



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



BVL-Report · 15.2 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2019



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.

© 2020 Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL)

Herausgeber:	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) Dienststelle Berlin Mauerstraße 39-42, D-10117 Berlin
Schlussredaktion:	Doris Schemmel, Dr. Marion Rukavina (BVL)
Koordination:	Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115)
Redaktionsgruppe:	Dr. Katja Alt (BfR), Dr. Klaus Lorenz (BVL, Ref. 115), Dr. Steffen Naumann † (BVL, Ref. 133), Dr. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR)
ViSdP:	Harald Händel (BVL, Pressestelle)
Umschlaggestaltung:	ORCA Affairs, Berlin
Titelbild:	Adobe Stock – Christine Schmutzler-Schaub
Satz:	ORCA Affairs, Berlin

Berichte zur Lebensmittelsicherheit

Zoonosen-Monitoring 2019

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 2019.....	3
3.3	Untersuchungsmethoden.....	10
3.3.1	Erregernachweis	10
3.3.2	Resistenztestung.....	13
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung	15
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse	16
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	17
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	19
4.1	<i>Salmonella</i> spp.	19
4.1.1	Einleitung	19
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	20
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	21
4.2	<i>Campylobacter</i> spp.....	22
4.2.1	Einleitung	22
4.2.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	23
4.2.3	Ergebnisse der Typisierung.....	25
4.3	<i>Listeria monocytogenes</i>	26
4.3.1	Einleitung	26
4.3.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	27
4.3.3	Ergebnisse der Typisierung.....	28
4.4	Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	29
4.4.1	Einleitung	29
4.4.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	30
4.4.3	Ergebnisse der Typisierung.....	31
4.5	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	34
4.5.1	Einleitung	34
4.5.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	35
4.5.3	Ergebnisse der Typisierung	36

4.6	<i>Yersinia enterocolitica</i>	37
4.6.1	Einleitung	37
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	38
4.6.3	Ergebnisse der Typisierung	38
4.7	<i>Clostridioides difficile</i>	38
4.7.1	Einleitung	38
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	39
4.8	<i>Vibrio</i> spp.	40
4.8.1	Einleitung	40
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	40
4.8.3	Ergebnisse der Typisierung	41
4.9	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen (AmpC) bildende <i>E. coli</i>	41
4.9.1	Einleitung	41
4.9.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	42
4.9.3	Ergebnisse der Typisierung	43
4.10	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	44
4.10.1	Einleitung	44
4.10.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung	44
5	Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern	45
5.1	<i>Salmonella</i> spp.	45
5.2	<i>Campylobacter</i> spp.	48
5.3	Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	50
5.4	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	52
5.5	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	53
5.6	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	56
6	Bewertung der Ergebnisse	58
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen	74
8	Literaturquellen	83

Einleitung

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

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

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

Rechtliche Grundlagen und Ziele

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

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

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

Richtlinie 2003/99/EG sind die in allen Mitgliedstaaten überwachungspflichtigen Zoonosen und Zoonoseerreger genannt. Weiterhin soll das Überwachungssystem das Erkennen aufkommender und neu aufkommender Zoonoseerreger erleichtern.

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

Material und Methoden

3.1 Organisation und Durchführung

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

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

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

3.2 Zoonosen-Stichprobenplan 2019

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2019 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, der freien Wildbahn, Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und dem Einzelhandel vor. Bei den Erregern, auf die die Proben untersucht wurden, handelte es sich zum einen um die klassischen Zoonoseerreger *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes*, Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC) und *Yersinia enterocolitica* und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Clostridioides difficile* (*C. difficile*), kommensale *Escherichia (E.) coli*, Extended-Spektrum Beta-Laktamase- und AmpC Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-*E.-coli*), Carbapenemase-bildende *E. coli* sowie um *Enterococcus faecium/faecalis*. Zudem wurden im Zoonosen-Monitoring 2019 auch erstmalig Untersuchungen auf das Vorkommen von *Vibrio* spp. durchgeführt. Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den probierten Waren um Verpackungen für den Endver-

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

pathogene *Yersinia enterocolitica* wurde untersucht, da es sich hierbei um einen bedeutenden Zoonoseerreger handelt, dessen Prävalenz in Lebensmitteln bisher in Deutschland aber nicht systematisch erfasst wurde. Die Untersuchungen auf *Vibrio* spp. erfolgten, um erstmalig repräsentative Daten über das Auftreten dieses bakteriellen Durchfallerregers in Fisch in Deutschland zu erfassen. 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 wurde kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchungen von der Verfügbarkeit geeigneter Proben abhängen. Für diese Programme wird lediglich ein unverbindlicher Untersuchungsumfang vorgeschlagen. Für die Programme, deren Stichprobenumfang auf $N = 384$ festgelegt wurde, wurde der Berechnung eine Prävalenz von 50 % bei einer Genauigkeit von $\pm 5 \%$ und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zugrunde gelegt. Im Zoonosen-Stichprobenplan wurden auch die Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU berücksichtigt, der die Untersuchungen auf *Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni* und kommensale *E. coli* im Hinblick auf Antibiotikaresistenzen sowie den selektiven Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* in ausgewählten Matrices verbindlich vorschreibt. Darüber hinaus wurde das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* auch in Bereichen untersucht, in denen hierzu bisher keine Daten vorliegen.

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Bundesländern erfolgte bei den Programmen, für die ein Probenumfang festgelegt wurde, auf Ebene der Erzeugerbetriebe anteilig nach der Zahl der gehaltenen Tiere bzw. Haltungsplätze für die betreffende Tierart und auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachttierzahlen der jeweiligen Tierart, wobei gemäß den Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU ausschließlich in Deutschland gemästete und geschlachtete Tiere berücksichtigt werden sollten. Im Bereich des Einzelhandels erfolgte die Zuordnung der Probenzahlen anteilig nach der Bevölkerungszahl der Bundesländer. Die Zuordnung der Probenzahlen für Mischfuttermittel zu den Ländern richtete sich nach dem Produktionsvolumen der Mischfuttermittel für Mastschweine im Jahr 2015. Beim Wildvogelprogramm richtete sich der Stichprobenumfang je Bundesland nach dem Probenschlüssel für die Untersuchungen auf das Geflügelpest-Virus bei Wildenten und Wildgänsen gemäß der *Verordnung zur Durchführung eines Monitorings auf das Virus der Geflügelpest bei Wildvögeln* vom 8. März 2016. Die errechneten Zahlen dienen hier wie oben beschrieben nur als Orientierungswert, da kein verbindlich einzuhaltender Stichprobenumfang bei dem Programm festgelegt wurde.

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2019 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2019.

Tab. 3.1 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2019 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp.	<i>Listeria monocytogenes</i>	STEC	MRSA	Kommensale <i>E. coli</i>	ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	<i>Enterococcus faecium/faecalis</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>	<i>Clostridioides difficile</i>	<i>Vibrio</i> spp.	
Erzeugerbetrieb	Mastschweine: Kot	384					204	300	300					
	Sockentupfer					384								
	Milchrind: Tankmilch	384	384	384	384	384	204	300						
	Schlachthof													
	Masthähnchen: Halshaut		384 ⁴											
	Mastschweine: Blinddarminhalt Schlachtkörper	384 384 ¹	384			384	204	300	300	384				
	Mastkälber/Jungrinder: Blinddarminhalt Schlachtkörper		384		384		204	300	300	384				
Futtermittelbetrieb	Alleinfuttermittel (für Mastschweine)	120												
Freie Wildbahn	Wildgeflügel (Enten und Gänse) ² : Kottupfer	#	#		#		#	#						
Einzelhandel	Schweinefleisch (konventionell): frisches Fleisch	384					384	384	384		384			
	Schweinefleisch (ökologisch): frisches Fleisch	384					384	384	384		384			
	Schweinefleisch: Hackfleisch	384				384						#		
	Rindfleisch: frisches Fleisch	384				384	384	384	384					
	Hähnchenfleisch: frisches Fleisch		384 ³											
	pflanzliche Lebensmittel: Petersilie (tiefgefroren)	#		# ³	#									
	pflanzliche Lebensmittel: Babyspinat (frisch, nicht tiefgefroren)	#				#								
	unverarbeiteter Fisch: Tilapia und Pangasius aus Aquakultur (Importware)	384		384			384	384	384					384

Kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchung nach Verfügbarkeit von geeigneten Proben stattfindet. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, angestrebt werden.
¹ Diese Proben werden ergänzt um *Salmonella*-Isolate, die im Rahmen der Durchführung der VO (EG) Nr. 2073/2005 (mikrobiologische Kriterien) gewonnen wurden.
² Erlegtes Wild oder Tiere, die im Rahmen des Wildvogel-Geflügelpest-Monitorings untersucht werden.
³ qualitative und quantitative Untersuchung
⁴ quantitative Untersuchung

Tab. 3.2 Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2019 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
Erzeugerbetrieb	
Mastschweine (Kot)	<i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Mastschweine (Sockentupfer)	MRSA
Milchrinder (Tankmilch)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i> , MRSA
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., MRSA
Mastkälber/Jungrinder (Blinddarminhalt)	<i>Campylobacter</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mastkälber/Jungrinder (Schlachtkörper)	<i>Salmonella</i> spp.
Mischfutterwerk	
Alleinfuttermittel für Mastschweine	<i>Salmonella</i> spp.
Freie Wildbahn	
Wildgänse/Wildenten (Kottupfer)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>
Einzelhandel	
frisches Schweinefleisch, konventionell und ökologisch	<i>Salmonella</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Schweinehackfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC
frisches Rindfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>
tiefgekühlte Petersilie	<i>Salmonella</i> spp., STEC
frischer Babyspinat	<i>Salmonella</i> spp., STEC
unverarbeiteter Fisch aus Aquakultur, Importware	<i>Salmonella</i> spp., MRSA, kommensale <i>E. coli</i>

Salmonella spp.

In Mischfuttermittelwerken sollten Alleinfuttermittel für Mastschweine für die Untersuchung auf das Vorkommen von Salmonellen gewonnen werden, wobei die Probenahme unmittelbar vor der Abgabe erfolgen sollte. Dieses Programm war auf zwei Jahre ausgelegt und wurde bereits im Zoonosen-Monitoring 2018 begonnen. Von in der freien Wildbahn erlegten oder im Rahmen des Wildvögel-Geflügelpest-Monitorings beprobten Wildenten und Wildgänsen sollten Kottupfer für die Untersuchung auf Salmonellen entnommen werden. Auf der Ebene der Primärproduktion sollte eine Beprobung von Tankmilch aus Milchrinderbetrieben für die Untersuchung auf Salmonellen erfolgen. Außerdem sollten in Mastschweinebetrieben Kotproben von Mastschweinen im Alter von zwei bis sechs Monaten entnommen und auf Salmonellen untersucht werden. An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils einem in Deutschland gemästeten Schwein entnommen und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf Salmonellen untersucht werden. Darüber hinaus sollte von Schlachtschweinen je Schlachtcharge nach dem Zurichten,

aber vor dem Kühlen die Haut eines Schlachtkörpers beprobt werden. Die Schlachtkörper- und Blinddarmproben sollten der gleichen Schlachtcharge entnommen werden, um einen Vergleich zwischen den eingetragenen und den auf die Schlachtkörper verschleppten Erregern vornehmen zu können. Bei der Probenahme in den Mastschweinebetrieben und am Schlachthof sollte der serologische *Salmonella*-Status nach der Schweine-Salmonellen-Verordnung des Betriebes, aus dem die Mastschweine stammten, miterfasst werden, um Unterschiede in der Häufigkeit positiver Befunde bei Schweinen aus Betrieben mit unterschiedlicher *Salmonella*-Kategorisierung zu identifizieren. Begleitend sollten Untersuchungen von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweinefleisch und frischem Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel auf Salmonellen erfolgen. Frisches Schweinefleisch sollte in getrennten Stichproben aus konventioneller und ökologischer Produktion stammen, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von Salmonellen zu erfassen. An Schlachthöfen sollte bei Mastkälbern/Jungrindern, die in Deutschland gemästet wurden, je Schlachtcharge

eine Schlachtkörperprobe nach dem Zurichten, aber vor dem Kühlen entnommen und auf Salmonellen untersucht werden. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Rindfleisch aus dem Einzelhandel erfolgen. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben von tiefgefrorener Petersilie, frischem, nicht tiefgefrorenem Babyspinat und importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. gewonnen werden.

***Campylobacter* spp.**

Von in der freien Wildbahn erlegten oder im Rahmen des Wildvögel-Geflügelpest-Monitorings beprobten Wildenten und Wildgänsen sollten Kottupfer für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. entnommen werden. Auf der Ebene der Primärproduktion sollten Proben von Tankmilch aus Milchrinderbetrieben für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. entnommen werden. An Schlachthöfen sollte bei Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern, die in Deutschland gemästet wurden, je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils einem Tier auf das Vorkommen von *Campylobacter* spp. untersucht werden. Von Masthähnchen am Schlachthof sollte je Schlachtcharge die Haut eines Schlachtkörpers beprobt und auf *Campylobacter* spp. untersucht werden. Begleitend sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Hähnchenfleisch ohne Haut auf *Campylobacter* spp. aus dem Einzelhandel erfolgen.

Listeria monocytogenes

In Milchrinderbetrieben sollte eine Beprobung von Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* erfolgen. Im Einzelhandel sollten Proben von tiefgefrorener Petersilie und von importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* gewonnen werden.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Von in der freien Wildbahn erlegten oder im Rahmen des Wildvögel-Geflügelpest-Monitorings beprobten Wildenten und Wildgänsen sollten Kottupfer für die Untersuchung auf STEC entnommen werden. Auf der Ebene der Primärproduktion sollte Tankmilch aus Milchrinderbetrieben für die Untersuchung auf STEC beprobt werden. An Schlachthöfen sollte bei Mastkälbern/Jungrindern, die in Deutschland gemästet wurden, je Schlachtcharge eine Probe von Blinddarminhalt entnommen und auf STEC untersucht werden. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von

frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Rindfleisch aus dem Einzelhandel erfolgen. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben von frischem Schweinehackfleisch, tiefgefrorener Petersilie und frischem Babyspinat für die Untersuchung auf STEC gewonnen werden.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Auf der Ebene der Primärproduktion sollte eine Beprobung von Tankmilch aus Milchrinderbetrieben für die Untersuchung auf MRSA erfolgen. Außerdem sollten in Mastschweinebetrieben Sockentupfer von Mastschweinen im Alter von zwei bis sechs Monaten entnommen und auf MRSA untersucht werden. Von Schlachtschweinen sollte je Schlachtcharge nach dem Zurichten, aber vor dem Kühlen die Haut eines Schlachtkörpers beprobt werden und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf MRSA untersucht werden. Im Einzelhandel sollten Proben von importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur für die Untersuchung auf MRSA gewonnen werden.

Yersinia enterocolitica

Im Einzelhandel sollte konventionelles und ökologisches Schweinefleisch in getrennten Stichproben beprobt und auf das Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* untersucht werden.

Clostridioides difficile

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

***Vibrio* spp.**

Im Einzelhandel sollten Proben von importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur für die Untersuchung auf *Vibrio* spp. gewonnen werden.

Kommensale *E. coli*

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten aus Kottupfern von in der freien Wildbahn erlegten oder im Rahmen des Wildvögel-Geflügelpest-Monitorings beprobten Wildenten und Wildgänsen Isolate von kommensalen *E. coli* gewonnen werden. Auf der Ebene der Primärproduktion sollten Kotproben von Mastschweinen und Tankmilchproben von Milchrindern auf kommensale *E. coli* untersucht werden. An Schlachthöfen sollten aus Proben von Blinddarminhalt von in Deutschland gemästeten Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern kommensale *E. coli* gewonnen werden. Im Einzelhandel sollten aus Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem konventionellem und ökologischem

Schweinefleisch, aus Proben von frischem Rindfleisch sowie aus Proben von importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (*Tilapia* und *Pangasius*) aus Aquakultur Isolate von kommensalen *E. coli* gewonnen und auf ihre Resistenz gegenüber Antibiotika untersucht werden.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Von in der freien Wildbahn erlegten oder im Rahmen des Wildvögel-Geflügelpest-Monitorings beprobten Wildenten und Wildgänsen sollten Kottupfer für die Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* entnommen werden. In Milchrinderbetrieben sollte Tankmilch beprobt und auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. Außerdem sollten in Mastschweinebetrieben Kotproben von Mastschweinen im Alter von zwei bis sechs Monaten entnommen und auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils einem in Deutschland gemästeten Schwein und Mastkalb/Jungrind entnommen und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweine- und Rindfleisch aus dem Einzelhandel erfolgen. Frisches Schweinefleisch sollte in getrennten Stichproben aus konventioneller und ökologischer Produktion stammen, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu erfassen. Im Einzelhandel sollten des Weiteren Proben von importiertem, gekühltem oder tiefgefrorenem, unverarbeitetem Fisch (*Tilapia* und *Pangasius*) aus Aquakultur für die Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gewonnen werden.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Auf der Ebene der Primärproduktion sollten Kotproben von Mastschweinen im Alter von zwei bis sechs Monaten entnommen und auf Carbapenemase-bildende *E. coli* untersucht werden. An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von jeweils einem in Deutschland gemästeten Schwein und Mastkalb/Jungrind für die Untersuchung auf Carbapenemase-bildende *E. coli* entnommen werden. Ergänzend hierzu sollten Untersuchungen von Proben von frischem, gekühltem, nicht tiefgefrorenem Schweine- und Rindfleisch aus dem Einzelhandel erfolgen. Frisches Schweinefleisch sollte in getrennten Stichproben aus konventioneller und ökologischer Produktion stammen, um mögliche Unterschiede zwischen den beiden Produktionsformen im Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* zu erfassen.

Enterococcus faecium/faecalis

Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten an Schlachthöfen je Schlachtcharge von jeweils einem in Deutschland gemästeten Mastschwein und Mastkalb/Jungrind Isolate von *Enterococcus faecium/faecalis* aus dem Blinddarminhalt gewonnen werden.

3.3 Untersuchungsmethoden

3.3.1 Erregernachweis

Der Zoonosen-Stichprobenplan enthält Vorgaben zu den anzuwendenden Untersuchungsverfahren. Dabei wurden, soweit vorhanden, international standardisierte mikrobiologische Nachweismethoden sowie

Empfehlungen der EFSA als Referenzverfahren herangezogen. Grundsätzlich konnten auch andere gleichwertige Untersuchungsverfahren angewendet werden.

Die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten landerseitig in den jeweiligen amtlichen Untersuchungseinrichtungen. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2019 vorgeschlagenen Untersuchungsmethoden konnen der Tabelle 3.3 entnommen werden.

