, da die angewandten ISO-Verfahren hierzu keine gesicherte Aussage zulassen (DIN EN ISO 7932:2004, 21871:2006 und 10198:2010). Spezies der *B.-cereus*-Gruppe sind grampositive sporenbildende Bakterien, die als Bodenbewohner in der Umwelt weit verbreitet sind und in einer Vielzahl verschiedener Lebensmittel wie Gemüse, Salat, Fruchtprodukten, Reis, Nudeln, Käse, Kräutertees, Fleischprodukten, Milch und Milchprodukten nachgewiesen werden können (Ankolekar et al. 2008, Bamnia und Kaul 2015, Messelhäusser et al. 2014). Eine Verunreinigung von Lebensmitteln mit *B. cereus* (s. l.) lässt sich kaum vollständig vermeiden, denn die Sporen können etwa über Erdbodenpartikel oder Staub in Lebensmittel gelangen und auch extreme Bedingungen wie Hitze oder Trockenheit lange überstehen. Meist ist eine anfängliche Verunreinigung von Lebensmitteln mit Sporen gering.

Der Verzehr von mit *B. cereus* verunreinigten Lebensmitteln kann zu zwei Arten von in der Regel eher mild verlaufenden lebensmittelbedingten Erkrankungen führen – einer emetischen Erkrankung (Intoxikati-

on) und einer Durchfallerkrankung (Toxikoinfektion). Die emetische Erkrankung wird durch das hitzestabile Toxin Cereulid ausgelöst. Cereulid wird bei der Vermehrung der vegetativen Zellen im Lebensmittel produziert und führt bereits innerhalb weniger Stunden nach der Aufnahme zu Übelkeit und Erbrechen. Bei schweren Intoxikationen kann Cereulid außerdem Leberschäden und Hirnödeme verursachen (Dierick et al. 2005, Shiota et al. 2010). Bei der Durchfallerkrankung werden Sporen und/oder vegetative Zellen mit dem Lebensmittel aufgenommen. Während die meisten vegetativen Zellen bei der Magenpassage inaktiviert werden, überleben die Sporen größtenteils die Magenpassage und können dann nahe bzw. in direktem Kontakt mit dem Dünndarm-Epithel auskeimen und vegetative Zellen bilden. Diese können dann Enterotoxine bilden (Jeßberger et al. 2017, Wijnands et al. 2007), welche Durchfall auslösen. Die Symptome treten meist 8 bis 24 Stunden nach der Aufnahme des kontaminierten Lebensmittels auf. Häufig sind zubereitete und erhitzte Speisen, die ungenügend kühl oder heiß gelagert wurden, ursächlich für lebensmittelbedingte Erkrankungen durch *B. cereus* (s. l.) (Stenfors et al. 2008, Granum und Lund 1997, EFSA 2005, EFSA 2016). Viele Arten von Lebensmitteln sowohl pflanzlichen als auch tierischen Ursprungs waren bisher bei lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen, die durch *B. cereus* (s. l.) verursacht wurden, beteiligt. Gekochte stärkehaltige Speisen, die Nudeln oder Reis enthalten, gehören dabei zu den Lebensmitteln, die am häufigsten mit emetischen Lebensmittelintoxikationen in Verbindung gebracht werden (Rouzeau-Szynalski et al. 2020). In der Mehrzahl der durch *B. cereus* verursachten Krankheitsausbrüche wurden *B.-cereus*-(s. l.)-Gehalte von über 10^5 KBE/g in den beteiligten Lebensmitteln nachgewiesen. Es sind aber auch Fälle bekannt, bei denen bereits niedrigere *B.-cereus*-(s. l.)-Gehalte von 10^3 bis 10^5 KBE/g zu Erkrankungen sowohl des emetischen als auch des Diarrhoe-Typs geführt haben (EFSA 2005 und EFSA 2016). Die EFSA geht davon aus, dass die Keimzahlen von *B. cereus*, die in Lebensmitteln als Risiko betrachtet werden müssen, wahrscheinlich auch für *B. thuringiensis* gelten, da auch *B. thuringiensis* das Potenzial haben, Enterotoxine zu produzieren (nicht hingegen das emetische Toxin Cereulid) (EFSA 2016). Im

Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden in 28,4% der untersuchten Proben von Tomaten und in 8,3% der Proben von frischen Sprossen präsumtive *Bacillus cereus* nachgewiesen. Die aus Tomaten gewonnenen Isolate gehörten fast ausnahmslos der Spezies *Bacillus thuringiensis* an, während unter den aus Sprossen eingesandten Isolaten von präsumtiven *Bacillus cereus* keine *Bacillus thuringiensis* auftraten (BVL 2017). Bei den im Zoonosen-Monitoring 2020 durchgeführten quantitativen Untersuchungen waren 31,7% der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten positiv für präsumtive *B. cereus*, wobei überwiegend Keimzahlen von unter 1.000 KbE/g gemessen wurden. Zwei Proben (0,8%) wiesen einen Keimgehalt von über 10^4 KbE/g auf (BVL 2021).

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der quantitativen Untersuchungen zum Vorkommen von präsumtiven *B. cereus* in Proben aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.25 und 4.26 zu entnehmen.

In 46,7% der Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen. Bei 26,2% der Proben lag die Keimzahl zwischen 10 KbE/g und 10^3 KbE/g. 16,1% der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10^3 KbE/g und 10^4 KbE/g auf. In 2,3% der Proben wurde ein Keimgehalt von über 10^4 KbE/g und unter 10^5 KbE/g gemessen. 2,1% der Proben wiesen Keimzahlen von über 10^5 KbE/g auf. Als höchste Keimbelastung traten $8,1 \times 10^5$ KbE/g auf.

Tab. 4.25 Quantitative Bestimmung von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in%) Proben mit <i>B.-cereus</i> -(s. l.)-Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat	428	200 (46,7)	15	800	$8,1 \times 10^5$

Tab. 4.26 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in%) Proben mit <i>B.-cereus</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und $\leq 10^3$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in%) Proben mit <i>B.-cereus</i> -Nachweis $> 10^3$ und $\leq 10^4$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in%) Proben mit <i>B.-cereus</i> -Nachweis $> 10^4$ und $\leq 10^5$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in%) Proben mit <i>B.-cereus</i> -Nachweis $> 10^5$ und $\leq 10^6$ KbE/g
Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat	413	112 (26,2)	69 (16,1)	10 (2,3)	9 (2,1)

4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Labor für Sporenbildner am BfR eingesandt. Dies war jedoch nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate von der Auswertung ausgeschlossen wurden.

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

Insgesamt wurden 333 präsumtive *B.-cereus*-Isolate aus 166 Proben am BfR näher charakterisiert.

Davon wurden 61 Isolate aus 37 Proben als *B. thuringiensis* identifiziert, wobei die Keimzahlen zwischen $1,0 \times 10^2$ und $8,1 \times 10^5$ KbE/g lagen. Die 61 *B. thuringiensis*-Isolate trugen die Enterotoxin-Gene für das nichthämolytische Enterotoxin (*nheA/B/C*), Hämolyysin BL (*hblC/D/A*) und Zytotoxin K-2 (*cytK-2*), nicht jedoch den Cereulid-Synthetase-Gencluster (*ces*). Alle *B. thuringiensis*-Isolate konnten nur zwei MLST-Typen zugeordnet werden: ST 8 (n = 8) und ST 15 (n = 53). In einer „whole genome SNP“-Analyse zeigten außerdem alle *B. thuringiensis*-Isolate eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu *B. thuringiensis*-Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Bio-Insektiziden vorhanden sind.

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

4.9.1 Einleitung

ESBL- und/oder AmpC-bildende Bakterien zeichnen sich dadurch aus, dass sie Enzyme bilden, die die Wirksamkeit von Penicillinen und Cephalosporinen herabsetzen bzw. aufheben können, sodass die Bakterien unempfindlich gegenüber diesen Antibiotika sind. Während ESBL auch gegen Cephalosporine der 4. Generation eine Resistenz vermitteln, beschränkt sich die Resistenz von AmpC Beta-Laktamasen auf Cephalosporine der 2. und 3. Generation. Die Resistenz kann auf einer Vielzahl unterschiedlicher Gene basieren, deren jeweilige Anteile sich zwischen unterschiedlichen Populationen von Enterobacteriaceae stark unterscheiden können. Diese Gene können, wenn sie auf mobilen Elementen wie z. B. Plasmiden lokalisiert sind, leicht innerhalb einer Spezies und zwischen verschiedenen Spezies übertragen werden (BfR 2015, Canton et al. 2008, Cullik et al. 2010). ESBL/AmpC-Bildner können in nahezu allen gramnegativen Bakterienspezies auftreten, d. h. sowohl in Bakterien der physiologischen Darmflora wie kommensalen *E. coli* als auch in potenziell krank machenden Bakterien wie z. B. Salmonellen. Durch den Einsatz von Antibiotika wird die Verbreitung von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* begünstigt (BfR 2011, BfR 2015). In den letzten zehn Jahren ist es zu einer deutlichen Zunahme 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 2019 etwa 7 % der *E.-coli*-Isolate aus dem ambulanten Versorgungsbereich als resistent gegen Cefotaxim (Datenstand: 10.09.2021). Im Vergleich dazu waren im Jahr 2009 nur 3,5 % der *E.-coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet worden (<https://ars.rki.de>, aufgerufen am 10.09.2021).

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 2015, Friese et al. 2013).

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

Im Blinddarminhalt von Mastschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu etwa 50 % und in Proben von frischem Schweinefleisch zu etwa 5 % nachgewiesen (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Schweinehackfleisch wies mit 13,6 % positiver Proben eine höhere Kontaminationsrate mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* auf (BVL 2021). Im Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mit etwa 60 % bis 70 % positiver Proben deutlich häufiger nachgewiesen als in Kotproben von Mastrindern, die zu knapp 18 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren. Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von etwa 3 % bis 4 % mit diesen Keimen auf (BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020).

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben aus Erzeugerbetrieben, aus Schlachthöfen, von Grenzkontrollstellen und aus dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.27 und 4.28 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 787 Isolaten wurden 769 als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt (97,7%). Von den 787 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2020 entnommen wurden, konnten 769 (97,7%) 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. 4.27 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Sammelkotproben von Mastkälbern aus Mastkälber-, Mastrinder- und Milchrinderbetrieben, in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof, in Proben von frischem Rindfleisch an Grenzkontrollstellen sowie in Proben von frischem Rindfleisch und Rinderhackfleisch 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)
Mastkälberbetriebe mit Mastkälbern für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten			
Kot gesamt	129	76	58,9 (50,3–67,0)
Kot von Mastkälbern im Alter von 2–3 Monaten	60	38	63,3 (50,7–74,4)
Kot von Mastkälbern im Alter von 4–8 Monaten	69	38	55,1 (43,4–66,2)
Mastrinderbetriebe, die Mastkälber aufziehen			
Kot gesamt	486	231	47,5 (43,1–52,0)
Kot von Mastkälbern im Alter von 2–3 Monaten	223	127	57,0 (50,4–63,3)
Kot von Mastkälbern im Alter von 4–8 Monaten	248	97	39,1 (33,2–45,3)
Kot von Mastkälbern ohne Altersangabe	15	7	46,7 (24,8–69,9)
Milchviehbetriebe, die Mastkälber aufziehen			
Kot gesamt	250	64	25,6 (20,6–31,4)
Kot von Mastkälbern im Alter von 2–3 Monaten	125	39	31,2 (23,7–39,8)
Kot von Mastkälbern im Alter von 4–8 Monaten	107	21	19,6 (13,1–28,2)
Kot von Mastkälbern ohne Altersangabe	18	4	22,2 (8,5–45,8)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	299	196	65,6 (60,0–70,7)
Grenzkontrollstellen			
frisches Rindfleisch	86	0	0,0 (0,0–5,1)
Einzelhandel			
frisches Rindfleisch	418	10	2,4 (1,2–4,4)
Hackfleisch	415	41	9,9 (7,3–13,2)

Tab. 4.28 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Schweinefleisch an Grenzkontrollstellen und im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	382	168	44,0 (39,1–49,0)
Grenzkontrollstellen			
frisches Schweinefleisch	7	0	0,0 (0,0–40,4)
Einzelhandel			
frisches Schweinefleisch	466	24	5,2 (3,5–7,6)

Insgesamt wurden 2.944 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. 58,9 % der Sammelkotproben von Kälbern zur Mast aus Mastkälberbetrieben, 47,5 % der Sammelkotproben von Kälbern zur Mast aus Mastrinderbetrieben und 25,6 % der Sammelkotproben von Kälbern zur Mast aus Milchrinderbetrieben waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Die Nachweisraten von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben aus Mastkälberbetrieben betrug bei Kälbern zur Mast im Alter von 2 bis 3 Monaten 63,3 % und bei Kälbern zur Mast im Alter von 4 bis 8 Monaten 55,1 %. Bei Kälbern zur Mast aus Mastrinderbetrieben wurden in Kotproben der jüngeren Altersgruppe ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu 57,0 % und in Kotproben der älteren Altersgruppe zu 39,1 % nachgewiesen. Kotproben aus Milchrinderbetrieben von Kälbern zur Mast im Alter von 2 bis 3 Monaten waren zu 31,2 % und von Kälbern zur Mast im Alter von 4 bis 8 Monaten zu 19,6 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof betrug 44,0 % bzw. 65,6 %. In keiner Probe von frischem Rindfleisch von Grenzkontrollstellen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen, während frisches Rindfleisch im Einzelhandel zu 2,4 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert war. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Rinderhackfleisch lag bei 9,9 %. In den sieben Proben von frischem Schweinefleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, wurden keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen. Frisches Schweinefleisch im Einzelhandel war zu 5,2 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*.

4.9.3 Ergebnisse der Typisierung

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

Insgesamt wurden 787 Isolate im Zusammenhang mit einer selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* eingesandt, die den vorgesehenen Programmen im Zoonosen-Monitoring 2021 zugeordnet werden konnten. Von den 787 Isolaten wurden 769 als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt (97,7 %). Diese Isolate wurden durch Whole Genome Sequen-

cing (WGS) gemäß den EURL-AR-Protokollen weiter analysiert. Die entdeckten Beta-Laktamase-Gene wurden anhand des Phänotyps, den sie verleihen (ESBL, AmpC und Carbapenemase), gemäß der EFSA-Klassifizierung in verschiedene Kategorien eingeteilt. Auch Punktmutationen im Bereich des chromosomalen AmpC-Gens wurden berücksichtigt.

Die meisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Rindfleischkette: aus Kot von Kälbern zur Mast im Erzeugerbetrieb wurden insgesamt 343 Isolate eingesandt. Davon stammten von Kälbern für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten 73 Isolate (9,5 %), von in Mastrinderbetrieben aufgezogenen Kälbern 213 Isolate (27,7 %) und von Kälbern, die in den Milchviehbetrieben aufgezogen wurden, in denen sie auch geboren worden waren, 57 Isolate (7,4 %). Aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wurden 193 Isolate (25,1 %) eingesandt, aus frischem Rindfleisch im Einzelhandel 10 Isolate (1,3 %) und aus Rinderhackfleisch im Einzelhandel 36 Isolate (4,7 %). 164 Isolate (21,3 %) aus Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof und 23 Isolate (3,0 %) aus frischem Schweinefleisch im Einzelhandel zeigten Resistenz gegen Cefotaxim oder Ceftazidim.

Bei 724 Isolaten wurden insgesamt 1.191 Gene gefunden, die mit einer Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika assoziiert sind. Davon hatten 44,7 % ein einzelnes entsprechendes Gen, 46,7 % hatten zwei Gene, 7,9 % hatten drei Gene und 0,7 % hatten vier Gene. Ein Isolat hatte keine entsprechenden Gene. 44 weitere Isolate (5,7 %) wiesen nur eine AmpC-Punktmutation auf.

14 Isolate (1,8 %) hatten Gene und zusätzlich eine AmpC-Punktmutation. Bei den Genen handelte es sich zu 60,0 % um ESBL-Gene, zu 38,2 % um Gene für nicht ESBL Beta-Laktamasen und zu 0,3 % um übertragbare AmpC-Gene. Es wurde kein Gen gefunden, das den Carbapenemase-Phänotyp bedingt. 22 Gene (1,8 %) codieren für eine TEM Beta-Laktamase, welche noch keiner dieser Kategorien zugeordnet wurde. Die Verteilung der Gene auf die Untersuchungsprogramme gibt Tabelle 4.29 wieder.

Tab. 4.29 Ergebnisse der Ganzgenomsequenzierung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2021 (N = 769)

Tierart/ Lebens- mittel	Mast- schwein	Mast- schwein	Mastkälber (für die Schlach- tung mit spätestens 12 Monaten)	Mastkälber (aufgezogen in Mast- rinder- betrieben)	Mastkälber (aufgezogen in Milch- vieh- betrieben)	Mastkalber/ Jungrinder	Mastrind	Mastrind	Σ
Matrix	Blinddarm- inhalt	frisches Fleisch	Kot	Kot	Kot	Blinddarm- inhalt	frisches Fleisch	Hackfleisch	
Matrix- detail	Einzeltier- probe	gekühlt	Sammelkot	Sammelkot	Sammelkot	Einzeltier- probe	gekühlt	gekühlt	
Probe- nahmeort	Schlachthof	Einzel- handel	Erzeuger- betrieb	Erzeuger- betrieb	Erzeuger- betrieb	Schlachthof	Einzel- handel	Einzel- handel	
Anzahl untersucht	N = 164	N = 23	N = 73	N = 213	N = 57	N = 193	N = 10	N = 36	769
keine Gene gefunden	-	-	-	-	-	-	1	-	1
ESBL-Gene	139	20	71	195	55	191	9	30	710
nicht ESBL Beta-Lakta- mase-Gene	77	14	47	147	25	117	4	24	455
AmpC- Gene	2	-	-	-	1	1	-	-	4
AmpC- Punkt- mutation	23	3	4	18	1	2	-	7	58
nicht definiert	1	-	5	7	-	7	-	2	22

4.10 Carbapenemase-bildende *E. coli*

4.10.1 Einleitung

Carbapenemase-bildende Enterobacteriaceae zeichnen sich durch eine Resistenz gegenüber Beta-Laktam-Antibiotika der Carbapenem-Gruppe aus. Carbapeneme sind Antibiotika mit einem breiten Wirkungsspektrum, die in erster Linie bei Infektionen mit gramnegativen Bakterien eingesetzt werden. Sie gelten als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen, da sie bisher meistens auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam sind, wenn andere antibiotische Substanzen – insbesondere andere Beta-Laktam-Antibiotika – bereits keine Wirkung mehr zeigen. Carbapeneme werden 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 meist durch die Bildung eines Carbapenemase-Enzyms, das Carbape-

nem-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 2016a, Pfennigwerth 2018). Carbapenemase-bildende Bakterien wurden in Deutschland anfänglich insbesondere bei im Ausland erworbenen Infektionen nachgewiesen, schon länger sind aber auch Ausbrüche in Krankenhäusern mit Carbapenemase-bildenden Bakterien aufgetreten, die keinen Auslandsbezug aufweisen (Pfeifer 2010). Bakterienarten, bei denen die Fähigkeit zur Bildung von Carbapenemase beobachtet wird, sind häufig normale Darmbewohner des Menschen wie z. B. *E. coli* und *Klebsiella pneumoniae*, die in der Regel nicht krank machen. Allerdings können sie insbesondere bei immunsupprimierten Menschen mit einer schweren Grunderkrankung zu Infektionen führen, die dann im Falle einer Carbapenemase-Bildung nur schwer

zu therapieren sind (Ruhr-Universität Bochum 2017). Auch im Darm von Nutztieren wurden bereits Carbapenemase-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2016, Irrgang et al. 2017 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 2017, BVL 2018, BVL 2019, BVL 2020, BVL 2021). Allerdings wurden bisher nur in zwei Kotproben aus Mastschweinebetrieben, in einer Probe von Blinddarminhalt von Mastschweinen und in einer Probe von Schweinefleisch Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018, BVL 2020).

4.10.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

In die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* wurden insgesamt 1.639 Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof, von frischem Schweinefleisch und Rindfleisch im Einzelhandel und von Grenzkontrollstellen einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Zu den meisten, aber nicht allen an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Dadurch stimmt die Zahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Es wurden vier verdächtige Isolate eingesandt, von denen zwei aus frischem Schweinefleisch im Einzelhandel, eines aus Rindfleisch im Einzelhandel und eines aus dem Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof stammte. Keines der Isolate wurde als Carbapenemase-bildend bestätigt.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 2.210 Isolaten von *Salmonella* spp., *C. jejuni* und *C. coli*, MRSA, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis* sowie den unterschiedlichen Populationen von *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der MHK erfolgte wie im *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen (EFSA 2012a und EFSA 2012b).

5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 54 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Monitorings 2021 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1, Tab. 5.1 und 5.2). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (N = 48) und von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof (N = 6). Da insgesamt nur aus wenigen Proben Salmonellen isoliert wurden, sind die Ergebnisse zwischen den Tierarten und Probenahmezeitpunkten sowie mit den Vorjahren nur begrenzt vergleichbar. Aus importiertem Fleisch wurden keine Salmonellen isoliert. Auch aus Rindfleisch, Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat aus Fertigpackungen sowie aus den Ölsaaten standen keine Isolate für die Resistenztestung zur Verfügung.

Etwa 20 % der Isolate waren sensibel gegen alle Testsubstanzen. Dies trifft für keines der sechs Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu, da alle gegen eine (zwei Isolate) bzw. drei (vier Isolate) Substanzklassen resistent waren. In der Lebensmittelkette Schweinefleisch war die Hälfte der Isolate gegenüber mindestens drei Substanzklassen resistent, davon vier (7,5 %) gegen mehr als drei Klassen.

Die höchsten Resistenzraten wurden bei Schweinen und Rindern gegenüber Sulfamethoxazol (64,8 %), Ampicillin (61,1 %) und Tetracyclin (55,6 %) festgestellt, wobei es zwischen den wenigen Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern und den Isolaten aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch kaum Unterschiede gab. Ge-

genüber Colistin waren 5,5 % (3 Isolate) resistent, wobei zwei dieser Isolate von Mastkälbern stammten. Resistenzen gegen Fluorchinolone wurden bei drei Isolaten festgestellt (5,6 %), die alle aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch stammten. Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, Meropenem, Azithromycin und Gentamicin wurden nicht beobachtet. Ein Isolat aus Blinddarmproben vom Schwein erwies sich als resistent gegen das 2021 zum ersten Mal getestete Aminoglykosid Amikacin.