Tab. 3.3 Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterfuhrende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Salmonella spp.	DIN EN ISO 6579-1:2017-07 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-20:2018-03 (ggf. vorab PCR mit Bestatigung positiver Proben) Kottupfer von Wildgefugel: Fur die Untersuchung den Tupfer in 2–3 ml Peptonwasser geben und die Kotproben gut resuspendieren (10 min stehen lassen). Gut vortexen und aus der Suspension 1 ml in 4 ml Peptonwasser uberfuhren und 18 ±2 Std. bei einer Temperatur zwischen 34 °C und 38 °C bebruten. Die weiteren Schritte ab der selektiven Anreicherung wie beschrieben in: DIN EN ISO 6579-1:2017-07 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-20:2018-03 (ggf. vorab PCR mit Bestatigung positiver Proben)	Kottupfer von Wildgefugel Kot aus Mastschweinebetrieben Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof
	DIN EN ISO 6579-1:2017-07 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-20:2018-03 (ggf. vorab PCR mit Bestatigung positiver Proben)	Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben Schlachtkorper von Mastschweinen Schlachtkorper von Mastkalbern und Jungrindern Alleinfuttermittel fur Mastschweine frisches Schweinefleisch Schweinehackfleisch frisches Rindfleisch tiefgekuhlte Petersilie frischer Babyspinat unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)
Campylobacter spp.	qualitativ: DIN EN ISO 10272-1:2017 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-107/1:2018-03, Nachweisverfahren B, Anreicherung in Preston Bouillon (ggf. vorab PCR mit Bestatigung positiver Proben: Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang A oder Anhang B); zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B) quantitativ: DIN EN ISO 10272-2:2017 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-107/2:2018-03; zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B)	Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben (qualitativ) Halshaut von Masthahnchen (quantitativ) frisches Hahnchenfleisch (qualitativ und quantitativ)

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Campylobacter</i> spp.	DIN EN ISO 10272-1:2017 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-107/1:2018-03, Nachweisverfahren C: Methode zum Direkt-nachweis – Den Kot mit Peptonwasser oder PBS aufschwemmen (Volumen variabel, ca. 1:2) und davon (wenn nötig – abhängig von Begleitflora) eine 1:10-Verdünnung anfertigen. Verdünnung auf mCCDA (3-fach Ösenausstrich) und qual. Nachweis von <i>Campylobacter</i> zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B) Kottupfer von Wildgeflügel: Für die Untersuchung den Tupfer in 2–3 ml Peptonwasser geben und die Kotproben gut resuspendieren (10 min stehen lassen). Gut vortexen und aus der Suspension 10 µl nach DIN EN ISO 10272-1:2017 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-107/1:2018-03, Nachweisverfahren C verarbeiten.	Kottupfer von Wildgeflügel Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof
<i>Listeria monocytogenes</i>	qualitativ: DIN EN ISO 11290-1 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-32/1:2018-03 ggf. vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren quantitativ : DIN EN ISO 11290-2:2017-09 oder ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-22:2018-03	Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben (qualitativ) tiefgekühlte Petersilie (qualitativ und quantitativ) unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius) (qualitativ)
Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	folgende Methoden können eingesetzt werden: <ul style="list-style-type: none"> ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-150(V):2014-08 (Übernahme DIN CEN ISO/TS 13136, Ausgabe April 2013) ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-92:2006-12 (Übernahme DIN 10118, Ausgabe Juni 2004) DIN EN 10118: Mikrobiologische Untersuchung von Lebensmitteln – Nachweis von Verotoxinen in Lebensmitteln tierischer Herkunft mit einem immunologischen Testsystem, Ausgabe Juli 2018 ASU § 64 LFGB Technische Regel BVL L 07.18-1:2002-05 ASU § 64 LFGB Qualitativer Nachweis von Shiga-Toxin bildenden <i>Escherichia coli</i> (STEC) in frischen pflanzlichen Lebensmitteln L 25.006:2017-10 – Protokoll: Qualitativer Nachweis und Isolation von Shiga-Toxin bildenden <i>Escherichia coli</i> (STEC) Detection of <i>Escherichia coli</i> producing the Stx2f subtype by Real-Time PCR (EU-RL VTEC: Laboratory methods for VTEC detection and typing (http://old.iss.it/binary/vtec/cont/EU_RL_VTEC_Method_10_Rev_0.pdf)) Kottupfer Wildgeflügel: Für die Untersuchung den Tupfer in 2–3 ml Peptonwasser geben und die Kotproben gut resuspendieren (10 min stehen lassen). Gut vortexen und aus der Suspension 1 ml für die weitere Verarbeitung entnehmen.	Kottupfer von Wildgeflügel Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof Schweinehackfleisch frisches Rindfleisch tiefgekühlte Petersilie frischer Babyspinat

Erreger	Untersuchungsmethode/ weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	nach Methodenvorschrift BfR, Fassung von 2018 Hinweis: Mit dieser Methode werden MRSA-verdächtige <i>Staphylococcus aureus</i> nachgewiesen. Der endgültige Nachweis von MRSA erfolgt durch den Nachweis der Kombination eines spezies-spezifischen Gens mit dem Resistenzgen*.	Sockentupfer aus Mastschweinebetrieben Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben Schlachtkörper von Mastschweinen unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)
<i>Yersinia enterocolitica</i>	DIN EN ISO 10273:2017-8 „Mikrobiologie der Lebensmittelkette – Horizontales Verfahren zum Nachweis von pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i> “; ggf. vorab PCR (ISO/TS 18867:2015 „Polymerase-Kettenreaktion [PCR] zum Nachweis von pathogenen Mikroorganismen in Lebensmitteln – Nachweis von pathogenen <i>Yersinia enterocolitica</i> und <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> “) mit kultureller Bestätigung positiver Proben.	frisches Schweinefleisch
<i>Clostridioides difficile</i>	qualitative BfR-Hausmethode (Selektivanreicherung)	Schweinehackfleisch
Kommensale <i>E. coli</i>	Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben. Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Falls eine Voranreicherung durchgeführt wird, soll bevorzugt hieraus ein Ausstrich gefertigt werden. Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode	Kottupfer von Wildgeflügel Kot aus Mastschweinebetrieben Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof frisches Schweinefleisch frisches Rindfleisch unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR), Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode	Kottupfer von Wildgeflügel Kot aus Mastschweinebetrieben Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof frisches Schweinefleisch frisches Rindfleisch unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)
Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)	Kot aus Mastschweinebetrieben Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof frisches Schweinefleisch frisches Rindfleisch
<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.	Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof
<i>Vibrio</i> spp.	DIN EN ISO 21872-1:2017; Kurzbeschreibung BfR	unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)

* Aufgrund der hohen Bestätigungsrate der eingesandten Isolate (97,5 %) 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 (E.) faecalis* und *E. faecium* sowie Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) wurden mittels der vorgesehenen, international anerkannten, quantitativen Verfahren für die Resistenzbestimmung (Bouillon-Mikrodilutionsmethode nach ISO 20776-1:2006 bzw. CLSI M07) im Nationalen Referenzlabor (NRL) für Antibiotikaresistenz bzw. nach CLSI VET06 und M45A im NRL für *Campylobacter* untersucht.

Die Isolate wurden dem am BfR etablierten Untersuchungsspektrum antimikrobieller Substanzen unterzogen. Hierfür wurden die fertig konfektionierten Plattenformate EUVSEC und ggf. EUVSEC2 (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC (Enterokokken), EUCAMP2

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

Die Testung auf Resistenzen erfolgte unter Beachtung des Durchführungsbeschlusses 2013/652/EU, in dem das Untersuchungsverfahren, die zu testenden Substanzen sowie die Bewertungskriterien für die Mehrzahl der Erreger festgelegt sind. Soweit dort keine epidemiologischen Cut-Off-Werte beschrieben wurden, erfolgte die Bewertung anhand der Empfehlung der European Food Safety Authority (EFSA) in Abstimmung mit dem Europäischen Referenzlabor für Antibiotikaresistenz (EURL-AR).

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

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

Tab. 3.4 Resistenztestung von *Salmonella* spp. und *Escherichia coli*. Übersicht über die eingesetzten Substanzen, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2019. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU. Wenn dies nicht möglich war, wurden die Empfehlungen der EFSA herangezogen (EFSA 2020).

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off-Wert >		Konzentrationsbereich	
		<i>Salmonella</i> spp.	<i>E. coli</i>	Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	2	0,5	32
Amphenicole	Chloramphenicol	16	16	8	128
Cephalosporine	Cefotaxim	0,5	0,25	0,25	128
	Ceftazidim	2	0,5	0,5	8
(Fluor)chinolone	Nalidixinsäure	16	16	4	128
	Ciprofloxacin	0,06	0,06	0,015	8
Aminopenicilline	Ampicillin	8	8	1	64
Polymyxine	Colistin	2	2	1	16
Folatsynthesehemmer	Sulfamethoxazol	256 ^a	64	8	1024
	Trimethoprim	2	2	0,25	32
Tetrazykline	Tetrazyklin	8	8	2	64
Azalide	Azithromycin	16 ^a	16 ^a	2	64
Carbapeneme	Meropenem	0,125	0,125	0,03	16
Glycylcycline	Tigecyclin	1	1	0,25	8

^a Werte nicht im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU festgelegt. Empfehlung der EFSA für die einheitliche Bewertung innerhalb der EU (EFSA 2020).

Tab. 3.5 Resistenztestung von *Campylobacter jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Substanzen, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2019. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

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

* Cut-Off-Werte für *C. jejuni*

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

Tab. 3.6 Resistenztestung von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*. Übersicht über die eingesetzten Substanzen, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (Epidemiologische Cut-Off-Werte von EUCAST) für 2019

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

Tab. 3.7 Resistenztestung von *Enterococcus faecalis* und *E. faecium*. Übersicht über die eingesetzten Substanzen, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2019. Die Bewertung erfolgte unter Berücksichtigung der Vorgaben im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

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

3.3.2.1 Bewertungskriterien bei der Resistenztestung

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

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

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

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

3.3.3 Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse

Die Untersuchungsergebnisse wurden von den entsprechenden Einrichtungen der Länder an das BVL übermittelt. Die Übermittlung erfolgte nach den Vorgaben der AVV *Data*. Für Informationen, die auf diesem Weg nicht übermittelt werden konnten, wurden Excel-Tabellen zur Bereitstellung von sogenannten Zusatzinformationen genutzt. Die Zuordnung der Datensätze zu den Programmen erfolgte anhand der angegebenen Programmnummer im Kommentarfeld. Datensätze, die keinem Programm zugeordnet werden konnten, sowie Ergebnisse, die zwar einem Programm zugeordnet werden konnten, bei denen z. B. die Matrix oder der Entnahmeort jedoch nicht den Vorgaben des Stichprobenplans entsprach, wurden nicht berücksichtigt. Für das Jahr 2019 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	186
Berlin	143
Baden-Württemberg	538
Bayern	1104
Bremen	28
Hamburg	53
Hessen	209
Mecklenburg-Vorpommern	167
Niedersachsen	1793
Nordrhein-Westfalen	1431
Rheinland-Pfalz	157
Schleswig-Holstein	318
Saarland	74
Sachsen	206
Sachsen-Anhalt	242
Thüringen	143
Gesamt	6792

Tab. 3.9 Anzahl Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Mastschweine in Erzeugerbetrieben	734
Tankmilch aus Milchrinderbetrieben	370
Masthähnchen am Schlachthof	376
Mastschweine am Schlachthof	902
Mastkälber/Jungrinder am Schlachthof	797
Alleinfuttermittel für Mastschweine	124
Wildenten und Wildgänse	100
frisches Schweinefleisch, konventionell	515
frisches Schweinefleisch, ökologisch	357
Schweinehackfleisch	427
frisches Rindfleisch	473
frisches Hähnchenfleisch	474
tiefgefrorene Petersilie	400
frischer Babyspinat	323
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	420
Gesamt	6792

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 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 Masthähnchenschlaktkörpern wurden gemäß dem Beschluss der Länderarbeitsgemeinschaft Verbraucherschutz „Arbeitsgruppe Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft“ (AFFL) in ihrer Sitzung vom 3. bis 4. Mai 2016 zur Schätzung der Keimzahl gewonnen. Sie wurden im Jahr 2019, wie schon 2017, nicht für die Resistenztestung herangezogen, da es hierzu keine Verpflichtung gemäß Durchführungsbeschluss

2013/652/EU gab. Zur Spezies *Enterococcus* wurden aus einem Labor keine Daten an das BVL übermittelt. Hier wurden die Isolate erst nach erneuter Bestätigung, dass sie zum Zoonosen-Monitoring gehörten, einbezogen. Je Probe wurde nur ein Isolat der jeweiligen Bakterienart bzw. des Typs (bei STEC und MRSA) in die Resistenztestung einbezogen. Mehrere Isolate wurden dann untersucht, wenn es sich um unterschiedliche Serovaren (bei *Salmonella*) oder unterschiedliche Spezies (bei *Campylobacter*) 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 Jungrindern sowie bei *E.-coli*-Isolaten aus Kot von Mastschweinen im Bestand 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	Salmonella spp.	Campylobacter spp. (C. jejuni + C. coli)	MRSA	Enterococcus spp. (E. faecalis + E. faecium)	Shiga-Toxin bildende E. coli (STEC)	Kommensale E. coli
Gesamt	Getestete Isolate	79	448 (144+304)	356	256 (141+115)	241	1.165
Erzeugerbetrieb	Milchrind, Tankmilch	0	8 (8+0)	25	-	12	114
	Mastschwein, Bestand, Kot/Staub	20	-	136	-	-	218
Schlachthof	Mastschwein, Blinddarminhalt	22	263 (5+258)	-	-	-	246
	Mastschwein, Schlachtkörper	10	-	80	76 (42+34)	-	-
	Mastkalb/Jungrind Blinddarminhalt	-	177 (131+46)	-	-	179	217
	Mastkalb/Jungrind Schlachtkörper	4	-	-	180 (99+81)	-	-
Wildtiere	Wildgeflügel, Enten/Gänse, Kottupfer	0	0	-	-	0	49
Futtermittel	Alleinfuttermittel für Schweine	4	-	-	-	-	-
Einzelhandel	Schwein, konventionell, frisches Fleisch	2	-	-	-	-	89
	Schwein, ökologisch, frisches Fleisch	2	-	-	-	-	61
	Hackfleisch vom Schwein	8	-	-	-	24	-
	Rind, frisches Fleisch	3	-	-	-	23	74
	Tilapia/Pangasius aus Aquakultur	4	-	115	-	-	97
	Petersilie, tiefgefroren	-	-	-	-	1	-
	Babyspinat	-	-	-	-	2	-

- Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2019 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).

Europaweit sind *Salmonella* Typhimurium inklusive der monophasischen Variante und *Salmonella* Enteritidis die Serovare, die beim Menschen am häufigsten Infektionen hervorrufen (EFSA und ECDC 2019a). Die Salmonellose ist in Deutschland und europaweit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2019a, RKI 2019b). Der seit dem Jahr 2008 EU-weit zu beobachtende abnehmende Trend der gemeldeten Salmonellose-Fälle hat sich in den letzten fünf Jahren stabilisiert. Die Zahl der in der EU gemeldeten Salmonellose-Fälle beim Menschen lag im Jahr 2018 mit 91.857 bestätigten Erkrankungen auf demselben Niveau wie im Vorjahr (91.662 bestätigte Fälle) (EFSA und ECDC 2019a). Der in einigen Mitgliedstaaten zu beobachtende Anstieg der gemeldeten Salmonellose-Fälle ist hauptsächlich auf Erkrankungsfälle durch *Salmonella* Enteritidis zurückzuführen und wird zum Teil mit einer verstärkten und umfassenderen Berichterstattung an das ECDC sowie mit Verbesserungen bei der Überwachung der Salmonellose beim Menschen in einigen Mitgliedstaaten erklärt. Der Anteil der Salmonellose-Erkrankungen, der durch *Salmonella* Typhimurium inklusive der monophasischen Variante hervorgerufen wurde, ist gegenüber 2017 leicht gestiegen (EFSA und ECDC 2019a). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2019 insgesamt 13.636 Salmonellose-Fälle gemeldet (RKI 2020a). Im Vorjahr lag die Zahl der gemeldeten Salmonellose-Erkrankungen bei 13.592 (RKI 2019b).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von Geflügelschlachtkörpern und frischem Geflügelfleisch in den Jahren 2009 bis 2014 abgenommen haben, seitdem aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten zu verzeichnen ist (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017, BVL 2019a). Bei Putenschlachtkörpern ist sogar eine deutliche Zunahme der Salmonellen-Nachweisrate zu beobachten (BVL 2017, BVL 2019a). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2010 untersuchten Konsumeiern waren 0,7 % der Poolproben von Eierschalen mit Salmonellen kontaminiert. In Proben vom Einhalt wurden keine Salmonellen nachgewiesen (BVL 2012). In Schweinefleisch und Rindfleisch wurden Salmonellen in weniger als 1 % der untersuchten Proben und damit deutlich seltener nachgewiesen als in Geflügelfleisch (etwa 3 % bis 5 % positive Proben). Die Salmonellen-Nachweisrate in Schweinehackfleisch lag bei etwa 1 %. 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 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018).

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

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

4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Proben von Futtermitteln, Wildenten und Wildgänsen, Tankmilch, Mastschweinen, Mastkälbern und Jungrindern, frischem

konventionellem und ökologischem Schweinefleisch, frischem Schweinehack- und Rindfleisch, tiefgefrorener Petersilie, Babyspinat sowie unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur sind den Tabellen 4.1 bis 4.8 zu entnehmen.

Tab. 4.1 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Alleinfuttermitteln für Mastschweine

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Alleinfuttermittel	216	4	1,9 (0,6–4,8)

Tab. 4.2 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kottupfer	101	0	0,0 (0,0–4,4)

Tab. 4.3 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	370	0	0,0 (0,0–1,2)

Tab. 4.4 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Mastschweinen aus Mastschweinebetrieben, in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastschweinen aus dem Schlachthof, in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch sowie in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Kot gesamt	384	22	5,7 (3,8–8,6)
Kot Kat. I	225	15	6,7 (4,0–10,8)
Kot Kat. II	69	5	7,2 (2,8–16,2)
Kot Kat. III	10	0	0,0 (0,0–32,1)
keine Angabe Salmonellenstatus	80	2	2,5 (0,2–9,2)
Schlachthof			
Blinddarminhalt gesamt	398	23	5,8 (3,8–8,6)
Blinddarminhalt Kat. I	228	10	4,4 (2,3–8,0)
Blinddarminhalt Kat. II	83	4	4,8 (1,5–12,1)
Blinddarminhalt Kat. III	6	1	16,7 (1,1–58,2)
keine Angabe Salmonellenstatus	81	8	9,9 (4,9–18,5)
Schlachtkörper gesamt	382	13	3,4 (1,9–5,8)
Einzelhandel			
frisches Fleisch, konventionell	515	2	0,4 (0,0–1,5)
frisches Fleisch, ökologisch	357	2	0,6 (0,0–2,2)
Hackfleisch	429	8	1,9 (0,9–3,7)

Tab. 4.5 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Mastkälbern und Jungrindern sowie in Proben von frischem Rindfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Schlachtkörper	407	4	1,0 (0,3–2,6)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	473	3	0,6 (0,1–1,9)

Tab. 4.6 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	420	4	1,0 (0,3–2,5)

Tab. 4.7 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von tiefgefrorener Petersilie 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			
tiefgefrorene Petersilie	400	0	0,0 (0,0–1,1)

Tab. 4.8 Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von frischem Babyspinat 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			
frischer Babyspinat	323	0	0,0 (0,0–1,4)

Insgesamt wurden 5.175 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. In 1,9 % der Proben von Alleinfuttermitteln für Mastschweine wurden Salmonellen nachgewiesen. In Mastschweinebetrieben waren 5,7 % der Kotproben *Salmonella*-positiv. Am Schlachthof wurden in 5,8 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen Salmonellen nachgewiesen. Auf Schlachtkörpern von Mastschweinen, die von denselben Schlachtchargen stammen sollten, wurden Salmonellen zu 3,4 % nachgewiesen. Frisches konventionelles Schweinefleisch war zu 0,4 % und frisches ökologisches Schweinefleisch zu 0,6 % positiv für Salmonellen. Frisches Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 1,9 % auf. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Mastkälbern und Jungrindern betrug 1,0 %. Frisches Rindfleisch war zu 0,6 % mit Salmonellen kontaminiert. In keiner der untersuchten Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben und in keiner der untersuch-

ten Kottupfer von Wildenten und Wildgänsen wurden *Salmonella* spp. nachgewiesen. Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus dem Einzelhandel waren zu 1,0 % positiv für Salmonellen, während in Proben von tiefgefrorener Petersilie und frischem Babyspinat keine Salmonellen nachgewiesen wurden.

4.1.3 Ergebnisse der Typisierung

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

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

Insgesamt standen 79 Isolate von *Salmonella enterica* subsp. *enterica* für die Typisierung zur Verfügung (Tab. 4.9). Diese gehörten 16 Serovaren an. Die häufigsten Serovare waren *Salmonella* (*S.*) Typhimurium, inkl. dessen monophasischer Variante (35 Isolate) und *S. Derby* (21 Isolate).

Die allermeisten Isolate stammten aus den Untersuchungen in der Schweinefleischkette: aus Alleinfuttermittel für Mastschweine (N = 4), aus Mastschweine-

beständen (20 Isolate), von Schweinen am Schlachthof (32 Isolate), aus Schweinehackfleisch (N = 8) und aus frischem Schweinefleisch aus konventioneller sowie ökologischer Produktion (jeweils 2 Isolate). Die restlichen 11 Isolate stammten von Karkassen von Mastkälbern bzw. Jungrindern am Schlachthof (N = 4) und frischem Rindfleisch (N = 3) sowie aus 4 Proben von Tilapia bzw. Pangasius aus Aquakultur, die, aus Drittländern importiert, im Einzelhandel gewonnen wurden.

Tab. 4.9 Anzahl der *Salmonella*-Serovare aus den Programmen des Zoonosen-Monitorings 2019 (N = 79)

Serovar	Alleinfuttermittel für Mastschweine, Mischfutterwerk, N = 4	Mastschwein, Kot, Primärproduktion, N = 20	Mastschwein, Blinddarminhalt, Schlachthof, N = 22	Mastschwein, Schlachtkörper, Schlachthof, N = 10	frisches konventionelles Schweinefleisch Einzelhandel, N = 2	frisches ökologisches Schweinefleisch aus Einzelhandel, N = 2	Schweinehackfleisch, Einzelhandel, N = 8	Mastkälber/Jungrinder, Schlachtkörper, Schlachthof, N = 4	frisches Rindfleisch, Einzelhandel, N = 3	unverarbeiteter Fisch aus Aquakultur, Einzelhandel, N = 4
S.Bareilly										2
S.Bovismorbificans		1								
S.Braenderup										1
S.Brandenburg							1			
S.Derby		8	7	3	1	1	1			
S.Dublin								2		
S.Goldcoast				2						
S.Havana	1									
S.Infantis		2	1							
S.Kedougou		1								
S.Kentucky									1	
S.Potsdam										1
S.Putten	1									
S.Subspec. I Rauform		1		2				2	1	
S.Typhimurium	1	3	8	1		1		2		1
S.Typhimurium monophasisch	1	4	6	2	1		2	1	1	

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 *Campylobacter* (*C.*) *coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2019b, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt eher beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein nachgewiesen wird (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2016b, BVL 2017, BVL 2018 und Wassenaar und Laubenheimer-Preusse 2010). Eine Infektion des Menschen mit *Campylobacter* spp. kann zu einer akuten Darmentzündung führen, die mit starken Abdominalschmerzen und blutigen Durchfällen einhergehen kann. In

der Regel klingt die Erkrankung nach wenigen Tagen von selbst wieder ab. 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 in Deutschland und EU-weit die häufigste bakterielle Durchfallerkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2019a, RKI 2019b). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2019 insgesamt 61.321 *Campylobacter*-Erkrankungen gemeldet (RKI 2020a). Im Jahr zuvor lag die Zahl bei 67.872 Fällen (RKI 2019b). Seit dem Jahr 2005 wurde ein europaweiter Anstieg der gemeldeten *Campylobacter*-Erkrankungen beobachtet. Allerdings sind die EU-weit gemeldeten bestätigten Erkrankungszahlen in den letzten Jahren (2014 bis 2018) stabil auf hohem Niveau geblieben. Im Jahr 2018 wurden 246.571 bestätigte *Campylobacter*-Fälle in der EU gemeldet. Damit lag die Inzidenz mit 64,1 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf demselben Niveau wie im Vorjahr (64,9 Fälle pro 100.000 Einwohner) (EFSA und ECDC 2019a). 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 2010a).