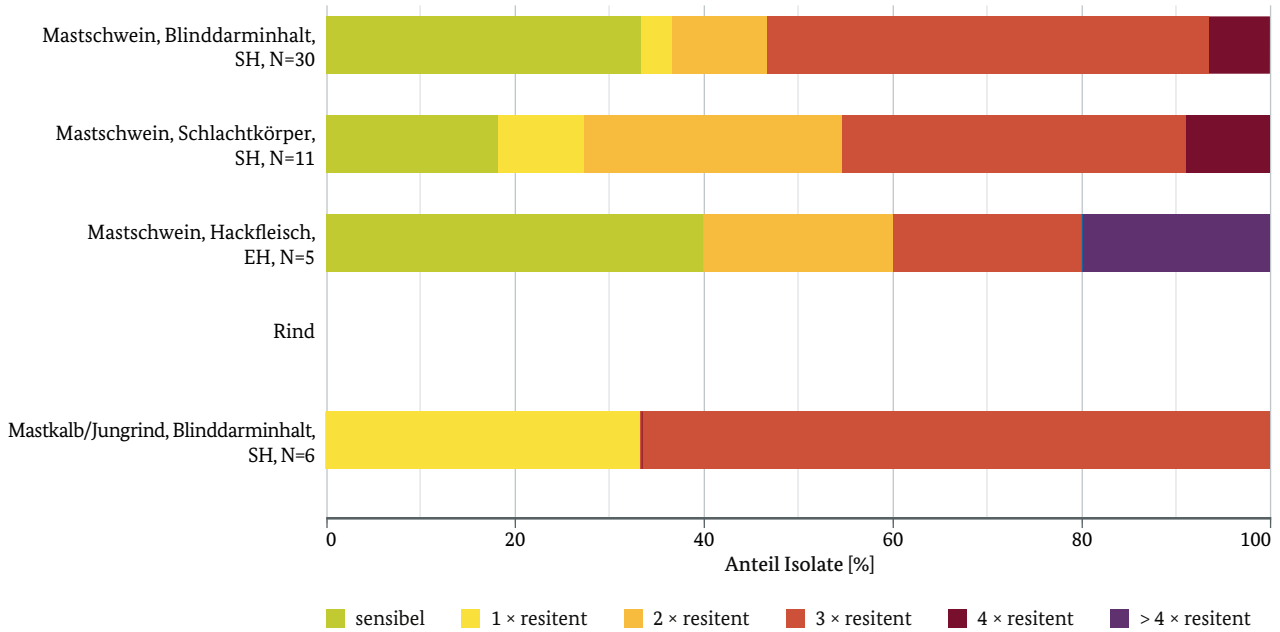


Abb. 5.1 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

Tab. 5.1 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Mastkälber/Jungrinder und Mastschweine am Schlachthof im Zoonosen-Monitoring 2021

Tierart	Mastkälber/ Jungrinder		Mastschwein		Mastschwein	
Matrix	Blinddarminhalt		Blinddarminhalt		Schlachtkörper	
Probenahmeort	Schlachthof		Schlachthof		Schlachthof	
	N	%	%	N	N	%
Anzahl untersucht	6			30		11
Amikacin	0	0,0	1	3,3	0	0,0
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	2	6,7	1	9,1
Ampicillin	4	66,7	18	60,0	6	54,5
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	1	3,3	2	18,2
Nalidixinsäure	0	0,0	1	3,3	2	18,2
Colistin	2	33,3	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	4	66,7	17	56,7	6	54,5
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	1	9,1
Azithromicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	2	6,7	2	18,2
Sulfamethoxazol	4	66,7	18	60,0	8	72,7
sensibel	0	0,0	10	33,3	2	18,2
1 x resistent	2	33,3	1	3,3	1	9,1
2 x resistent	0	0,0	3	10,0	3	27,3
3 x resistent	4	66,7	14	46,7	4	36,4
4 x resistent	0	0,0	2	6,7	1	9,1
> 4 x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.2 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – frisches Fleisch und Hackfleisch vom Schwein im Zoonosen-Monitoring 2021

Tierart	Mastschwein		Mastschwein	
	frisches Fleisch gekühlt		Hackfleisch gekühlt	
Matrix	frisches Fleisch gekühlt		Hackfleisch gekühlt	
Probenahmeort	Einzelhandel		Einzelhandel	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	2		5	
Amikacin	0	0,0	0	0,0
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	1	20,0
Ampicillin	2	100,0	3	60,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	1	20,0
Tetrazyklin	1	50,0	2	40,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	1	50,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	2	100,0	3	60,0
sensibel	0	0,0	2	40,0
1 × resistent	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	1	50,0	1	20,0
3 × resistent	1	50,0	1	20,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	1	20,0

5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 435 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der Programme zugeordnet werden konnten (Abb. 5.2, Tab. 5.3). Hierbei handelte es sich um 136 Isolate von *C. jejuni*, die fast ausnahmslos (97,8 %) von Mastkälbern und Jungrindern stammten und um 299 Isolate von *C. coli*, die ganz überwiegend vom Schwein stammten (86,3 %). Insgesamt waren nur 14,3 % der Isolate gegen alle Testsubstanzen sensibel, darunter allerdings alle drei *C. jejuni* vom Schwein. Der niedrigste Anteil sensibler Isolate wurde bei *C. coli* von Mastkälbern und Jungrindern beobachtet (4,9 %), während *C. coli* vom Schwein deutlich häufiger sensibel waren (15,9 %).

Die höchsten Resistenzraten wurden durchweg gegenüber Tetrazyklin beobachtet, wobei *C. coli* von Mastkälbern und Jungrindern mit 92,7 % die höchsten Resistenzraten aufwiesen, gefolgt von *C. jejuni* aus dieser Population (84,2 %). *C. coli* vom Schwein wiesen ebenfalls sehr häufig Resistenz gegen Tetrazyklin auf (71,7 %).

Gegenüber Ciprofloxacin waren insgesamt 61,1 % der Isolate resistent, wobei auch hier die höheren Resistenzraten bei Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern und geringere bei *C. coli* vom Schwein beobachtet wurden. Entsprechend waren die meisten Isolate resistent gegen zwei Substanzklassen (46,0 %). Auch gegenüber Erythromycin und Ertapenem wiesen *C. coli* von Mastkälbern und Jungrindern die höchsten Resistenzraten auf (24,4 % und 29,3 %). Resistenzen gegen Gentamicin wurden nur bei zwei Isolaten beobachtet, gegen Chloramphenicol gar keine.

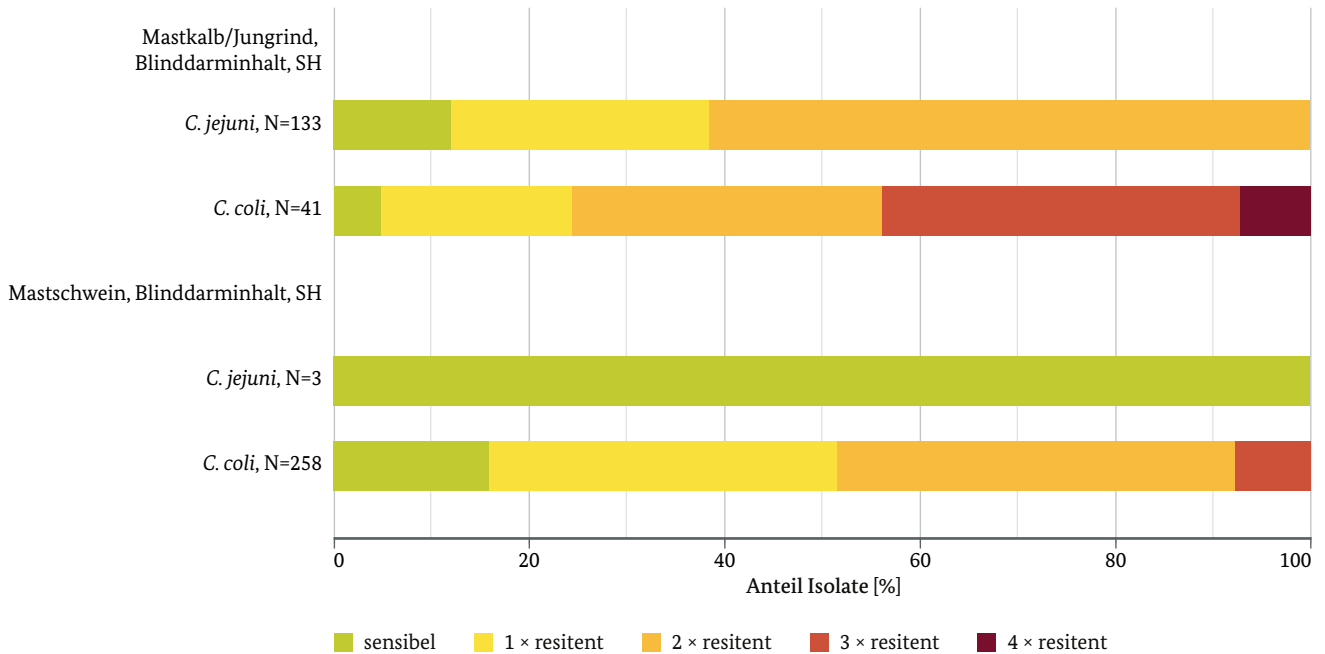


Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (SH: Schlachthof)

Tab. 5.3 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2021, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Spezies	<i>C. jejuni</i>		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>		<i>C. coli</i>	
	Mastschwein		Mastkalb/ Jungrind		Mastschwein		Mastkalb/ Jungrind	
Matrix	Blinddarminhalt		Blinddarminhalt		Blinddarminhalt		Blinddarminhalt	
Probenahmeort	Schlachthof		Schlachthof		Schlachthof		Schlachthof	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	3		133		258		41	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	1	0,4	1	2,4
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ertapenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	12	29,3
Ciprofloxacin	0	0,0	87	65,4	149	57,8	30	73,2
Tetrazyklin	0	0,0	112	84,2	185	71,7	38	92,7
Erythromycin	0	0,0	0	0,0	27	10,5	10	24,4
sensibel	3	100,0	16	12,0	41	15,9	2	4,9
1 x resistent	0	0,0	35	26,3	92	35,7	8	19,5
2 x resistent	0	0,0	82	61,7	105	40,7	13	31,7
3 x resistent	0	0,0	0	0,0	20	7,8	15	36,6
4 x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	3	7,3
> 4 x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.3 Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Insgesamt wurden 34 STEC auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.3, Tab. 5.4). Diese stammten überwiegend aus Rindfleisch (91,8%). Die

drei Isolate aus Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen und die zwei Isolate aus importiertem Rindfleisch waren durchweg sensibel gegen alle Testsubstanzen.

Insgesamt waren von allen Isolaten 79,4% gegen alle Testsubstanzen empfindlich. Je zwei Isolate (5,9%) waren gegen eine, zwei und drei Substanzklassen resis-

tent, und nur eines (2,9%) gegen mehr als drei Klassen. Die höchsten Resistenzraten wurden gegen Sulfamethoxazol (17,6%) und Tetrazyklin (11,8%) festgestellt. Ein Isolat war resistent gegen die Fluorchinolone und keines gegen die Cephalosporine der 3. Generation, Colistin oder das Carbapenem.

Aufgrund der geringen Anzahl der untersuchten Isolate ist ein Vergleich zwischen den Herkünften oder auch zu Daten aus vergangenen Jahren nur mit Vorsicht vorzunehmen.

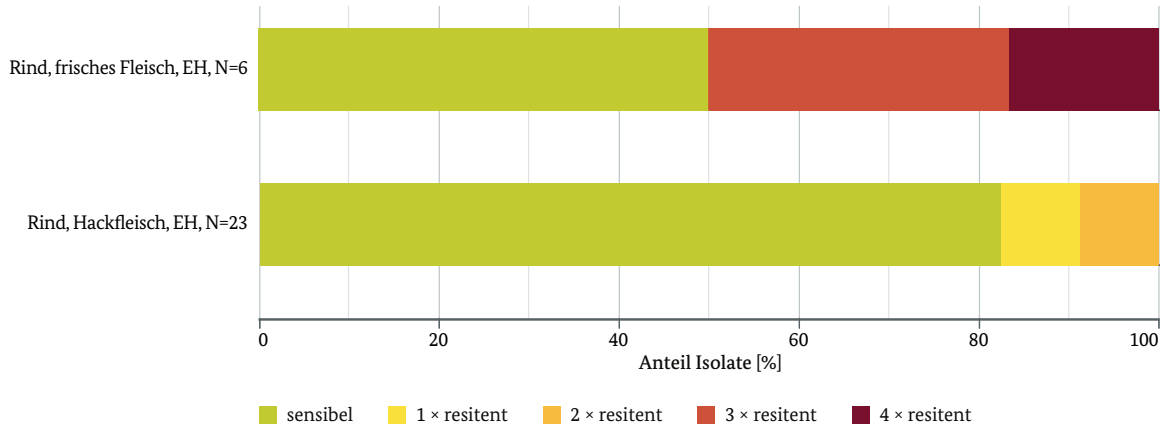


Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei Shiga-Toxin bildenden *Escherichia coli* im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (EH: Einzelhandel)

Tab. 5.4 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter STEC-Isolate aus dem Zoonosen-Monitoring 2021, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart	Rind		Rind		Rind		Salat	
	frisches Fleisch Importware		frisches Fleisch gekühlt		Hackfleisch gekühlt		Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen	
Probenahmeort	Grenzkontrollstellen		Einzelhandel		Einzelhandel		Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	2		6		23		3	
Amikacin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	2	33,3	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	2	33,3	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	1	16,7	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	1	16,7	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	0	0,0	2	33,3	2	8,7	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0	1	4,3	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	3	50,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	3	50,0	3	13,0	0	0,0
sensibel	2	100,0	3	50,0	19	82,6	3	100,0
1 x resistent	0	0,0	0	0,0	2	8,7	0	0,0
2 x resistent	0	0,0	0	0,0	2	8,7	0	0,0
3 x resistent	0	0,0	2	33,3	0	0,0	0	0,0
4 x resistent	0	0,0	1	16,7	0	0,0	0	0,0
> 4 x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 24 MRSA-Isolate getestet, die einem der drei vorgesehenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in Abbildung 5.4 und Tabelle 5.5 zusammengefasst.

Alle Isolate zeigten als MRSA mindestens Resistenzen gegen zwei der 16 getesteten Substanzklassen (Abb. 5.4, Tab. 5.5), nämlich Penicilline und Cephalosporine (getestet anhand von Cefoxitin). Die höchsten Resistenzraten wurden bei den 15 Isolat aus Rindfleisch im Einzelhandel festgestellt, wobei besonders häufig Resistenzen gegen Tetrazyklin (10/15), Ciprofloxacin (8/15) und Erythromycin (6/15) beobachtet wurden. Gegen die für die Humanmedizin besonders wichtigen Antibiotika Vancomycin, Linezolid, Rifampicin, Mupirocin und Fusidinsäure wurden keine Resistenzen beobachtet.

Die Isolate aus importiertem Rindfleisch waren überwiegend (62,5 %) nur resistent gegen die Penicilline und Cephalosporine. Keines der 8 Isolate war resistent gegen Tetrazyklin. Auch das Isolat aus importiertem Schweinefleisch war nicht gegen Tetrazyklin resistent. Neben der Resistenz gegen Cephalosporine und Penicilline wies es nur eine Resistenz gegen Chloramphenicol und Ciprofloxacin auf.

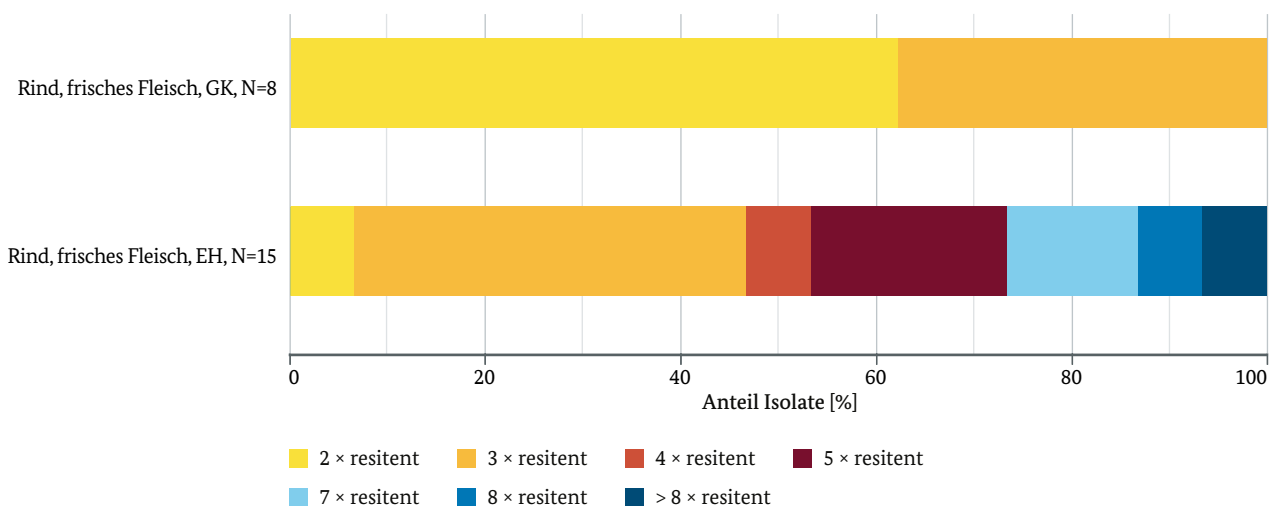


Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden (EH: Einzelhandel, GK: Grenzkontrollstelle)

Tab. 5.5 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter MRSA-Isolate aus dem Zoonosen-Monitoring 2021, sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart	Mastschwein		Rind		Rind	
Matrix	frisches Fleisch Importware		frisches Fleisch Importware		frisches Fleisch gekühlt	
Probenahmeort	Grenzkontrollstellen		Grenzkontrollstellen		Einzelhandel	
	N	%	%	N	N	%
Anzahl untersucht	1		8		15	
Gentamicin	0	0,0	2	25,0	0	0,0
Kanamycin	0	0,0	2	25,0	2	13,3
Streptomycin	0	0,0	0	0,0	2	13,3
Chloramphenicol	1	100,0	0	0,0	0	0,0
Penicillin G	1	100,0	8	100,0	15	100,0
Cefoxitin	1	100,0	8	100,0	15	100,0
Ciprofloxacin	1	100,0	0	0,0	8	53,3
Tetrazyklin	0	0,0	0	0,0	10	66,7
Rifampicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Clindamycin	0	0,0	0	0,0	4	26,7
Erythromycin	0	0,0	1	12,5	6	40,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tiamulin	0	0,0	0	0,0	4	26,7
Mupirocin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Quinupristin/Dalfopristin	0	0,0	0	0,0	1	6,7
Fusidinsäure	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0	5	33,3
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	0	0,0	0	0,0	0	0,0
1 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	5	62,5	1	6,7
3 × resistent	0	0,0	3	37,5	6	40,0
4 × resistent	1	100,0	0	0,0	1	6,7
5 × resistent	0	0,0	0	0,0	3	20,0
6 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
7 × resistent	0	0,0	0	0,0	2	13,3
8 × resistent	0	0,0	0	0,0	1	6,7
> 8 × resistent	0	0,0	0	0,0	1	6,7

5.5 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1.446 kommensale *E.-coli*-Isolate getestet, die den vereinbarten Programmen zugeordnet werden konnten. Falls in einem Programm deutlich mehr als 170 Isolate (von EFSA für die Resistenzbestimmung mindestens gefordert) eingesandt wurden, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Testung ausgewählt. Dies war bei den Isolaten aus Blinddarminhalten von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof der Fall. Aus den übrigen Matrizes bzw. Programmen wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Die Abbildungen 5.5 und 5.6 zeigen die Untersuchungsergebnisse für die kommensalen *E. coli* Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate aus den einzelnen Programmen sind in den Tabellen 5.6 bis 5.8 gegenübergestellt. Gegenüber Meropenem und Amikacin wurden keine resistenten Isolate festgestellt.

Der Anteil sensibler Isolate lag insgesamt bei 57,6%, wobei es kaum Unterschiede zwischen Isolaten aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (55,0%) und aus der Lebensmittelkette Rindfleisch (56,6%) gab. In der Lebensmittelkette Rindfleisch wurden ganz überwiegend (90,7%) Isolate von Kälbern untersucht.

Den niedrigsten Anteil sensibler Isolate wiesen Isolate aus Mastkälberbetrieben auf (41,8%), gefolgt von Kälbern in Mastrinderbeständen (45,6%) und Mastschweinen am Schlachthof (48,9%). Deutlich höhere Anteile sensibler Isolate wurden bei Kälbern in Milchviehbetrieben (77,8%) sowie bei Isolaten aus Schweinefleisch (70,8%) und Hackfleisch vom Rind (83,0%) im Einzelhandel festgestellt. Alle 45 Isolate von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat waren sensibel gegen alle Substanzen. Aus importiertem Fleisch wurden insgesamt nur drei Isolate eingesandt, von denen eines sensibel und zwei nur gegen Tetrazyklin resistent waren (nicht in den Abbildungen dargestellt).

Die insgesamt höchsten Resistenzraten über alle Herkünfte hinweg wurden gegenüber Tetrazyklin (34,6%), Ampicillin (28,7%) sowie Sulfamethoxazol (28,1%) beobachtet. Eine Resistenz gegen Colistin wurde nur bei einem Isolat aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof nachgewiesen. Resistenzen gegen Ciprofloxacin wurden insgesamt bei 7,1% der Isolate beobachtet. Der Großteil der betroffenen Isolate stammte von Mastkälbern und Jungrindern (91 der 103 resistenten Isolate; 8,8% der Isolate von Mastkälbern und Jungrindern) und deutlich weniger aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (8 Isolate, 3,1%).

Von den drei untersuchten Populationen von Mastkälbern im Bestand wiesen die kommensalen *E.-coli*-Isolate von Kälbern in Milchviehbetrieben die geringsten Resistenzraten auf, gefolgt von solchen in Rindermastbetrieben. *E.-coli*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern in Kälbermastbetrieben wiesen gegenüber den meisten Substanzen die numerisch höchsten Resistenzraten auf. Nur gegenüber Tetrazyklin war der Anteil resistenter Isolate aus Mastrinderbetrieben geringfügig höher (49,7% vs. 48,4%).

Insgesamt wurden 41 kommensale *E.-coli*-Isolate nachgewiesen, die von nicht-selektiven Medien gewonnen wurden und gegen die Cephalosporine der 3. Generation Cefotaxim oder Ceftazidim (erstes Panel) resistent waren (2,8% gegen Cefotaxim). Die allermeisten Isolate stammten wiederum aus den Untersuchungen in der Rindfleischkette (40/41): Insbesondere stammten 31 Isolate aus Kot von Kälbern im Erzeugerbetrieb. Darunter waren 8 Isolate (19,5%) von Kälbern zur Mast für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten, 16 Isolate (39,0%) von in Mastrinderbetrieben aufgezogenen Kälbern und 7 Isolate (17,1%) von Kälbern, die in den Milchviehbetrieben aufgezogen wurden, in denen sie auch geboren worden waren. Aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wurden 7 Isolate eingeschickt (17,1%) und aus Rinderhackfleisch 2 Isolate (4,9%). Nur ein Isolat (2,4%) aus frischem Schweinefleisch im Einzelhandel zeigte Resistenz gegen Cefotaxim und Ceftazidim.

Die Isolate wurden durch Ganzgenomsequenzierung (Whole Genome Sequencing, WGS) als alternative Methode zur Bouillon-Mikrodilution (2. Platte) gemäß den EURL-AR-Protokollen weiter analysiert. Die entdeckten Beta-Laktamase-Gene wurden anhand des Phänotyps, den sie verleihen (Extended-Spektrum Beta-Laktamase (ESBL), AmpC Beta-Laktamase (AmpC) und Carbapenemase), gemäß der EFSA-Klassifizierung in verschiedene Kategorien eingeteilt. Auch Punktmutationen im Bereich des chromosomalen AmpC-Gens wurden erfasst.

Bei 39 Isolaten wurden insgesamt 63 Beta-Laktamase-Gene gefunden und zwei weitere Isolate wiesen eine AmpC-Punktmutation auf. Von den 39 Isolaten mit Beta-Laktamase-Genen hatten 46,2% (18 Isolate) ein einzelnes Gen, 46,2% (18 Isolate) hatten 2 Gene und 7,7% (3 Isolate) hatten 3 Gene. Bei den Genen handelte es sich zu 33,3% um ESBL-Gene und zu 63,5% um andere Beta-Laktamase-Gene. Letztere codieren Beta-Laktamasen, welche allein nicht in der Lage sind, eine Resistenz gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation zu vermitteln. Es wurde kein übertragbares Gen gefunden, das einen AmpC- oder Carbapenemase-Phänotyp bedingt. Bei zwei der gefundenen TEM-Gene (3,2%) steht

die Definition, ob sie den ESBL-Genen zugeordnet werden können, noch aus. Sie konnten daher in dieser Auswertung keiner Kategorie zugeordnet werden. Die

Verteilung der Gene auf die Untersuchungsprogramme gibt Tabelle 5.9 wieder.