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

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA 2010a). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Hähnchenfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2019a). Dies ist auch im Zoonosen-Monitoring der Fall: Frisches Hähnchenfleisch war in bisherigen Untersuchungen zu 30 % bis 54 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017, BVL 2018, BVL 2019a). 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 2019a). In Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch wurden *Campylobacter* dagegen bisher nur selten im Zoonosen-Monitoring nachgewiesen (< 1 % positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2016b). Auch mit *Campylobacter* spp. verunreinigte Rohmilch stellt ein mögliches Vehikel für die Übertragung der Erreger auf den Menschen dar und führte schon zu größeren lebensmittelbedingten Ausbrüchen (RKI 2019b). Im Zoonosen-Monitoring waren in den vergangenen Jahren 1 % bis 2 % der Proben von Tankmilch *Campylobacter*-positiv (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2016b). 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 von verbesserten Nachweisverfahren hin. Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speisenzubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition des Verbrauchers gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls möglich (RKI 2018a). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle jedoch häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007). Aufgrund der Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* zu einer deutlichen Reduktion der menschlichen Infektionen führen könnte, wurde mit der Verordnung (EU) Nr. 1495/2017 die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel um ein Prozesshygienekriterium bei der Schlachtung von Masthähnchen ergänzt. Das seit 01.01.2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wurde am 01.01.2020 auf 30 % reduziert und wird in fünf Jahren auf 20 % gesenkt werden.

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben von Wildenten und Wildgänsen, Tankmilch, Mastschweinen, Mastkälbern und Jungrindern, Masthähnchen sowie frischem Hähnchenfleisch sind den Tabellen 4.10 bis 4.16 zu entnehmen.

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

Tab. 4.10 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kottupfer	93	0	0,0 (0,0–4,8)

Tab. 4.11 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	360	9	2,5 (1,2–4,8)

Tab. 4.12 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	394	265	67,3 (62,5–71,7)

Tab. 4.13 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	387	191	49,4 (44,4–54,3)

Tab. 4.14 Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

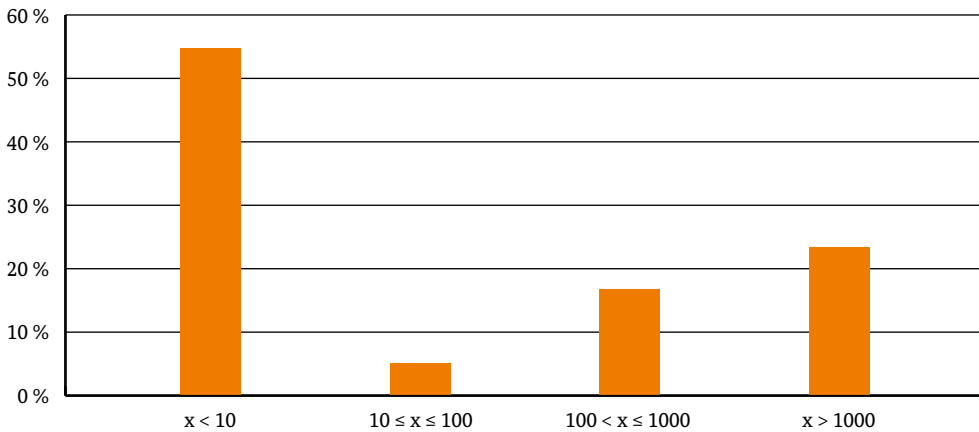
Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frisches Fleisch (ohne Haut)	472	219	46,4 (41,9–50,9)

Tab. 4.15 Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Halshaut	376	170 (45,2)	10	1100	$1,7 \times 10^6$
frisches Fleisch	420	14 (3,3)	10	10	600

Tab. 4.16 Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (KbE/g)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und ≤ 100 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 100 KbE/g und ≤ 1000 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 1000 KbE/g
Halshaut	376	19 (5,1)	63 (16,8)	88 (23,4)
frisches Fleisch	420	11 (2,6)	3 (0,7)	–

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

Insgesamt wurden 2.083 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen wurden keine *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Auf der Ebene der Primärproduktion waren 2,5 % der Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben positiv für *Campylobacter* spp. In Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jung-rindern am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 67,3 % bzw. zu 49,4 % nachgewiesen. In den Halshautproben der Masthähnchenschlachtkörper ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode zu 45,2 % nachweisen. 5,1 % der quantitativ untersuchten Halshautproben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 16,8 % der Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1000 KbE/g wurden in 23,4 % der Proben nachgewiesen (s. Abb. 4.1). Die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 46,4 %. In 2,6 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode nachweisen, wobei drei Proben mehr als 100 KbE/g aufwiesen und die höchste gemessene Keimzahl bei 600 KbE/g lag.

4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Campylobacter-Isolate aus Hähnchenfleisch und von Masthähnchenschlachtkörpern wurden aufgrund des AFFL-Beschlusses gewonnen (s. Kap. 3.3.4) und nicht typisiert, da für diese Programme im Jahr 2019 keine Verpflichtung für weitergehende Untersuchungen gemäß Durchführungsbeschluss 2013/652/EU bestand und der Zoonosen-Stichprobenplan diese Untersuchung nicht vorsah.

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden aus den restlichen drei Programmen (Tankmilch von Milchviehbetrieben, 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. Auch waren insgesamt 32 eingesandte Isolate mit Zuordnung zu einem Programm im NRL nicht anzüchtbar. Sieben Isolate aus Schlachthofproben wurden als *Campylobacter hyointestinalis* im NRL bestimmt. Fünf dieser Isolate wurden aus Blinddarminhalt von Kälbern isoliert, zwei aus Blinddarminhalt von Mast-

schweinen. Weiterhin wurde ein Isolat als *Helicobacter canadensis* (Blinddarminhalt von Mast Schweinen) und ein weiteres als *C. lanienae* (Blinddarminhalt von Kälbern) typisiert. Von 448 berücksichtigten Isolaten von *Campylobacter* (*C.*) spp. wurde der überwiegende Anteil aus Blinddarminhalt von Mast Schweinen (N = 263; 58,7 %) und Mastkälbern/Jungrindern (N = 177; 39,5 %) am Schlachthof eingesandt. Die restlichen acht Isolate (1,8 %) stammten aus Tankmilchproben von Milchviehbetrieben.

Abbildung 4.2 gibt die Speziesverteilung unter den Isolaten für das Jahr 2019 wieder. Fünf (1,9 %) Isolate aus Blinddarminhalt von Mast Schweinen am Schlachthof gehörten der Spezies *C. jejuni* an, der Rest wurde als *C. coli* typisiert. Anders verhielt es sich bei den Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern. Unter den 177 Isolaten gehörten 46 (26,0 %) zur Spezies *C. coli* und 131 (74,0 %) zu *C. jejuni*. Alle acht Isolate aus Tankmilchproben wurden als *C. jejuni* typisiert.

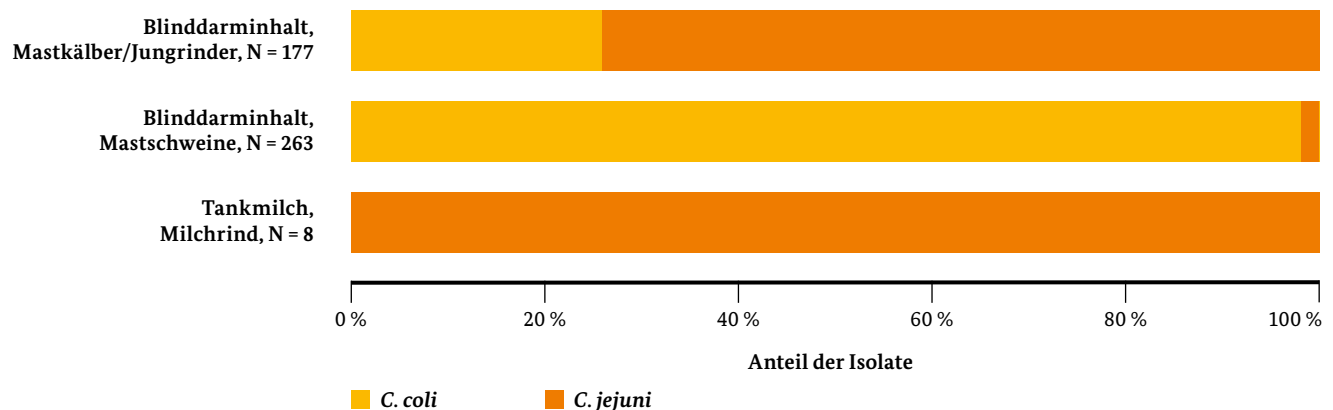


Abb. 4.2 Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus dem Zoonosen-Monitoring 2019

4.3 *Listeria monocytogenes*

4.3.1 Einleitung

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

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

Infektionen mit Listerien treten im Vergleich zu

Salmonellen- und *Campylobacter*-Infektionen seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit Beginn der Überwachung auf EU-Ebene im Jahr 2008 nimmt die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europaweit zu, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über 60 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2019a, RKI 2019b). In dieser Altersgruppe hat sich der Anteil der Listeriose-Fälle von 56,0 % im Jahr 2008 auf 69,1 % im Jahr 2018 erhöht (EFSA und ECDC 2019a). Im Jahr 2018 wurden EU-weit 2.549 bestätigte Listeriose-Fälle gemeldet. Damit liegen die Erkrankungszahlen auf demselben Niveau wie im Vorjahr (2.480 gemeldete Fälle). Die Listeriose ist die zoonotische Erkrankung mit der höchsten Sterberate (15,6 %), die in der EU überwacht wird (EFSA und ECDC 2019a). 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 2019 wurden dem RKI 591 Listeriose-Fälle gemeldet (RKI 2020a).

Gesunde Menschen erkranken in der Regel nicht oder weisen nur milde Symptome eines fieberhaften Infektes auf. Die Listeriose-Gastroenteritis geht mit Durchfall unterschiedlicher Schwere einher. Schwere Verlaufsformen treten vor allem bei abwehrgeschwächten Menschen wie älteren Personen, Neugeborenen, Patienten mit chronischen Erkrankungen und Schwangeren auf (Metelmann et al. 2010, RKI 2010, RKI 2019b). Schwangere weisen in der Regel nur Symptome eines grippalen Infektes auf, können die Infektion aber auf das ungeborene Kind übertragen, mit der Gefahr einer Schädigung des Kindes bzw. einer Früh- oder Totgeburt. Bei älteren und abwehrgeschwächten Menschen manifestiert sich die Listeriose häufiger mit Blutvergiftungen und eitrigen Hirnhautentzündungen. Die Inkubationszeit beträgt bei der Listeriose 3 bis 70 Tage, sodass Krankheitserscheinungen oft erst drei Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2010). Listerien sind in der Umwelt weit verbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *L. monocytogenes* in erster Linie über kontaminierte Lebensmittel. Hierzu zählen nicht wärmebehandelte Lebensmittel tierischer Herkunft wie Rohmilchprodukte, Rohwürste, rohe Hackfleischzubereitungen (z. B. Mett) und unverarbeitete oder kaltgeräucherte Fischereierzeugnisse (z. B. Sushi, Räucherlachs), aber auch erhitzte und nachträglich kontaminierte Lebensmittel (BfR 2014). Verzehrfertige Lebensmittel, in denen sich Listerien unter bestimmten Umständen vermehren und eine hohe Keimzahl entwickeln, sind die häufigste Infektionsquelle für den Menschen (EFSA 2007). Die *Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel* enthält mikrobiologische Grenzwerte unter anderem für verzehrfertige Lebensmittel, die vom Lebensmittelunternehmer eingehalten werden müssen. Bei Überschreitung eines Lebensmittelsicherheitskriteriums gilt ein Lebensmittel als inakzeptabel kontaminiert und muss – einhergehend mit entsprechenden Verbesserungen im Produktionsprozess – vom Markt genommen werden. Unter Berücksichtigung aller Stufen der Lebensmittelkette wurden *L. monocytogenes* EU-weit am häufigsten in verzehrfertigen Fischereierzeugnissen (6 % positive Proben), gefolgt von verzehrfertigen Salaten (4,2 % positive Proben), verzehrfertigen Fleischerzeugnissen (1,8 % positive Proben), Weichkäse und halbfestem Schnittkäse (0,9 % positive Proben), Obst und Gemüse (0,6 % positive Proben) sowie Hartkäse (0,1 % positive Proben) nachgewiesen (EFSA und ECDC 2018a). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bisher berücksichtigten Untersuchungen von verzehrfertigen Lebensmitteln wurden folgende Ergebnisse erzielt: Verpackter geräucherter Fisch oder Graved-Fisch war

zu 6,1 % (nach Entnahme) bzw. 8,0 % (zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums), Weichkäse und halbfester Schnittkäse aus Rohmilch zu 1,6 % und Pökelfleischerzeugnisse und Brühwurst/Brühwurstpastete zu 0,9 % bzw. 2,7 % mit dem Erreger kontaminiert. Die höchsten Keimgehalte an *L. monocytogenes* wurden in einzelnen untersuchten Fisch- ($6,4 \times 10^4$ KbE/g) und Käseproben aus Rohmilch ($6,2 \times 10^3$ KbE/g) zum Ende der Haltbarkeit gemessen (BVL 2013). Proben von Tatar/Schabefleisch waren zu 11,2 % und von streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch zu 12,2 % positiv für *L. monocytogenes*. Während die Keimgehalte in Tatar/Schabefleisch bei maximal 35 KbE/g lagen, wurden in streichfähigen Rohwürsten aus Schweinefleisch Keimgehalte an *L. monocytogenes* gemessen, die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen (220 KbE/g und 550 KbE/g) (BVL 2018). In streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten aus Hähnchen und/oder Putenfleisch wurden *L. monocytogenes* zu 3,4 % nachgewiesen. Allerdings wurden hier in keiner Probe Listerien oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g der quantitativen Methode nachgewiesen (BVL 2019a).

Auch pflanzliche Lebensmittel können mit Listerien kontaminiert sein. Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten Proben von vorgeschnittenen, verpackten Blattsalaten, von nicht vorgeschnittenen Blatt- und Kopfsalaten, frischen Erdbeeren und frischen Sprossen waren zu etwa 1,0 % bis 2,5 % mit *L. monocytogenes* kontaminiert. Es wurden aber in keiner Probe pflanzlicher Lebensmittel Keimgehalte oberhalb des Grenzwertes von 100 KbE/g gemessen (BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2017).

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *L. monocytogenes* in Proben von Tankmilch, tiefgefrorener Petersilie sowie unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur sind den Tabellen 4.17 bis 4.20 zu entnehmen.

Tab. 4.17 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	369	11	3,0 (1,6–5,3)

Tab. 4.18 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur 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			
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	420	139	33,1 (28,8–37,7)

Tab. 4.19 Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von tiefgefrorener Petersilie 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			
tiefgefrorene Petersilie	400	5	1,3 (0,4–3,0)

Tab. 4.20 Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von tiefgefrorener Petersilie im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen) (KbE/g)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	Anzahl KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
tiefgefrorene Petersilie	386	0	–	–	–

Insgesamt wurden 1.189 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. Auf der Ebene der Erzeugerbetriebe wurden in 3,0 % der Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben *L. monocytogenes* nachgewiesen. 33,1 % der untersuchten Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus dem Einzelhandel waren positiv für *L. monocytogenes*. In 1,3 % der untersuchten Proben von tiefgefrorener Petersilie aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. Bei der quantitativen Bestimmung ließen sich allerdings in keiner Probe von Petersilie Keimzahlen von *L. monocytogenes* oberhalb der Nachweisgrenze messen.

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden aus drei Untersuchungsprogrammen 147 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. Acht Isolate aus Proben von unverarbeitetem Fisch aus Aquakultur wurden als *L. innocua* identifiziert und aus dem Ergebnisbericht ausgeschlossen. Die verbleibenden 139 Isolate teilen sich nach den festgestellten Serotypen wie folgt auf: Zehn Isolate stammten aus Tankmilchproben aus Milchviehbeständen und gehörten zur Hälfte dem molekularen Serotypen IVb an, dem auch alle vier Isolate aus tiefgefrorener Petersilie angehörten. Bei Proben von importierten, unverarbeiteten Süßwasserfischen aus Aquakultur (Tilapia und Pangasius) im Einzelhandel (N = 125) gehörte die Mehrheit (64,8 %) der Isolate ebenfalls zum Serotypen IVb. Weitere 44 Isolate aus unverarbeitetem Fisch wurden den molekularen Serotypen IIa (N = 37) und IIb (N = 7) zugeordnet (Abb. 4.3).

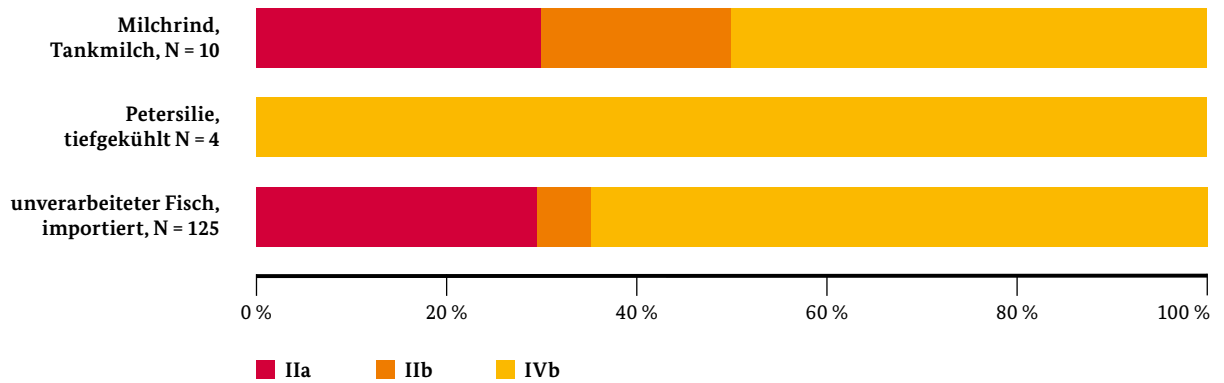


Abb. 4.3 Übersicht über die Verteilung der molekularen Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus Proben aus Milchrinderbetrieben und dem Einzelhandel im Zoonosen-Monitoring 2019

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 bzw. Verotoxine) bilden können. Diese Toxine können akute Darmentzündungen hervorrufen, die bei 10 % bis 20 % der Erkrankten einen schweren Verlauf mit einer hämorrhagischen Kolitis und krampfartigen Abdominalschmerzen nehmen können. Insbesondere bei Kindern kann eine Infektion mit STEC 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 2019a). 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, Messelhäuser et al. 2008, Menrath 2009).

In der EU liegt die Zahl gemeldeter STEC-Erkrankungen auf einem deutlich höheren Niveau als vor dem großen EHEC-Ausbruch im Jahr 2011. Hierzu können auch verbesserte Labormethoden und eine vermehrte Aufmerksamkeit für diesen Erreger als Folge des Ausbruchsgeschehens beigetragen haben. In den Jahren 2013 bis 2017 war die Anzahl der jährlich gemeldeten STEC-Erkrankungen in der EU aber in etwa konstant (EFSA und ECDC 2018a). Im Jahr 2018 wurden dagegen deutlich mehr bestätigte STEC-Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr gemeldet (8.161 Fälle vs. 6.073 Fälle). Die Inzidenz liegt damit bei 2,28 Fällen pro 100.000 Einwohner, was einem Anstieg gegenüber dem Jahr 2017 um 39,0 % entspricht. EHEC ist damit zur dritthäufigsten in der EU gemeldeten Zoonose geworden (EFSA und ECDC 2019a).

In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2019 mit insgesamt 1.862 STEC-(EHEC-)Fällen weniger Erkrankungen als im Vorjahr gemeldet, in dem die Zahl gemeldeter EHEC-Fälle bei 2.226 lag (RKI 2019b, RKI 2020a). 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 2019 lag die Zahl gemeldeter HUS-Fälle bei 71 (RKI 2020a).

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 Kot-

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

In Rohmilch, die zur weiteren Bearbeitung bestimmt war, wurden STEC zu 1,5 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012). Verglichen damit war Rohmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben deutlich

häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2016b). Mit 6,9 % positiver Kotproben zeigen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings zudem, dass auch Wildschweine ein Reservoir für STEC darstellen (BVL 2017). Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln wurden STEC in Proben von Blatt- und Kopfsalaten nachgewiesen (1,3 % positive Proben) (BVL 2014). Bei der Ansteckung des Menschen mit STEC spielt neben kontaminierten Lebensmitteln und Wasser insbesondere bei Kindern auch der direkte Kontakt zu Wiederkäuern, z. B. in Streichelzoos, eine bedeutende Rolle. Das Risiko, sich mit STEC zu infizieren, ist für Menschen, die in ländlichen Regionen mit einer hohen Rinderdichte leben, deutlich erhöht (Frank et al. 2008). Eine Ansteckung von Mensch zu Mensch ist ebenfalls möglich und wird vermutlich durch die sehr geringe Infektionsdosis des Erregers (< 100 Erreger für STEC O157) begünstigt (RKI 2004, RKI 2011a, Wadl et al. 2010).

4.4.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von STEC in Proben von Wildenten und Wildgänsen, Tankmilch, Mastkälbern und Jungrindern, frischem Rind- und Schweinehackfleisch, tiefgefrorener Petersilie sowie frischem Babyspinat sind in den Tabellen 4.21 bis 4.26 dargestellt.

Tab. 4.21 Prävalenz von STEC in Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kottupfer	95	0	0,0 (0,0–4,7)

Tab. 4.22 Prävalenz von STEC in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	368	18	4,9 (3,1–7,6)

Tab. 4.23 Prävalenz von STEC in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof und in Proben von frischem Rindfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	407	176	43,2 (38,5–48,1)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	472	21	4,4 (2,9–6,7)

Tab. 4.24 Prävalenz von STEC in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	420	31	7,4 (5,2–10,3)

Tab. 4.25 Prävalenz von STEC in Proben von tiefgefrorener Petersilie im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
tiefgefrorene Petersilie	399	1	0,3 (0,0–1,6)

Tab. 4.26 Prävalenz von STEC in Proben von frischem Babyspinat im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frischer Babyspinat	321	4	1,2 (0,4–3,3)

Es wurden insgesamt 2.482 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von STEC einbezogen. In keiner der untersuchten Kotproben von Wildenten und Wildgänsen wurden STEC nachgewiesen. Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben waren zu 4,9 % positiv für STEC. Die Nachweisrate von STEC in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof betrug 43,2 %. Frisches Rindfleisch war zu 4,4 % und frisches Schweinehackfleisch zu 7,4 % mit STEC kontaminiert. Tiefgefrorene Petersilie aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit STEC von 0,3 % und frischer Babyspinat von 1,2 % auf.

4.4.3 Ergebnisse der Typisierung

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

Insgesamt wurden 241 Isolate als STEC im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 aus sechs Programmen eingesandt, die als STEC bestätigt werden konn-

ten. Die allermeisten Isolate stammten aus Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof (74,3 %). Zwei Drittel der Isolate insgesamt (66,4 %) wiesen das *stx2*-Gen auf. Jedoch war diese Verteilung nicht gleichmäßig in den unterschiedlichen Matrices. Alle 24 Isolate aus Schweinehackfleisch waren positiv für das *stx2*-Gen, wobei hier bei 18 Isolaten der *stx2e*-Subtyp nachgewiesen wurde. Die Kombination aus *stx1* und *stx2* enthielten 35 der 241 Isolate und davon waren 19 Isolate zusätzliche positiv für das *eaeA*-Gen.

Insgesamt gehörten die 241 Isolate 49 verschiedenen O-Serogruppen an. Sechzehn Isolate konnten nicht typisiert werden. Von den Serogruppen waren O55 und O2 am häufigsten vertreten. Innerhalb der Serogruppen wiesen die untersuchten Isolate jeweils ähnliche Muster bzgl. ausgewählter Virulenz-assoziiertes Gene auf (*stx1*, *stx2*, *eae* und *e-hly*) (Tab. 4.27). Die Serogruppe O157 wurde sechsmal nachgewiesen (5× in Blinddarminhalt von Mastkälbern und 1× in tiefgefrorener Petersilie). Das *eae*-Gen kam insgesamt bei 53 Isolaten vor und in Kombination mit 18 unterschiedlichen Serogruppen in Isolaten aus 5 unterschiedlichen Programmen. Auch hier war die Verteilung in den Matrices nicht gleich. So waren 41,7 % der Isolate aus Tankmilch *eae*-positiv, während sich das Gen in nur 25,1 % der Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern nachweisen ließ.

Tab. 4.27 Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC-Isolate auf Shiga-Toxin einschließlich der Shiga-Toxin kodierenden Gene (*stx1* und *stx2*) sowie des *eae*- und des *e-hly*-Gens

Ergebnis der Untersuchung						Anzahl der Isolate je Programm					
O-Gruppe	H-Gruppe	<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	<i>eae</i>	<i>e-hly</i>	Milchrind, Tankmilch, Erzeugerbetrieb, N = 12	Mastkalb/Jung-rind, Blinddarminhalt, Schlachthof, N = 179	Rindfleisch, frisches Fleisch, Einzelhandel, N = 23	Schweinehackfleisch, gekühlt, Einzelhandel, N = 24	Babypinac, frisch, Einzelhandel, N = 2	Petersilie, tiefgekühlt, Einzelhandel, N = 1
2	[H32]	-	+	-	-				1		
2	[H27]	-	+	-	+		1				
2	[H25]	-	+	-	-		9				
2	[H29]	-	+	-	-		11				
3	[H1]	+	-	-	+		1				
8	[H28]	-	+	-	+	1					
8	[H20]	-	+	-	-				1		
8	[H28]	-	+	-	-				1		
8	[H4]	-	+	-	-				1		
8	[H9]	-	+	-	-				2		
15	[H16]	-	+	-	-	1	1				
15	[H16]	-	+	-	-		1				
15	[H16]	-	+	-	+		1				
15	[H16]	-	+	-	+		1				
15	[H16]	-	+	-	+		2				
21	[H4]	-	+	-	-		1				
21	[H4]	-	+	-	-		3				
24	[H4]	-	+	-	-		2		1		
24	[H4]	-	+	-	-		1				
26	[H11]	+	-	+	+		1				
39	[H49]	-	+	-	+			1			
49	[H28]	-	+	-	-		1				
55	[H1]	+	-	-	-	1	16				
55	[H1]	+	-	-	-		5				
55	[H12]	+	-	-	-		8				
84	[H2]	+	-	+	+	2	1				
91	[H49]	+	+	-	+				1		
91	[H14]	+	-	-	+			1			
93	[H28]	+	+	-	+			1	1		
93	[H28]	+	+	-	+				1		
98	[H21]	+	-	+	+		2				
100	[H30]	-	+	-	-				1		
100	[H30]	-	+	-	-				2		
100	[H30]	-	+	-	-				2		
101	[H33]	-	+	+	+		1				
102	[H11]	+	+	-	+		1				
102	[H21]	-	+	-	-		1				
103	[H2]	+	+	+	+	1	1				
103	[H2]	+	-	+	-	1					
103	[H2]	+	-	+	+		6				
108	[H25]	+	-	+	+			1			
109	[H16]	-	+	-	-	1					
110	[H31]	-	+	-	-		1				
113	[H4]	-	+	-	-		1	1			
113	[H21]	-	+	-	+			1			
113	[H4]	+	+	-	-			1			
113	[H4]	-	+	-	-			1			
113	[H4]	-	+	-	-		1	2			

Ergebnis der Untersuchung						Anzahl der Isolate je Programm					
O-Gruppe	H-Gruppe	stx1	stx2	eae	e-hly	Milchrind, Tankmilch, Erzeugerbetrieb, N = 12	Mastkalb/Jung- rind, Blinddarm- inhalt, Schlacht- hof, N = 179	Rindfleisch, frisches Fleisch, Einzelhandel, N = 23	Schweinehack- fleisch, gekühlt, Einzelhandel, N = 24	Babypinat, frisch, Einzel- handel, N = 2	Petersilie, tief- gekühlt, Einzel- handel, N = 1
113	[H21]	-	+	-	+			2			
115	[H25]	-	+	+	+		5				
116	[H28]	-	+	-	-	1	5				
116	[H28]	-	+	-	-		1				
117	[H12]	+	-	-	-		2				
118	[H16]	+	-	+	+		2				
127	[H40]	+	-	-	-		1				
127	[H8]	+	-	-	-		1				
127	[H1]	+	-	-	-		4				
127	[H12]	+	-	-	-		5				
130	[H11]	-	+	-	+	1					
130	[H11]	+	+	-	+		1				
136	[H12]	+	-	-	-	1					
136	[H12]	-	+	-	+		1				
136	[H12]	-	+	-	-		1				
136	[H2]	+	-	-	+		1				
136	[H1]	-	+	-	+		3				
148	[H8]	+	+	-	-			1			
150	[H2]	+	+	+	+		2				
150	[H2]	+	+	+	+		8				
153	[H15]	+	-	-	-		1				
153	[H25]	-	+	-	+		1				
153	[H15]	+	-	-	-		4				
156	[H4]	-	+	-	-		2	1			
156	[H25]	+	-	+	+		1				
156	[H4]	-	+	-	-		2				
157	[H7]	+	+	+	+					1	
157	[H7]	+	+	+	+		2				
157	[H7]	-	+	+	+		3				
171	[H2]	-	+	-	-		1		1		
171	[H25]	+	+	-	-		1				
171	[H2]	+	-	+	+		1				
171	[H25]	+	+	-	-		4				
172	[H25]	-	+	+	+		1				
174	[H21]	-	+	-	-		1	3		1	
176	[H32]	+	-	-	-		1				
177	[H11]	-	+	+	+	1					
178	[H11]	-	+	-	+				1		
179	[H8]	+	+	-	+			1			
179	[H8]	-	+	-	+			1			
182	[H16]	-	+	-	-		1				
182	[H25]	+	+	+	+		1				
182	[H16]	-	+	-	-		2				
182	[H25]	+	-	+	+		2				
182	[H16]	-	+	-	-		4				
183	[H18]	+	+	-	+			1			
184	[H2]	+	-	+	+		1				
187	[H8]	+	+	-	-			1			
187	[H8]	-	+	-	-			1			
187	[H8]	-	+	-	-		1				

Ergebnis der Untersuchung						Anzahl der Isolate je Programm					
O-Gruppe	H-Gruppe	stx1	stx2	eae	e-hly	Milchrind, Tankmilch, Erzeugerbetrieb, N = 12	Mastkalb/Jung- rind, Blinddarm- inhalt, Schlachthof, N = 179	Rindfleisch, frisches Fleisch, Einzelhandel, N = 23	Schweinehack- fleisch, gekühlt, Einzelhandel, N = 24	Babypinat, frisch, Einzel- handel, N = 2	Petersilie, tief- gekühlt, Einzel- handel, N = 1
108/130	[H25]	+	-	+	+		1				
125ac	[H45]	+	-	-	-		3	1			
125ac	[H45]	+	-	-	-		1				
70 / 71	[H6]	-	+	+	-						1
NT	[H19]	-	+	-	-				1		
NT	[H4]	-	+	-	-				1		
NT	[H4]	-	+	-	-				1		
NT	[H4]	-	+	-	-				1		
NT	[H9]	-	+	-	-				2		
NT	[H19]	+	-	-	-		1				
NT	[H28]	-	+	-	-		1				
NT	[H29]	-	+	-	-		1				
NT	[H2]	+	+	+	+		1				
NT	[H40]	-	+	-	-		1				
NT	[H29]	-	+	-	-		1				
NT	[H29]	-	+	-	-		2				
NT	[H35]	+	+	+	+		2				
Rau	[H19]	-	+	-	-				1		
Rau	[H4]	-	+	-	-		1				

NT: nicht typisierbar, Rau: serologisch rau

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

4.5 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

4.5.1 Einleitung

Staphylokokken sind grampositive, fakultativ pathogene, kugelförmige Bakterien, die die Haut und Schleimhäute des Nasen-Rachen-Raums bei Menschen und Tieren besiedeln. *Staphylococcus aureus* ist die Staphylokokken-Spezies, die besonders häufig eine Erkrankung des Menschen auslöst (RKI 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 Besiedlung mit dem Keim der Hauptrisikofaktor für eine Infektion ist (EFSA 2009b). Bei Infektion einer Wunde mit MRSA können lokale (oberflächliche), tiefgehende oder systemische Krankheitserscheinungen auftreten (RKI 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 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 Mastputzen 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). Auffallend war, dass MRSA in Proben von ökologisch erzeugtem Putenfleisch (11,0 % positive Proben) deutlich seltener nachgewiesen wurden als in konventionell erzeugtem Fleisch (42,7 % positive Proben) (BVL 2019a).

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 gesunken und liegt bei unter 20 % (BVL 2017, BVL 2019a). In der Lebensmittelkette Mastschwein kommen MRSA ebenfalls häufig vor: 26,3 % der Proben von Sockentupfern aus dem Wartebereich von Zuchtsauen waren im Jahr 2015 positiv für MRSA. Die Nachweisrate von MRSA in Proben von Sockentupfern aus dem Aufzuchtbereich von Läufern war mit 41,3 % noch signifikant höher und lag in derselben Größenordnung wie die MRSA-Nachweisrate in Proben von Sockentupfern von Mastschweinen (38,1 %) (BVL 2016b, BVL 2018). Die Schlachtkörper von Mastschweinen und frisches Schweinefleisch waren zu etwa 20 % bzw. 13 % mit MRSA kontaminiert (BVL 2016b). Bei Mastkälbern und Jungrindern wurden MRSA auf allen Stufen der Lebensmittelkette häufiger nachgewiesen als bei Mastrindern (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Während die Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu 35,0 % bis 45,0 % MRSA-positiv waren, waren nur etwa 8 % der Mastrinder zum Zeitpunkt der Schlachtung nasal mit MRSA besiedelt. Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren mit 30,8 % positiver Proben ebenfalls deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als Schlachtkörper von Mastrindern, die nur zu 5,0 % eine Verunreinigung mit MRSA aufwiesen. Frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern war zu etwa 10 % bis 12 % und frisches Rindfleisch zu 5 % bis 8 % positiv für MRSA (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Tatar/Schabefleisch wies mit 6,9 % positiver Proben eine mit frischem Rindfleisch vergleichbare Nachweisrate von MRSA auf (BVL 2018). Der Verzehr oder die Handhabung von mit MRSA kontaminierten Lebensmitteln ist nach derzeitigem Kenntnisstand nicht mit einem erhöhten Risiko verbunden, zu einem Träger des Bakteriums zu werden oder durch dieses

infiziert zu werden (EFSA 2009b). Ein erhöhtes Risiko, sich zu infizieren bzw. symptomloser Träger zu werden, besteht aber für Menschen, die einen vermehrten Kontakt mit Tieren haben wie Landwirte und Tierärzte (Bisdorff et al. 2012, Reynaga et al. 2016 und Reynaga et al. 2017). Durch diese Berufsgruppen könnte dann der Erreger weiter verbreitet und z. B. in Krankenhäuser eingetragen werden. Menschen, die mit „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 diesen „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 aus Mastschweinebetrieben und von Mastschweinen sowie von Tankmilch und unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur sind den Tabellen 4.28 bis 4.30 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 365 eingesandten Isolaten konnten 356 (97,5 %) als MRSA bestätigt werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz MRSA-verdächtigter Isolate weitgehend der Prävalenz von MRSA entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über MRSA berichtet, obwohl nicht alle positiven Befunde durch die PCR bestätigt wurden.

Tab. 4.28 Prävalenz von MRSA in Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben und in Proben von Schlachtkörpern von Mastschweinen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Sockentupfer	389	139	35,7 (31,1–40,6)
Schlachthof			
Schlachtkörper	375	84	22,4 (18,5–26,9)

Tab. 4.29 Prävalenz von MRSA in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	366	28	7,7 (5,3–10,9)

Tab. 4.30 Prävalenz von MRSA in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	419	122	29,1 (25,0–33,6)

Es wurden insgesamt 1.549 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In 35,7 % der Sockentupferproben aus Mastschweinebetrieben wurden MRSA nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Tankmilchproben aus Milcherzeugerbetrieben betrug 7,7 %. Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus dem Einzelhandel waren zu 29,1 % mit MRSA kontaminiert.

4.5.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für koagulasepositive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus (S.) aureus* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt, weshalb diese Isolate bei dieser Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Von den zur Bestätigung eingesandten 365 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden neun (2,5 %) nicht als MRSA bestätigt. Alle trugen das *mecA*-Gen, gehörten jedoch zu anderen Spezies.

Die 356 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus den vier geplanten Programmen. Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des für das Protein A von *S. aureus* codierenden Gens *spa* für eine Unterteilung der Isolate genutzt, wodurch sich verwandtschaftliche Beziehungen ableiten lassen. Anhand des *spa*-Typs lassen sich die Isolate anschließend gut in die beiden aus epidemiologischer Sicht differenziert zu betrachtenden Gruppen von Isolaten einteilen: Isolate, die dem nutztierassoziierten klonalen Komplex (CC) 398 angehören und solche, die mit diesem Komplex nicht assoziiert sind (non-CC398).

Insgesamt wurden 33 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die Typen t011 (28,9 %) und t034 (27,2 %) am häufigsten waren (N = 200). Siebzehn der 33 *spa*-Typen, darunter auch t011 und t034, sind dem CC398 zuzuordnen; insgesamt gehörten 69,4 % aller Isolate zu dem Komplex. Isolate, die sich nicht dem CC398 zuordnen ließen, verteilten sich auf 16 *spa*-Typen. Darunter besonders häufig waren die *spa*-Typen t189 (N = 62), t2174 (N = 15) und t127 (N = 12). Abbildung 4.4 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate (N = 216, 60,7 %) stammten aus der Lebensmittelkette Mastschwein; darunter 136 Isolate (38,2 %) von Sockentupfern aus Mastschweine-

betrieben und weitere 80 von Schlachtkörpern am Schlachthof. Unter diesen Isolaten waren 13 (6,0 %) nicht CC398 assoziiert. Weitere 25 Isolate (7,0 %) konnten aus Tankmilchproben von Milchviehbetrieben gewonnen werden. Alle untersuchten Isolate dieser Probenart gehörten CC398-assoziierten *spa*-Typen an.

Aus importiertem, unverarbeitetem Fisch aus Aquakultur im Einzelhandel stammten 115 Isolate (32,3 %). Im Unterschied zu den untersuchten MRSA anderer Herkünfte gehörte der überwiegende Anteil dieser Isolate (83,5 %) *spa*-Typen an, die nicht CC398 zugeordnet sind.

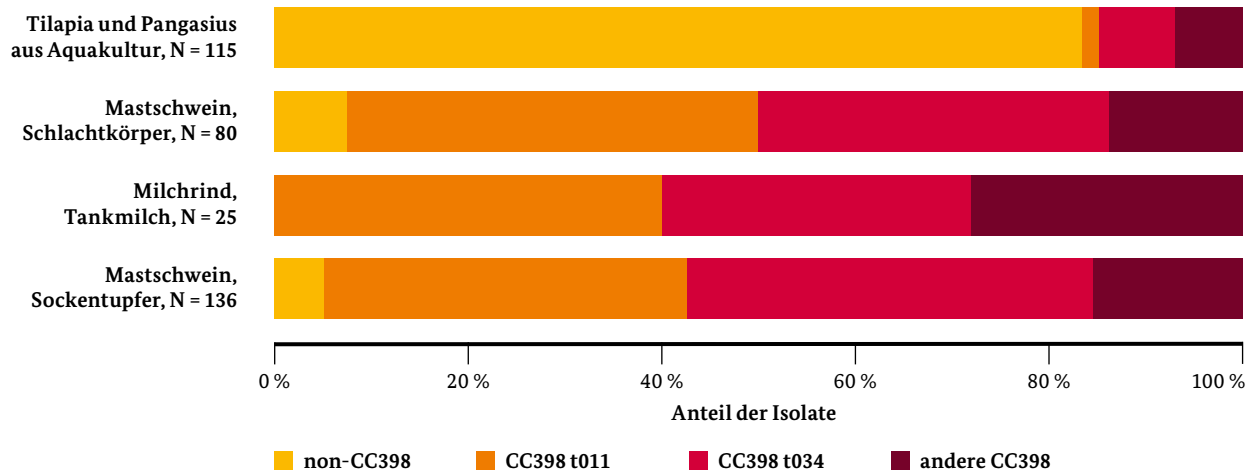


Abb. 4.4 Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen im Nutztierbereich (eingeteilt anhand ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398) der untersuchten Isolate aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2019

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). Gesunde Hausschweine gelten als Hauptreservoir für humanpathogene *Y. enterocolitica*-Serotypen, da der häufigste humanpathogene Serotyp O:3 vergleichsweise oft bei Schweinen (insbesondere in den Tonsillen) und in Schweinefleischprodukten nachgewiesen werden kann (Fredriksson-Ahomaa et al. 2001, Fredriksson-Ahomaa et al. 2007, Niemann et al. 2016 und Vanantwerpen et al. 2014). Bei der Übertragung der Erreger über Lebensmittel ist von besonderer Bedeutung, dass sich *Y. enterocolitica* auch bei niedrigen Temperaturen noch vermehren und hohe Keimzahlen erreichen können, sodass eine Kühlung von Lebensmitteln keinen ausreichenden Schutz gegen Keimwachstum bietet (Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit 1999). Die Yersiniose ist europaweit im Jahr 2018 die am vierthäufigsten gemeldete lebensmittelbedingte bakterielle Zoonose gewesen. Die Zahl der gemeldeten Yersiniose-Erkrankungen ist im Zeitraum von 2014 bis 2018 EU-weit in etwa gleich geblieben und lag im Jahr 2018 bei 6.699 bestätigten Fällen (EFSA und ECDC 2019a). Dem RKI wurden im Jahr 2018 insgesamt 2.157

Erkrankungen von Yersiniose gemeldet. Im Jahr zuvor lag die Zahl gemeldeter Yersiniose-Fälle bei 2.384 (RKI 2020a). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden *Y. enterocolitica* bisher in 0,3 % der Proben streichfähiger Rohwürste aus Schweinefleisch und in 2,4 % der Proben von Schweinehackfleisch nachgewiesen (BVL 2018 und BVL 2019a).