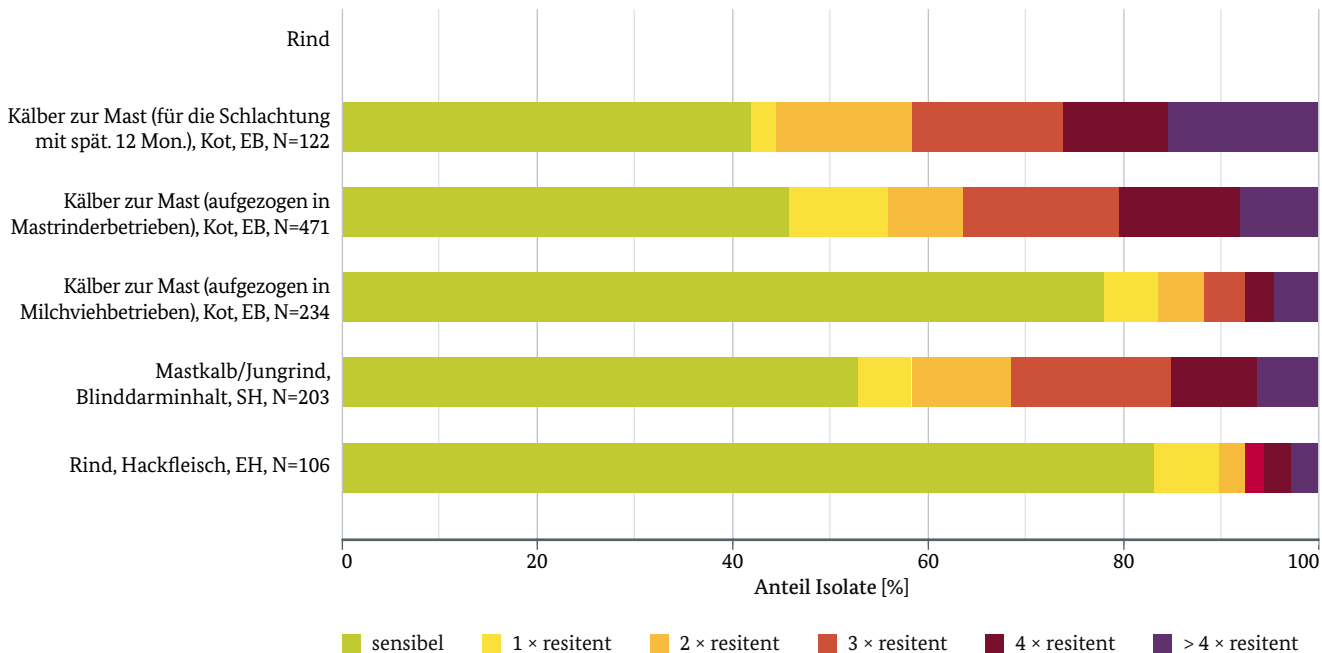


Abb. 5.5 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* aus der Lebensmittelkette Rind/Kalbfleisch im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (EB: Erzeugerbetrieb, SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

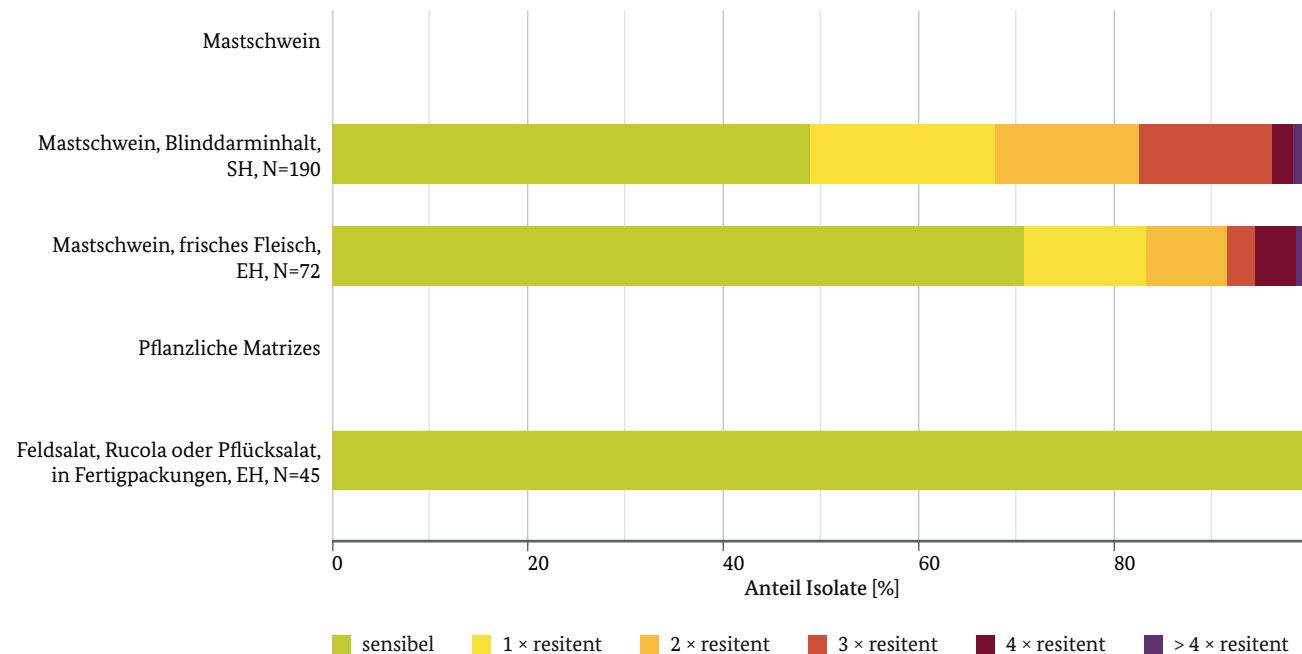


Abb. 5.6 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* aus der Lebensmittelkette Mastschwein und aus pflanzlichen Lebensmitteln im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens 5 Isolate untersucht wurden (EH: Einzelhandel, SH: Schlachthof)

Tab. 5.6 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastschwein im Zoonosen-Monitoring 2021 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart	Mastschwein		Mastschwein		Mastschwein	
	Blinddarminhalt		frisches Fleisch		frisches Fleisch	
Probenahmeort	Schlachthof		Grenzkontrollstellen		Einzelhandel	
	N	%	%	N	N	%
Anzahl untersucht	190		0		72	
Amikacin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gentamicin	5	2,6	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	12	6,3	0	0,0	5	6,9
Ampicillin	55	28,9	0	0,0	13	18,1
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	1	1,4
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	1	1,4
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	3	1,6	0	0,0	5	6,9
Nalidixinsäure	2	1,1	0	0,0	4	5,6
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	61	32,1	0	0,0	9	12,5
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	5	2,6	0	0,0	2	2,8
Trimethoprim	45	23,7	0	0,0	7	9,7
Sulfamethoxazol	56	29,5	0	0,0	8	11,1
sensibel	93	48,9	0	0,0	51	70,8
1 × resistent	36	18,9	0	0,0	9	12,5
2 × resistent	28	14,7	0	0,0	6	8,3
3 × resistent	26	13,7	0	0,0	2	2,8
4 × resistent	4	2,1	0	0,0	3	4,2
> 4 × resistent	3	1,6	0	0,0	1	1,4

Tab. 5.7 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus Mastkälbern und Jungrindern aus dem Zoonosen-Monitoring 2021 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart	Kälber zur Mast für die Schlachtung mit < 12 Monaten		Kälber zur Mast im Mastrinderbetrieb		Kälber zur Mast im Milchviehbetrieb		Mastkälber/Jungrinder	
Matrix	Kot		Kot		Kot		Blinddarminhalt	
Probenahmeort	Erzeugerbetrieb		Erzeugerbetrieb		Erzeugerbetrieb		Schlachthof	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	122		471		234		203	
Amikacin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gentamicin	11	9,0	18	3,8	2	0,9	7	3,4
Chloramphenicol	35	28,7	95	20,2	22	9,4	22	10,8
Ampicillin	58	47,5	168	35,7	33	14,1	79	38,9
Cefotaxim	7	5,7	17	3,6	7	3,0	7	3,4
Ceftazidim	6	4,9	11	2,3	5	2,1	5	2,5
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	21	17,2	36	7,6	11	4,7	23	11,3
Nalidixinsäure	18	14,8	26	5,5	8	3,4	15	7,4
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	0,5
Tetrazyklin	59	48,4	234	49,7	43	18,4	81	39,9
Tigezyklin	2	1,6	5	1,1	0	0,0	1	0,5
Azithromicin	10	8,2	25	5,3	2	0,9	5	2,5
Trimethoprim	40	32,8	145	30,8	27	11,5	53	26,1
Sulfamethoxazol	51	41,8	193	41,0	28	12,0	60	29,6
sensibel	51	41,8	215	45,6	182	77,8	107	52,7
1 × resistent	3	2,5	48	10,2	13	5,6	11	5,4
2 × resistent	17	13,9	36	7,6	11	4,7	21	10,3
3 × resistent	19	15,6	75	15,9	10	4,3	33	16,3
4 × resistent	13	10,7	59	12,5	7	3,0	18	8,9
> 4 × resistent	19	15,6	38	8,1	11	4,7	13	6,4

Tab. 5.8 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Rindfleisch und aus pflanzlichen Lebensmitteln aus dem Zoonosen-Monitoring 2021 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart/ Lebensmittel	Rind		Rind		Salat	
Matrix	frisches Fleisch Importware		Hackfleisch gekühlt		Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat In Fertigpackungen	
Probenahmeort	Grenzkontrollstellen		Einzelhandel		Einzelhandel	
	N	%	%	N	N	%
Anzahl untersucht	3		106		45	
Amikacin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Gentamicin	0	0,0	3	2,8	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	7	6,6	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	9	8,5	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	2	1,9	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	2	1,9	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	4	3,8	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	4	3,8	0	0,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	2	66,7	12	11,3	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	2	1,9	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	6	5,7	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	10	9,4	0	0,0
sensibel	1	33,3	88	83,0	45	100,0
1 × resistent	2	66,7	7	6,6	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	3	2,8	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	2	1,9	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	3	2,8	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	3	2,8	0	0,0

Tab. 5.9 Ergebnisse der WGS-Untersuchung von kommensalen *E.-coli*-Isolaten, die verdächtig werden, ESBL/AmpC zu bilden, im Zoonosen-Monitoring 2021 (N = 46)

Tierart/ Lebensmittel	Mastschwein	Mastkälber (für die Schlachtung mit spätestens 12 Monaten)	Mastkälber (aufgezogen in Mastrinder- betrieben)	Mastkälber (aufgezogen in Milchvieh- betrieben)	Mastkalber/ Jungrinder	Mastrind	Σ
Matrix	frisches Fleisch	Kot	Kot	Kot	Blinddarm- inhalt	Hackfleisch	
Matrixdetail	gekühlt	Sammelkot	Sammelkot	Sammelkot	Einzeltierprobe	gekühlt	
Probe- nahmeort	Einzelhandel	Erzeuger- betrieb	Erzeuger- betrieb	Erzeuger- betrieb	Schlachthof	Einzelhandel	
Anzahl unter- sucht	N = 1	N = 8	N = 16	N = 7	N = 7	N = 2	N = 41
ESBL-Gene	1	5	5	4	5	1	21
nicht ESBL- Gene	1	8	19	5	5	2	40
AmpC-Punkt- mutation				1		1	2
nicht definiert		1		1			2

5.6 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

Insgesamt wurden 217 von 229 eingesandten und dem Stichprobenplan zuzuordnende Enterokokken-Isolate als *Enterococcus faecalis* (N = 108) oder *Enterococcus faecium* (N = 109) identifiziert und auf ihre Resistenz untersucht (Abb. 5.7 und 5.8, Tab. 5.10). Bei den 12 anderen Isolaten wurden mittels MALDI-ToF-Massenspektrometrie andere Spezies als *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* festgestellt. Der Anteil der Spezies *Enterococcus faecalis* und *faecium* war bei den Isolaten aus Blinddarminhalten am Schlachthof sowohl von Mastschweinen als auch von Mastkälbern/Jungrindern nahezu identisch.

Alle *Enterococcus-faecalis*-Isolate wurden als resistent gegenüber Quinupristin/Dalfopristin klassifiziert. Etwa 70% der *Enterococcus-faecium*-Isolate beider Tierarten wiesen eine Resistenz gegenüber dieser Wirkstoffkombination auf. Gegenüber Tetrazyklin

(75% vs. 33,9%) und gegen Chloramphenicol (21,3 vs. 0%) waren mehr Isolate von *Enterococcus faecalis* als von *Enterococcus faecium* resistent. Die Unterschiede zwischen den Isolaten von Schweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern waren dagegen eher gering mit etwas höheren Resistenzraten gegen Erythromycin bei *Enterococcus faecium* von Rindern (50,0% vs. 33,3% beim Schwein) und etwas höheren Resistenzraten gegenüber Chloramphenicol bei den Isolaten von *Enterococcus faecalis* vom Schwein (30,8%) gegenüber den Isolaten vom Rind (15,9%).

Resistenzen gegen Ciprofloxacin wurden nur bei *Enterococcus faecium* gefunden, dies in ähnlichen Anteilen beim Schwein (8,9%) und beim Rind (6,3%). Ähnlich verhielt es sich bei der Resistenz gegen Ampicillin, die 7,8% der *Enterococcus-faecium*-Isolate vom Rind und 4,4% der *Enterococcus-faecium*-Isolate vom Schwein aufwiesen.

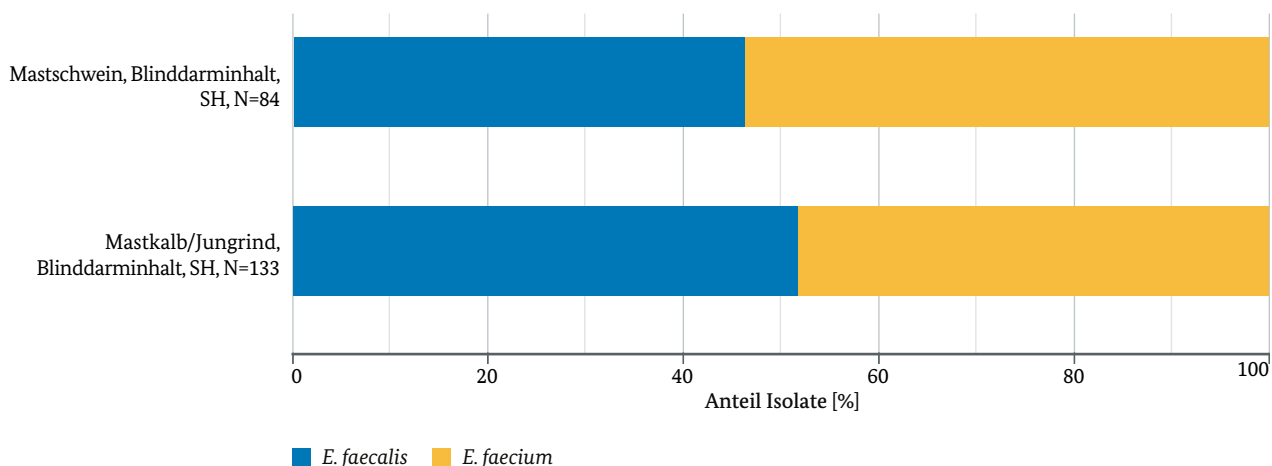


Abb. 5.7 Übersicht über die Verteilung der Spezies *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium* unter den typisierten Enterokokken-Isolaten aus den verschiedenen Herkünften (N = 217) im Zoonosen-Monitoring 2021 (SH: Schlachthof)

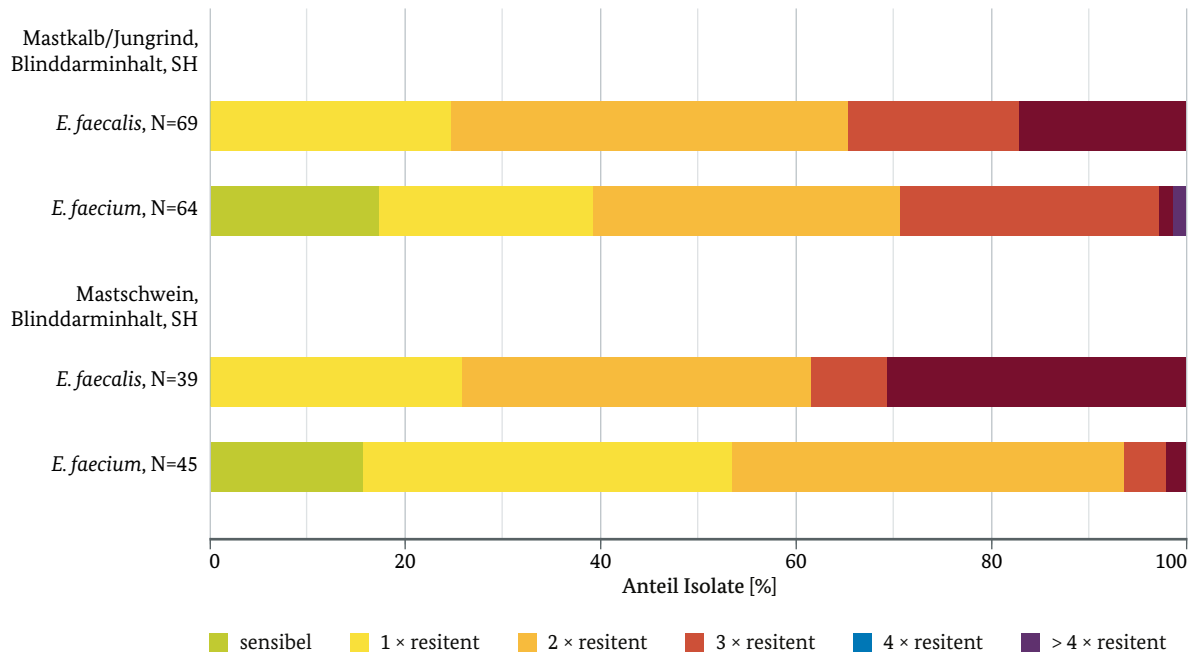


Abb. 5.8 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt im Zoonosen-Monitoring 2021. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (SH: Schlachthof)

Tab. 5.10 Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter Enterokokken-Isolate aus dem Zoonosen-Monitoring 2021 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Spezies	<i>Enterococcus faecalis</i>				<i>Enterococcus faecium</i>			
	Mastschwein		Mastkälber/Jungrinder		Mastschwein		Mastkälber/ Jungrinder	
Matrix	Blinddarminhalt		Blinddarminhalt		Blinddarminhalt		Blinddarminhalt	
Probenahmeort	Schlachthof		Schlachthof		Schlachthof		Schlachthof	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	39		69		45		64	
Gentamicin	0	0,0	1	1,4	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	12	30,8	11	15,9	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	2	4,4	5	7,8
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0	4	8,9	4	6,3
Tetrazyklin	29	74,4	52	75,4	11	24,4	26	40,6
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	1,6
Erythromycin	15	38,5	24	34,8	15	33,3	32	50,0
Teicoplanin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Daptomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Quinupristin/Dalfopristin	39	100,0	69	100,0	31	68,9	46	71,9
sensibel	0	0,0	0	0,0	7	15,6	11	17,2
1 x resistent	10	25,6	17	24,6	17	37,8	14	21,9
2 x resistent	14	35,9	28	40,6	18	40,0	20	31,3
3 x resistent	3	7,7	12	17,4	2	4,4	17	26,6
4 x resistent	12	30,8	12	17,4	1	2,2	1	1,6
5 x resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	1,6

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2021

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2021 (ZSP 2021). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend dem ZSP 2021 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 der Schätzung führen, wenn sie Länder mit einem hohen Anteil am Soll betreffen und der Erreger sehr ungleich verteilt ist. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan insgesamt begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Die drei Programme im Erzeugerbetrieb waren hinsichtlich der Aufteilung der Proben auf die Länder insofern problematisch, als nicht genau bekannt war, wie viele Kälber welcher Kategorie in den verschiedenen Ländern gehalten werden, sodass der Stichprobenplan nur eine Gesamtzahl von Kälbern enthielt. An den Programmen haben sich insgesamt 11 von 13 Ländern beteiligt, denen Proben zugewiesen worden waren. Den beiden Ländern, die sich nicht beteiligten, waren insgesamt nur 21 der 591 Proben zugewiesen worden (3,6%), sodass die dadurch bedingte mögliche Verzerrung vermutlich gering ist. In den meisten anderen Ländern wurde das Probensoll deutlich übererfüllt (117% bis 210% des Probensolls), sodass insgesamt deutlich mehr Proben genommen wurden als vorgesehen. Die beiden Länder, die das Probensoll nicht erfüllten, hatten wiederum jeweils nur einen kleinen Anteil an den Gesamtproben. Insgesamt ist daher von einer weitgehenden Repräsentativität auszugehen, was die Gesamtprobenzahl angeht.

Auch bei den Programmen am Schlachthof wurde das Probensoll insgesamt erfüllt. Ausnahme waren die Untersuchungen von Hähnenschlachtkörpern auf *C. difficile*, die aber auch auf freiwilliger Basis erfolg-

ten. Hier beteiligten sich vier Länder, denen 58% des Probensolls zugeteilt war. Sie erfüllten das Gesamtprobensoll zu 67%. Das *Campylobacter*-Programm auf Hähnenschlachthöfen wurde von neun von zehn Ländern, denen Proben zugeteilt wurden, durchgeführt. Da dem zehnten Land, das sich nicht beteiligt hat, nur eine Probe zugeteilt war, ist keine Verzerrung zu erwarten. Insgesamt wurden etwas mehr Proben genommen als vorgesehen, wobei die einzelnen Länder zwischen 96% und 167% der vorgesehenen Probenzahl erreichten.

Bei den Programmen an Schweineschlachthöfen waren für zwölf Länder Proben vorgesehen, von denen zehn Länder mitwirkten. Auch hier beteiligten sich nur Länder mit sehr kleinen Probenkontingenten nicht, sodass die Verzerrung durch das Fehlen dieser Proben als geringfügig einzuschätzen ist. Die Gesamtprobenzahlen lagen bis auf das Programm zum Nachweis von Salmonellen in Blinddarmproben (95%) immer über 100% des Solls.

Bei den Programmen an Schlachthöfen für Kälber und Jungrinder wurden insgesamt weniger Proben genommen. Dies wird daran gelegen haben, dass die angeforderten Probenzahlen in den Unterlagen des ZSP widersprüchlich waren. Die Besonderheit dieser Programme lag darin, dass zwei Länder 85% des Probensolls tragen. Diese beiden Länder haben aber nur zwischen 85% und 90% der geforderten Proben genommen, sodass die Probenzahl zwar insgesamt geringer war, die Verteilung aber hinreichend repräsentativ.

Im Jahr 2021 erfolgten erstmals auch Probennahmen an Grenzkontrollstellen. Hier wurden Proben von drei Ländern, die die wesentlichen Grenzkontrollstellen beherbergen, genommen. Ob dies auch dem jeweiligen Importaufkommen der Zielmatrizes Schweinefleisch und Rindfleisch entsprach, kann anhand der vorliegenden Daten nicht festgestellt werden.

Das Futtermittelprogramm erstreckte sich über zwei Jahre. Insgesamt wurde das Probensoll dieses Programms nicht erfüllt. In beiden Jahren wurden nur 85% bzw. 65% von je 120 geforderten Proben genommen. Besonders deutlich war der Grad der Nichterfüllung bei den beiden Ländern mit dem größten

Probensoll. Daher ist die Genauigkeit der Schätzung gering und es besteht auch ein gewisses Maß an Verzerrung, da die beiden Ländern 58 % der Proben, statt der tatsächlich genommenen 45 %, hätten nehmen sollen. Dagegen nahmen andere Länder die vorgesehene Probenzahl und trugen damit überproportional zum Probenaufkommen bei.

Im Einzelhandel wurde das Probensoll insgesamt in den meisten Programmen übererfüllt. Lediglich die qualitativen und quantitativen Untersuchungen von Hackfleisch auf *L. monocytogenes* erreichten die 100 % nicht ganz (97,7%). Alle Länder beteiligten sich an fast allen Programmen. Lediglich ein Land mit einem geringen Probenkontingent gewann keine *E. coli* für die Resistenztestung.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2021 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 2021 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 2021 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus einem Zeitraum von 13 Jahren (2009 bis 2021) vor. Für einige Erreger/Matrix-Kombinationen stehen erstmals Daten zur Verfügung.

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

Die Verfügbarkeit von Informationen stellte wiederum eine Herausforderung für die Stichprobenplanung dar. Im Jahr 2021 betraf dies vor allem das Kälberpro-

gramm, bei dem bestimmte innerbetriebliche Daten nicht vorlagen. Dies muss bei der Interpretation der Daten bedacht werden.

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

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern, kommensalen *E. coli* und Enterokokken sowie spezifisch resistenten Keimen wie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* und ESBL/AmpC-bildenden bzw. Carbapenemase-verdächtigen *E. coli* und deren Eigenschaften gewonnen werden. Nachfolgend werden die erzielten Ergebnisse für die einzelnen Erreger bewertet. Dabei werden bei der Bewertung auch die Einschränkungen bei der Programmdurchführung adressiert, ohne dass jedoch versucht wird, etwaige Auswirkungen dieser Einschränkungen auf die Ergebnisse quantitativ abzuschätzen. Insgesamt ist – wie oben erläutert – nicht zu erwarten, dass die Abweichungen vom Stichprobenplan zu einer grundlegenden Verschiebung der geschätzten Prävalenzen geführt haben, es kann aber 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 vorliegenden Ergebnisse können aber zur Generierung von Hypothesen bezüglich der ursächlichen Zusammenhänge und Einflussfaktoren auf die ermittelte Prävalenz der einzelnen Erreger auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette genutzt werden. Diese Hypothesen müssen dann gegebenenfalls in weiterführenden Studien geprüft werden.

Die Ergebnisse aus dem Zeitraum von 13 Jahren belegen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelketten. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger, Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*, ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, kommensalen *E. coli* sowie Enterokokken können auf den verschiedenen Stufen

der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der jeweiligen Lebensmittelkette. Die Ergebnisse belegen auch, dass eine Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern, Keimen mit besonderen Resistenzeigenschaften und kommensalen *E. coli* über verschiedene Arten von tierischen Lebensmitteln aus dem Einzelhandel stattfinden kann. Die Ergebnisse der Charakterisierung der eingesandten Isolate durch die NRLs unterstützen die Hypothese, dass die Erreger entlang der Lebensmittel- und Produktionsketten verschleppt werden. Sie weisen aber auch darauf hin, dass im Rahmen der Gewinnung und Verarbeitung Erreger anderer Herkunft die Lebensmittel kontaminieren bzw. die Erreger aus Tiergruppen im Rahmen des Schlachtprozesses auf Schlachtkörper anderer Tiergruppen übertragen werden können.