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch sind der Tabelle 4.31 zu entnehmen.

Tab. 4.31 Prävalenz von *Yersinia enterocolitica* in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (n)	<i>Y.-enterocolitica</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frisches Fleisch, konventionell	511	14	2,7 (1,6–4,6)
frisches Fleisch, ökologisch	355	6	1,7 (0,7–3,7)

Es wurden insgesamt 866 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Yersinia enterocolitica* einbezogen. In 2,7 % der Proben von frischem konventionellem Schweinefleisch wurden *Yersinia enterocolitica* nachgewiesen. Die Nachweisrate von *Yersinia enterocolitica* in Proben von frischem Schweinefleisch aus ökologischer Produktion betrug 1,7 %.

4.6.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden 18 Isolate aus frischem Schweinefleisch dem Konsiliarlabor für Yersinien am BfR zur weiteren Typisierung geschickt. Vier davon stammten aus Fleisch aus ökologischer Produktion. Es handelte sich in allen Fällen um pathogene *Yersinia enterocolitica*, überwiegend vom Biotyp 4 (N = 9). Die Typisierungsergebnisse sind in Tabelle 4.32 abgebildet.

Tab. 4.32 Eigenschaftsprofile eingesandter pathogener *Yersinia-enterocolitica*-Isolate

Biotyp	O-Antigen	Ail-Gen	virF-Gen	Anzahl Isolate
1A	n.t.	-	-	4
4	O:3	+	+	9
1A	O:5	-	-	1
1A	O:5	+	-	2
2	O:9	+	+	2

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). 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 binäres 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 2018 wurden dem RKI insgesamt 2.824 schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankungen gemeldet. Die bundesweite Inzidenz liegt wie im Vorjahr bei 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (RKI 2019b). *C. difficile* ist der häufigste Erreger von im Krankenhaus erworbenen und Antibiotika-assoziierten Durchfallerkrankungen (von Müller 2016). Darüber hinaus ist *C. difficile* aber auch Verursacher von ambulant erworbenen Durchfallerkrankungen bei Patienten ohne die bekannten Risikofaktoren (Kuijper und van Dissel 2008, Lübbert et al. 2014, Schneider et al. 2007 und Weil et al. 2007). Zu den Hauptrisikofaktoren, an einer *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). Eine *C.-difficile*-Infektion führt typischerweise zu einer akuten wässrigen Durchfallerkrankung mit krampfartigen Unterbauchschmerzen, die meist 5 bis 10 Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie auftritt (Schneider et al. 2007). Vorwiegend bei älteren Menschen (> 70 Jahre) kommen aber auch schwere lebensbedrohliche Verläufe vor, die unter anderem mit der Ausbildung einer pseudomembranösen Colitis oder eines Megacolons einhergehen. Ebenso ist aber auch eine Kolonisation des Darms ohne Ausbildung von Symptomen möglich

(RKI 2019b). Die Infektion erfolgt auf fäkal-oralem Weg unter anderem durch direkten Patientenkontakt, über kontaminierte Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt (Lübbert et al. 2014, RKI 2018b und RKI 2019b). Landwirtschaftliche Nutztiere stellen ein potenzielles Reservoir für *C. difficile* dar und werden daher als mögliche Quelle für Infektionen des Menschen diskutiert (von Müller 2016). Insbesondere wird der Ribotyp 078 häufig bei Tieren und Menschen nachgewiesen (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). Genetische Untersuchungen von *C.-difficile*-Isolaten des Ribotyps 078 – der besonders häufig bei ambulanten *C.-difficile*-Infektionen des Menschen auftritt – von Schweinen und Menschen in den Niederlanden zeigten, dass Menschen und Schweine identische Stämme tragen, was auf eine Übertragung zwischen diesen Populationen hindeutet (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). In einer kürzlich erschienenen Publikation wurde diese Beobachtung auch in einem größeren, überregionalen Maßstab bestätigt (Knetsch et al. 2018). Eine Übertragung durch Lebensmittel vom Tier oder der Umwelt auf den Menschen ist bislang nicht belegt, doch findet man auch hier Studien über das Vorkommen von 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 1,4 % bzw. 0,7 % 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 und BVL 2019a).

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *C. difficile* in frischem Schweinehackfleisch sind der Tabelle 4.33 zu entnehmen.

In keiner der untersuchten Proben von Schweinehackfleisch wurden *C. difficile* nachgewiesen.

Tab. 4.33 Prävalenz von *Clostridioides difficile* in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (n)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	217	0	0,0 (0,0–2,1)

4.8 *Vibrio* spp.

4.8.1 Einleitung

Vibrionen sind gramnegative, stäbchenförmige, begeißelte Bakterien, die weltweit verbreitet sind und in salzhaltigem Wasser insbesondere der Küstenregionen, aber auch in Flussmündungen und zum Teil in Binnengewässern vorkommen (Lehmacher und Hansen 2007, RKI 2020b). Der bekannteste Vertreter der Vibrionen ist *Vibrio cholerae*, von dem Stämme der Serogruppen O1 bzw. O139 Auslöser von Cholera-Epidemien sind. Die sogenannten Nicht-Cholera-Vibrionen wie *Vibrio parahaemolyticus*, *V. vulnificus*, *V. cholerae* non-O1, non-O139 und *V. alginolyticus* tragen die O1 und O139 nicht und bilden in der Regel nicht das Cholera-Toxin, können aber ebenfalls Durchfallerkrankungen oder andere Krankheitsbilder wie Wund- und Ohrinfektionen hervorrufen (RKI 2020b). Insbesondere bei Menschen mit Vorerkrankungen können durch Kontakt offener Wunden mit erregerehaltigen Küsten- und (selten) Binnengewässern oder erregerehaltigen rohen Seefischen oder Meeresfrüchten (z. B. während der Fischverarbeitung) Wundinfektionen auftreten, die u. U. einen schweren Krankheitsverlauf mit einer Ausbreitung des Erregers über die Blutbahn in andere Organe nehmen. Der Verzehr von mit Vibrionen kontaminierten rohen oder unzureichend erhitzten Meeresfrüchten (z. B. Austern) und Fisch kann zu Magen-Darm-Infektionen mit zum Teil schweren Durchfällen führen (RKI 2020b). Höhere Wassertemperaturen ab 20 °C führen zu einer starken Vermehrung der Vibrionen, weshalb Infektionen mit Vibrionen häufiger in den wärmeren Klimazonen auftreten und hier zum Teil eine der Hauptursachen von bakteriell bedingten Durchfallerkrankungen nach dem Verzehr von Meeresfrüchten und Fischprodukten darstellen (Jones et al. 2012, Lehmacher und Hansen 2007, Li et al. 2019, RKI 2020b). In warmen Sommern werden Vibrionen auch an der deutschen Nord- und Ostseeküste nachgewiesen, weshalb auch hier ein gewisses Risiko für eine Infektion besteht (Lehmacher und Hansen 2007, RKI 2020b). Allerdings treten Infektionen an deutschen Küsten mit 0 bis 20 Fällen

pro Jahr sehr selten auf. Durchfallerkrankungen mit Infektionsorten in Deutschland werden dem RKI ebenfalls nur vereinzelt übermittelt. Ältere Menschen und immungeschwächte Personen haben ein erhöhtes Risiko an einer Infektion mit Vibrionen zu erkranken, während junge, gesunde Erwachsene in Europa nur selten und auch nur leicht erkranken (RKI 2020b). *Vibrio parahaemolyticus* ist in vielen Ländern die Vibrionen-Spezies, die am häufigsten bakteriell bedingte Durchfallerkrankungen infolge des Verzehrs von rohen oder unzureichend erhitzten Meeresfrüchten verursacht (Huehn et al. 2014 und Mok et al. 2019b). Untersuchungen aus Asien und Südamerika bestätigen das häufige Vorkommen von *Vibrio parahaemolyticus* (19 % bis 96,5 % positive Proben) in Fisch, Shrimps und anderen Krebs- und Weichtieren aus diesen Regionen (Guin et al. 2019, Huehn et al. 2014, Li et al. 2019, Mok et al. 2019a, Mok et al. 2019b, Sperling et al. 2015, Tra et al. 2016). Die Hämolysine TDH (thermostabiles direktes Hämolysin) und TRH (tdh-verwandtes Hämolysin) gelten als die wichtigsten Virulenzfaktoren bei *Vibrio parahaemolyticus* (Lehmann und Hansen 2007, Li et al. 2019). Während TDH- oder TRH-Gene bei Isolaten von erkrankten Menschen regelmäßig vorhanden sind, werden sie bei *Vibrio-parahaemolyticus*-Stämmen, die aus Fischen und Meeresfrüchten stammen, nur selten (etwa 1 % der Isolate) oder gar nicht nachgewiesen (Lehmacher und Hansen 2007, Li et al. 2019, Sperling et al. 2015, Tra et al. 2016). Allerdings wird zum Teil auch von deutlich höheren Nachweisraten der virulenzassoziierten Gene bei *Vibrio-parahaemolyticus*-Isolaten von etwa 15 % bzw. 20 % berichtet (Guin et al. 2019, Mok et al. 2019a).

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Vibrio* spp. in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur sind der Tabelle 4.34 zu entnehmen.

In 2,3 % der Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur wurden *Vibrio* spp. nachgewiesen.

Tab. 4.34 Prävalenz von *Vibrio* spp. in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Vibrio</i> -positive Proben (n)	<i>Vibrio</i> -positive Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	399	9	2,3 (1,1–4,3)

4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Insgesamt wurden vier Isolate aus Proben von unverarbeitetem Süßwasserfisch aus Aquakultur dem Konsiliarlabor für Vibrionen am BfR zur weiteren Typisierung geschickt. Es handelte sich in allen Fällen um Isolate aus importiertem Pangasius. Bei zwei Isolaten konnte *V. metschnikovii* festgestellt werden. Zwei Isolate waren nicht toxinogene *V. cholerae* (non-O1, non-O139).

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

4.9.1 Einleitung

ESBL- und/oder AmpC-bildende Bakterien zeichnen sich dadurch aus, dass sie Enzyme bilden, die die Wirksamkeit von Penicillinen und Cephalosporinen herabsetzen bzw. aufheben können, sodass die Bakterien unempfindlich gegenüber diesen Antibiotika sind. Während ESBL auch gegen Cephalosporine der 4. Generation eine Resistenz vermitteln, beschränkt sich die Resistenz von AmpC Beta-Laktamasen auf Cephalosporine der 2. und 3. Generation. Die Resistenz kann auf einer Vielzahl unterschiedlicher Gene basieren, deren jeweilige Anteile sich zwischen unterschiedlichen Populationen von *Enterobacteriaceae* stark unterscheiden können. Diese Gene können, wenn sie auf mobilen Elementen, wie z. B. Plasmiden lokalisiert sind, leicht innerhalb einer Spezies und zwischen verschiedenen Spezies übertragen werden (BfR 2015, Canton et al. 2008, Cullik et al. 2010). ESBL/AmpC-Bildner 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 der Nachweise von ESBL-bildenden Bakterien beim Menschen in Deutschland und anderen EU-Staaten gekommen (ECDC 2017). Im Rahmen einer Studie, die in den Jahren 2009 bis 2012 in Bayern durchgeführt wurde, wurden bei etwa 7 % der Normalbevölkerung ESBL-bildende *E. coli* nachgewiesen (Pfeifer und Eller 2012, Valenza et al. 2014). Im Rahmen der Antibiotikaresistenzsurveillance des RKI erwiesen sich 2018 etwa 8 % der *E. coli*-Isolate aus dem ambulatorischen Bereich

als resistent gegen Cefotaxim (Datenstand 23.08.2019). Im Vergleich dazu wurden im Jahr 2009 nur 3,5 % der *E. coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet. (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, aufgerufen am 15.09.2020).

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 wurden in bisherigen Untersuchungen ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren in Betrieben von Zuchthühnern der Mastrichtung (45,2 % positive Kotproben) und Masthähnchen (50,2 % bzw. 64,9 % positive Kotproben) sowie in frischem Hähnchenfleisch (66,0 %, 49,8 % bzw. 35,4 % positive Proben) häufig nachgewiesen (BVL 2015, BVL 2017a, BVL 2019a). Auffällig war, dass ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in ökologischen Masthähnchenbetrieben (25,7 % positive Kotproben) signifikant seltener nachgewiesen wurden als in konventionellen Masthähnchenbetrieben (50,2 % positive Kotproben) (BVL 2017a). In der Lebensmittelkette Mastputzen waren etwa die Hälfte der untersuchten Kotproben aus konventionellen Mastputzenbetrieben (51,8 % positive Proben) und 36,8 % bzw. 38,8 % der Proben von frischem Putenfleisch positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* (BVL 2017a und BVL 2019a). Auffallend war auch hier, dass Kotproben aus ökologisch wirtschaftenden Mastputzenbetrieben und insbesondere Proben von ökologisch erzeugtem Putenfleisch mit Nachweisraten von 36,8 % bzw. 12,2 % deutlich seltener positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren als die entsprechenden Proben aus konventionellen Haltungen (BVL 2019a).

Etwa die Hälfte der Kotproben von Zuchtsauen (53,9 %), Läufern (47,6 %) und Mastschweinen (45,6 %) sowie der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen (46,3 % bzw. 47,0 %) waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Frisches Schweinefleisch wies eine Kontaminationsrate an ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* von 5,7 % bzw. 5,5 % auf (BVL 2016b, BVL 2018). Mastkälber und Jungrinder waren mit 60,6 % bzw. 68,0 % positiver Proben von Blinddarminhalt noch häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Masthähnchen und Schweine (BVL 2016b, BVL 2018). Bei Mastrindern (17,7 % positive Kotproben) traten ESBL/AmpC-bildende *E. coli* deutlich seltener auf (BVL 2016b). Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von etwa 4 % auf (BVL 2016b, BVL 2018). Kotproben von Wildschweinen und Rehen waren zu 6,4 % und 2,3 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

(BVL 2017, BVL 2018). Die Kontaminationsrate von frischem Fleisch von Wildwiederkäuern betrug 4,5 % (BVL 2018). In frischen Kräutern, Sprossen und vorge-schnittenen Blattsalaten wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu jeweils etwa 2 % nachgewiesen (BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2017). In tiefgekühlten Himbeeren wurden dagegen keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018).

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Wildenten und Wildgänsen, Tankmilch, Mastschweinen, Mastkälbern und Jungrindern, frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch, frischem

Rindfleisch sowie unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur sind den Tabellen 4.35 bis 4.39 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 743 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2019 entnommen wurden, konnten 726 (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. 4.35 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kottupfer	102	10	9,8 (5,2–17,3)

Tab. 4.36 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Tankmilchproben aus Milchrinderbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95 % Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Tankmilch	368	37	10,1 (7,4–13,6)

Tab. 4.37 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastschweinen aus Mastschweinebetrieben, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof sowie in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch 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)
Erzeugerbetrieb			
Kot	384	152	39,6 (34,8–44,6)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	391	192	49,1 (44,2–54,0)
Einzelhandel			
frisches Fleisch, konventionell	512	29	5,7 (3,9–8,0)
frisches Fleisch, ökologisch	354	17	4,8 (3,0–7,6)

Tab. 4.38 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof sowie in Proben von frischem Rindfleisch 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	407	288	70,8 (66,2–75,0)
Einzelhandel			
frisches Fleisch	471	16	3,4 (2,1–5,5)

Tab. 4.39 Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur

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)
Einzelhandel			
unverarbeiteter Fisch (Tilapia und Pangasius)	365	11	3,0 (1,6–5,4)

Insgesamt wurden 3.354 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. 9,8 % der Kottupfer von Wildenten und Wildgänsen waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben von Rindern betrug 10,1 %. In 39,6 % der untersuchten Kotproben aus Mastschweinebetrieben und in 49,1 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Proben von frischem Fleisch von Mastschweinen aus konventioneller Produktion waren zu 5,7 % und Proben von ökologisch erzeugtem Schweinefleisch zu 4,8 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof betrug 70,8 %. Proben von frischem Rindfleisch waren zu 3,4 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. In 3,0 % der Proben von unverarbeitetem Fisch (Tilapia und Pangasius) aus Aquakultur wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen.

4.9.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Auch wurden einzelne Isolate eingesandt, zu denen keine Daten an das BVL übermittelt wurden, weshalb diese Isolate aus dieser Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Insgesamt wurden 743 Isolate im Zusammenhang mit einer selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* eingesandt, die den geplanten Programmen im Zoonosen-Monitoring 2019 zugeordnet werden konnten. Von den 743 Isolaten wurden 726 als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt (97,7 %). Die Eingruppierung der Isolate anhand ihrer phänotypischen Eigenschaften erfolgte nach den Kriterien von EFSA und ECDC (*European Centre for Disease Prevention and Control*) aus dem Jahr 2017 (EFSA und ECDC 2017a). Demnach ließ sich der Resistenz-Phänotyp von zwei Isolaten aus Mastschweinebeständen nicht in die festgelegten Klassen bzgl. ESBL- und AmpC-Phänotyp einordnen und ist anderen Resistenz-Mechanismen zuzuordnen. Im Rahmen des spezifischen ESBL-Monitorings wurden im Jahr 2019 keine Carbapenemase-verdächtigen Isolate festgestellt. Die Verteilung der Isolate auf die Untersuchungsprogramme gibt Tabelle 4.40 wieder.

Tab. 4.40 Ergebnisse der phänotypischen Untersuchung eingesandter verdächtiger ESBL/AmpC-bildender *E.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2019

	ESBL-verdächtig	AmpC-verdächtig	ESBL- und AmpC-verdächtig	andere Resistenz-mechanismen	Anzahl Isolate
Mastschweine, Kot, Bestand	127	23	2	2	154
Mastschweine, Blinddarminhalt, Schlachthof	170	26	2		198
Milchrind, Tankmilch, Bestand	19	1	1		21
Mastkälber/Jungrinder, Blinddarminhalt, Schlachthof	262	6	7		275
frisches Rindfleisch, Einzelhandel	14	1			15
frisches Schweinefleisch, konventionell, Einzelhandel	19	5			24
frisches Schweinefleisch, ökologisch, Einzelhandel	14	1	2		17
unverarbeiteter Fisch, importiert, Einzelhandel	8	2	2		12
Wildenten und -gänse, Kottupfer, Wildbahn	8	1	1		10
Gesamt	641	66	17	2	726

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 auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam waren, wenn andere antibiotische Substanzen – insbesondere andere Beta-Laktam-Antibiotika – bereits keine Wirkung mehr zeigten. Carbapeneme werden oft als letztes Mittel der Wahl, insbesondere bei der Behandlung von schweren Krankenhausinfektionen, eingesetzt (BfR 2016, Kaase 2012, Nordmann et al. 2011). Bei einer Infektion mit Carbapenemase-bildenden gramnegativen Krankheitserregern sind Carbapeneme jedoch unwirksam. Diese Resistenz entsteht meist durch die Bildung eines Carbapenemase-Enzyms, das Carbapenem-Antibiotika und in der Regel auch fast alle anderen Beta-Laktam-Antibiotika zerstört. Die Gene für die Synthese von 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). Allerdings wurden nur in zwei Proben aus dem Kot und Blinddarminhalt von Mastschweinen Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018).

4.10.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

Insgesamt wurden 2.498 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* in Kotproben von Mastschweinen, in Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern, in Proben von frischem konventionellem und ökologischem Schweinefleisch sowie in Proben von frischem Rindfleisch einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Von den zwölf aus Kotproben von Mastschweinen, konventionellem Schweinefleisch, dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern und frischem Rindfleisch verdächtigen eingesandten Isolaten aus dem spezifischen Monitoring für Carbapenemase-bildende *E. coli* konnten zwei Isolate aus Kotproben aus Mastschweinebetrieben und ein Isolat aus konventionellem Schweinefleisch im Nationalen Referenzlabor phänotypisch als Carbapenem-resistente *E. coli* bestätigt werden.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 2.545 Isolaten von *Salmonella* spp., *C. jejuni* und *C. coli*, MRSA, *E. faecium*, *E. faecalis*, sowie den unterschiedlichen Populationen von *E. coli* minimale Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt. Die Bewertung der MHK erfolgte wie im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU vorgesehen bzw. von der EFSA empfohlen (EFSA 2012a und EFSA 2012b).

5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 79 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Monitorings 2019 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1, Tab. 5.1 bis 5.3). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (N = 68). Zu ihnen wurden auch vier Isolate aus Alleinfuttermitteln für Schweine gezählt. 20 Isolate stammten aus Kotproben aus Mastschweinebeständen und 22 aus Blinddarminhaltproben von Schlachtschweinen. Zehn Isolate wurden von Schweineschlachtkörpern eingesandt. Von den zwölf Isolaten vom Schweinefleisch im Einzelhandel stammten je zwei von konventionell und ökologisch erzeugtem frischen Fleisch, acht Isolate stammten aus Hackfleisch.

Die sieben Isolate aus der Lebensmittelkette Kalbfleisch/Rindfleisch stammten aus Rindfleisch im Einzelhandel (N = 3) und von Schlachtkörpern von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof (N = 4).

Vier weitere Isolate stammten aus importiertem frischen Fisch aus Aquakultur (Tilapia und Pangasius).

Insgesamt waren 44,1 % aller Isolate aus der Schweinefleischkette sensibel gegen alle Testsubstanzen. Dabei waren die vier Futtermittelisolate sensibel, während der Anteil voll sensibler Isolate an den von Tieren und aus Fleisch stammenden Isolaten bei 40,6 % lag (26/64). Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin beobachtet. Eine Resistenz gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation wurde nicht beobachtet. Gegenüber Ciprofloxacin waren 3,1 % der Isolate resistent, gegenüber Colistin 4,7 %. Von den beiden Isolaten aus ökologisch erzeugtem Schweinefleisch war eines sensibel gegen alle Substanzen. Das andere Isolat erwies sich als resistent gegenüber Ampicillin.

Von den vier Isolaten von Schlachtkörpern der Mastkälber und Jungrinder war eines sensibel, zwei waren gegen Colistin resistent und eines gegen Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin.

Alle drei Isolate aus Rindfleisch waren resistent gegenüber Ampicillin, Sulfamethoxazol und Tetrazyklin. Je eines war resistent gegenüber Colistin, den Chinolonen und gegenüber Trimethoprim.

Die vier Isolate aus importiertem Fisch waren alle resistent gegenüber Ciprofloxacin. Eines der Isolate war darüber hinaus resistent gegen Ampicillin, Trimethoprim und Tetrazyklin.

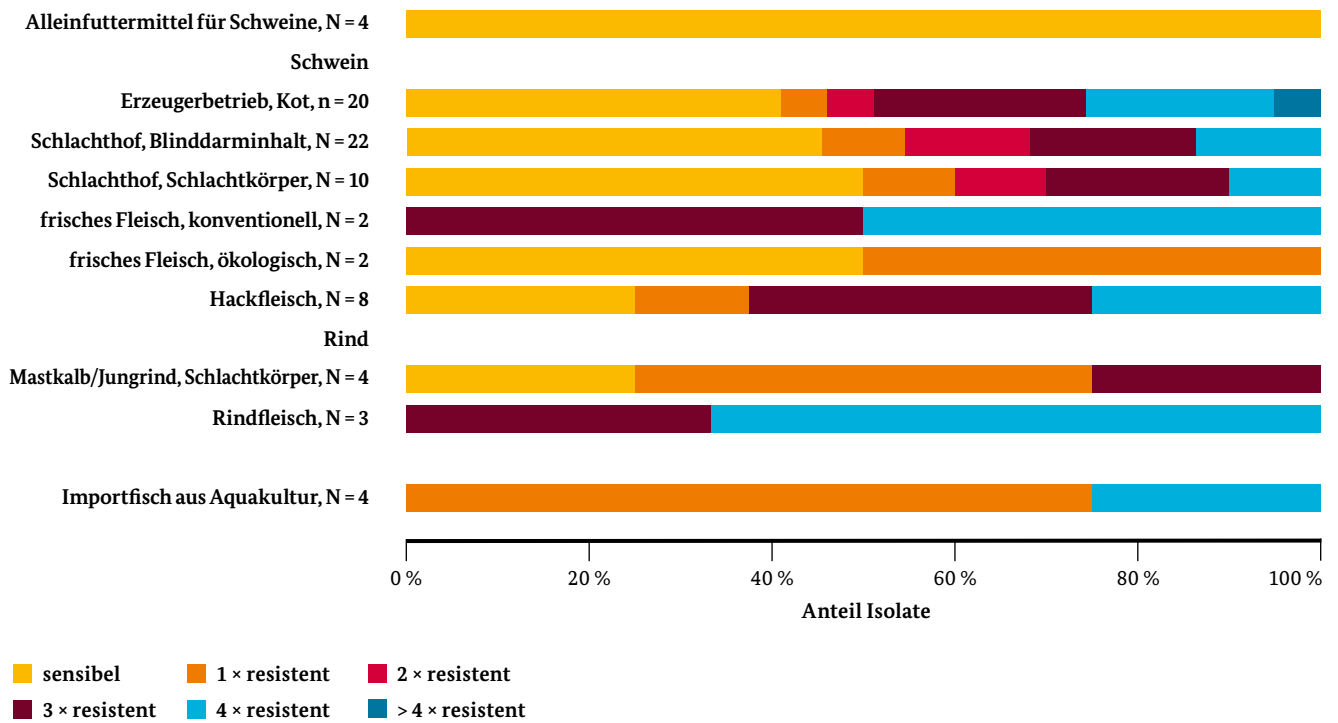


Abb. 5.1 Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. im Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Futtermittelwerk Alleinfuttermittel		Mastschwein Bestand Kot		Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastschwein Schlachthof Schlachtkörper	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	4		20		22		10	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	5	25,0	3	13,6	1	10,0
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
Nalidixinsäure	0	0,0	1	5,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	1	5,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	11	55,0	9	40,9	5	50,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	2	9,1	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	12	60,0	8	36,4	4	40,0
Trimethoprim	0	0,0	5	25,0	4	18,2	3	30,0
Tetrazyklin	0	0,0	12	60,0	9	40,9	3	30,0
Azithromycin	0	0,0	1	5,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	4	100,0	7	35,0	10	45,5	5	50,0
1 x resistant	0	0,0	1	5,0	2	9,1	1	10,0
2 x resistant	0	0,0	1	5,0	3	13,6	1	10,0
3 x resistant	0	0,0	6	30,0	4	18,2	2	20,0
4 x resistant	0	0,0	4	20,0	3	13,6	1	10,0
> 4 x resistant	0	0,0	1	5,0	0	0,0	0	0,0

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Schwein Einzelhandel frisches Fleisch, konventionell		Schwein Einzelhandel frisches Fleisch, ökologisch		Schwein Einzelhandel Hackfleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	2		2		8	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	2	25,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	1	50,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	2	100,0	1	50,0	5	62,5
Colistin	0	0,0	0	0,0	1	12,5
Sulfamethoxazol	2	100,0	0	0,0	5	62,5
Trimethoprim	1	50,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	2	100,0	0	0,0	5	62,5
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	0	0,0	1	50,0	2	25,0
1 × resistent	0	0,0	1	50,0	1	12,5
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	1	50,0	0	0,0	3	37,5
4 × resistent	1	50,0	0	0,0	2	25,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastkalb/Jungrind Schlachthof Schlachtkörper		Rind Einzelhandel Frisches Fleisch		Importierter Fisch Einzelhandel Frischer Fisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	4		3		4	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	1	33,3	2	50,0
Ciprofloxacin	0	0,0	1	33,3	4	100,0
Ampicillin	1	25,0	3	100,0	1	25,0
Colistin	2	50,0	1	33,3	0	0,0
Sulfamethoxazol	1	25,0	3	100,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	1	33,3	1	25,0
Tetrazyklin	1	25,0	3	100,0	1	25,0
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	1	25,0	0	0,0	0	0,0
1 × resistent	2	50,0	0	0,0	3	75,0
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	1	25,0	1	33,3	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	2	66,7	1	25,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 448 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Hierbei handelte es sich um 263 Isolate von Schlachtschweinen und 177 Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof (Abb. 5.2, Tab. 5.4 und 5.5). Acht Isolate stammten aus Tankmilchproben von Milchviehbetrieben. Insgesamt wurden 144 Isolate von *C. jejuni* und 304 Isolate von *C. coli* auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht.

Die Darstellung und Bewertung der Untersuchungsergebnisse erfolgte getrennt für die beiden Spezies *C. jejuni* und *C. coli*. Abbildung 5.2 zeigt die Untersuchungsergebnisse (Anzahl der Resistenzen je Isolat) der eingesandten *C.-jejuni*- und *C.-coli*-Isolate. Bei Mastkälbern und Jungrindern waren alle Isolate von *C. coli* resistent gegen mindestens eine getestete Substanz (N = 46), während bei den *C.-jejuni*-Isolaten 14,5 % (19/131) sensibel für alle getesteten Substanzen waren. Von den Isolaten von Schweinen gehörten fünf der Spezies *C. jejuni* an, 258 Isolate der Spezies *C. coli*. Wäh-

rend vier der fünf *C.-jejuni*-Isolate vollständig sensibel waren, war dies nur für 4 % der *C.-coli*-Isolate von Mastschweinen der Fall. Aus Tankmilchproben gehörten alle acht Isolate zur Spezies *C. jejuni*, vier der Isolate waren vollständig sensibel.

Insgesamt waren Resistenzen gegen Tetrazyklin bei beiden *Campylobacter*-Spezies am häufigsten. Resistenzen gegen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure waren ebenfalls bei beiden Spezies sehr häufig (56,9 % bis 58,9 %), wobei die Resistenzraten bei *C. coli* von Mastkälbern/Jungrindern gegenüber Ciprofloxacin (80,4 %) und Tetrazyklin (93,5 %) am höchsten waren. Eine Resistenz gegenüber Streptomycin wurde vor allem bei *C. coli* festgestellt und war bei Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen häufiger als von Mastkälbern und Jungrindern (76,8 % vs. 58,7 %). Resistenzen gegen Erythromycin wurden nur bei *C. coli* nachgewiesen und waren bei den Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern häufiger als bei denen von Schlachtschweinen (19,6 % vs. 7,0 %). Eine Resistenz gegen Gentamicin wurde bei je einem Isolat von *C. coli* aus Schlachtschweinen sowie aus Mastkälbern und Jungrindern nachgewiesen.

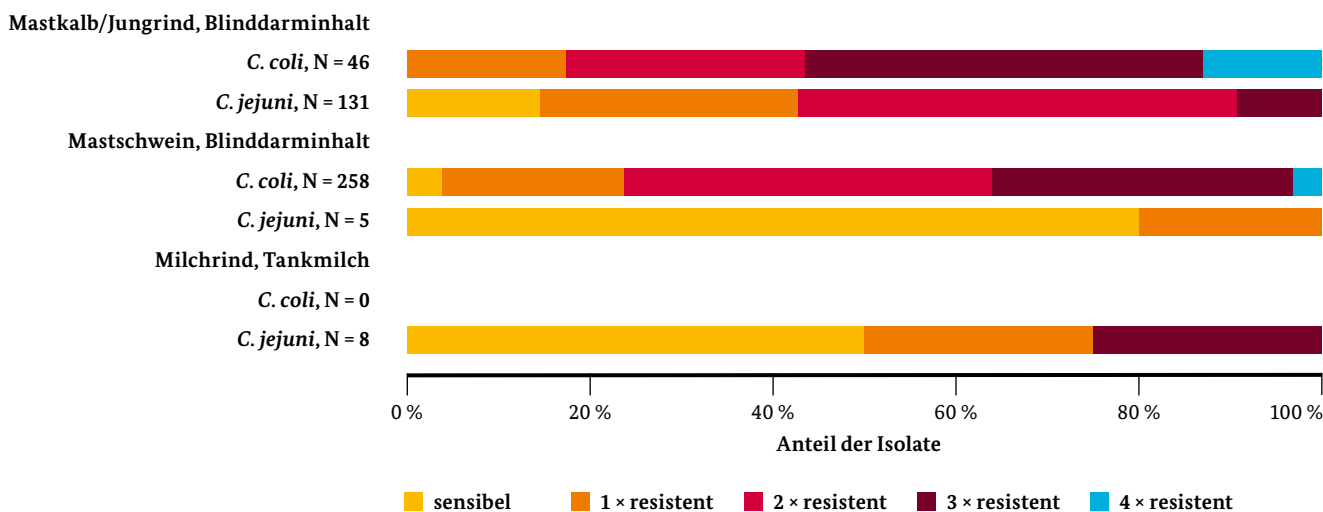


Abb. 5.2 Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus dem Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tab. 5.4 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2019 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Milchrind Bestand Tankmilch		Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	8		5		131	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	2	25,0	0	0,0	14	10,7
Ciprofloxacin	3	37,5	0	0,0	80	61,1
Nalidixinsäure	3	37,5	0	0,0	79	60,3
Erythromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	3	37,5	1	20,0	105	80,2
sensibel	4	50,0	4	80,0	19	14,5
1 × resistent	2	25,0	1	20,0	37	28,2
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	63	48,1
3 × resistent	2	25,0	0	0,0	12	9,2
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.5 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2019 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent

Tierart Probenahmeort Matrix	Milchrind Bestand Tankmilch		Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	0		258		46	
Gentamicin	0		1	0,4	1	2,2
Streptomycin	0		198	76,7	27	58,7
Ciprofloxacin	0		142	55,0	37	80,4
Nalidixinsäure	0		142	55,0	37	80,4
Erythromycin	0		18	7,0	9	19,6
Tetrazyklin	0		188	72,9	43	93,5
sensibel	0		10	3,9	0	0,0
1 × resistent	0		51	19,8	8	17,4
2 × resistent	0		104	40,3	12	26,1
3 × resistent	0		85	32,9	20	43,5
4 × resistent	0		8	3,1	6	13,0

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

Insgesamt wurden 241 STEC-Isolate auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet. Die Mehrheit der Isolate (179) stammte aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof. Deutlich weniger Isolate wurden aus Hackfleisch vom Schwein und aus Rindfleisch eingesandt. Zwölf Isolate wurden aus Tankmilchproben isoliert, zwei aus Babyspinat und eines aus Petersilie.

Aus Kottupfern von Wildgeflügel wurden keine STEC eingesandt.

Die höchsten Resistenzraten und den geringsten Anteil sensibler Isolate wiesen die Isolate aus Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof auf. Hier waren nur 33,0 % der Isolate gegen alle Testsubstanzen sensibel. Alle drei Isolate von pflanzlichen Lebensmitteln waren sensibel.

Dazwischen lagen die Anteile vollständig sensibler Isolate aus Tankmilch (83,4 %), Rindfleisch (72,9 %) und aus Hackfleisch vom Schwein (62,5 %) (s. Abb. 5.3). Die höchsten Resistenzraten wurden insgesamt gegen Sulfamethoxazol (49,8 % aller getesteten Isolate) gefunden, gefolgt von Tetrazyklin (42,3 %), Trimethoprim (31,1 %) und Ampicillin (30,3 %). Alle vier gegen Cephalosporine der 3. Generation resistenten Isolate stammten von Mastkälbern und Jungrindern. Dies galt auch entsprechend für Gentamicin-, Chloramphenicol- und Azithromycin-resistente Isolate.

Gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin waren 9,1 % aller Isolate resistent. Keine Resistenz wurde gegenüber Tigecyclin, Meropenem und Colistin beobachtet. Die Isolate von Mastkälbern und Jungrindern wiesen gegenüber jeder Substanz die jeweils höchste Resistenzrate auf. Sie waren besonders häufig resistent gegen Sulfamethoxazol (59,2 %), Tetrazyklin (51,4 %), Trimethoprim (38,0 %) und Ampicillin (36,9 %). Von den nach WHO-Definition als „highest priority critically important antimicrobials“ (HPCIA) kategorisierten Substanzen (WHO 2019) waren die Isolate vor allem gegen Ciprofloxacin (10,6 %) und Nalidixinsäure (8,9 %) resistent. Gegen das Makrolid Azithromycin waren 3,4 % der Isolate von Mastkälbern und Jungrindern resistent. Gegen die Cephalosporine der 3. Generation waren 2,2 % der Isolate resistent.

Bei den Isolaten aus Rindfleisch waren Resistenzen gegenüber Sulfamethoxazol (21,7 %) und Tetrazyklin (17,4 %) ebenfalls am häufigsten. Resistenzen gegenüber Nalidixinsäure und Trimethoprim wiesen jeweils zwei Isolate auf (8,7 %), gegenüber Ciprofloxacin und Ampicillin war je ein Isolat resistent (4,3 %).

Isolate aus Tankmilch waren nur gegen Sulfamethoxazol (zwei Isolate, 16,7 %), Ampicillin und Tetrazyklin (je ein Isolat, 8,3 %) resistent. Isolate aus Hackfleisch vom Schwein waren gegen Sulfamethoxazol (7 Isolate, 29,2 %), Tetrazyklin, Trimethoprim und Ampicillin (je 5 Isolate, 20,8 %) sowie gegen Ciprofloxacin (2 Isolate, 8,3 %) und Nalidixinsäure (ein Isolat, 4,2 %) resistent (s. Tab. 5.6 und 5.7).

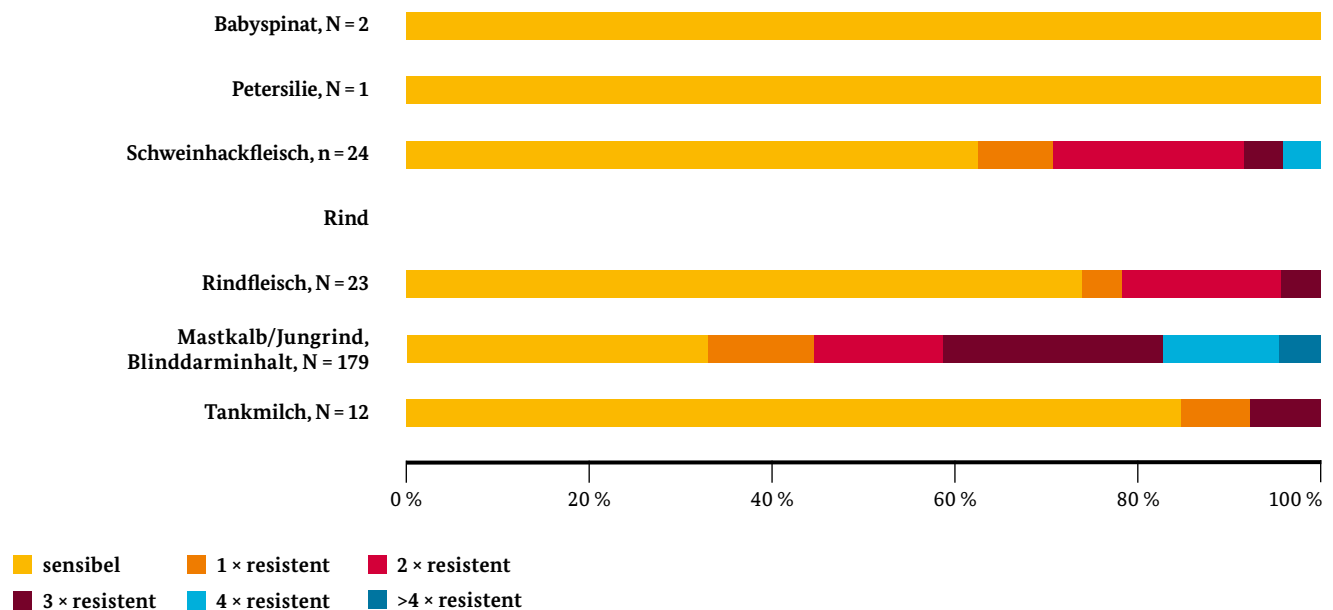


Abb. 5.3 Ergebnisse der Resistenztestung bei Shiga-Toxin bildenden *E. coli* im Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tab. 5.6 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter STEC-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Rind

Tierart Probenahmeort Matrix	Milchrind Erzeugerbetrieb Tankmilch		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt		Rindfleisch Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	12		179		23	
Gentamicin	0	0,0	11	6,1	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	30	16,8	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	4	2,2	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	4	2,2	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	16	8,9	2	8,7
Ciprofloxacin	0	0,0	19	10,6	1	4,3
Ampicillin	1	8,3	66	36,9	1	4,3
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	2	16,7	106	59,2	5	21,7
Trimethoprim	0	0,0	68	38,0	2	8,7
Tetrazyklin	1	8,3	92	51,4	4	17,4
Azithromycin	0	0,0	6	3,4	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	10	83,4	59	33,0	17	73,9
1 × resistent	1	8,3	21	11,7	1	4,3
2 × resistent	0	0,0	25	14,0	4	17,4
3 × resistent	1	8,3	43	24,0	1	4,3
4 × resistent	0	0,0	23	12,8	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	8	2,8	0	0,0

Tab. 5.7 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter STEC-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lebensmittelkette Schwein und pflanzliche Lebensmittel

Tierart/Lebensmittel Probenahmeort Matrix/Zustand	Schwein		Petersilie		Babyspinat	
	Einzelhandel Hackfleisch, gekühlt, nicht tiefgefroren		Einzelhandel tiefgekühlt		Einzelhandel frisch, nicht tiefgekühlt	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	24		1		2	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	1	4,2	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	2	8,3	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	5	20,8	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	7	29,2	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	5	20,8	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	5	20,8	0	0,0	0	0,0
Azithromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	15	62,5	1	100,0	2	100,0
1 × resistent	2	8,3	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	5	20,8	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	1	4,2	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	1	4,2	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 356 MRSA-Isolate getestet, die einem der vier vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Substanzen sind in Tabelle 5.8 zusammengefasst.