Im Rahmen dieser Bewertung werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2021 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 minimalen Hemmkonzentrationen antimikrobieller Substanzen für die untersuchten Bakterien erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-off-Werte (www.eucast.org). Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (s. Kap. 3.3.2.1). Bei der Bewertung der Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen über längere Zeiträume hinweg ist zu berücksichtigen, dass sich mit dem *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* ab dem Jahr 2021 die Rechtsgrundlage und in Folge auch das Panel der untersuchten Substanzen gegenüber den Vorjahren leicht verändert hat. Seit 2021 werden Salmonellen und *E. coli* auf ihre Empfindlichkeit gegen das Aminoglykosid Amikacin untersucht. *Campylobacter* werden gegen Chloramphenicol und das Carbapenem Ertapenem getestet. Die Testung von *Campylobacter* gegen Nalidixinsäure und Streptomycin ist dagegen entfallen.

Salmonella spp.

Ölsaaten

Bei dem in den Jahren 2020 und 2021 durchgeführten Programm in verarbeiteten Ölsaaten aus Mischfutterwerken wurde in einer von 150 Proben der Nachweis von Salmonellen erbracht. Leider wurde das Isolat nicht an das NRL eingeschickt, sodass zum Serovar oder weiteren Eigenschaften keine Angaben möglich waren. Das Ergebnis bestätigt, dass Ölsaaten eine mögliche Quelle für Salmonellen für Tiere sein können. Dies wird auch immer wieder im Rahmen der Futtermittelüberwachung festgestellt. So wurden 2017 in 4,4 % der Proben von Ölextraktionsschroten und Proteinkonzentraten Salmonellen nachgewiesen (Hartung et al. 2020). Dabei wurden vor allem *S. Senftenberg* und *S. Infantis* identifiziert. Der Großteil der positiven Nachweise stammte dabei aus Rapssaat und Presskuchen (Hartung et al. 2020), also von Produkten, die in die im Zoonosen-Monitoring untersuchte Kategorie fallen.

Lebensmittelkette Schweinefleisch

Wie in den vergangenen Jahren wurden auch 2021 Salmonellen bei Mastschweinen am Schlachthof nachgewiesen. Dabei war der Anteil positiver Proben mit 8,4 % etwas höher als 2019 (5,8 %) und in den Jahren zuvor (2015 und 2017 je 6,1 %) (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Dieser Unterschied war statistisch aber nicht signifikant. Aus Sicht einer möglichen Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber Salmonellen über Schweinefleisch wäre insbesondere eine Reduktion der Belastung der Tiere zum Zeitpunkt der Schlachtung wünschenswert. Diese wurde bisher nicht erreicht, was sich auch in dem über die Jahre eher stabilen Anteil positiver Proben von Schlachtkörpern niederschlägt. Im Jahr 2021 waren es 3,2 % gegenüber 4,0 % im Vorjahr und zwischen 2015 und 2019 bewegte sich der Anteil von 2,9 % (2017) bis 5,0 % (2018) (BVL 2021). Zwischen Schweinen aus Betrieben der Kategorien I und II bestand hinsichtlich der Nachweisrate von Salmonellen kein Unterschied (8,5 % und 8,9 %). Dies unterstreicht, dass die Kategorisierung für das Risiko des Auftretens *Salmonella*-positiver Schweine am Schlachthof nur eine geringe Vorhersagekraft hat, während die Aussagekraft in den Betrieben sich als höher erweist, wie sich im Zoonosen-Monitoring 2019 zeigte (BVL 2020). Dies entspricht auch der geringen Assoziation zwischen serologischen und bakteriologischen *Salmonella*-Befunden, die in der Grundlagenstudie der EFSA im Jahre 2007 beschrieben wurde (EFSA 2008).

Die Nachweisraten von Salmonellen in Schweinefleisch und Hackfleisch vom Schwein lagen ebenfalls im Rahmen der Befunde aus den letzten Jahren, auch im Hinblick auf die höheren Nachweisraten in Hackfleisch. Insgesamt sind die Nachweisraten zwar sehr niedrig, aufgrund des möglichen Rohverzehr insbesondere von Hackfleisch kommt ihnen aber eine besondere Bedeutung zu, da beim Rohverzehr keine Inaktivierung der Salmonellen stattfindet.

Die sieben Proben von Schweinefleisch, die an Grenzkontrollstellen untersucht wurden, wiesen keine Salmonellen auf. Aufgrund der geringen Probenzahl sollte dieses Ergebnis aber nicht verallgemeinert werden, da der Vertrauensbereich der Schätzung extrem weit ist (0 % bis 40 %).

Während in den Blinddarmproben von Schweinen vor allem *S. Typhimurium* inkl. seiner monophasischen Variante nachgewiesen wurde (20/30 Isolaten), war der Anteil von *S. Derby* an den Isolaten in den Proben von Schlachtkörpern und von Fleisch genauso hoch wie der von *S. Typhimurium*. Von den 20 Isolaten von *S. Typhimurium* gehörten wiederum fast zwei Drittel (13/20) der monophasischen Variante an, was die Ergebnisse vergangener Jahre bestätigt. *S. Typhimurium* gehört mit *S. Enteritidis* zu den beiden häufigsten Serovaren bei Erkrankungen des Menschen (RKI 2021).

Daneben fanden sich noch einige wenige Serovare in Einzelbefunden, z. B. *S. Infantis* (zwei Isolate aus Blinddarmproben, eine vom Schlachtkörper) und *S. Ohio* (Schlachtkörper) sowie drei Isolate einer Rauform. Von diesen ist *S. Infantis* besonders bedeutsam, da es beim Menschen das dritthäufigste Serovar ist und ansonsten vorwiegend bei Masthähnchen nachgewiesen wird (EFSA und ECDC 2021b). *S. Ohio* wird sporadisch beobachtet und spielt bei Infektionen des Menschen eine geringe Rolle.

Lebensmittelkette Rindfleisch

Im Jahr 2021 wurden erstmals Blinddarmproben von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof auf Salmonellen untersucht. Dabei waren 2,1 % der untersuchten Proben positiv für Salmonellen. Diese Ergebnisse bestätigen, dass positive Befunde zu erwarten sind. Bereits vorherige Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring hatten gezeigt, dass auf Schlachtkörpern von Mastkälbern und Jungrindern mit Salmonellen gerechnet werden muss (BVL 2020). Die identifizierten Serovare in den Blinddarmproben von 2021 waren *S. Typhimurium* und *S. Dublin*, zwei für das Rind häufig beschriebene Serovare (Methner 2021). Die Salmonellose des Rindes ist in Deutschland eine anzeigepflichtige Tierseuche (Anonymus 2014). In den letzten

Jahren wurden sehr unterschiedliche Zahlen aus Ausbrüchen beobachtet, zwischen 65 Ausbrüchen im Jahr 2015 und 131 Ausbrüchen im Jahr 2019. Im Jahr 2020 wurden 94 Ausbrüche beschrieben. Dabei lag in den letzten Jahren der Anteil der Ausbrüche, an denen *S. Typhimurium* und *S. Dublin* beteiligt waren, zwischen 69 % (2020) und 79 % (2018) (Methner 2021). Es konnte gezeigt werden, dass spezifische, sehr ähnliche Isolate von *S. Dublin* sowohl in mehreren Jahren im selben Bundesland als auch in verschiedenen Bundesländern nachgewiesen werden können. Für weitere Analysen müssten diese Nachweise aber zu Tierbewegungen in Verbindung gesetzt werden, um nachzuvollziehen, ob es sich um die Übertragung zwischen Betrieben durch Tierhandel handelt oder ob es andere Reservoirs oder Vektoren gibt, die mit der Übertragung in Verbindung zu bringen sind (García-Soto et al. 2021). In jedem Fall zeigen die Nachweise, dass eine regelmäßige Untersuchung von Schlachtrindern auf Salmonellen sinnvoll ist, um ein zuverlässiges Bild des Vorkommens der Erreger in der Population zu haben.

Deutlich höhere Nachweisraten bei Schlachtrindern wurden aus Australien und den Vereinigten Staaten berichtet, wo auf eine staatliche Bekämpfung der Salmonellose des Rindes verzichtet wird (Nickelson et al. 2019, Abraham et al. 2022).

Im Gegensatz zum Schweinefleisch wurden im Rindfleisch keine Salmonellen nachgewiesen, wohl aber in einer Probe von Hackfleisch vom Rind. Hinsichtlich des Risikos für die Gesundheit von Verbraucherinnen und Verbrauchern gilt das für Schweine Gesagte in Bezug auf Rohverzehr auch für Hackfleisch vom Rind. Das nachgewiesene Isolat aus der Hackfleischprobe wurde leider nicht an das BfR eingesandt, sodass keine Informationen zur Serotypisierung und zur Antibiotikaresistenz verfügbar sind.

Pflanzliche Lebensmittel

In den untersuchten Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden keine Salmonellen gefunden. Dies bestätigt die Ergebnisse zu pflanzlichen Lebensmitteln aus der Vergangenheit, die ebenfalls geringe Nachweisraten oder gar keinen Nachweis für Salmonellen erbrachten (BVL 2020, BVL 2021). Grundsätzlich ist auch denkbar, dass die Erregerkonzentration in diesen Lebensmitteln gering ist und/oder die Salmonellen ungleichmäßig verteilt sind, sodass die Menge von 25 g für einen zuverlässigen Nachweis nicht ausreicht (Van Doren et al. 2013, Ku et al. 2019).

Resistenzsituation bei *Salmonella* spp.

Bei der Bewertung der Resistenzeigenschaften der Salmonellen aus dem Zoonosen-Monitoring muss beachtet werden, dass pro Herkunft oft nur wenige Isolate zur Untersuchung kommen und diese dann unter Umständen unterschiedlichen Serovaren angehören, was einen wesentlichen Einfluss auf den Anteil resistenter Isolate haben kann (Schroeter und Käsbohrer 2012).

Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten 48 *Salmonella*-Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch waren zu 29,1% sensibel gegen alle Testsubstanzen. Im Gegensatz dazu waren alle sechs Isolate aus Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof resistent gegen eine (zwei Isolate) bzw. drei (vier Isolate) Substanzklassen.

Die insgesamt relativ hohen Resistenzraten in beiden Lebensmittelketten stehen in Beziehung mit dem hohen Anteil von *S. Typhimurium*, einem Serovar, das bisher immer hohe Resistenzraten aufwies (Schroeter und Käsbohrer 2012). Im Gegensatz dazu zeichnet sich *S. Dublin* durch eher geringe Resistenzraten aus (Schroeter und Käsbohrer 2012, García-Soto et al. 2021). Auch in dieser Untersuchung war es nur gegen eine Testsubstanz resistent. Allerdings handelte es sich dabei um Colistin, das von der WHO als für den Menschen besonders wichtiges Antibiotikum (*highest priority critically important antimicrobial*, HPCIA) beschrieben wird (WHO 2019). Die Isolate von *S. Typhimurium* waren dagegen resistent gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol.

Gegen die drei letztgenannten Substanzen waren auch die Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch häufig resistent (54% bis 65%). Diese Resistenzraten waren um etwa 10 Prozentpunkte höher als 2019, als ein insgesamt größerer Anteil des weniger resistenten Serovars *S. Derby* gefunden wurde (BVL 2020).

Auch in der Lebensmittelkette Schweinefleisch wurde bei einem *Salmonella*-Isolat eine Resistenz gegenüber dem HPCIA Colistin gefunden. Auch gegen das ebenfalls als HPCIA definierte Ciprofloxacin wurden resistente Isolate festgestellt und zwar bei zwei Isolaten von Schlachtkörpern von Schweinen und einem Isolat aus dem Kot von Mastschweinen. Dabei handelte es sich jeweils um unterschiedliche Serovare (je einmal *S. Infantis*, *S. Ohio* und *S. Typhimurium*). Mit 6,1% war der Anteil Ciprofloxacin-resistenter Isolate damit höher als 2019 (2,9%), entsprach aber in etwa dem von 2017 (BVL 2018, BVL 2020). Keines der untersuchten Isolate wies eine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation (Cefotaxim und Ceftazidim) oder gegen das Carbapenem Meropenem auf.

Die Ergebnisse zeigen, dass die in der Lebensmittelkette Schweinefleisch nachzuweisenden Salmonellen

häufig resistent sind, was die Behandlung im Falle von behandlungspflichtigen Infektionen des Menschen erschwert. Sie zeigen auch, dass es insbesondere bestimmte Serovare, wie *S. Typhimurium* und seine monophasische Variante sind, die hohe Resistenzraten aufweisen.

Da in den Proben von importiertem Schweine- und Rindfleisch keine Salmonellen gefunden wurden, kann hier die Resistenzsituation nicht eingeschätzt werden.

Campylobacter spp.

Lebensmittelkette Hähnchenfleisch

Campylobacter spp. wurden wie in den vergangenen Jahren häufig auf der Halshaut geschlachteter Hähnchen nachgewiesen. Die Ergebnisse der Quantifizierung von *Campylobacter* spp. auf der Halshaut von Hähnchenschlachtkörpern unterstreichen, dass es in diesem Bereich in Deutschland derzeit keinen Fortschritt gibt. Der Anteil von Proben, die über dem festgelegten Grenzwert des Prozesshygienekriteriums von 10^3 KBE/g liegen, war 2021 mit 21,6% etwas höher als in der Grundlagenstudie der EU im Jahre 2008, in der dieser Wert bei 15,7% lag (BfR 2009b), und in der Untersuchung von 2013, als 19,4% der Proben über 10^3 KBE/g aufwiesen (BVL 2015). Im Zoonosen-Monitoring zwischen 2016 und 2020 lag dieser Wert zwischen 22,7% und 24,1% und ist damit nur marginal verringert (BVL 2021). Seit 2020 dürfen nur noch 30% und ab 2025 nur noch 20% der Proben oberhalb von 10^3 KBE/g liegen (Anonymus 2017). Interessanterweise weisen die Ergebnisse der Eigenkontrollen der Lebensmittelunternehmen deutlich geringere Anteile von Proben über 10^3 KBE/g auf (ca. 7%). Auch diese Daten werden an die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit gemeldet. Die Ursachen der Differenz sind nicht klar. Dem BfR liegen zu dieser Frage nur die aggregierten Daten vor, sodass weitergehende Analysen der Daten der Lebensmittelunternehmen nicht möglich sind. Aus Sicht der Risikobewertung, die auf eine zuverlässige Schätzung des Umfangs der Belastung der Schlachtkörper mit *Campylobacter* spp. angewiesen ist, ist eine Analyse der beobachteten Unterschiede erforderlich. Zum Beispiel wären Einzeldatensätze mit Informationen zur Probenauswahl, zum Probentransport und den Analysemethoden der Lebensmittelunternehmen wichtig, um eine Vergleichbarkeit der Daten zu gewährleisten.

Lebensmittelkette Schweinefleisch und Rindfleisch

In Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof wurden häufig *Campylobacter* spp. und wie üblich fast ausschließlich *C. coli* nachgewiesen. Lediglich drei Isolate erwiesen sich als *C. jejuni*. Im Gegensatz dazu wies der Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof überwiegend *C. jejuni* auf. In Untersuchungen aus den vergangenen Jahren hat sich gezeigt, dass die Schlachtkörper dieser beiden Tiergruppen nur selten *Campylobacter* spp. aufweisen. Der Schlachtprozess bei Mastschweinen und Mastkälbern führt offenbar zu einer erheblich geringeren Kontamination der Schlachtkörper mit lebenden *Campylobacter* als der Schlachtprozess beim Geflügel, insbesondere bei den Masthähnchen. Aus diesem Grund wurden die Schlachtkörper von Kälbern/Jungrindern und Schweinen 2021 nicht untersucht.

Resistenzsituation bei *Campylobacter* spp.

Die Resistenzraten waren bei den *Campylobacter*-Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern deutlich höher als bei den Isolaten von Mastschweinen. Die drei Isolate von *C. jejuni* vom Mastschwein waren durchweg sensibel. Aber auch die Isolate von *C. coli* vom Mastschwein wiesen geringere Resistenzraten auf als die Isolate von *C. coli* und *C. jejuni* von Mastkälbern und Jungrindern. Auch 2019 wiesen Isolate von *C. coli* von Kälbern und Jungrindern insgesamt höhere Resistenzraten auf als *C. coli* von Mastschweinen.

Dabei ist zu bedenken, dass sich das Untersuchungsspektrum 2021 von dem vorherigen Untersuchungsspektrum unterscheidet. Mit dem *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* wurden Chloramphenicol und das Carbapenem Ertapenem in das Spektrum der zu untersuchenden Substanzen aufgenommen. Dafür entfielen Streptomycin und Nalidixinsäure. Streptomycin-Resistenz wurde in der Vergangenheit vor allem bei *C. jejuni* beobachtet (Tenhagen et al. 2021). Die Resistenz gegenüber Nalidixinsäure entsprach weitgehend der Resistenz gegen Ciprofloxacin.

Eine Resistenz gegen Ertapenem wurde bei insgesamt zwölf Isolaten von *C. coli* vom Mastkalb nachgewiesen, was fast einem Drittel der *C.-coli*-Isolate aus dieser Herkunft entsprach (29,1%). Der Cut-off-Wert bei Ertapenem liegt derzeit bei 0,5 µg/ml. Es zeigte sich, dass die meisten Isolate eine minimale Hemmkonzentration von 1 µg/ml aufweisen, es aber auch Isolate mit ≥ 2 µg/ml gibt. Der genetische Hintergrund dieser Resistenz ist nicht bekannt, man vermutet eine erhöhte Diffusionsbarriere durch veränderte Porine sowie eine erhöhte Effluxaktivität, was derzeit im NRL

näher untersucht wird. Ein einzelnes Carbapenem-Resistenzgen wie in anderen gramnegativen Bakterien scheint es bei *Campylobacter* nicht zu geben. Ein hoher Anteil resistenter Isolate von *C. coli* (13%), nicht aber *C. jejuni* wurde unlängst auch in Isolaten von Masthähnchen im Libanon beobachtet (Rafei et al. 2019). Da bisher *Campylobacter* in der EU nicht systematisch auf ihre Resistenz gegen Carbapeneme untersucht wurden, liegen nur wenige Vergleichsdaten vor. Die Ergebnisse der Resistenzuntersuchung gegen andere Substanzen deuten darauf hin, dass es sich um unterschiedliche Isolate von *C. coli* handelt, weil sie sich in den Resistenzen gegen andere Substanzen unterscheiden.

Eine Resistenz gegen das Makrolid Erythromycin wurde wiederum nur bei *C. coli* festgestellt. Auch hier waren Isolate von Mastkälbern häufiger resistent als Isolate von Mastschweinen. Im Vergleich zum Jahr 2019 waren die Resistenzraten in beiden Herkunftstypen numerisch höher, auch wenn der Unterschied statistisch nicht signifikant war. Beim Mastschwein schwankten die Werte über die Jahre zwischen 7,0% in 2019 und 12,6% in 2017, während beim Mastkalb 2015 noch niedrigere Resistenzraten (11,1%) beobachtet wurden als 2019 und 2021 (19,6% und 24,4%) (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Allerdings kamen beim Mastkalb und Jungrind jeweils nur 40 bis 55 Isolate von *C. coli* zur Untersuchung, sodass der Unterschied nicht signifikant war.

Im Vergleich zu 2019 zeigte sich die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin bei den Isolaten von Kälbern wenig verändert. Bei *C. jejuni* stieg sie von 61,1% auf 65,4% leicht an, was den Trend seit 2015 (53,8%) fortsetzt; bei *C. coli* sank sie etwas, auch hier setzte sich ein Trend fort von 87,0% in 2015 über 80,4% in 2019 auf 73,2% in 2021 (BVL 2016b, BVL 2020).

Isolate von *C. coli* vom Schwein wiesen auch hier gegenüber Ciprofloxacin niedrigere Resistenzraten auf als Isolate beider Spezies vom Mastkalb und Jungrind. Mit 57,8% zeigte sich eine geringfügig steigende Tendenz gegenüber 2019 (55,0%), wie auch schon gegenüber dem Jahr 2017 (53,8%) und 2015 (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020).

Die Resistenzrate gegenüber Tetrazyklin war bei *C. coli* vom Mastschwein weitgehend unverändert gegenüber den Vorjahren (zwischen 71,7% und 74,1%). Bei *C. coli* von Mastkälbern und Jungrindern war sie mit 92,7% ähnlich wie 2019 (93,5%), aber höher als 2015 (85,2%). Bei *C. jejuni* vom Mastkalb zeigt sich ein kontinuierlicher leichter Anstieg von 74,8% in 2015 über 80,2% in 2019 auf 84,2% in 2021.

Differenzierte Daten zum Antibiotikaeinsatz bei Mastschweinen und Mastkälbern sind aus den Jahren 2018 bis 2021 nicht verfügbar.

Rindfleisch wurde in den vergangenen Jahren in Europa trotzdem wiederholt mit *Campylobacter*-Ausbrüchen in Verbindung gebracht (EFSA und ECDC 2019). Nach Hühnern wurden Rinder im Rahmen von Source-attribution-Modellen als häufigste Quelle von Campylobacteriosen eingeschätzt (Kittl et al. 2013, Rosner et al. 2017).

Auch *Campylobacter* spp. von Schweinen wurden in der Vergangenheit mit lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen, und zwar durch roh verzehrtes Hackfleisch, in Verbindung gebracht (Siffczyk et al. 2017), auch wenn der Anteil an den Ausbrüchen mit hoher Evidenz bei nur etwa 2 % lag (EFSA und ECDC 2019). Der Beitrag von *Campylobacter* spp. von Schweinen zu allen Campylobacteriosen des Menschen wird eher gering eingeschätzt (Kittl et al. 2013), wobei er aber für Erkrankungen durch *C. coli* wichtig sein könnte (Rosner et al. 2017).

Listeria monocytogenes

Auf *Listeria (L.) monocytogenes* wurden im Zoonosen-Monitoring 2021 Proben von Hackfleisch aus den Lebensmittelketten Schweinefleisch und Rindfleisch sowie von pflanzlichen Lebensmitteln (Pflücksalate) untersucht.

Lebensmittelkette Schweinefleisch

Insgesamt wurden in 12,2 % der Proben von Schweinehackfleisch *L. monocytogenes* qualitativ nachgewiesen, wobei aber keine Probe mehr als 100 KbE/g bei der quantitativen Untersuchung aufwies und nur in 3 der 376 Proben (0,8 %) überhaupt eine Bestimmung der Keimzahl über der Nachweisgrenze von 10 KbE/g möglich war. Im Hinblick auf die Verbrauchergesundheit bedeutet das, dass rohes Hackfleisch zu einem Eintrag von *L. monocytogenes* in den Haushalt führen kann. Die nachgewiesenen geringen Keimzahlen unterhalb des gesetzlich festgelegten Grenzwerts von 100 KbE/g weisen jedoch auf eine geringe Gesundheitsgefährdung hin, wenn Hackfleisch roh verzehrt wird. Inwieweit es bei der Lagerung von Hackfleisch bei Kühlschranktemperaturen zu einer relevanten Vermehrung der Listerien kommt, ist nicht bekannt. Es ist jedoch davon auszugehen, dass Hackfleisch als leicht verderbliches Produkt selten lange bei Kühlschranktemperaturen gelagert wird. Allerdings kann auch der Verzehr von gering mit Listerien kontaminierten Lebensmitteln eine Gefahr für besonders empfindliche Personengruppen wie Schwangere, Immungeschwächte und alte Menschen darstellen. Aus diesem

Grund sollten diese Personengruppen auf den Verzehr von rohem Hackfleisch verzichten. Bei unzureichender Küchenhygiene ist zudem eine Übertragung von Listerien vom Hackfleisch auf andere Lebensmittel im Haushalt möglich. Wenn diese bei längerer Haltbarkeit eine Vermehrung von Listerien begünstigen, steigt die Wahrscheinlichkeit hoher Keimzahlen und damit die Infektionsgefahr für Listeriose.

In Hackfleisch vom Rind konnten noch häufiger Listerien nachgewiesen werden, wobei auch hier keine Keimzahlen von über 100 KbE/g festgestellt wurden. Insofern gilt auch im Hinblick auf den Rohverzehr und den möglichen Effekt der Lagerung das zum Hackfleisch vom Schwein Ausgeführte.

Keine der zehn positiven Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel (2,1 % aller Proben dieser Matrix) wies Keimzahlen oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g auf. Dies deutet darauf hin, dass von diesen Lebensmitteln ein geringeres Risiko im Hinblick auf Infektionen mit *L. monocytogenes* ausgeht. Dennoch wird auch hier besonders empfindlichen Personengruppen vom Rohverzehr abgeraten.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Im Zoonosen-Monitoring 2021 wurden STEC vor allem aus der Lebensmittelkette Rindfleisch gewonnen. Dabei war die Nachweisrate in Rindfleisch von Grenzkontrollstellen und im Rindfleisch im Einzelhandel fast identisch (2,3 % und 2,1 %). Im Jahr 2019 war sie mit 4,4 % im Einzelhandel etwas höher gewesen. Im Rahmen der Überwachung wurden in den vergangenen Jahren höhere Nachweisraten bei Planproben erzielt: 2,7 % in 2017 (Hartung et al. 2020), 4,5 % in 2018 und 3,7 % in 2019 (BfR, in Vorbereitung). Da die Probenahme im Rahmen der Überwachung risikoorientiert erfolgt, sind hier höhere Nachweisraten zu erwarten.