Alle Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 2 der 16 getesteten Substanzklassen (Abb. 5.4, Tab. 5.8). Sensible Isolate wurden aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt. Die höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus importiertem rohem Fisch aus Aquakultur festgestellt, dicht gefolgt von solchen aus Beständen von Mastschweinen und Schlachtkörpern von Mastschweinen. Geringere Resistenzraten wiesen Isolate aus Tankmilchproben auf.

Die meisten Isolate waren resistent gegenüber Tetrazyklin, Clindamycin und Erythromycin. Resistenzen gegenüber Mupirocin, Linezolid und Vancomycin wur-

den nicht festgestellt, solche gegen Sulfamethoxazol (1,1 %), Rifampin und Fusidinsäure (je 0,8 %) waren selten.

Bei der Resistenz gegen Tetrazyklin bestanden große Unterschiede zwischen den Isolaten aus importierten Fischen einerseits (46,1 %) und solchen aus der Schweinefleischkette (92,1 %) sowie aus Tankmilch (96,0 %) andererseits. Ähnliche Unterschiede wurden auch für Tiamulin (0,9 % vs. ≥ 36 %) sowie Quinupristin/Dalfopristin (0,9 % vs. ≥ 12 %) festgestellt. Umgekehrt wiesen die Isolate aus importierten Fischen aus Aquakultur deutlich häufiger Resistenzen gegenüber Gentamicin und Kanamycin (je 80 % vs. ≤ 12 %), Ciprofloxacin (75,7 % vs. ≤ 24 %) und Erythromycin (89,6 % vs. < 63 %) auf als die Isolate aus den anderen Herkünften.

Aber auch zwischen den Isolaten aus der Schweinefleischkette und denen aus Tankmilch sind Unterschiede deutlich. So sind die Resistenzraten für Streptomycin, Clindamycin und Erythromycin bei den Tankmilchisolaten deutlich niedriger als bei den Isolaten aus der Schweinefleischkette.

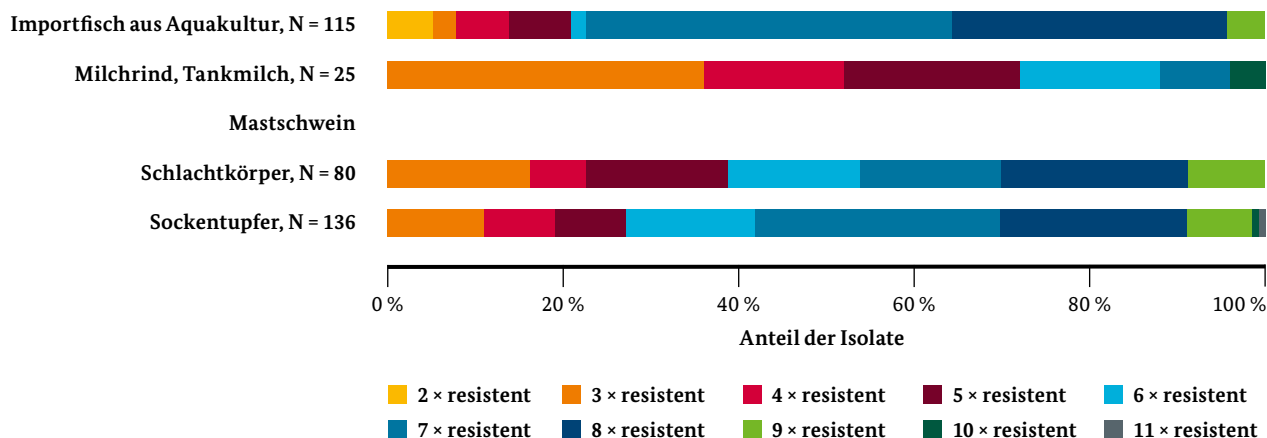


Abb. 5.4 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* im Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Bestand Sockentupfer		Mastschwein Schlachthof Schlachtkörper		Milchrind Bestand Tankmilch		Importfisch aus Aquakultur Einzelhandel unverarbeitet	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	136		80		25		115	
Gentamicin	11	8,1	6	7,5	3	12,0	92	80,0
Kanamycin	9	6,6	6	7,5	3	12,0	92	80,0
Streptomycin	33	24,3	20	25,0	2	8,0	2	1,7
Chloramphenicol	4	2,9	0	0,0	3	12,0	10	8,7
Cefoxitin	136	100,0	80	100,0	25	100,0	115	100,0
Ciprofloxacin	21	15,4	19	23,8	6	24,0	87	75,7
Benzylpenicillin	136	100,0	80	100,0	24	96,0	115	100,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	2	2,5	0	0,0	2	1,7
Trimethoprim	96	70,6	48	60,0	11	44,0	89	77,4
Tetrazyklin	125	91,9	74	92,5	24	96,0	53	46,1
Clindamycin	107	78,7	56	70,0	6	24,0	102	88,7
Erythromycin	85	62,5	41	51,3	2	8,0	103	89,6
Mupirocin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Rifampin	1	0,7	0	0,0	0	0,0	2	1,7
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Fusidinsäure	1	0,7	1	1,3	1	4,0	0	0,0
Quinupristin/ Dalfopristin	44	32,4	23	28,8	3	12,0	1	0,9
Tiamulin	72	52,9	39	48,8	9	36,0	1	0,9
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	6	5,2
3 × resistent	15	11,0	13	16,3	9	36,0	3	2,6
4 × resistent	11	8,1	5	6,3	4	16,0	7	6,1
5 × resistent	11	8,1	13	16,3	5	20,0	8	7,0
6 × resistent	20	14,7	12	15,0	4	16,0	2	1,7
7 × resistent	38	27,9	13	16,3	0	0,0	48	41,7
8 × resistent	29	21,3	17	21,3	2	8,0	36	31,3
9 × resistent	10	7,4	7	8,8	0	0,0	5	4,3
10 × resistent	1	0,7	0	0,0	1	4,0	0	0,0
11 × resistent	1	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.5 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1.165 kommensale *E.-coli*-Isolate getestet, die den vorgeschlagenen elf 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 Schweinen am Schlachthof der Fall sowie bei den Isolaten aus Schweinebeständen. Aus den übrigen Matrices wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Abbildung 5.5 zeigt die Untersuchungsergebnisse für die kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resis-

tent waren. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate aus den einzelnen Programmen sind in den Tabellen 5.9 bis 5.11 dargestellt. Gegenüber Meropenem und Tigecyklin wurden keine Resistenzen festgestellt.

Der Anteil sensibler Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch lag zwischen 45,4 % (Kot aus dem Mastbestand) und 72,1 % (ökologisches Schweinefleisch) (Tab. 5.9). Der höchste Anteil von Isolaten, die gegenüber drei oder mehr Substanzklassen resistent waren, fand sich bei den Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof (24,5 %), gefolgt von Kot aus Schweinemastbeständen (20,1 %) und konventionellem Schweinefleisch (14,6 %). Isolate aus ökologisch produziertem Schweinefleisch waren nur geringfügig häufiger sensibel gegen alle Testsubstanzen als jene von konventionell erzeugtem Schweinefleisch

(72,1 % vs. 66,3 %), und etwas seltener resistent gegen drei und mehr Substanzklassen (8,2 % vs. 14,6 %).

Isolate aus Darminhalten von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof waren deutlich seltener vollständig sensibel (53,0 %) als solche aus Tankmilch von Milchkühen (81,6 %) und aus Rindfleisch (79,7 %). Umgekehrt waren deutlich mehr Isolate aus diesen drei Produktionsketten resistent gegen drei oder mehr Substanzklassen (29,5 %, vs. 9,6 % und 6,8 %).

Isolate von importiertem Tilapia und Pangasius aus Aquakultur waren häufig sensibel (39,2 %) oder resistent gegen eine Substanzklasse (55,7 %), während sie nur selten gegen weitere Substanzklassen resistent waren (5,1 %). Isolate aus Kottupfern von erjagten Wildenten und Wildgänsen waren meist (85,7 %) gegen alle Testsubstanzen sensibel. Nur zwei Isolate (4,1 %) waren resistent gegen drei Substanzklassen.

In allen Herkunftstypen außer vom importierten Fisch aus Aquakultur wurden am häufigsten Resistenzen gegenüber Tetrazyklin, Ampicillin und/oder Sulfamethoxazol beobachtet. Die Isolate aus den Fischen aus Aquakultur waren fast ausschließlich gegen Ciprofloxacin (58,8 %) und Nalidixinsäure (20,6 %) resistent. Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation wurden insgesamt bei 2,8 % der Isolate beobachtet, wobei die höchste Nachweisrate (11,4 %) bei Isolaten aus Tankmilch von Milchrindern festgestellt wurde. Keine Resistenz gegen diese Substanzklasse wurde nur bei den 61 Isolaten aus ökologisch erzeugtem Schweinefleisch gefunden. Außer den Isolaten aus Tankmilch wiesen die Isolate aller anderen Herkunftstypen weniger als 5 % Cefotaxim- und/oder Ceftazidim-Resistenzen auf.

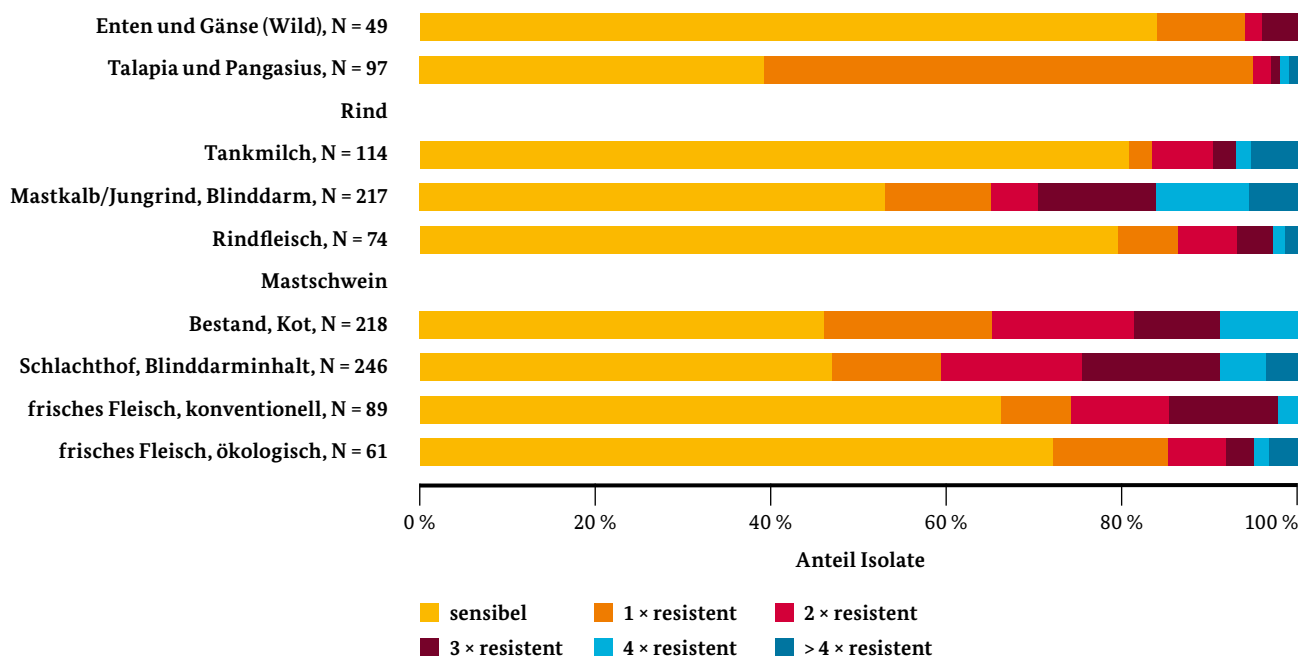


Abb. 5.5 Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* im Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Mastschwein Bestand Kot		Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastschwein Einzelhandel frisches Fleisch, konventionell		Mastschwein Einzelhandel frisches Fleisch, ökologisch	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	218		246		89		61	
Gentamicin	11	5,0	2	0,8	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	20	9,2	25	10,2	4	4,5	1	1,6
Cefotaxim	3	1,4	8	3,3	1	1,1	0	0,0
Ceftazidim	3	1,4	7	2,8	1	1,1	0	0,0
Nalidixinsäure	5	2,3	12	4,9	3	3,4	2	3,3
Ciprofloxacin	9	4,1	21	8,5	4	4,5	3	4,9
Ampicillin	66	30,3	87	35,4	17	19,1	8	13,1
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	63	28,9	80	32,5	17	19,1	9	14,8
Trimethoprim	53	24,3	66	26,8	12	13,5	5	8,2
Tetrazyklin	89	40,8	87	35,4	21	23,6	13	21,3
Azithromycin	5	2,3	4	1,6	1	1,1	1	1,6
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	99	45,4	116	47,2	59	66,3	44	72,1
1 × resistent	41	18,8	31	12,6	7	7,9	8	13,1
2 × resistent	35	16,1	38	15,4	10	11,2	4	6,6
3 × resistent	21	9,6	39	15,9	11	12,4	2	3,3
4 × resistent	19	8,7	13	5,3	2	2,2	1	1,6
> 4 × resistent	4	1,9	9	3,6	0	0,0	2	3,3

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

Tierart Probenahmeort Matrix	Milchrind Bestand Tankmilch		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt		Rind Einzelhandel frisches Fleisch	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	114		217		74	
Gentamicin	0	0,0	6	2,8	1	1,4
Chloramphenicol	2	1,8	22	10,1	0	0,0
Cefotaxim	13	11,4	5	2,3	1	1,4
Ceftazidim	12	10,5	4	1,8	1	1,4
Nalidixinsäure	3	2,6	12	5,5	3	4,1
Ciprofloxacin	5	4,4	28	12,9	4	5,4
Ampicillin	18	15,8	73	33,6	8	10,8
Colistin	0	0,0	1	0,5	1	1,4
Sulfamethoxazol	12	10,5	60	27,6	7	9,5
Trimethoprim	9	7,9	59	27,2	4	5,4
Tetrazyklin	14	12,3	81	37,3	11	14,9
Azithromycin	0	0,0	6	2,8	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	93	81,6	115	53,0	59	79,7
1 × resistent	3	2,6	26	12,0	5	6,8
2 × resistent	8	7,0	12	5,5	5	6,8
3 × resistent	3	2,6	29	13,4	3	4,1
4 × resistent	2	1,8	23	10,6	1	1,4
> 4 × resistent	6	5,3	12	5,5	1	1,4

Tab. 5.11 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate von importiertem Fisch aus Aquakultur und von Wildvögeln (Enten und Gänse) sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	Importfisch aus Aquakultur Einzelhandel unverarbeiteter Fisch		Wildgeflügel (Enten und Gänse) Jagd Kottupfer	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	97		49	
Gentamicin	1	1,0	1	2,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	1	1,0	1	2,0
Ceftazidim	1	1,0	1	2,0
Nalidixinsäure	20	20,6	1	2,0
Ciprofloxacin	57	58,8	1	2,0
Ampicillin	4	4,1	5	10,2
Colistin	1	1,0	1	2,0
Sulfamethoxazol	2	2,1	3	6,1
Trimethoprim	0	0,0	1	2,0
Tetrazyklin	3	3,1	1	2,0
Azithromycin	1	1,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	0	0,0	0	0,0
sensibel	38	39,2	41	83,7
1 × resistent	54	55,7	5	10,2
2 × resistent	2	2,1	1	2,0
3 × resistent	1	1,0	2	4,1
4 × resistent	1	1,0	0	0,0
> 4 × resistent	1	1,0	0	0,0

5.6 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

Insgesamt wurden 256 von 267 eingesandten und dem Stichprobenplan zuzuordnende Enterokokken-Isolate als *Enterococcus faecalis* oder *E. faecium* identifiziert. Bei den 11 übrigen Isolaten wurden andere Spezies als *E. faecalis* und *E. faecium* festgestellt. Die Verteilung der Spezies *E. faecalis* und *faecium* war nahezu identisch bei den Isolaten aus Blinddarminhalten von Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof (Abb. 5.6).

In die Resistenztestung wurden 141 Isolate von *E. faecalis* und 115 Isolate von *E. faecium* aus den Blinddarminhalten von Mastschweinen (N = 76) und Mastkälbern/Jungrinder (N = 180) am Schlachthof einbezogen (Abb. 5.7, Tab. 5.12).

Der Anteil der sensiblen Isolate lag bei *E. faecium* deutlich höher als bei *E. faecalis* (Abb. 5.7). Die Isolate vom Schwein waren geringfügig seltener sensibel gegen alle betrachteten Substanzen (35,3 % *E. faecium*, 16,7 % *E. faecalis*) als die von Mastkälbern und Junggrindern (46,9 % *E. faecium*, 17,2 % *E. faecalis*).

Die höchsten Resistenzraten wurden über alle Herkünfte hinweg gegenüber Tetrazyklin (63,7 %) und Erythromycin (46,1 %) beobachtet. Dabei waren bei *E. faecalis* deutlich mehr Isolate gegen Tetrazyklin resistent (83,0 %) als bei *E. faecium* (40,0 %). Auch gegenüber Erythromycin waren *E. faecalis* häufiger resistent (53,2 %) als *E. faecium* (37,4 %). Die Unterschiede zwischen Isolaten von Mastschwein und Mastkälbern waren weniger deutlich. Von den Isolaten von Schweinen waren 68,4 % Tetrazyklin-resistent (vs. 61,7 % vom Kalb) und 40,8 % gegenüber Erythromycin (vs. 48,3 % vom Kalb). Deutliche Unterschiede zwischen den Enterokokkenspezies wurden auch gegenüber Chloramphenicol gesehen (31,9 % vs. 0,9 %), während zwischen Schwein und Mastkalb/Jungrind hier keine Unterschiede bestanden. Resistenzen gegen weitere Substanzen waren selten und wiesen keine deutlichen Unterschiede zwischen den Enterokokkenspezies und Tierarten auf. Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin und Vancomycin wurden bei beiden Spezies nicht beobachtet (Tab. 5.12).