Deutlich höhere Nachweisraten ergaben sich in Hackfleisch vom Rind. Dies deckt sich mit den Ergebnissen aus der Überwachung, die im Jahr 2017 STEC in 6,4 % der Proben von Hackfleisch vom Rind feststellten. In 2018 und 2019 waren es 5,3 % und 5,9 % (BfR, in Vorbereitung).

Rinder und andere Wiederkäuer gelten als wesentliches Reservoir von STEC, und Produkte aus den Lebensmittelketten vom Rind sind eine wesentliche Quelle für humane EHEC- und HUS-Erkrankungen (Mughini-Gras et al. 2018).

Die Lebensmittelkette Schweinefleisch wurde im Jahr 2021 nicht auf das Vorkommen von STEC untersucht.

In Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat im Einzelhandel wurden STEC mit 1,9 % nur selten nachgewiesen. In

vorgeschnittenen Blattsalaten gab es im Jahr 2019 gar keinen STEC-Nachweis. Im Rahmen der Überwachung waren in den letzten Jahren aber bei Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat regelmäßig STEC festgestellt worden, allerdings zu relativ geringen Prozentsätzen zwischen 1,4 % und 3,8 % (BfR, in Vorbereitung).

Problematisch sind die Nachweise im Hackfleisch und bei den Salaten wegen des Rohverzehr, der beim Salat die Regel ist, aber auch beim Hackfleisch vorkommt. Außerdem werden pflanzliche Lebensmittel immer wieder als Vehikel für lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche mit STEC und HUS identifiziert (EFSA und ECDC 2019). Dies unterstreicht, dass pflanzliche Lebensmittel immer als Quelle für lebensmittelbedingte EHEC-Erkrankungen in Betracht gezogen werden müssen.

Von besonderer Bedeutung sind dabei Isolate aus der Serogruppe O26, von denen eines im Zoonosen-Monitoring 2021 in Hackfleisch gefunden wurde. Isolate dieser Serogruppe werden häufig bei EHEC-Erkrankungen des Menschen nachgewiesen. Dies gilt auch für das *eae*-Gen, welches auch bei diesem Isolat detektiert werden konnte. Mit O2, O8 und O91 wurden auch weitere beim Menschen vorkommende EHEC-O-Gruppen nachgewiesen. Allerdings wiesen diese kein *eae*-Gen auf. EHEC der Serogruppen O26 und O8 wurden auch bei Fällen des hämolytisch-urämischen Syndroms (HUS) nachgewiesen (RKI 2021).

Vergleiche der hier nachgewiesenen Isolate mit Isolaten aus der Humanmedizin werden dadurch eingeschränkt, dass einige Isolate serologisch nicht typisiert werden können („Ont“ in 2021 bei 6/34 Isolaten) und dass in der Humanmedizin der Erreger häufig nicht isoliert wird, sondern nur das *stx*-Gen oder das Shiga-Toxin nachgewiesen werden (RKI 2019b).

Resistenzsituation bei STEC

Die wenigen gefundenen Isolate wiesen insgesamt geringe Resistenzraten auf. Die Isolate von importiertem Fleisch und aus den Salatproben waren gegen alle Testsubstanzen empfindlich. Die Isolate von frischem Rindfleisch und Hackfleisch vom Rind wiesen vereinzelt Resistenzen auf. Lediglich ein Isolat vom Rindfleisch wies eine Resistenz gegen Ciprofloxacin auf, ein Antibiotikum, das von der WHO als *highest priority critically important antimicrobial* (HPCIA) eingestuft ist. Die anderen Isolate waren mehrheitlich nicht resistent oder resistent gegen wenige Substanzen. Resistenzen gegen Cephalosporine, Carbapeneme und Colistin wurden nicht beobachtet. Die Resistenz von STEC ist medizinisch von untergeordneter Bedeutung, da STEC-Infektionen in der Regel nicht antibiotisch

behandelt werden, um eine verstärkte Produktion und Freisetzung der Toxine durch die Erreger zu vermeiden.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden in 2021 zu 100 % als MRSA bestätigt.

Die bestätigten und typisierten Isolate stammten überwiegend aus der Lebensmittelkette Rindfleisch und zwar sowohl aus dem Einzelhandel als auch aus Grenzkontrollstellen. Der Anteil positiver Proben bewegte sich im Rahmen der bisher für Rindfleisch beobachteten Nachweisraten. So wurden in Rindfleischproben zwischen 5,5 % (2013) und 8,9 % (2011) MRSA nachgewiesen. Trotz der üblichen hohen Nachweisraten in der Primärproduktion bei Mastschweinen lag die Nachweisrate beim Schweinefleisch aus Grenzkontrollstellen bei 4,2 % und damit etwas niedriger als in vorherigen Untersuchungen von Schweinefleisch im Einzelhandel.

Bemerkenswert ist, dass keines der Isolate von Proben der Grenzkontrollstellen zum nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 gehörte. Unter den *spa*-Typen kamen die Typen too2, too8 und t311 je zweimal sowie je einmal die Typen t1346 und t2112 vor.

Stämme der *spa*-Typen too2 und too8 werden häufig in der Humanmedizin nachgewiesen. Der Typ too2 gehört zum CC5, während der *spa*-Typ too8 zum CC8 gehört und kürzlich auch als PVL-positiver Stamm in Ausbrüchen beim Menschen beschrieben wurde (McManus et al. 2021). Dagegen waren alle im Zoonosen-Monitoring eingesandten Isolate PVL-negativ. Der *spa*-Typ t311 wurde unlängst in China und Kuwait (Boloji et al. 2021, Wang et al. 2022), aber auch in Ghana beim Menschen beschrieben (Dekker et al. 2016). Auch in Geflügel- und Schweinefleisch sowie bei Personen, die mit diesem Fleisch umgingen, wurden Stämme dieses *spa*-Typs in Nigeria nachgewiesen (Odetokun et al. 2018). Zudem wurde das Vorkommen in indischen Meeresfrüchten publiziert (Murugadas et al. 2017).

Der *spa*-Typ t1346 wird dem Multilocus-Sequenztyp ST508 zugeordnet und wurde bereits bei Menschen in Angola beschrieben (Conceição et al. 2014). Der *spa*-Typ t2112 wird dem bei Rindern häufigen klonalen Komplex CC97 zugeordnet und wurde in Milchproben in Uganda (Asiimwe et al. 2017) und Tunesien (Ben Said et al. 2016) nachgewiesen.

Vom Rindfleisch im Einzelhandel wurden in zwei Drittel der positiven Fälle nutztierassoziierte (1a) MRSA eingesandt. Neben den klassischen CC398-assoziierten *spa*-Typen to11 und to34 gehört der *spa*-Typ t359 zum klonalen Komplex CC97 und wurde bereits in Milch-

proben unterschiedlichster Herkünfte nachgewiesen (Chen et al. 2021, Chenouf et al. 2021, Demontier et al. 2021). Stämme des *spa*-Typs t1430 (CC9) kommen dagegen oft geflügelassoziiert vor.

Nicht zu den la-MRSA zählten ein Isolat vom *spa*-Typ t843, der häufig mit dem *mecC*-Gen assoziiert ist, sowie ein Isolat vom *spa*-Typ t559, der zum klonalen Komplex CC1 zählt und unlängst in Yak-Butter in Tibet nachgewiesen wurde (Zhang et al. 2021).

Das Isolat aus importiertem Schweinefleisch erwies sich ebenfalls nicht als la-MRSA. Es gehörte dem *spa*-Typ t1430 an, der, wie bereits erwähnt, meist bei Geflügelprodukten nachgewiesen wird.

Auch wenn die gefundenen MRSA zu einem erheblichen Anteil nicht dem CC398 zuzuordnen waren, handelt es sich bei ihnen überwiegend um Stämme anderer Nutztierassoziiierter klonaler Komplexe. Die Ergebnisse zeigen aber auch, dass über importierte Lebensmittel exotische MRSA-Typen eingetragen werden können. Dies konnte 2019 auch bei der Untersuchung von importiertem Fisch aus Aquakultur gezeigt werden (BVL 2020). Ob diesen aber eine epidemiologische Bedeutung für den Menschen oder die Tierbestände in Deutschland zukommt, ist fraglich, da üblicherweise importiertes Fleisch nicht roh verzehrt wird und Lebensmittel bisher nicht als wesentliche Quelle für MRSA beim Menschen in Erscheinung getreten sind. Es bleibt aber das geringe Restrisiko der Ausbreitung der Bakterien z. B. im Küchenumfeld mit sekundärer Kontamination anderer verzehrfertiger Lebensmittel (Plaza-Rodriguez et al. 2019). Insbesondere aufgrund der humanassoziierten Stämmen wie too2 und too8 ist daher Vorsicht im Umgang mit importierten Lebensmitteln geboten.

Resistenzsituation bei MRSA

MRSA sind definitionsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Die bei den individuellen Isolaten nachgewiesenen weiteren Resistenzen waren in der Anzahl und auch im Spektrum der antimikrobiellen Substanzen in den meisten Fällen begrenzt. Insbesondere wurden keine Resistenzen gegen die für die Therapie von MRSA beim Menschen besonders wichtigen Antibiotika Vancomycin oder Linezolid festgestellt, sondern vorwiegend Resistenzen gegen Substanzen, die auch für die Behandlung bei Tieren zugelassen sind.

Bemerkenswert ist der relativ hohe Anteil von CC398-Isolaten, die gegen Ciprofloxacin resistent und gleichzeitig gegenüber Tetrazyklin sensibel waren. Isolate des CC398 sind in der Regel resistent gegen Tetrazyklin und sensibel gegenüber Ciprofloxacin. Entsprechend waren acht der zehn Isolate aus Rindfleisch, die dem CC398 angehörten, resistent gegen Tetrazyklin.

Von den nicht-CC398-Isolaten waren jedoch nur zwei gegen Tetrazyklin resistent. Hinsichtlich Ciprofloxacin waren sechs der zehn CC398-Isolate resistent, während von den 14 nicht-CC398-Isolaten nur drei resistent waren. Alle anderen Substanzen wiesen Resistenzraten von unter 50 % auf.

Clostridioides difficile

Der Nachweis von toxinogenen *C. difficile* in Hähnchen auf Ebene der Schlachtung deutet darauf hin, dass auch diese Lebensmittelmatrix als Quelle von *C. difficile*-Infektionen (CDI) beim Menschen in Betracht kommt. Der im Rahmen des Zoonosen-Monitorings isolierte PCR-Ribotyp (RT) 001 hat dabei eine große epidemiologische Bedeutung, da er bereits vielfach beim Menschen nachgewiesen wurde und tendenziell schwerere Krankheitsverläufe verursacht (Koene et al. 2012, Berger et al. 2018, Azimirad et al. 2020). Die anderen nachgewiesenen RTs 003, 005, 010 und 503 wurden dagegen bisher selten beim Menschen gefunden (Berger et al. 2018). In einer wissenschaftlichen Studie wurde *C. difficile* auch auf Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel (hauptsächlich mit Haut) nachgewiesen, wobei ein Großteil der Isolate ebenfalls als RT 001 charakterisiert wurde (Heise et al. 2021). Früher ging man davon aus, dass Infektionen mit *C. difficile* in erster Linie im Krankenhaus erworben werden. Mit dem Auftreten von „community associated“ CDI-Fällen und der Gesamtgenomsequenzierung gibt es jedoch Hinweise, dass Quellen von *C. difficile* außerhalb von Krankenhäusern eine bedeutende Rolle bei der Übertragung von CDI spielen können (Lim et al. 2020). Das Vorhandensein der gleichen PCR-Ribotypen in der Geflügel-Lebensmittelmatrix und bei Patientinnen und Patienten mit *C. difficile*-Infektionen deutet zusätzlich darauf hin, dass kontaminiertes Hühnerfleisch eine potenzielle Quelle für *C. difficile*-Infektionen beim Menschen sein könnte.

Präsumtive *Bacillus cereus*

Weitere Ziele des Zoonosen-Monitorings 2021 waren, den Anteil an *B. thuringiensis*-positiven Proben in Feldsalat, Pflücksalat und Rucola zu bestimmen sowie eine mögliche Assoziation von *B. thuringiensis*-Isolaten zu Bio-Insektizid-Stämmen zu prüfen. Hintergrund sind die Diskussionen zum pathogenen Potenzial von *B. thuringiensis*. Aufgrund der hohen genetischen Ähnlichkeit zwischen *B. thuringiensis* und *B. cereus* (sensu stricto, s. s.) (Carroll et al. 2020) wird befürchtet, dass *B. thuringiensis*-Stämme, darunter

auch kommerzielle Bio-Insektizid-Stämme, in der Lage sind, bei Menschen Durchfallerkrankungen auszulösen. Hierzu gibt es unterschiedliche Auffassungen und Einschätzungen (EFSA 2016, Raymond und Federici 2017, EFSA 2018, Bonis et al. 2021, De Bock et al. 2021, Biggel et al. 2022). Ein entscheidender Baustein bei der Bewertung des gesundheitlichen Risikos, welches von Bio-Insektizid-Stämmen ausgehen könnte, ist die Expositionsschätzung, für die Daten zur Prävalenz benötigt werden. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 wurden deshalb entsprechende Prävalenzdaten für Feldsalat, Pflücksalat und Rucola erzeugt.

Von den insgesamt 333 präsumtiven *B.-cereus*-Isolaten gehörten 61 Isolate zur Spezies *B. thuringiensis*. Die *B.-thuringiensis*-Isolate stammten aus 37 von 166 untersuchten Proben (22,3%), von denen Isolate an das BfR übermittelt wurden. Auffällig ist dabei, dass *B. thuringiensis* besonders häufig in Proben mit hohen Gehalten an präsumtiven *B. cereus* gefunden wurde. In neun von zehn Proben mit präsumtiven *B.-cereus*-Gehalten von 10^4 KbE/g und in sieben von acht Proben mit 10^5 KbE/g wurden ausschließlich *B. thuringiensis* nachgewiesen (Höchstwert: $8,1 \times 10^5$ KbE/g). Anhand von NGS-basierenden Analysen (MLST und „whole genome SNP“-Analyse) zeigten alle *B.-thuringiensis*-Isolate eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu *B.-thuringiensis*-Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Bio-Insektiziden vorhanden sind. Dies lässt vermuten, dass die detektierten *B.-thuringiensis*-Isolate auf den Einsatz von Bio-Insektiziden zurückzuführen sind.

Bereits im Zoonosen-Monitoring 2016 wurde eine ähnliche Fragestellung für Tomatenproben untersucht. Hier lag der Anteil an *B.-thuringiensis*-positiven Proben deutlich höher (94 der 95 Proben, von denen Isolate an das BfR übermittelt wurden). Eine repräsentative Anzahl von *B.-thuringiensis*-Isolaten aus Tomaten zeigte seinerzeit ebenfalls eine sehr hohe genetische Ähnlichkeit zu Bio-Insektizid-Stämmen. Die Gehalte an präsumtiven *B. cereus* lagen bei 21 Tomatenproben bei 10^4 KbE/g und in einer Probe bei 10^5 KbE/g (Frentzel et al. 2020). Vergleichbare Ergebnisse zum Vorkommen von Bio-Insektizid-Stämmen in Tomaten und Salaten wurden kürzlich publiziert (Biggel et al. 2021). Im Gegensatz dazu wurden in Sprossen sowie Gras- und Blattprodukten, die in den Jahren 2016 bzw. 2020 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersucht wurden, gar kein bzw. nur ein *B.-thuringiensis*-Isolat gefunden, welches jedoch keine enge Verwandtschaft zu Bio-Insektizid-Stämmen aufwies.

Für *B. cereus* (s. l.) insgesamt wird davon ausgegangen, dass in den meisten Fällen ein Gehalt von mindestens 10^5 KbE/g Lebensmittel notwendig ist, um bei Menschen Durchfallerkrankungen auszulösen. Es sind jedoch auch Durchfallerkrankungen im Zusammen-

hang mit Gehalten von nur 10^3 KbE/g Lebensmittel beschrieben (EFSA 2016).

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

Abschließend ist noch festzustellen, dass bei keinem der insgesamt 333 präsumtiven *B.-cereus*-Isolate der *ces*-Gen-Cluster (Cereulid-Bildung) oder das *cytK-1*-Gen (Zytotoxin K-1) nachgewiesen wurde – beides Virulenzfaktoren, die als zusätzliche Risikofaktoren betrachtet werden können.

Yersinia enterocolitica

Auch in 2021 konnten aus Fleisch vom Schwein *Yersinien* der Spezies *Y. enterocolitica* nachgewiesen werden. Von den untersuchten Backenfleischproben von Mastschweinen am Schlachthof waren 4,7% positiv. Damit lag die Nachweisrate über den Nachweisraten für konventionell erzeugtes Schweinefleisch (2,7%) und Schweinefleisch aus ökologischer Produktion (1,7%) aus dem Einzelhandel, welche im Jahr 2019 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersucht wurden. Weiterhin lagen die Nachweisraten auch über denen für Hackfleisch vom Schwein (2,4%) aus 2018 und für streichfähige Rohwürste (0,3%) aus 2017. Das Vorkommen von *Y. enterocolitica* in Backenfleisch am Ende des Schlachtprozesses spiegelt einen potenziellen Eintrag in die weitere Verarbeitung des Schweinefleisches wider. Das Backenfleisch ist in diesem Fall von besonderem Interesse aufgrund der anatomischen Nähe zu den Tonsillen, welche als eine der Hauptkontaminationsquellen für Schweinefleisch mit *Y. enterocolitica* gelten (Fredriksson-Ahomaa 2012, Van Damme et al. 2015, Moreira et al. 2019). Außerdem wurde in einer Studie

zeigt, dass *Y. enterocolitica* häufiger in Backenfleisch vorkommt als in anderen Schweinefleischprodukten (Laukkanen-Ninios et al. 2014).

Die Ergebnisse bestätigen, dass Schweinefleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit pathogenen *Y. enterocolitica* darstellt. 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). Rohes Schweinefleisch (z. B. Mett) sollte deshalb nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden.

Es handelt sich bei allen der 18 ans Konsiliarlabor für Yersinien gesandten Isolate um pathogene *Y. enterocolitica*, überwiegend vom Biotyp 4 und Serotyp O:3 (N = 16, 88,2%). Das RKI hat auch für 2020 berichtet, dass bei den meisten Erkrankungen der *Y.-enterocolitica*-Serotyp O:3 (82%) nachgewiesen wurde. Ein geringerer Anteil wurde auch von den Serotypen O:9 (11%) oder O:5,27 (1,7%) verursacht. Weiterhin wiesen alle 18 Isolate aus dem Zoonosen-Monitoring 2021 das Virulenzgen *ail* auf. Fünfzehn Isolate wiesen daneben 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). *VirF* ist in diesem Zusammenhang ein wichtiger 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).

Kommensale *E. coli* und ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 wurden kommensale *E. coli* ausschließlich zum Zweck der Resistenztestung isoliert. Die 1.446 untersuchten Isolate stammten überwiegend aus Kälbern und Jungrindern (1.030). Hinzu kamen 106 Isolate aus Rinderhackfleisch und 3 Isolate aus importiertem Rindfleisch. Aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch stammten 262 Isolate, von denen 190 aus Blinddarminhalt am Schlachthof und 72 aus Schweinefleisch stammten. Hier gab es keine Isolate aus importiertem Schweinefleisch. Weitere 45 Isolate stammten aus den Salaten. Diese waren jedoch durchweg sensibel.

Mastkälber und Jungrinder

Von den 1.030 Isolaten aus dieser Herkunft erwiesen sich 53,6% als sensibel gegen alle 15 getesteten Substanzen. Dabei bestanden jedoch deutliche Unterschiede zwischen den jeweiligen Populationen. So waren 77,8% der Isolate von Kälbern aus Milchviehbetrieben sensibel, aber nur etwa 42% der Isolate von Kälbern zur Schlachtung mit ≤ 12 Monaten und aus Rindermastbetrieben. Im Gegensatz zu den Kälbern in Milchviehbetrieben wurden die anderen Kälber mindestens einmal gehandelt. Das heißt, es fand in der Regel einerseits eine Durchmischung von Kälbern unterschiedlicher Herkunft statt, andererseits wurden die Tiere transportiert und damit zusätzlich belastet (Wilson et al. 2020). Beide Faktoren könnten dazu beitragen, dass solche Kälber häufiger antibiotisch behandelt werden müssen und deshalb ein erhöhtes Resistenzniveau vorliegt (Gay et al. 2019).

Besonders hohe Resistenzraten wurden bei den Kälbern aller Populationen gegenüber Ampicillin, Tetracyclin und Sulfamethoxazol festgestellt, also den drei Substanzklassen, die den höchsten Anteil an den in Deutschland an Tierärztinnen und Tierärzte verkauften Antibiotika haben. Gegenüber Untersuchungen von Mastkälbern am Schlachthof im Jahr 2010 sind die Resistenzraten deutlich gesunken, gegenüber 2015 erwiesen sie sich aber als weitgehend stabil (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020).

Hohe Resistenzraten bei pathogenen *E. coli* von Kälbern werden seit Jahren im Rahmen des Resistenzmonitorings bei tierpathogenen Bakterien durch das BVL festgestellt (Tenhagen et al. 2020). Diese Resistenzraten sind höher als die von nicht klinischen Isolaten bei Kälbern und Jungrindern bei der Schlachtung (Tenhagen et al. 2020, Mesa-Varona et al. 2021). Jedoch wurden in der Vergangenheit keine differenzierten Daten zur Resistenz in verschiedenen Managementsystemen erhoben. Außerdem wurde vermutet, dass das Alter der Tiere eine Rolle spielt. Dies bestätigt sich auch in den Daten des Zoonosen-Monitorings. Die Nachweisraten von gegen Cephalosporine der 3. Generation resistenten *E. coli* verminderten sich mit zunehmendem Alter der Kälber in allen drei Haltungssystemen, wobei das Niveau sich zwischen den Systemen unterschied. Die geringsten Nachweisraten wurden in den Milchviehbetrieben festgestellt, die höchsten in den Kälbermastbetrieben. Eine hohe Nachweisrate von Cephalosporin-resistenten *E. coli* wurde bei Kälbern bereits wiederholt beschrieben (Brunton et al. 2014). Auch sind die Resistenzraten gegenüber Cephalosporinen der 3. Generation beim Monitoring der tierpathogenen *E. coli* bei jenen Kälbern am höchsten, die ohne selektive Nachweisverfahren festgestellt werden (Tenhagen et al. 2020).

Die Resistenzraten bei Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern bei der Schlachtung waren niedriger als die in Kälbermastbetrieben. Zu dieser Differenz könnte das höhere Alter der Tiere beigetragen haben. Auch ist vor der Schlachtung für alle Tiere eine bestimmte Wartezeit nach der letzten Behandlung zu beachten, in der es auch zu einem Absinken des relativen Anteils resistenter Mikroorganismen kommen kann.

Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof war mit 65,6% jedoch höher als die Nachweisraten in den jeweiligen Gruppen der älteren Kälber. Die Ursache dieses Unterschiedes ist nicht klar, zumal die Resistenz gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation bei den ohne Selektivmedien gewonnenen *E. coli* sich zwischen den Kälberpopulationen wenig unterschied. Lediglich die Resistenzraten bei den Kälbern in Mastkälberbetrieben war etwas höher (Cefotaxim 5,7% vs. 3% bis 3,6% in den anderen Populationen).

Die Resistenzsituation von Isolaten aus Hackfleisch vom Rind stellte sich wesentlich günstiger dar als bei Isolaten aus den meisten Kälberpopulationen. Hier waren 83,0% also 5 von 6 Isolaten empfindlich gegen alle Testsubstanzen. Zwar wurden auch bei diesen Isolaten die höchsten Resistenzraten gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol beobachtet, aber nur gegenüber Tetrazyklin waren mehr als 10% der Isolate resistent.

Dabei ist zu bedenken, dass Hackfleisch in der Regel nicht aus Kalbfleisch gewonnen wird, sondern aus dem Fleisch erwachsener Rinder, die erfahrungsgemäß auch als lebende Tiere niedrigere Resistenzraten aufweisen.

Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* war im Hackfleisch vom Rind mit 9,9% deutlich höher als im frischen Rindfleisch. Höhere Nachweisraten im Hackfleisch könnten einerseits aus der Mischung von Fleisch unterschiedlicher Tiere bei der Hackfleischherstellung oder durch Kreuzkontaminationsprozesse entstehen. Eine Studie aus den Niederlanden schätzte den Anteil der ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, die aus Rindfleisch stammen, beim Menschen auf 3,6% (Mughini-Gras et al. 2019). Allerdings ist fraglich, ob die Ergebnisse auf die deutsche Situation übertragbar sind, weil der Anteil der Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* beim Menschen in den Niederlanden niedriger ist als in Deutschland.

Für die Exposition des Menschen über Lebensmittel erweist es sich als günstig, dass Kälber in der Regel erst im Alter von 8 bis 12 Monaten geschlachtet werden, da zu diesem Zeitpunkt die Resistenzraten bereits niedriger sind als bei jüngeren Tieren. Weitere Reduktionen wären durch angepasste Haltungssysteme denkbar, wie die Ergebnisse aus Milchviehbetrieben zeigen.

Lebensmittelkette Schweinefleisch

Die Isolate von Mastschweinen am Schlachthof waren etwas seltener gegen alle Testsubstanzen sensibel als solche von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof, wiesen aber für die Antibiotika mit den höchsten Resistenzraten tendenziell niedrigere Raten auf. Dies galt insbesondere für Ampicillin (28,9% vs. 38,9%) und Tetrazyklin (32,1% vs. 39,9%), während die Resistenzraten sich für Sulfamethoxazol nicht unterschieden. Im Vergleich zu 2019 zeigten sich für diese drei Substanzen keine signifikanten Unterschiede. Im Vergleich zu 2015, als das Monitoring erstmals gemäß dem *Durchführungsbeschluss 2013/652/EU* durchgeführt wurde, zeigte sich ein signifikanter Rückgang der Resistenz gegenüber Tetrazyklin (32,1% vs. 44,8%), während auch hier die Unterschiede bei den anderen Antibiotika marginal waren. Der Anteil sensibler Isolate war ähnlich wie 2019 (47,2%), der Anteil der gegen drei und mehr Substanzklassen resistenten Isolate niedriger (17,4% vs. 24,8%). 2015 hatte der Anteil sensibler Isolate noch bei 38,0% gelegen, der Anteil mehrfach resistenter Isolate (gegen mehr als drei Substanzklassen) bei 21,8%.

Von den *highest priority critically important antimicrobials* der WHO wiesen die Isolate von Schlachtschweinen nur Resistenzen gegenüber den Fluorchinolonen auf (1,6%, drei Isolate). Hier war die Resistenzrate signifikant niedriger als 2019 (8,5%). Ob diese Reduktion in Beziehung steht zu den deutlich reduzierten Verkaufszahlen von Fluorchinolonen an Tierärztinnen und Tierärzte seit der Einführung von zusätzlichen Bedingungen für den Einsatz dieser Substanzen, kann aufgrund der fehlenden detaillierten Daten nicht beurteilt werden. Gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation wurden keine Resistenzen festgestellt (2019: 3,3%). Gegenüber Colistin und Meropenem wurden wie in den letzten Jahren keine Resistenzen festgestellt.

Bei der Untersuchung von Blinddarminhalt auf Extended-Spektrum Cephalosporin-resistente *E. coli* wurden im Jahr 2021 etwas weniger häufig ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gefunden als 2019 (44,0% vs. 49,1%). Dieser Unterschied war aber nicht signifikant.

Wie in den vergangenen Jahren wiesen die Isolate aus Schweinefleisch insgesamt deutlich niedrigere Resistenzraten auf als Isolate aus den Blinddarmproben. Mit 70,8% waren signifikant mehr Isolate sensibel und auch weniger Isolate mehrfachresistent (8,3% vs. 17,4%). Unterschiede gab es auch in der Resistenz gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol, bei denen die Werte jeweils in den Blinddarmproben deutlich höher waren als in den Fleischproben. Allerdings waren die Resistenzraten gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation (1,3% vs. 0%) und gegenüber den Fluorchinolonen höher (Ciprofloxacin 5,9%

vs. 1,6%). Die Ursache dieser Unterschiede ist nicht bekannt. Sie wurden auch 2019 nicht in dieser Deutlichkeit beobachtet. Mittels selektiver Verfahren wurden in 5,2% der Schweinefleischproben aus dem Einzelhandel Extended-Spektrum Cephalosporin-resistente *E. coli* nachgewiesen, ein Wert der weitgehend dem der Vorjahre entspricht (zwischen 5,5% und 5,7%) was auch den ungefähr gleichbleibenden Nachweisraten im Blinddarminhalt entspricht: zwischen 44,0% (2021) und 49,1% (2019).

Im Hinblick auf die Exposition von Verbraucherinnen und Verbrauchern über Lebensmittel sind die niedrigen Resistenzraten im Schweinefleisch günstig zu bewerten. Die Nachweisraten ESBL/AmpC-bildender *E. coli* waren in den letzten Jahren stabil. Untersuchungen aus den Niederlanden deuten darauf hin, dass der Anteil der ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* vom Schwein an den ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* der Normalbevölkerung gering ist. So wurde der Beitrag von Schweinefleisch zu den Nachweisen beim Menschen auf 0,9% geschätzt und damit niedriger als der von Rindfleisch (Mughini-Gras et al. 2019). Dies entspricht der Abwesenheit von Resistenzen gegen Cephalosporine in non-selektiv gewonnenen Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen und aus Schweinefleisch. Auch die niedrigere Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Blinddarminhalt von Mastschweinen passt zu dieser Einschätzung.

Aus importiertem Schweinefleisch wurden keine Isolate eingeschickt.

Pflanzliche Lebensmittel

Alle 45 Isolate aus Feldsalat, Rucola und Pflücksalat in Fertigpackungen waren durchweg sensibel, was nahelegt, dass diese Isolate nicht vorwiegend aus dem Kot landwirtschaftlicher Nutztiere (etwa über organische Dünger) oder von Menschen stammten.

Zusammenfassend verdeutlichen die Ergebnisse des Resistenzmonitorings bei kommensalen *E. coli* und zu den ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* aus den verschiedenen Populationen, dass die Anstrengungen, den Antibiotikaeinsatz durch Verbesserung der Tiergesundheit zu senken, weiter verstärkt werden müssen, um eine Reduktion der Resistenzraten zu erreichen. Ein Schwerpunkt hierbei sollte auch die Reduktion des Einsatzes kritischer Antibiotika, also der Antibiotika der Kategorie B der EMA bzw. der *highest priority critically important antimicrobials* der WHO sein.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden in 2021 keine Isolate als Carbapenemase-positive *E. coli* (CPE) bestätigt. Ob dies im Vergleich zu den Vorjahren, als vereinzelt aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch Isolate eingeschickt wurden, nur ein Zufallsbefund war, werden die Untersuchungen der nächsten Jahre zeigen müssen.

Enterokokken

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

Der *Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729* sieht ihre Untersuchung im Blinddarminhalt von Schlachtieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2021 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht.

Enterococcus faecalis aus beiden Herkünften wiesen vor allem Resistenzen gegen Tetrazyklin auf (ca. 75%), seltener gegen Erythromycin (35% bis 39%). Zwischen den beiden Herkünften bestand kein Unterschied. Dies bestätigt die Ergebnisse aus den Jahren 2017 und 2019, wobei die Resistenzraten 2019 geringfügig höher lagen. Die Resistenz gegen Chloramphenicol wurde häufiger bei Isolaten vom Schwein als bei solchen von Mastkälbern und Jungrindern nachgewiesen. Allerdings war der Unterschied aufgrund der begrenzten Zahl von Isolaten nicht signifikant. Chloramphenicol selbst wird seit Jahrzehnten nicht mehr in der Veterinärmedizin eingesetzt, Kreuzresistenzen zu nahe verwandten Substanzen wie Florfenicol sind jedoch möglich. Gegen Gentamicin waren wie in den Vorjahren nur einzelne Isolate resistent. Gegen Tigazyklin und Ciprofloxacin keines.

Im Gegensatz dazu waren Isolate aus dem ambulanten Bereich der Humanmedizin im Jahr 2020 häufig resistent gegen die Fluorchinolone Levofloxacin (41,2%) und Ciprofloxacin (21,4%) und auch deutlich häufiger resistent gegen Gentamicin (14,1%) (RKI 2022b).

Isolate von *Enterococcus faecium* wiesen wie in den Jahren 2017 und 2019 geringere Resistenzraten gegen Tetrazyklin auf als Isolate von *Enterococcus faecalis*. *Enterococcus-faecalis*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern wiesen häufiger eine Resistenz gegen Erythromycin (50,0%) auf als solche von Schweinen und insgesamt als *Enterococcus faecium*. Die Isolate waren häufiger resistent gegen Ciprofloxacin und Ampicillin.

Humane Isolate aus dem stationären Bereich waren zu über 90% resistent gegen die Fluorchinolone Levofloxacin und Moxifloxacin und auch gegenüber Ampicillin. Damit unterschieden sie sich grundlegend von den Isolaten von Schweinen und Rindern.

Resistenzen gegen Vancomycin und Teicoplanin wurden bei den Isolaten beider Spezies aus beiden Herkünften nicht nachgewiesen, während Vancomycin-resistente Isolate fast ein Viertel der *Enterococcus-faecium*-Isolate des Menschen ausmachten.

Insgesamt sprechen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings im Vergleich zu den Daten aus der Antibiotika-Resistenz-Surveillance des RKI nicht dafür, dass Enterokokken von Schweinen und Rindern eine wesentliche Quelle für Bakterien sind, die Erkrankungen des Menschen auslösen.

Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Salmonella spp.

In 0,7% der Proben von verarbeiteten Ölsaaten (Extraktionsschrote und Presskuchen), die bei Anlieferung mit dem LKW an Mischfuttermittelwerken entnommen wurden, wurden *Salmonella* spp. nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass durch die Verfütterung von Extraktionsschroten und Presskuchen an Lebensmittel liefernde Tiere eine Einschleppung von Salmonellen in die Tierbestände und damit ein Eintrag von Salmonellen in die Lebensmittelkette möglich ist. Grundsätzlich ist der Eintrag von Salmonellen in Bestände über Futtermittel eine Herausforderung für die Salmonellenbekämpfung bei Nutztieren, weil dieser Eintrag andere Bemühungen zur Verbesserung der Biosicherheit in Beständen unterlaufen kann. Daher sollten Futtermittel engmaschig kontrolliert werden, um positive Chargen frühzeitig aus dem Verkehr ziehen zu können.

In Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen in Schlachtbetrieben wurden *Salmonella* spp. zu 8,4% und damit häufiger als in den Vorjahren (2019: 5,8% positive Proben, 2017: 6,1%, 2015: 6,1%) nachgewiesen. Dieser Unterschied war allerdings statistisch nicht signifikant. Wie bereits im Zoonosen-Monitoring 2019 traten keine deutlichen Unterschiede in den Nachweisraten von Salmonellen in den Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen aus Betrieben unterschiedlicher Kategorie nach der Schweine-Salmonellen-Verordnung auf. Allerdings stammten auch 2021 wieder nur wenige Proben von Mastschweinen aus Betrieben der Kategorie II und III. Die Kontaminationsrate von Schweineschlachtkörpern mit *Salmonella* spp. lag im Zoonosen-Monitoring 2021 bei 3,2% und damit in derselben Größenordnung wie im Jahr 2019 (3,4% positive Proben). Im Blinddarminhalt und auf Schlachtkörpern von Mastschweinen wurden am häufigsten die Serovare *S. Typhimurium*, dessen monophasische Variante und *S. Derby* nachgewiesen. Vereinzelt trat unter anderem auch das Serovar *S. Infantis* auf, das beim Menschen nach *S. Typhimurium* und *S. Enteritidis* am häufigsten bei Erkrankungsfällen durch Salmonellen gemeldet wird. Insgesamt lässt sich in Bezug auf die Nachweisraten von Salmonellen auf den Schweine-

neschlachtkörpern in den letzten Jahren kein Trend erkennen, vielmehr schwanken die Werte zwischen etwa 3% und 5% positiver Proben. Frisches Schweinefleisch im Einzelhandel war zu 0,4% mit Salmonellen belastet, was den Ergebnissen aus den Vorjahren entspricht. Auch Schweinehackfleisch war mit 1,3% positiver Proben ähnlich häufig mit Salmonellen kontaminiert wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2020: 0,7% positive Proben, 2019: 1,9%, 2018: 1,3%, 2017: 0,7%). In den Proben wurden auch monophasische *S. Typhimurium* nachgewiesen, was die Bedeutung von Schweinehackfleisch als mögliche Infektionsquelle für den Menschen mit Salmonellen unterstreicht. In den sieben Proben von frischem Schweinefleisch von Grenzkontrollstellen wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Aufgrund der geringen Probenzahl lässt dieses Ergebnis jedoch keine allgemeine Aussage zum Vorkommen von Salmonellen in importiertem Schweinefleisch zu. Die Ergebnisse zeigen, dass sich der Eintrag von Salmonellen in die Schlachtbetriebe über *Salmonella*-positive Schweine in den letzten Jahren nicht verringert hat. Die Ergebnisse der Typisierungsuntersuchungen bestätigen, dass es zu einer Verschleppung von Salmonellen aus dem Darminhalt auf die Schlachtkörper kommt, da die nachgewiesenen *Salmonella*-Serovare auf den Schlachtkörpern und im Blinddarminhalt zu einem großen Teil übereinstimmten. Um eine Kontamination der Schlachtkörper und damit des Fleisches mit Salmonellen weiter zu verringern, ist es neben einer guten Schlachthygiene wichtig, die Belastung der Schweine mit Salmonellen und damit den Eintrag von Salmonellen in die Schlachtbetriebe über *Salmonella*-positive Schweine durch intensive Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den landwirtschaftlichen Betrieben zu verringern. Die Ergebnisse im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass dies bisher nicht erreicht wurde, sodass in diesem Bereich weitere Anstrengungen nötig sind. Trotz der relativ geringen Kontaminationsrate mit Salmonellen stellt Schweinefleisch aufgrund des teilweise üblichen Rohverzehr (z. B. als Mett) eine wichtige Infektionsquelle für den Menschen mit Salmonellen dar. Rohes Hackfleisch ist deshalb für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und im-

mungeschwächte Menschen sowie Schwangere kein geeignetes Lebensmittel.

Die Nachweisrate von Salmonellen im Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern wurde im Zoonosen-Monitoring 2021 erstmalig bestimmt und lag bei 2,1%. Die nachgewiesenen Serovare *S. Dublin* und *S. Typhimurium* sind typische beim Rind vorkommende Salmonellen. Weder in Proben von frischem Rindfleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, noch in Rindfleischproben aus dem Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen. Damit entsprechen die Ergebnisse den Befunden aus den Vorjahren, in denen Salmonellen in frischem Rindfleisch entweder nicht oder nur zu einem geringen Prozentsatz (0,4% bis 0,6%) nachgewiesen wurden. Sie bestätigen, dass von Rindfleisch nur ein geringes Risiko für eine Infektion des Menschen mit Salmonellen ausgeht. Allerdings wurden im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre in Rindfleisch auch die Serovare *Salmonella* Typhimurium, dessen monophasische Variante und *Salmonella* Kentucky nachgewiesen, die häufig Infektionen beim Menschen hervorrufen bzw. die sich durch besonders hohe Resistenzraten (*S. Kentucky*) auszeichnen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Rinderhackfleisch lag bei 0,2% und entsprach damit dem Wert aus dem Zoonosen-Monitoring 2011. Der Nachweis von Salmonellen in Hackfleisch unterstreicht die Empfehlung, dass rohes Rinderhackfleisch (z. B. auch Tartar) von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren nicht verzehrt werden sollte.

In Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden keine Salmonellen nachgewiesen, sodass diese Salate als mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit Salmonellen in Deutschland von untergeordneter Bedeutung zu sein scheinen. Dennoch sollten Verbraucherinnen und Verbraucher Salat vor dem Verzehr gründlich waschen, um somit das Risiko einer möglichen Kontamination mit Keimen zu verringern, zumal Salat roh verzehrt wird und eine vorherige Keimreduktion durch Erhitzung ausbleibt. Zudem kann nicht gänzlich ausgeschlossen werden, dass die Menge Probenmaterial, die untersucht wurde, zu gering war, um vorhandene Salmonellen sicher nachweisen zu können. Diese Empfehlung wird noch dadurch unterstrichen, dass im Zoonosen-Monitoring 2015 vereinzelt Salmonellen in vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten (0,3% positive Proben) nachgewiesen wurden, sodass in Salat aus Fertigpackungen grundsätzlich mit dem Vorkommen von Salmonellen gerechnet werden muss.

Insgesamt waren 70,9% der *Salmonella*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastschweine gegenüber mindestens einer antibiotischen Testsubstanz resistent.

Die höchsten Resistenzraten traten erneut gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol auf (54% bis 65% resistente Isolate). Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2019, in dem 45% bis 53% der Isolate resistent gegenüber diesen antibiotischen Substanzen waren, waren die Resistenzraten im Jahr 2021 höher. Dieser Unterschied hängt damit zusammen, dass im Zoonosen-Monitoring 2019 der Anteil an Isolaten des Serovars *Salmonella* Derby – das sich durch niedrigere Resistenzraten als *Salmonella* Typhimurium auszeichnet – höher war als im Jahr 2021. Als positiv zu bewerten ist, dass keine Resistenzen gegen Cephalosporine der 3. Generation oder das Carbapenem Meropenem auftraten. Die Resistenzraten gegenüber Fluorchinolonen, die für die Behandlung beim Menschen ebenso besonders wichtig sind, waren allerdings höher als im Zoonosen-Monitoring 2019 (6,1% vs. 2,9%). Ein Isolat wies eine Resistenz gegen das in der Humanmedizin ebenfalls wichtige Antibiotikum Colistin auf. Alle sechs *Salmonella*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern waren resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Die höchsten Resistenzraten traten ebenfalls gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol auf.

***Campylobacter* spp.**

In den Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 71,7% nachgewiesen. Die Nachweisrate lag damit in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren (2019: 67,3%, 2017: 75,5%, 2015: 73,1%). Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof betrug 65,6% und lag damit deutlich höher als im Zoonosen-Monitoring 2019 (49,4%), aber auf demselben Niveau wie im Jahr 2015 (64,2%). Während bei Mastschweinen fast ausschließlich *Campylobacter coli* auftraten, wurden im Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern überwiegend *Campylobacter jejuni* nachgewiesen. Die Ergebnisse bestätigen, dass Mastschweine sowie Mastkälber und Jungrinder ein Reservoir für *Campylobacter* darstellen, der Schlachtprozess im Gegensatz zur Situation beim Geflügel die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. bei beiden Tierarten aber wirkungsvoll zu verhindern scheint, da – wie die Ergebnisse aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre zeigen – frisches Schweine- und Rindfleisch nur sehr selten mit *Campylobacter* kontaminiert ist (0,0% bis 0,5% positive Proben). Trotz der geringen Kontaminationsraten wurden aber sowohl Rindfleisch als auch Schweinehackfleisch schon mit lebensmittelbedingten *Campylobacter*-Ausbrüchen in Verbindung gebracht.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 46,9% und damit unter dem Wert der Untersuchungen aus dem Zoonosen-Monitoring 2020 (54,7%) und auf demselben Niveau wie in den Jahren zuvor (2019: 46,4% positive Proben, 2018: 47,8%). Die Ergebnisse der quantitativen Untersuchungen von *Campylobacter* in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof zeigen erneut, dass keine Fortschritte bei der Reduzierung hoher Keimzahlen von *Campylobacter* auf den Schlachtkörpern erzielt wurden. Der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g ist mit 21,6% trotz des seit 2018 geltenden Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern etwa gleich hoch wie in den Jahren zuvor (2020: 21,9%, 2019: 23,4%, 2018: 22,6%, 2017: 22,7%, 2016: 24,1%, 2013: 19,4%). In den Proben von frischem Hähnchenfleisch wurden wiederum deutlich niedrigere Keimzahlen nachgewiesen als in Halshautproben. Keimzahlen von *Campylobacter* oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g wurden in lediglich 2,8% der Proben von frischem Hähnchenfleisch und damit deutlich seltener gemessen als in den Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern, bei denen sich *Campylobacter* zu 46,7% mittels der quantitativen Methode nachweisen ließen. Keine Probe von frischem Hähnchenfleisch wies hohe Keimzahlen über 1.000 KbE/g auf. Dies hängt möglicherweise damit zusammen, dass die besonders kontaminierte Haut nicht Bestandteil der untersuchten Proben von frischem Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring ist. Aufgrund der geringen Infektionsdosis des Erregers beim Menschen stellen allerdings auch niedrige Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln ein Infektionsrisiko dar. Insbesondere spielen auch Kreuzkontaminationen zwischen Fleisch und verzehrfertigen Lebensmitteln (z. B. Salat) bei der Zubereitung von Speisen eine Rolle bei der Infektion von Verbraucherinnen und Verbrauchern mit *Campylobacter* spp. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette zu verringern, weiterhin intensiviert werden müssen. Die Ergebnisse unterstreichen aber auch die Notwendigkeit einer konsequenten Verbraucheraufklärung über die mit frischem Geflügelfleisch assoziierten Risiken, da auch bei einer erheblichen Verbesserung der Situation *Campylobacter* auf rohem Hähnchenfleisch ein relativ häufiger Befund bleiben wird.

Wie in den vergangenen Jahren wiesen *Campylobacter*-*coli*-Isolate – die Spezies, die bei Schweinen überwiegend nachgewiesen wird – höhere Resistenzraten auf als Isolate von *Campylobacter jejuni*. Außerdem wiesen die *Campylobacter*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern (95,1% resistente *C.-coli*-Isolate)

deutlich höhere Resistenzraten auf als die Isolate von Schweinen (84,1% resistente *C.-coli*-Isolate). Die drei Isolate von *C. jejuni* vom Schwein waren durchweg sensibel. Die höchsten Resistenzraten traten sowohl bei Mastkälbern und Jungrindern (92,7% resistente *C.-coli*-Isolate) als auch bei Mastschweinen (71,7% resistente *C.-coli*-Isolate) gegenüber Tetrazyklin auf. Die Resistenzraten gegenüber Erythromycin sind gegenüber dem Zoonosen-Monitoring 2019 gestiegen und betrugen bei *C.-coli*-Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern 24,4% und bei *C.-coli*-Isolaten von Mastschweinen 10,5%. Dies ist insofern von Bedeutung, als es sich hierbei um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der Campylobacteriose des Menschen eingesetzt wird. Bei *C.-jejuni*-Isolaten traten keine Resistenzen gegenüber diesem Wirkstoff auf. Die Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin waren bei den *Campylobacter*-Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern gegenüber 2019 weitgehend unverändert und betrugen 65,4% bei *C. jejuni* und 73,2% bei *C. coli*. *C.-coli*-Isolate von Mastschweinen waren mit 57,8% etwas häufiger resistent gegenüber Ciprofloxacin als im Zoonosen-Monitoring 2019 (55,0% resistente *C.-coli*-Isolate).

Gegen das Carbapenem Ertapenem, das neu in das Spektrum der zu untersuchenden Substanzen aufgenommen wurde, waren 29,1% der *C.-coli*-Isolate vom Mastkalb/Jungrind resistent.

Listeria monocytogenes

In 12,2% der Proben von Schweinehackfleisch wurden *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. Rinderhackfleisch war mit 21,5% positiver Proben annähernd doppelt so häufig mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert. Mittels der quantitativen Methode wurden fast ausschließlich geringe Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* von maximal 10 KbE/g nachgewiesen, die in dieser Größenordnung üblicherweise keine Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen. Bei einer Probe Rinderhackfleisch wurde allerdings ein Keimgehalt an *Listeria monocytogenes* gemessen, der den kritischen Wert von 100 KbE/g für verzehrfertige Lebensmittel nach der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel erreichte. Für besonders empfindliche Verbrauchergruppen wie Schwangere, Immungeschwächte und alte Menschen können auch niedrigere Keimzahlen eine Gesundheitsgefahr darstellen, weshalb diese Personengruppen auf den Verzehr von rohem Hackfleisch verzichten sollten. Eine Vermehrung vorhandener Listerien im Fleisch während der Lagerung, wodurch unter Umständen Keimgehalte von über 100 KBE/g – die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen –

auftreten, kann zudem nicht gänzlich ausgeschlossen werden. Auf eine ausreichende Küchenhygiene sollte geachtet werden, um die Übertragung vorhandener Listerien vom Hackfleisch auf andere Lebensmittel zu verhindern.

L. monocytogenes wurden in 2,3% der Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen nachgewiesen. Die Keimzahlen waren zwar gering, da in keiner Probe Listerien oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KBE/g der quantitativen Methode nachgewiesen wurden, eine Vermehrung vorhandener Listerien wird jedoch insbesondere durch das feuchte Milieu, das in den in Folien verpackten Salaten herrscht, begünstigt. Die Ergebnisse belegen, dass grundsätzlich mit *L. monocytogenes* in Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen zu rechnen ist und unterstreichen die Empfehlung, Salat vor dem Verzehr gründlich zu waschen, um die Keimbelastung zu vermindern. Da Listerien fest am Salat anhaften können, kann nicht davon ausgegangen werden, dass die Erreger beim Waschen vollständig entfernt werden. Empfindliche Verbrauchergruppen mit einem erhöhten Risiko, an einer Listeriose zu erkranken, wie Schwangere und ältere Menschen, sollten deshalb auf den Verzehr von Salat in Fertigpackungen verzichten. Die Ergebnisse unterstreichen die Bedeutung der Einhaltung hoher hygienischer Standards bei der Erzeugung, Verarbeitung, Lagerung und dem Vertrieb von Salaten, um mikrobiologisch einwandfreie Ware auf den Markt zu bringen. Dies ist insbesondere von Bedeutung, da Salate roh verzehrt werden, also kein weiterer Abtötungsprozess von Keimen vor dem Verzehr erfolgt.

Die aus Schweine- und Rinderhackfleisch sowie aus den untersuchten Salatproben in Fertigpackungen stammenden Isolate von *Listeria monocytogenes* gehörten jeweils zu einem überwiegenden Teil den gleichen molekularen Serotypen an (II und IVb) an.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Die Nachweisrate von STEC in Proben von frischem Rindfleisch im Einzelhandel lag bei 2,1% und damit etwas niedriger als im Zoonosen-Monitoring 2019 (4,4% positive Proben) und auf demselben Niveau wie in den Jahren zuvor (2015: 0,9% positive Proben, 2013: 2,0%, 2011: 1,8%). Die Nachweisrate von STEC in Proben von frischem Rindfleisch von Grenzkontrollstellen lag mit 2,3% in derselben Größenordnung. In Rinderhackfleisch wurden STEC mit 6,7% positiver Proben dagegen deutlich häufiger nachgewiesen als in frischem Rindfleisch. Rinderhackfleisch, das im Zoonosen-Monitoring 2011 untersucht wurde und Tatar/Schabefleisch aus dem Jahr 2017 waren mit 3,8% bzw.

3,5% positiver Proben etwas seltener mit STEC kontaminiert als das untersuchte Hackfleisch im Zoonosen-Monitoring 2021. Unter den Isolaten traten auch STEC-Typen (O26, O8 und O91) auf, die beim Menschen häufig EHEC-Erkrankungen hervorrufen und auch bei Fällen des hämolytisch-urämisches Syndroms nachgewiesen wurden. Der Nachweis des *eae*-Gens – einer der Hauptvirulenzfaktoren von STEC – bei einem dieser Isolate aus Hackfleisch unterstreicht die Empfehlung, dass empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere kein rohes Hackfleisch verzehren sollten.

STEC wurden in 1,9% der Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen nachgewiesen. Unter den gewonnenen Isolaten war die Serogruppe O8 vertreten, die beim Menschen häufig EHEC-Infektionen sowie das hämolytisch-urämisches Syndrom auslöst. Allerdings wies dieses Isolat nicht das *eae*-Gen auf. Dieser Befund ist insbesondere von Bedeutung, da Salate roh verzehrt werden, sodass vorhandene Keime unmittelbar aufgenommen werden. Die Ergebnisse bestätigen, dass Salate in Fertigpackungen eine mögliche Quelle für STEC-Infektionen des Menschen darstellen. Sie sollten vor dem Verzehr gründlich gewaschen werden, um eine mögliche Kontamination mit Keimen zu verringern. Außerdem sollten empfindliche Verbrauchergruppen mit geschwächter Immunabwehr vorsichtshalber auf den Verzehr von Salaten in Fertigpackungen verzichten. In vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten, die im Zoonosen-Monitoring 2015 untersucht wurden, wurden dagegen keine STEC nachgewiesen. Allerdings bietet der fehlende Nachweis von STEC in einem Lebensmittel keine Gewähr dafür, dass von diesem Lebensmittel keine Infektionen mit STEC beim Menschen ausgehen können.

Die gewonnenen STEC-Isolate wiesen insgesamt nur geringe Resistenzraten auf, wobei die Isolate von importiertem Fleisch und aus den Salatproben sogar gegen alle Testsubstanzen sensibel waren. Gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin war lediglich ein Isolat aus frischem Rindfleisch resistent. Gegenüber den in der Humanmedizin ebenfalls besonders wichtigen Cephalosporinen der 3. Generation, Carbapenemen und Colistin, traten keine Resistenzen auf.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Von den sieben an Grenzkontrollstellen entnommenen Proben von frischem Schweinefleisch war eine positiv für MRSA. Das dabei gewonnene Isolat gehörte nicht dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 an.

Die Nachweisrate von MRSA in frischem Rindfleisch aus dem Einzelhandel lag bei 3,5% und damit etwas

niedriger als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, in denen 5,5% bzw. 8,1% der Rindfleischproben positiv für MRSA waren. In den 73 Proben von frischem Rindfleisch, die an Grenzkontrollstellen entnommen wurden, wurden MRSA mit 11,0% positiver Proben häufiger nachgewiesen. Auffallend war, dass keines der MRSA-Isolate aus Rindfleischproben von Grenzkontrollstellen dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 angehörte, während die Isolate aus Rindfleisch im Einzelhandel zu zwei Dritteln nutztierassoziierte MRSA waren. Bei den Stämmen aus importiertem Rindfleisch handelte es sich um *spa*-Typen, die häufig in der Humanmedizin auftreten. Einige *spa*-Typen wurden bisher nur bei Menschen und in Lebensmitteln aus verschiedenen Drittländern nachgewiesen, sodass die Ergebnisse darauf hinweisen, dass über importiertes Rindfleisch bisher nicht verbreitete MRSA-Stämme nach Europa eingetragen werden können.

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

Die eingesandten Isolate waren erwartungsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Außerdem wiesen fast alle untersuchten Isolate aus Rindfleisch, die dem klonalen Komplex CC398 angehörten, eine für nutztierassoziierte MRSA-Stämme typische Resistenz gegenüber Tetrazyklin auf. Die Isolate aus Rindfleisch, die nicht dem klonalen Komplex CC398 angehörten, waren dagegen deutlich seltener resistent gegen Tetrazyklin. Auffallend waren die hohen Resistenzraten von CC398-Isolaten aus Rindfleisch gegenüber Ciprofloxacin, da nutztierassoziierte MRSA-Stämme normalerweise sensibel gegen diesen Wirkstoff sind. Als positiv zu bewerten ist, dass kein Isolat Resistenzen gegen die für die Therapie von MRSA beim Menschen besonders wichtigen Antibiotika Vancomycin oder Linezolid aufwies.

Yersinia enterocolitica

Yersinia enterocolitica wurden in 4,7% der Proben von Backenfleisch von Mastschweinen am Schlachthof und damit etwas häufiger nachgewiesen als in frischem Schweinefleisch (1,7% bis 2,7% positive Pro-

ben) und Schweinehackfleisch (2,4% positive Proben), das im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre untersucht wurde. Die Ergebnisse zeigen, dass über Backenfleisch ein Eintrag von *Yersinia enterocolitica* in die weitere Fleischverarbeitung erfolgen kann und bestätigen, dass Schweinefleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Y. enterocolitica* darstellt. Bei den gewonnenen Isolaten handelte es sich überwiegend um den Serotyp O:3, der bei Menschen häufig Infektionen auslöst. Zudem wiesen alle eingesandten Isolate von *Y. enterocolitica* das Virulenzgen *ail* und die meisten Isolate zusätzlich das Gen *virF* auf, die wichtige Pathogenitätsfaktoren darstellen. Die Ergebnisse unterstreichen die Empfehlung, dass rohes Schweinefleisch (z. B. Mett) nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden sollte.

Clostridioides difficile

In 2,8% der Halshautproben von Masthähnchenschlächtkörpern wurden *C. difficile* nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in einer ähnlichen Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2020, in dem 1,6% der Masthähnchenschlächtkörper positiv für *C. difficile* waren. Bei den eingesandten Isolaten handelte es sich fast ausnahmslos um toxinogene Stämme, die unter anderem dem PCR-Ribotypen 001 zugeordnet werden konnten, der bereits häufiger bei Menschen mit eher schweren Krankheitsverläufen nachgewiesen wurde. Die Ergebnisse zeigen, dass Masthähnchen bzw. Hähnchenfleisch als eine potenzielle Quelle für *C.-difficile*-Infektionen beim Menschen infrage kommt.

Präsumtive *Bacillus cereus*

In 46,7% der Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen, wobei in 26,2% der Proben Keimzahlen von unter 1.000 KBE/g gemessen wurden. 16,1% der Proben wiesen einen Keimgehalt zwischen 10^3 KBE/g und 10^4 KBE/g auf. In 2,3% der Proben wurde ein Keimgehalt von über 10^4 KBE/g bis 10^5 KBE/g gemessen. 2,1% der Proben wiesen Keimzahlen von über 10^5 KBE/g und damit Keimgehalte auf, von denen eine potenzielle Gesundheitsgefahr ausgeht. Unter bestimmten Bedingungen können zudem auch niedrigere Keimgehalte ein Risiko darstellen. Darüber hinaus ist es nicht ausgeschlossen, dass vorhandene Sporen auskeimen und sich anschließend in unzureichend gekühlten oder heißgehaltenen Speisen vermehren. Als höchste Keimzahl von präsumtiven *B. cereus* wurden $8,1 \times 10^5$ KBE/g in einer

Probe Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen nachgewiesen. Ein Teil der gewonnenen Isolate von präsumtiven *B. cereus* gehörte der Spezies *Bacillus thuringiensis* an, die auch das Potenzial hat, Enterotoxine zu produzieren und somit im Verdacht steht, ebenfalls Durchfallerkrankungen beim Menschen zu verursachen. Aufgrund ihrer hohen genetischen Verwandtschaft zu *B.-thuringiensis*-Stämmen, die als aktive Substanzen in EU-zugelassenen Bio-Insektiziden vorhanden sind, sind die nachgewiesenen Stämme vermutlich auf den Einsatz dieser Insektenbekämpfungsmittel zurückzuführen. Die Ergebnisse zeigen, dass von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit präsumtiven *B. cereus* ausgeht. Besonders empfindliche Verbrauchergruppen mit geschwächter Immunabwehr sollten deshalb vorsichtshalber auf den Verzehr von Salat in Fertigpackungen verzichten. Diese Empfehlung ist auch deshalb von Bedeutung, da sich die Keimbelastung mit präsumtiven *B. cereus* auch durch gründliches Waschen des Salats mit Trinkwasser kaum verringern lässt.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden mittels selektiver Verfahren in Sammelkotproben von Kälbern zur Mast, die in Milchrinderbetrieben aufgezogen wurden, zu 25,6 % und damit deutlich seltener nachgewiesen als in Sammelkotproben von Kälbern zur Mast aus Mastkälberbetrieben (58,9 % positive Proben) und Mastrinderbetrieben (45,7 % positive Proben). Dieser Unterschied hängt möglicherweise damit zusammen, dass Kälber, die in Milchviehbetrieben aufgezogen werden, im Gegensatz zu Kälbern aus Mastkälber- oder Mastrinderbetrieben während ihrer Aufzucht im Geburtsbetrieb verbleiben und somit weniger durch Transport und Durchmischung mit Kälbern anderer Herkunft belastet werden. Dies könnte mit selteneren antibiotischen Behandlungen und dadurch verminderten Resistenzbildungen einhergehen. In allen drei Betriebskategorien traten höhere Nachweisraten von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei jüngeren Mastkälbern gegenüber älteren Mastkälbern auf: Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Kälbern zur Mast im Alter von 2 bis 3 Monaten betrug in Proben aus Mastkälberbetrieben 63,3 %, in Proben aus Mastrinderbetrieben 57,0 % und in Proben aus Milchrinderbetrieben 31,2 %. Bei Kälbern zur Mast im Alter von 4 bis 8 Monaten waren 55,1 % der Kotproben aus Mastkälberbetrieben, 39,1 % der Kotproben aus Mastrinderbetrieben und 19,6 % der Kotproben aus Milchrinderbetrieben positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Die höchsten Nachweisraten von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*

traten jeweils bei Kälbern zur Mast, die in Mastkälberbetrieben aufgezogen wurden, auf. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof betrug 65,6 % und lag damit in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2019: 70,8 % positive Proben, 2017: 68,0 % positive Proben). In den Proben von frischem Rindfleisch von Grenzkontrollstellen wurden keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen, während frisches Rindfleisch im Einzelhandel zu 2,4 % und damit etwas seltener mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert war als frisches Rindfleisch im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2017: 4,4 % positive Proben, 2015: 4,0 % positive Proben). Im Vergleich zu frischem Rindfleisch war Rinderhackfleisch mit 9,9 % positiver Proben deutlich häufiger mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert, was bezüglich der möglichen Verbreitung dieser Resistenzeigenschaften durch den Verzehr von rohem Hackfleisch bedenklich ist.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden in 44,0 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in einer ähnlichen Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, in denen ebenfalls knapp die Hälfte der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* war (2019: 49,1 % positive Proben, 2017: 47,0 %, 2015: 46,3 %). Frisches Schweinefleisch im Einzelhandel war zu 5,2 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Dieser Befund stimmt etwa mit den Werten aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre überein, in denen 5,5 % bzw. 5,7 % der Proben von frischem Schweinefleisch mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert waren.

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

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Es wurden zwei Isolate mit Verdacht auf Carbapenem-Resistenz aus Proben von frischem Schweinefleisch im Einzelhandel und jeweils ein verdächtiges Isolat aus einer Probe von frischem Rindfleisch im Einzelhandel und einer Probe von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof eingesandt. Keines der Isolate wurde als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt. Im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre wurden Carbapenemase-bildende *E. coli* ausschließlich vereinzelt in der Lebensmittelkette Mastschweine nachgewiesen. Die Ergebnisse zeigen, dass diese Bakterien in Nutztierhaltungen bisher wenig verbreitet sind.

Kommensale *Escherichia coli*

Der Anteil resistenter *E.-coli*-Isolate war in der Lebensmittelkette Mastkalb/Jungind (43,4 %) etwa gleich hoch wie in der Lebensmittelkette Mastschwein (45,0 %). Die höchsten Resistenzraten traten bei *E.-coli*-Isolaten aus beiden Lebensmittelketten gegenüber den antibiotischen Substanzen Tetrazyklin (34,6 %), Ampicillin (28,7 %) sowie Sulfamethoxazol (28,1 %) auf, was vermutlich mit dem häufigen Einsatz dieser Antibiotika bei den Tieren zusammenhängt. Die Ergebnisse der Untersuchungen auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bei Mastkälbern aus Erzeugerbetrieben spiegeln sich auch in den Resistenzraten der *E.-coli*-Isolate aus den Kotproben dieser Tiere wider: Der Anteil an resistenten *E.-coli*-Isolaten war bei den Isolaten von Kälbern, die in Milchviehbetrieben aufgezogen wurden, am geringsten (22,2 %) und bei den Isolaten von Kälbern zur Mast aus Mastkälberbetrieben (58,2 %) am größten. *E.-coli*-Isolate von Kälbern zur Mast aus Mastrinderbetrieben waren zu 54,4 % resistent. *E.-coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wiesen insgesamt etwas niedrigere Resistenzraten (47,3 %) auf als *E.-coli*-Isolate, die von Mastkälbern aus Erzeugerbetrieben gewonnen wurden, was möglicherweise damit im Zusammenhang steht, dass bei den Schlachttieren aufgrund der einzuhaltenden Wartezeit die letzte Antibiotikagabe länger zurückliegt als bei den beprobten Tieren in den Erzeugerbetrieben. *E.-coli*-Isolate, die aus Rinderhackfleisch gewonnen wurden, waren deutlich seltener resistent (17,0 %) als die Isolate von Mastkälbern.

Die Resistenzraten der *E.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastschweine lagen im Zoonosen-Monitoring 2021 weitgehend auf dem Niveau der Vorjahre. Die *E.-coli*-Isolate aus Schweinefleisch waren zu 29,2 % resistent gegenüber mindestens einer antibiotischen Substanz. Damit wiesen sie wie bereits in den vergan-

genen Jahren eine deutlich niedrigere Resistenzrate auf als *E.-coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen, die zu 51,1 % resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen waren. Dieser Befund ist als günstig hinsichtlich der Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber resistenten Bakterien über Schweinefleisch zu sehen. Allerdings waren die Resistenzraten der *E.-coli*-Isolate im Schweinefleisch gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation (1,3 % vs. 0 %) und gegenüber den Fluorchinolonen höher (Ciprofloxacin 5,9 % vs. 1,6 %) als im Blinddarminhalt. Die Ursache hierfür ist nicht bekannt.

Die *E.-coli*-Isolate aus Proben von Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen wiesen keine Resistenzen auf.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Resistenzraten der Isolate von *Enterococcus faecalis* waren in den Lebensmittelketten Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder wie in den Vorjahren insgesamt höher als bei den *Enterococcus-faecium*-Isolaten. Die höchsten Resistenzraten traten bei Isolaten von *Enterococcus faecalis* gegenüber Tetrazyklin (ca. 75 %) und Erythromycin (35 % bis 39 %) auf. Zwischen den Lebensmittelketten Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder bestanden hier keine wesentlichen Unterschiede. Die Resistenzraten der Isolate von *Enterococcus faecalis* gegen Chloramphenicol – einem Antibiotikum, das seit Jahrzehnten nicht mehr eingesetzt wird – wurde häufiger bei Isolaten von Mastschweinen (30,8 %) als bei Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern (15,9 %) nachgewiesen. Die Ursache hierfür ist nicht bekannt.

Fazit

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

Untersuchungen auf den verschiedenen Produktionsstufen ermöglichen es zudem, die Wege der Verschleppung von Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette zu erkennen.

Die Ergebnisse der Untersuchungen in den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastschwein und Mastkalb/Jungrind liegen in vielen Bereichen in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren.

In Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen in Schlachtbetrieben wurden *Salmonella* spp. allerdings häufiger als in den Vorjahren nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass sich der Eintrag von Salmonellen in die Schlachtbetriebe über *Salmonella*-positive Schweine in den letzten Jahren nicht verringert hat und weitere Anstrengungen unternommen werden sollten, um die Belastung der Schweine mit Salmonellen zu verringern.

Auffallend sind die hohe Belastung von Schweinehackfleisch und insbesondere Rinderhackfleisch mit *Listeria monocytogenes* und die hohen Nachweisraten von STEC in Rinderhackfleisch. Die Ergebnisse bestätigen, dass rohes Hackfleisch für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere kein geeignetes Lebensmittel ist.

Die gewonnenen Isolate von *Listeria monocytogenes* gehörten jeweils zu einem überwiegenden Teil den gleichen molekularen Serotypen an, was verdeutlicht, wie wichtig Genomsequenzierungen bei Krankheitsausbrüchen sind, die durch *Listeria monocytogenes* verursacht wurden, um Verwandtschaftsbeziehungen zwischen den Isolaten erkennen und das ursächliche Lebensmittel eingrenzen zu können.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* sind bei Mastkälbern und Jungrindern noch weiter verbreitet als bei Mastschweinen, was möglicherweise mit der Vertränkung nicht vermarktungsfähiger Milch an Kälber im Zusammenhang steht, da die Kälber selbst nur relativ selten mit Cephalosporinen behandelt werden. Hierzu gehört oft die Milch von mit Antibiotika behandelten Kühen im Betrieb und die Milch aus den ersten fünf Tagen nach der Kalbung der Kuh. Diese kann Rückstände von Penicillinen und Cephalosporinen enthalten, weil sie häufig Bestandteil von Arzneimitteln zur Mastitisbehandlung sind. Die Ergebnisse verdeutlichen, dass eine Reduktion des Einsatzes von Cephalosporinen vor allem beim Milchrind dringend erforderlich ist.

Die deutlichen Unterschiede im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei zur Mast gehaltenen Kälbern in Abhängigkeit von der Haltungform könnten dazu genutzt werden, Kälber verstärkt in Haltungssystemen aufzuziehen, in denen sich weniger resistente Bakterien entwickeln, um die Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen in diesem Bereich einzudämmen.

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 wissenschaftlichen Kenntnisstand davon auszugehen ist, dass diese resistenten Keime auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können.

Vor diesem Hintergrund ist die hohe Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Rinderhackfleisch besonders bedenklich, da eine Verbreitung dieser Resistenzeigenschaften durch den Verzehr von rohem Hackfleisch möglich ist.

Die Untersuchungen von Rindfleisch an Grenzkontrollstellen zeigen, dass über importierte Lebensmittel neue Typen von MRSA eingetragen werden können. Die Ergebnisse unterstreichen die Empfehlung, dass im Rahmen des Monitorings die Verbreitung von MRSA auch weiterhin beobachtet und die Erreger charakterisiert werden sollten, um das Vorkommen neuer Stämme oder human-adaptierter Stämme in der Lebensmittelproduktion frühzeitig zu erkennen.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2021 zeigen zudem, dass das seit vier Jahren geltende Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* offenbar noch nicht zu Verbesserungen hinsichtlich der hohen Keimzahlen auf den Schlachtkörpern von Masthähnchen geführt hat, da der Anteil von Halshautproben mit *Campylobacter*-Keimzahlen >1.000 KBE/g etwa so hoch ist wie in den Jahren zuvor.

Feldsalat, Rucola oder Pflücksalat in Fertigpackungen stellen insbesondere dadurch, dass sie ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden, eine mögliche Quelle für Infektionen des Menschen mit potenziell pathogenen Keimen wie STEC und *Bacillus cereus* dar.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen zeigen, dass es im Hinblick auf das Vorkommen von Resistenzen bei Bakterien-Isolaten aus den Lebensmittelketten Mastschwein und Mastkalb/Jungrind im Zoonosen-Monitoring 2021 zu keinen wesentlichen Verbesserungen gekommen ist, wie unter anderem der Vergleich der Daten von kommensalen und ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* zeigt. Die Daten verdeutlichen, dass die Anstrengungen, den Antibiotikaeinsatz durch Verbesserungen der Tiergesundheit zu senken, weiter verstärkt werden müssen, um eine Reduktion der Resistenzraten zu erreichen. Ein Schwerpunkt hierbei sollte auch die Reduktion des Einsatzes kritischer Antibiotika sein, insbesondere jener der Kategorie B der EMA bzw. der von der WHO als HPCIA klassifizierten Substanzen.

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

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

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

Literaturquellen

- Abraham, R., S. Sahibzada, D. Jordan, M. O'Dea, D. J. Hampson, K. McMillan, L. Duffy, G. Mellor, R. Barlow und S. Abraham (2022): Antimicrobial resistance and genomic relationships of *Salmonella enterica* from Australian cattle. *Int J Food Microbiol* 371:109672
- Agresti, A. und B. A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119–126
- Ankolekar, C., T. Rahmati und R. Labbé (2008): Detection of toxigenic *Bacillus cereus* and *Bacillus thuringiensis* spores in U.S. rice. *Int J Food Microbiol* 128: 460–466
- Anonymus (2014): „Rinder-Salmonellose-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 14. November 1991 (BGBl. I S. 2118), die zuletzt durch Artikel 2 der Verordnung vom 17. April 2014 (BGBl. I S. 388) geändert worden ist“. *Bundesgesetzblatt I* 2014:388
- Anonymus (2017): Verordnung (EU) 2017/1495 der Kommission vom 23. August 2017 zur Änderung der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 in Bezug auf *Campylobacter* in Schlachtkörpern von Masthähnchen. In: *Official Journal of the European Union*. Vol. L281
- Asiimwe, B. B., R. Baldan, A. Trovato und D. M. Cirillo (2017): Prevalence and molecular characteristics of *Staphylococcus aureus*, including methicillin resistant strains, isolated from bulk can milk and raw milk products in pastoral communities of South-West Uganda. *BMC Infect Dis* 17(1):422
- Azimirad, M., M. Krutova, A. Yadegar, S. Shahrokh, M. Olfatifar, H. A. Aghdaei, W. N. Fawley, M. H. Wilcox und M. R. Zali (2020): *Clostridioides difficile* ribotypes 001 and 126 were predominant in Tehran healthcare settings from 2004 to 2018: a 14-year-long cross-sectional study. *Emerg Microbes Infect* 9(1):1432-1443
- Bamnia, M. und G. Kaul (2015): Cereulide and diarrheal toxin contamination in milk and milk products: a systematic review. *Toxin Reviews* 34: 119-124
- 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)
- Ben Said, M., M. S. Abbassi, V. Bianchini, S. Sghaier, P. Cremonesi, A. Romanò, V. Gualdi, A. Hassen und M. V. Luini (2016): Genetic characterization and antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus* isolated from bovine milk in Tunisia. *Letters in applied microbiology* 63(6):473-481
- Berger, F., Mellmann, A., von Müller, L. und B. Gärtner (2018): Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*. *Epidemiologisches Bulletin* 2018, 137–139
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_zuchtschweine_bestaenden_vorgelegt.pdf
- BfR (2009b): Grundlagenstudie zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. und *Salmonella* spp. in Schlachtkörpern von Masthähnchen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/343/grundlagenstudie_zum_vorkommen_von_campylobacter_spp_und_salmonella_spp_in_schlachtkoerpern_von_masthaehnchen_vorgelegt.pdf
- BfR (2011): ESBL-bildende Bakterien in Lebensmitteln und deren Übertragbarkeit auf den Menschen. Stellungnahme Nr. 002/2012 des BfR vom 5. Dezember 2011. http://www.bfr.bund.de/de/a-z_index/esbl_bildende_bakterien-127699.html
- BfR (2014): Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps_schutz_vor_lebensmittelbedingten_infektionen_mit_listerien.pdf

- BfR (2015): Fragen und Antworten zu ESBL- und/oder AmpC-bildenden antibiotikaresistenten Keimen. www.bfr.bund.de
- BfR (2016): Antibiotikaresistenz: Carbapenemase-bildende Keime in Nutztierbeständen. Aktualisierte Mitteilung Nr. 036/2016 des BfR vom 23.12.2016. <http://www.bfr.bund.de/cm/343/antibiotikaresistenz-carbapenemase-bildende-keime-in-nutztierbestaenden.pdf>
- Biggel, M., D. Etter, S. Corti, P. Brodmann, R. Stephan, M. Ehling-Schulz und S. Johler (2021): Whole Genome Sequencing Reveals Biopesticidal Origin of *Bacillus thuringiensis* in Foods. *Front Microbiol* 12:775669
- Biggel, M., N. Jessberger, J. Kovac und S. Johler (2022): Recent paradigm shifts in the perception of the role of *Bacillus thuringiensis* in foodborne disease. *Food Microbiol* 105:104025
- 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 0157:H7 and other verotoxin-producing *E. coli* in healthy cattle. *Epidemiol. Infect.*, (7), 251–257
- Boloki, H. A., W. F. Al-Musaileem, W. AlFouzan, T. Verghese und E. E. Udo (2021): Fusidic Acid Resistance Determinants in Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Isolated in Kuwait Hospitals. *Med Princ Pract* 30(6):542-549
- Bonis, M., A. Felten, S. Pairaud, A. Dijoux, V. Maladen, L. Mallet, N. Radomski, A. Duboisset, C. Arar, X. Sarda, G. Vial, M. Y. Mistou, O. Firmesse, J. A. Hennekinne und S. Herbin (2021): Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of *Bacillus thuringiensis* associated with foodborne outbreaks in France. *Plos One* 16(2):e0246885
- Brugère-Picoux, J. (2008): Ovine listeriosis. *Small Ruminant Res* 76:12-20
- Brunton, L. A., H. E. Reeves, L. C. Snow und J. R. Jones (2014): A longitudinal field trial assessing the impact of feeding waste milk containing antibiotic residues on the prevalence of ESBL-producing *Escherichia coli* in calves. *Prev Vet Med* 117(2):403-412
- Bülte, M. (2002): Veterinärmedizinische Aspekte der Infektionen durch enterohämorrhagische *E.-coli*-Stämme (EHEC). *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz* 45:484-490
- Bülte, M. und S. Heckötter (1997): Vorkommen und Bedeutung von O157 und anderen verotoxinbildenden *E. coli* bei Tieren und in Lebensmitteln – Occurrence and significance of O157 and other verocytotoxigenic *E. coli* in animals and food. *Mitt Gebiete der Lebensm Hyg* 88:665-680
- BVL (2010): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2009 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2012): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2011. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2017): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2018): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2017. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring
- BVL (2019): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2018. www.bvl.bund.de/ZoonosenMonitoring

- BVL (2020): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2019. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2021): Berichte zur Lebensmittelsicherheit - Zoonosen-Monitoring 2020. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- 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
- Carroll, L. M., M. Wiedmann und J. Kovac (2020): Proposal of a Taxonomic Nomenclature for the *Bacillus cereus* Group Which Reconciles Genomic Definitions of Bacterial Species with Clinical and Industrial Phenotypes. *mBio* 11(1)
- Chen, C., C. Sun, J. Li, X. Ji, Y. Wang, C. Song und G. Wang (2021): Characterisation of *Staphylococcus aureus* isolates from bovine mastitis in Ningxia, Western China. *J Glob Antimicrob Resist* 25:232–237
- Chenouf, N. S., O. M. Mama, C. R. Messaï, L. Ruiz-Ripa, R. Fernández-Fernández, I. Carvalho, A. Zitouni, A. Hakem und C. Torres (2021): Detection of methicillin-resistant coagulase-negative staphylococci and PVL/mecA genes in cefoxitin-susceptible *Staphylococcus aureus* (to44/ST80) from unpasteurized milk sold in stores in Djelfa, Algeria. *J Dairy Sci* 104(3):2684–2692
- Conceição, T., C. Coelho, I. Santos-Silva, H. de Lencastre und M. Aires-de-Sousa (2014): Epidemiology of methicillin-resistant and -susceptible *Staphylococcus aureus* in Luanda, Angola: first description of the spread of the MRSA ST5-IVa clone in the African continent. *Microb Drug Resist* 20(5):441–449
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds blaC-TX-M genes in different plasmids from German clinical *Escherichia coli* isolates. *J Med Microbiol* 59: 580–587
- Debast, S., A. L. van Leengoed, A. Goorhuis, C. Harnanus, E. Kuijper und A. Bergwerff (2009): *Clostridium difficile* PCR ribotype 078 toxinotype V found in diarrhoeal pigs identical to isolates from affected humans. *Environmental Microbiology* 11: 505–511
- De Bock, T., X. C. Zhao, L. Jacxsens, F. Devlieghere, A. Rajkovic, P. Spanoghe, M. I. Hofte und M. Uyttendaele (2021): Evaluation of *B. thuringiensis*-based biopesticides in the primary production of fresh produce as a food safety hazard and risk. *Food Control* 130:14
- Dekker, D., M. Wolters, E. Mertens, K. G. Boahen, R. Krumkamp, D. Eibach, N. G. Schwarz, Y. Adu-Sarkodie, H. Rohde, M. Christner, F. Marks, N. Sarpong und J. May (2016): Antibiotic resistance and clonal diversity of invasive *Staphylococcus aureus* in the rural Ashanti Region, Ghana. *BMC Infect Dis* 16(1):720
- Demontier, E., A. Dubé-Duquette, E. Brouillette, A. Larose, C. Ster, J. F. Lucier, S. Rodrigue, S. Park, D. Jung, J. Ruffini, J. Ronholm, S. Dufour, J. P. Roy, S. Ramanathan und F. Malouin (2021): Relative virulence of *Staphylococcus aureus* bovine mastitis strains representing the main Canadian spa types and clonal complexes as determined using in vitro and in vivo mastitis models. *J Dairy Sci* 104(11):11904–11921
- Dierick K., E. Van Coillie, I. Swiecicka, G. Meyfroidt, H. Devlieger, A. Meulemans, G. Hoedemaekers, L. Fourie, M. Heyndrickx und J. Mahillon (2005): Fatal family outbreak of *Bacillus cereus*-associated food poisoning. *J Clin Microbiol* 43(8):4277–9. doi: 10.1128/JCM.43.8.4277-4279.2005. PMID: 16082000; PMCID: PMC1233987
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Surveillance report
- EFSA (2005): *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. in foodstuffs. 175, 1–48. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2005.175/full>
- EFSA (2007): Request for updating the former SCVPH opinion on *Listeria monocytogenes* risk related to ready-to-eat foods and scientific advice on different levels of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods and the related risk for human illness. Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards. *EFSA Journal* 599:1–42. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/599>
- EFSA (2008): Report of the Task Force on Zoonoses Data Collection on the Analysis of the baseline survey on the prevalence of *Salmonella* in slaughter pigs, in the EU, 2006–2007 [1]. Part A: *Salmonella* prevalence estimates. Vol. 2008. 135 ed
- 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 meticillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. *EFSA Journal* 993:1–73. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. *EFSA Journal*, 8(1):1437, [89 pp.]
- EFSA (2011): Scientific Opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. *EFSA Journal* 9(4): 2105. http://www.efsa.europa.eu/sites/default/files/scientific_output_files/main_documents/2105.pdf
- EFSA (2012a): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. *EFSA Journal* 10 (10):2897
- EFSA (2012b): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in *Salmonella*, *Campylobacter* and indicator *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. bacteria transmitted through food. *EFSA Journal* 10 (6):2742
- EFSA (2016): Scientific opinion on the risks for public health related to the presence of *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. including *Bacillus thuringiensis* in foodstuffs. *EFSA Journal* 14 (7):4524. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2016.4524/full>
- EFSA (2018): Reply to the article ‘In defense of *Bacillus thuringiensis*, the safest and most successful microbial insecticide available to humanity – a response to EFSA’. *FEMS Microbiol Ecol* 94(1)
- EFSA (2019): Scientific report on the technical specifications on harmonised monitoring of antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from food-producing animals and food. *EFSA Journal* 2019;17(6):5709, 122 pp. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5709>
- EFSA (2021): Manual for reporting 2021 antimicrobial resistance data within the framework of Directive 2003/99/EC and Decision 2020/1729/EU. *EFSA Journal* 2021;18(5):EN-6652. DOI: <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2021.EN-6652>
- EFSA und ECDC (2019): The European Union One Health 2018 Zoonoses Report. *EFSA Journal* 17(12):5926
- EFSA und ECDC (2021a): The European Union One Health 2019 Zoonoses Report. *EFSA Journal* 2021;19(2):6406
- EFSA und ECDC (2021b): The European Union One Health 2020 Zoonoses Report. *EFSA Journal* 2021;19(12):6971
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>
- 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
- 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
- Fredriksson-Ahomaa, M. (2012): Isolation of enteropathogenic *Yersinia* from non-human sources. *Adv Exp Med Biol* 954:97-105
- Frentzel, H., K. Juraschek, N. Pauly, Y. Kelner-Burgos, H. Wichmann-Schauer (2020): Indications of biopesticidal *Bacillus thuringiensis* strains in bell pepper and tomato. *Int J Food Microbiol* 321, 108542
- Friese, A., J. Schulz, H. Laube et al. (2013): Faecal occurrence and emissions of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (laMRSA) and ESBL/AmpC-producing *E. coli* from animal farms in Germany. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 126: 175-180
- García-Soto, S., H. Tomaso, J. Linde und U. Methner (2021): Epidemiological Analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Serovar Dublin in German Cattle Herds Using Whole-Genome Sequencing. *Microbiol Spectr* 9(2):e003221

- Gay, E., M. Bour, G. Cazeau, N. Jarrige, C. Martineau, J. Y. Madec und M. Haenni (2019): Antimicrobial Usages and Antimicrobial Resistance in Commensal *Escherichia coli* From Veal Calves in France: Evolution During the Fattening Process. *Front Microbiol* 10:792
- Granum, E. und T. Lund (1997): *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Lett* 157: 223-228
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2020): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2017. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Heise, J., P. Witt, C. Maneck, H. Wichmann-Schauer und S. Maurischat (2021): Prevalence and phylogenetic relationship of *Clostridioides difficile* strains in fresh poultry meat samples processed in different cutting plants. *International Journal of Food Microbiology* 339, 109032
- 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
- Jeßberger, N., C. Rademacher, V.M. Krey, R. Dietrich, A.K. Mohr, M.-E. Böhm, S. Scherer, M. Ehling-Schulz und E. Martlbauer (2017): Simulating Intestinal Growth Conditions Enhances Toxin Production of Enteropathogenic *Bacillus cereus*. *Frontiers in Microbiology* 8.
- Kaase, M. (2012): Carbapenemasen bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 55:1401-1404
- Kittl, S., G. Heckel, B. M. Korczak und P. Kuhnert (2013): Source attribution of human *Campylobacter* isolates by MLST and fla-typing and association of genotypes with quinolone resistance. *Plos One* 8(11):e81796
- Knetsch, C.W., T.R. Connor, A. Mutreja, S.M. van Dorp, I.M. Sanders, H.P. Browne, D. Harris, L. Lipman, E.C. 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
- 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
- Koene, M. G., D. Mevius, J. A. Wagenaar, C. Harmanus, M. P. Hensgens, A. M. Meetsma, F. F. Putirulan, M. A. van Bergen und E. J. Kuijper (2012): *Clostridium difficile* in Dutch animals: their presence, characteristics and similarities with human isolates. *Clin Microbiol Infect* 18(8):778-784
- Ku, S., E. Ximenes, T. Kreke, K. Foster, J. L. Couetil, J. Zuponic, X. Zhao, L. Hoagland, A. J. Deering und M. R. Ladisch (2019): Microbial enrichment and multiplexed microfiltration for accelerated detection of *Salmonella* in spinach. *Biotechnol Prog* 35(6):e2874
- Kuijper, E. und J. van Dissel (2008): Spectrum of *Clostridium difficile* infections outside health care facilities. *CMAJ* 179(8): 747–748
- Laukkanen-Ninios, R., M. Fredriksson-Ahomaa, R. Maijala und H. Korkeala (2014): High prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pig cheeks. *Food Microbiol* 43:50-52
- 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
- Lim, S. C., D. R. Knight und T. V. Riley (2020): *Clostridium difficile* and One Health. *Clin Microbiol Infect* 26(7):857-863

- 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
- McManus, B.A., B.K. Aloba, M.R. Earls, G.I. Brennan, B. O'Connell, S. Monecke, R. Ehricht, A.C. Shore und D.C. Coleman (2021): Multiple distinct outbreaks of Panton-Valentine leucocidin-positive community-associated meticillin-resistant Staphylococcus aureus in Ireland investigated by whole-genome sequencing. J Hosp Infect 108, 72-80
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende Escherichia coli in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin
- Mesa-Varona, O., R. Mader, M. Velasova, J. Y. Madec, S. A. Granier, A. Perrin-Guyomard, M. Norstrom, H. Kaspar, M. Grobbel, E. Jouy, M. F. Anjum und B. A. Tenhagen (2021): Comparison of Phenotypical Antimicrobial Resistance between Clinical and Non-Clinical *E. coli* Isolates from Broilers, Turkeys and Calves in Four European Countries. Microorganisms 9(4)
- Messelhäusser, 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
- Messelhäusser, U., E. Frenzel, C. Blöchinger, R. Zucker, P. Kämpf und M. Ehling-Schulz (2014): Emetic *Bacillus cereus* are more Volatile than Thought: Recent Foodborne Outbreaks and Prevalence Studies in Bavaria (2007–2013). Biomed Res Int 2014:1-9
- Metelmann, C., K. Schulz, R. Geldschläger-Canda, S. Plötz und W. Handrick (2010): Listeriose bei Erwachsenen – Fallberichte und Literatur-Übersicht. Wien Klin Wochenschr 122:354-359
- Methner, U. (2021): Salmonellose der Rinder – Salmonellosis in cattle. Pages 83-89 in Tiergesundheitsjahresbericht 2020. Vol. 11. Friedrich Loeffler Institut, ed, Greifswald-Insel Riems
- Moreira, L. M., C. Milan, T. G. Gonçalves, C. N. Ebersol, H. G. d. Lima und C. D. Timm. (2019): Contamination of pigs by *Yersinia enterocolitica* in the abattoir flowchart and its relation to the farm. Ciência Rural 49(8)
- Mughini-Gras, L., A. Dorado-Garcia, E. van Duijkeren, G. van den Bunt, C. M. Dierikx, M. J. M. Bonten, M. C. J. Bootsma, H. Schmitt, T. Hald, E. G. Evers, A. de Koeijer, W. van Pelt, E. Franz, D. J. Mevius, D. J. J. Heederik und E. A. Consortium (2019): Attributable sources of community-acquired carriage of *Escherichia coli* containing beta-lactam antibiotic resistance genes: a population-based modelling study. Lancet Planet Health 3(8):e357-e369
- Mughini-Gras, L., W. van Pelt, M. van der Voort, M. Heck, I. Friesema und E. Franz (2018): Attribution of human infections with Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) to livestock sources and identification of source-specific risk factors, The Netherlands (2010-2014). Zoonoses Public Health 65(1):e8-e22
- Murugadas, V., C. J. Toms, S. A. Reethu und K. V. Lalitha (2017): Multilocus Sequence Typing and Staphylococcal Protein A Typing Revealed Novel and Diverse Clones of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Seafood and the Aquatic Environment. J Food Prot 80(3):476-481
- Nickelson, K. J., T. M. Taylor, D. B. Griffin, J. W. Savell, K. B. Gehring und A. N. Arnold (2019): Assessment of *Salmonella* Prevalence in Lymph Nodes of U.S. and Mexican Cattle Presented for Slaughter in Texas. J Food Prot 82(2):310-315
- 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
- Odetokun, I. A., B. Ballhausen, V. O. Adetunji, I. Ghali-Mohammed, M. T. Adelowo, S. A. Adetunji und A. Fetsch (2018): *Staphylococcus aureus* in two municipal abattoirs in Nigeria: Risk perception, spread and public health implications. Veterinary microbiology 216:52-59
- Pfeifer, Y. (2010): ESBL, AmpC und Carbapenemasen: Vorkommen, Verbreitung und Diagnostik β -Lactamase-bildender Gram-negativer Krankheitserreger J Lab Med 34:205–215
- Pfeifer, Y. und C. Eller (2012): Aktuelle Daten und Trends zur β -Lactam-Resistenz bei gramnegativen Infektionserregern. Bundesgesundheitsblatt 55: 1405-2409

- Pfennigwerth, N (2018): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhaus-erreger – Zeitraum 1. Januar 2017 – 31. Dezember 2017. *Epid Bull*; 28:263 – 267 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-034
- Plaza-Rodriguez, C., A. Kaesbohrer 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* 8(11):e900
- Rafei, R., I. Al Kassaa, M. Osman, F. Dabboussi und M. Hamze (2019): Molecular epidemiology of *Campylobacter* isolates from broiler slaughterhouses in Tripoli, North of Lebanon. *Br Poult Sci* 60(6):675-682
- Raymond, B. and B. A. Federici (2017): In defense of *Bacillus thuringiensis*, the safest and most successful microbial insecticide available to humanity – a response to EFSA. *FEMS Microbiol Ecol* 93(7)
- Reuss, A., A. Klingeberg, N. Schmidt, T. Eckmanns, B. Zacher (2021): Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und *C. difficile*-Infektionen. *Epid Bull* 2021;7:8 -11 DOI 10.25646/8026
- 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 (2010): Listeriose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Listeriose.html
- RKI (2011a): EHEC-Erkrankung, RKI-Ratgeber. 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 Krankhauserreger. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 19, 197-171
- RKI (2016a): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankhauserreger. Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 25, 213-225
- RKI (2016b): IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung: Zur Umsetzung der neuen Meldepflichten. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 16, 135-136
- RKI (2016c): Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Staphylokokken_MRSA.html
- RKI (2018a): *Campylobacter*-Enteritis, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Campylobacter.html#doc-2374558bodyText27
- RKI (2018b): *Clostridioides* (früher *Clostridium*) *difficile*, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Clostridium.html#doc2393684bodyText2
- RKI (2019a): Salmonellose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Salmonellose.html#doc2374560bodyText7
- RKI (2019b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2020): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019. Robert Koch-Institut, Berlin

- RKI (2021): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2020. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2022a): Epidemiologisches Bulletin 1/2022. www.rki.de/epidbull
- RKI (2022b): <https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, abgefragt am 02.09.2022
- Roschanski, N., A. Friese, C. von Salviati-Claudius, J. Hering, A. Kaesbohrer, L. Krienbrock 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
- Rosner, B.M., A. Schielke, X. Didelot, F. Kops, J. Breidenbach, N. Willrich, G. Golz, T. Alter, K. Stingl, C. Josenhans, S. Suerbaum und K. Stark (2017): A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany, 2011–2014. *Sci Rep* 7(1):5139
- Rouzeau-Szynalski, K., K. Stollewerk, U. Messelhauser, M. Ehling-Schulz (2020): Why be serious about emetic *Bacillus cereus*: Cereulide production and industrial challenges. *Food Microbiology* 85.
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading__1533_1257451891
- 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
- 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
- Schranz, M., A. Ullrich, U. Rexroth, O. Hamouda, L. Schaade, M. Diercke, S. Boender (2021): Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020). *Epid Bull* 1:3 -25 DOI 10.25646/7655
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2012): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink 2009. Vol. 5/2012. BfR Wissenschaft. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Shiota, M., K. Saitou, H. Mizumoto, M. Matsusaka, N. Agata, M. Nakayama, M. Kage, S. Tatsumi, A. Okamoto, S. Yamaguchi, M. Ohta, D. Hata (2010): Rapid Detoxification of Cereulide in *Bacillus cereus* Food Poisoning. *Pediatrics* 125, E951-E955
- Siffczyk, C., M. Smuskiewicz, K. Weise, B. Rosner, A. Fruth, R. Prager, W. Rabsch, M. Hausner, C. Friedrich und G. Ellsäßer (2017): The largest *Campylobacter coli* outbreak in Germany, associated with mincemeat consumption, May 2016, National Symposium on Zoonoses Research 2017 (Berlin)
- Stenfors Arnesen, L.P., A. Fagerlund und P.E. Granum (2008): From soil to gut: *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Rev.* 2008 32, 579-606
- Tenhagen, B.-A., A. Käsbohrer, M. Grobbel, J. A. Hammerl und H. Kaspar (2020): Antibiotikaresistenz von *E. coli* aus Rinderpopulationen in Deutschland. *Tierärztliche Praxis – Ausgabe Großtiere* 48(4):218-227
- Tenhagen, B. A., M. Flor, K. Alt, M. T. Knüver, C. Buhler, A. Käsbohrer und K. Stingl (2021): Association of Antimicrobial Resistance in *Campylobacter* spp. in Broilers and Turkeys with Antimicrobial Use. *Antibiotics* (Basel) 10(6)
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner-Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Van Cleef, B.A., D.L. Monnet et al. (2011): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans. *Europe. Emerg Infect Dis* 17:502-505
- Van Damme, I., D. Berkvens, G. Vanantwerpen, J. Baré, K. Houf, G. Wauters und L. De Zutter (2015): Contamination of freshly slaughtered pig carcasses with enteropathogenic *Yersinia* spp.: Distribution, quantification and identification of risk factors. *Int J Food Microbiol* 204:33-40

- 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
- von Müller, L. (2016): Aktuelles zu Clostridium-difficile-Infektionen. *Deutsche medizinische Wochenschrift* 141(16):e157
- 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
- Wang, B., Y. Xu, H. Zhao, X. Wang, L. Rao, Y. Guo, X. Yi, L. Hu, S. Chen, L. Han, J. Zhou, G. Xiang, L. Hu, L. Chen und F. Yu (2022): Methicillin-resistant Staphylococcus aureus in China: a multicentre longitudinal study and whole-genome sequencing. *Emerg Microbes Infect* 11(1):532-542
- Wassenaar, T.M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: Campylobacter. *Arch. Lebensmittelhyg.* 61, 85-90
- Weil, H.P., U. Fischer-Brugge, C. Harmanus, F. Mattner, P. Gastmeier, E.J. Kuijper (2007): O329 High incidence of Clostridium difficile associated diarrhoea with a community onset in a hyperendemic region in Germany. *International Journal of Antimicrobial Agents* Volume 29:69
- WHO (2019): Critically Important Antimicrobials for Human Medicine, 6th Revision 2018. Page 52. World Health Organisation, Genf, CH
- Wijnands, L.M., J.B. Dufrenne, F.M. van Leusden, T. Abee (2007): Germination of Bacillus cereus spores is induced by germinants from differentiated Caco-2 cells, a human cell line mimicking the epithelial cells of the small intestine. *Applied and Environmental Microbiology* 73. 5052-5054
- Wilson, D. J., D. Canning, T. Giacomazzi, K. Keels, R. Lothrop, D. L. Renaud, N. Sillett, D. Taylor, H. Van Huijgenbos, B. Wynands, D. Zuest und D. Fraser (2020): Hot topic: Health and welfare challenges in the marketing of male dairy calves-Findings and consensus of an expert consultation. *J Dairy Sci* 103(12):11628-11635
- Wulsten et al. (2020): Underestimated Survival of Campylobacter in Raw Milk Highlighted by Viability Real-Time PCR and Growth Recovery. *Front. Microbiol.* 11:1107. doi: 10.3389/fmicb.2020.01107
- Wysok, B. und J. Uradzinski (2009): Campylobacter spp. – a significant microbiological hazard in food. I. Characteristics of Campylobacter species, infection source, epidemiology. *Pol J Vet Science* 12:141-148
- 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, P., X. Liu, J. Zhang, X. Fu, Y. Wan, H. Pan, C. Wu und X. Wang (2021): Prevalence and characterization of Staphylococcus aureus and methicillin-resistant Staphylococcus aureus isolated from retail yak butter in Tibet, China. *J Dairy Sci* 104(9):9596-9606
- Dierick K., E. Van Coillie, I. Swiecicka, G. Meyfroidt, H. Devlieger, A. Meulemans, G. Hoedemaekers, L. Fourie, M. Heyndrickx und J. Mahillon (2005): Fatal family outbreak of Bacillus cereus-associated food poisoning. *J Clin Microbiol* 43(8):4277-9. doi: 10.1128/JCM.43.8.4277-4279.2005. PMID: 16082000; PMCID: PMC1233987