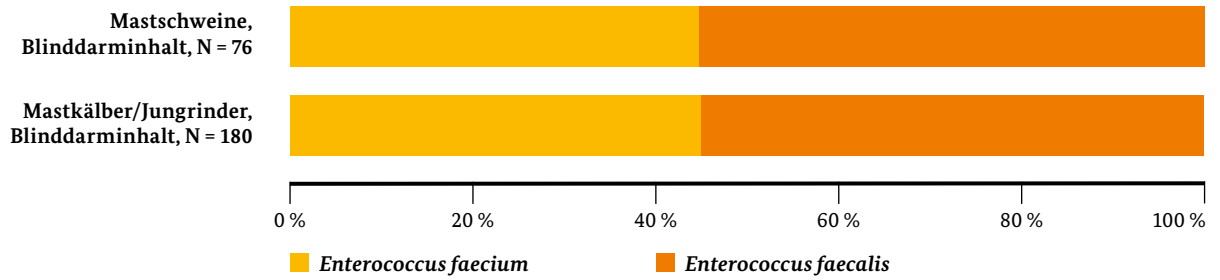


Abb. 5.6 Übersicht über die Verteilung der Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* unter den typisierten Enterokokken-Isolaten aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2019

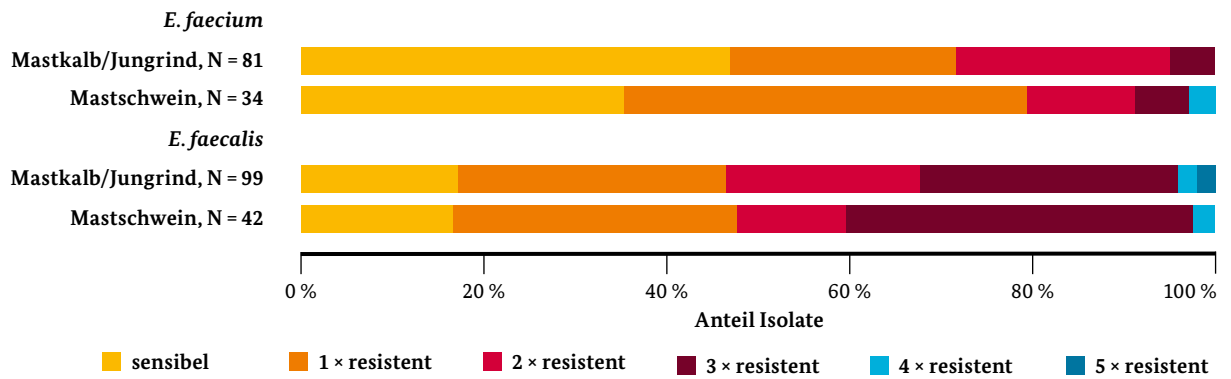


Abb. 5.7 Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt im Zoonosen-Monitoring 2019; Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tab. 5.12 Anzahl und Anteil getesteter bzw. resistenter Enterokokken-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Probenahmeort Matrix	<i>Enterococcus faecalis</i>				<i>Enterococcus faecium</i>			
	Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt		Mastschwein Schlachthof Blinddarminhalt		Mastkalb/Jungrind Schlachthof Blinddarminhalt	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	42		99		34		81	
Gentamicin	3	7,1	3	3,0	1	2,9	1	1,2
Chloramphenicol	14	33,3	31	31,3	1	2,9	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	4	4,0	2	5,9	3	3,7
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	3	8,8	2	2,5
Tetrazyklin	35	83,3	82	82,8	17	50,0	29	35,8
Erythromycin	22	52,4	53	53,5	9	26,5	34	42,0
Daptomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	1,2
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Teicoplanin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigecyclin	1	2,4	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	7	16,7	17	17,2	12	35,3	38	46,9
1 x resistent	13	31,0	29	29,3	15	44,1	20	24,7
2 x resistent	5	11,9	21	21,2	4	11,8	19	23,5
3 x resistent	16	38,1	28	28,3	2	5,9	4	4,9
4 x resistent	1	2,4	2	2,0	1	2,9	0	0,0
5 x resistent	0	0,0	2	2,0	0	0,0	0	0,0

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2019

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2019 (ZSP 2019). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend dem ZSP 2019 war insgesamt gut. Abweichungen vom Probensoll sind unter zwei Aspekten problematisch. Zum einen steigt bei zu geringen Probenzahlen die Ungenauigkeit der Schätzung, zum anderen können deutliche Abweichungen vom Probensoll vor allem dann zu Verzerrungen des Schätzers führen, wenn sie Länder mit einem hohen Anteil am Soll betreffen und der Erreger sehr ungleich verteilt ist. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan insgesamt begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Die beiden Programme im Erzeugerbetrieb wurden von fast allen Ländern durchgeführt, denen Proben zugeteilt waren. Nur ein Land, dem lediglich zwei Proben zugeteilt waren, beteiligte sich nicht. Insgesamt wurde das Probensoll bei dem Programm in Schweinemastbetrieben leicht überschritten, wobei vor allem die Probenzahlen zu den unterschiedlichen *E.-coli*-Populationen überschritten wurden, weil hier die erforderliche Probenzahl geringer ist, als für die Untersuchung auf Salmonellen, zumeist jedoch beide Spezies je Probe isoliert werden. Dabei schwankte der Erfüllungsgrad bei der Untersuchung auf Salmonellen und MRSA zwischen 17 % und 120 % je Land. Das Land mit dem geringen Erfüllungsgrad hatte allerdings nur wenige Proben zu nehmen, sodass diese Abweichung für die Gesamtaussage nicht gravierend ist.

Bei dem Programm zu Tankmilch aus Milchviehbetrieben wurde das Probensoll zu 95 % erreicht. Hier schwankte der Erfüllungsgrad zwischen 64 % und 146 %.

Auch bei den Programmen am Schlachthof wurde das Probensoll insgesamt erfüllt. Hier beteiligte sich ein

Land nicht am Programm zur quantitativen Untersuchung von *Campylobacter* auf Hähnchenschlachtkörpern. In den Schlachthofprogrammen wurden deutlich mehr Proben auf *E. coli* untersucht als erforderlich. Der Anteil der untersuchten Proben vom Soll je Land schwankte bei den drei Programmen zwischen 29 % und 170 %. Der Wert von 29 % wurde bei einem Land bei der Untersuchung von Schlachtkörpern auf MRSA erreicht. Lediglich für die Nachweise von *E. coli* wurden zum Teil bis zu 333 % des Probensolls gewonnen.

Die meisten Programme wurden auch 2019 im Einzelhandel durchgeführt. Das Probensoll wurde zu 84 % bis 134 % erfüllt. Während einige Länder durchweg mehr Proben je Programm untersuchten als vorgesehen (max. 177 %), blieben andere für alle Programme unter den Vorgaben (min. 62 %). Am Programm zur tiefgekühlten Petersilie nahmen zwei Länder nicht teil, am Programm zu Babyspinat eines nicht. Der Erfüllungsgrad bei frischem Schweinefleisch aus ökologischer Produktion und bei frischem Babyspinat lag jeweils unter 100 % (90 % bis 93 % bzw. 84 %). Bei Programmen zu Fleisch aus ökologischer Produktion wird häufig auf die mangelnde Verfügbarkeit der Produkte verwiesen. Allerdings gab es auch Länder, die ihr Soll deutlich überschritten (max. 167 %), sodass Probleme mit der Verfügbarkeit dieser Matrix regional unterschiedlich zu sein scheinen. Bei Babyspinat erfüllten mehrere größere Länder ihr Probensoll nicht.

Im Futtermittelprogramm wurde das Probensoll erfüllt. Beim Wildprogramm gab es keine Vorgaben zur Probenzahl, weil bereits im Vorfeld Probleme mit der Verfügbarkeit von Proben erwartet wurden. Die Proben sollten daher nach Verfügbarkeit gesammelt werden. Insgesamt wurden etwa 100 Proben gewonnen, die aus neun Ländern aus allen Regionen Deutschlands stammten. Durch die begrenzte Probenzahl ist die Prävalenzschätzung in diesem Programm weniger genau als in den anderen Programmen. Die Repräsentativität für Deutschland ist aufgrund der breiten regionalen Verteilung der Probenahmen jedoch in ausreichendem Maß gegeben. Insbesondere für die Resistenztestung konnten wichtige Isolate gewonnen werden.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2019 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 2019 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 2019 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus einem Zeitraum von elf Jahren (2009 bis 2019) 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, z. B. zu den ökologisch wirtschaftenden Betrieben und deren Produktionsumfang, stellte eine Herausforderung für die Stichprobenplanung dar. Diese Informationen stehen den Ländern nach deren Aussage nicht unmittelbar zur Verfügung und ihre Beschaffung ist mit erheblichem Aufwand verbunden. Hier wäre es wünschenswert, dass die Daten für die Landesbehörden leichter verfügbar sind.

Im Hinblick auf die Labormethodik sind bei der Planung die Erfordernisse des Qualitätsmanagements der Labore zu berücksichtigen. Untersuchungen, die nicht Teil der Routine der Überwachungslabore sind, bedeuten einen erheblichen Mehraufwand in der Methoden-etablierung. Dieser Aufwand ist insbesondere für ein Land mit geringen zugeteilten Probenzahlen unverhältnismäßig hoch. Bei einigen freiwilligen Programmen führt dies dazu, dass nicht alle Länder an den Programmen teilnehmen (z. B. *C. difficile*). Hier sollte erwogen werden, solche Programme ggf. länderüber-

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

Die Ergebnisse aus dem Zeitraum von insgesamt elf 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 Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern, den Keimen mit besonderen Resistenzeigenschaften und kommensalen *E. coli* über verschiedene Arten tierischer Lebensmittel aus dem Einzelhandel stattfinden kann. Die Ergebnisse der Charakterisierung der eingesandten Isolate durch

die NRLs unterstützen die Hypothese, dass die Erreger entlang der Lebensmittel- und Produktionsketten verschleppt werden. Sie weisen aber auch darauf hin, dass im Rahmen der Gewinnung und Verarbeitung Erreger anderer Herkunft die Lebensmittel kontaminieren bzw. dass 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 2019 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 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 der Kommission 2013/652/EU ab dem Jahr 2014 die Rechtsgrundlage und infolge auch das Panel der untersuchten Substanzen gegenüber den Vorjahren verändert hat. Bis 2013 wurden *E. coli* und Salmonellen auf ihre Empfindlichkeit gegen Kanamycin und Streptomycin sowie Florfenicol getestet. Seit 2014 sind im Austausch gegen diese Substanzen Azithromycin, Meropenem und Tigecyclin in die Testung aufgenommen worden.

Salmonella spp.

Wie in den vergangenen Jahren wurden Salmonellen in Beständen von Mastschweinen nachgewiesen. Dabei war der Anteil positiver Proben mit 5,7 % etwas niedriger als in den Untersuchungen bei Mastschweinen im Bestand 2011 (9,4 %), bei der Untersuchung von abgesetzten Läufern im Flatdeck 2015 (10,3 %) und der Untersuchung von Mastschweinen im Bestand 2017 (7,9 %). Dieser Unterschied war statistisch aber nicht signifikant. Auch unterschied sich der Anteil positiver Blinddarminhalte am Schlachthof mit 5,8 % weniger deutlich von den Werten in 2015 und 2017 (je 6,1 %, 2011 waren keine Blinddarminhalte untersucht worden). Hinsichtlich einer möglichen Exposition der 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, sodass in diesem Bereich weitere Anstrengungen unternommen werden müssen.

Der Anteil von *S. Derby* an den Isolaten war in 2019 mit 40 % der Isolate höher als in Mastschweinebeständen in den Jahren 2015 und 2017. Im Jahr 2015 war *S. Derby* vor allem bei Isolaten aus Sauengruppen identifiziert worden (43,4 %), während bei den abgesetzten Ferkeln (6,9 %) und den Mastschweinen am Schlachthof (8,7 %) *S. Derby* deutlich seltener war und *S. Typhimurium* und seine monophasische Variante dominierten (72,4 % und 87,0 %). 2017 waren 73,6 % der Isolate aus den Beständen und 61,2 % der Isolate aus den Blinddarminhalten dem Serovar *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante zuzuordnen, *S. Derby* hatte einen Anteil von 7,1 % bzw. 28,3 %. Im Jahr 2019 wurden nur 35,0 % der Isolate aus den Beständen als *S. Typhimurium* (inkl. monophasische Variante) identifiziert, während der Anteil der Isolate am Schlachthof wiederum bei 63,6 % lag. Auch bei den Isolaten aus Blinddarminhalt war der Anteil von *S. Derby* etwas höher als 2017 (31,8 %). Bei den Isolaten vom Schlachthof waren es allerdings wieder 63,6 %. Auch auf den Schlachtkörpern wurde häufiger *S. Derby* gefunden (30 %) als in der Vergangenheit. Woher die Unterschiede vor allem im Bestand resultieren, kann derzeit nicht sicher festgestellt werden. Bei allen Unterschieden ist zu bedenken, dass die Zahl der Isolate insgesamt begrenzt war, sodass die Unterschiede statistisch nicht abzusichern sind.

Die Unterschiede in der Prävalenz von Salmonellen zwischen den unterschiedlichen Kategorien von Betrieben nach der Schweine-Salmonellen-Verordnung waren nicht signifikant. Die Kategorisierung erfolgt auf Basis serologischer Untersuchungen und weist damit eine vorherige Exposition gegenüber Salmonellen nach, nicht eine aktuelle Besiedlung. In einer Analyse der Daten aus einer Grundlagenstudie der EFSA konnte gezeigt werden, dass die Ergebnisse der serologischen Untersuchung am Schlachthof nicht mit der bakteriologischen korrelieren (EFSA 2008).

Der Vergleich ist in seiner Aussagekraft im Rahmen des Zoonosen-Monitorings aber dadurch eingeschränkt, dass die Zahl der Betriebe in Kategorie II und III begrenzt ist und von daher das Vertrauensintervall für die Prävalenzschätzung sehr breit ist. Betrachtet man die Daten über die Jahre, für die Daten vorliegen, so zeigt sich sowohl bei Proben von Mastbeständen als auch bei solchen von Blinddarmproben am Schlachthof, dass Proben aus Betrieben der Kategorie I eine geringere Salmonellenprävalenz aufwiesen als solche aus den Kategorien II und III. Für Proben aus dem Bestand lagen Daten aus 2011, 2017 und 2019 vor.

Hier war die Odds ratio 0,43 mit einem 95%-Konfidenzintervall von 0,32 bis 0,59. Am Schlachthof war der Unterschied weniger deutlich. Aber auch hier zeigten Tiere aus Betrieben der Kategorie I seltener *Salmonella*-positive Befunde als solche aus den Betrieben der Kategorien II und III. Hier war die Odds ratio 0,56 (95%-KI 0,32 bis 0,99). Zwischen den Kategorien II und III konnten keine Unterschiede belegt werden, da die Zahl der Proben aus den Betrieben aufgrund des relativ geringen Anteils an der Gesamtpopulation zu niedrig ist.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Schlachtkörpern zeigen eine im Vergleich zu den Vorjahren unveränderte Prävalenz von Salmonellen auf Schlachtkörpern (2015: 3,4 % vs. 4,5 %, 2017: 2,9 % und 2018: 5,0 %). Die auf den Schlachtkörpern nachgewiesenen Serovare waren mehrheitlich (8/10) auch bei den Proben aus den Beständen und in Blinddärmen nachweisbar. Allerdings wurden das Serovar *S. Goldcoast* im Jahr 2019 nicht in den Tieren nachgewiesen.

Die Nachweishäufigkeit bei Schlachtkörpern unterstreicht, dass die Verhinderung der Verschleppung von Salmonellen auf Schweineschlachtkörper eine Herausforderung bleibt.

Im Gegensatz zu den Vorjahren waren in 2019 in keinem Schlachthof auffällige Häufungen positiver Proben zu verzeichnen. Von den Schlachthöfen, aus denen mehr als zehn Proben untersucht wurden, wies 2019 keiner einen Anteil von mehr als 10 % positiver Proben auf. Dies ist im Vergleich zu den Vorjahren eine erfreuliche Entwicklung, auch wenn der Gesamtanteil positiver Proben nur mäßig gesunken ist (3,4 % vs. 5 % in 2018).

Die Nachweisrate von Salmonellen auf frischem Schweinefleisch unterschied sich nicht signifikant bezüglich der konventionellen und der ökologischen Produktion. Dies deckt sich mit den Nachweisen auf konventionellem und ökologischem Putenfleisch im Jahr 2018, als ebenfalls kein Unterschied festgestellt wurde. Die Nachweisraten entsprechen auch der Nachweisrate aus dem Jahr 2015, in dem ebenfalls 0,4 % der Proben positiv waren. Durch die insgesamt geringen Nachweisraten sind Unterschiede in der Nachweishäufigkeit nur signifikant, wenn diese sehr deutlich ausfallen. Dies war aber weder bei den Proben von Schweinefleisch noch bei Proben von Putenfleisch der Fall. Analoge Untersuchungen in den Beständen, wie sie 2018 bei Puten und 2016 bei Masthähnchen durchgeführt werden konnten, waren aufgrund der fehlenden Datengrundlage für die Stichprobenplanung 2019 bei Schweinebeständen nicht möglich. Aufgrund der steigenden Bedeutung der ökologischen Produktion und des steigenden Verbrauchs ökologisch produzierter Lebensmittel sollte diese Untersuchung in kommenden Jahren nachgeholt werden.

Hackfleisch von Schweinen wies 2019 mit 1,9 % häufiger Salmonellen auf als in den Jahren zuvor. Wie 2018 wurden hier dieselben Serovare nachgewiesen wie in den Schlachtkörperproben. Da Hackfleisch in Deutschland häufig auch roh verzehrt wird, stellt der Nachweis von Salmonellen auf diesem Lebensmittel ein erhebliches Risiko für den Menschen dar. Mit *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante wurden auch zwei Serovare nachgewiesen, die beim Menschen besonders häufig an Infektionen beteiligt sind.

Alleinfuttermittel für Schweine waren zu 1,9 % positiv für Salmonellen wobei in zwei der vier positiven Proben *S. Typhimurium* (ein Isolat) bzw. seine monophasische Variante nachgewiesen wurden. Die beiden anderen in den Futtermitteln nachgewiesenen Isolate *S. Havanna* und *S. Putten* wurden im Jahr 2019 nicht in anderen Stufen der Schweinefleischkette nachgewiesen und waren auch 2015 und 2017 nicht nachgewiesen worden. Grundsätzlich ist der Eintrag von Salmonellen in Bestände über Futtermittel eine Herausforderung für die Salmonellenbekämpfung beim Schwein, weil dieser Eintrag andere Bemühungen zur Verbesserung der Biosicherheit in Beständen unterlaufen kann. Im Rahmen der Auswertung der deutschen Daten zur Grundlagenstudie zu Salmonellen bei Schlachtschweinen konnte gezeigt werden, dass Schlachtschweine aus Betrieben mit hofeigenen Futtermischungen seltener Salmonellen trugen als solche, die Fertigfutter verwendeten (Tenhagen et al. 2009).

Sowohl auf Schlachtkörpern von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof (1,0 %) als auch auf Rindfleisch im Einzelhandel (0,6 %) wurden Salmonellen selten nachgewiesen. Auf Schlachtkörpern wurden das für Rinder pathogene Serovar *S. Dublin* und die monophasische Variante von *S. Typhimurium* nachgewiesen. *S. Dublin* spielt im Gegensatz zu *S. Typhimurium* für Erkrankungen des Menschen eine sehr untergeordnete Rolle. In den letzten Jahren wurden nie mehr als fünf Fälle pro Jahr an das Robert Koch-Institut gemeldet (SurvStat, aufgerufen am 01.07.2020). Dafür spielt dieses Serovar bei Salmonellose-Ausbrüchen in Rinderbeständen eine deutlich größere Rolle (45 % der Ausbrüche 2018; Friedrich-Loeffler-Institut, 2019). Auch *S. Typhimurium* ist häufig für diese Ausbrüche verantwortlich. Das vierte Isolat war eine Rauform (serologisch nicht typisierbare *Salmonella*).

Auf Rindfleisch wurden je einmal *S. Typhimurium*, seine monophasische Variante und *S. Kentucky* nachgewiesen, also Serovare, die entweder häufig an Infektionen des Menschen beteiligt sind oder, wie *S. Kentucky*, wegen ihrer besonderen Resistenzsituation problematisch sind. *S. Kentucky* (auch das hier nachge-

wiesene Isolat) weist eine hochgradige Resistenz gegen Fluorchinolone auf (s. a. den nächsten Abschnitt: Resistenzsituation bei *Salmonella* spp.). *S. Kentucky* wurde in den letzten zehn Jahren zwischen 50- und 91-mal pro Jahr beim Menschen nachgewiesen (SurvStat, aufgerufen am 01.07.2020). Bei der Bewertung ist zu bedenken, dass Rindfleisch in der Regel nicht aus Tieren gewonnen wird, die jünger als ein Jahr sind; diese werden als Kalbfleisch vermarktet. Von daher stehen die Befunde im Rindfleisch nicht unmittelbar mit den Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof im Zusammenhang. Das Vorkommen von Salmonellen in Rindfleisch, die besondere Resistenzeigenschaften zeigen oder häufig mit Infektionen des Menschen in Verbindung stehen, unterstreicht jedoch das mögliche Infektionsrisiko des Menschen, insbesondere wenn Rindfleisch roh verzehrt wird.

In rohem, unverarbeitetem Importfisch (*Tilapia* und *Pangasius*) wurden in einem Prozent der untersuchten Proben Salmonellen nachgewiesen. Alle vier eingesandten Isolate gehörten zu Serovaren, die nur sehr selten beim Menschen nachgewiesen werden. Im Mittel der Jahre 2010 bis 2019 wurden *S. Bareilly* 23-mal, *S. Braenderup* 48-mal und *S. Potsdam* 4-mal pro Jahr beim Menschen nachgewiesen (SurvStat, aufgerufen am 01.07.2020). Die Quelle dieser Serovare in den Proben von importiertem Fisch ist aus den vorliegenden Daten nicht zu identifizieren. Der Nachweis unterstreicht aber, dass solche importierten Fische nicht roh verzehrt werden sollten.

Weder in tiefgefrorener Petersilie, noch in frischem Babyspinat wurden Salmonellen nachgewiesen. Da diese Lebensmittel häufig auch roh verzehrt werden, ist dies ein wichtiger Befund, auch wenn auf Grundlage des gewählten Stichprobenumfangs nicht sicher auszuschließen ist, dass in Einzelfällen diese Produkte auch Salmonellen enthalten können. In jedem Fall ist eine solche Kontamination selten. Es ist auch denkbar, dass die Erregerkonzentration in den Lebensmitteln so gering und/oder ungleichmäßig verteilt ist, dass die Menge von 25 g für einen zuverlässigen Nachweis nicht ausreicht (Van Doren et al. 2013; Ku et al. 2019).

In keinem der 101 Kottupfer aus Wildgeflügel wurden Salmonellen nachgewiesen. Dies überrascht insofern, als Wildvögel häufig als mögliche Träger von Salmonellen angesehen werden. Ob die insgesamt geringe Menge an Probenmaterial, die mit der Tupferentnahme verbunden ist, zu den negativen Befunden beigetragen haben kann, ist in weiteren gezielten Studien zu klären. In jedem Fall deuten die Ergebnisse darauf hin, dass die Belastung von Wildenten und Wildgänsen mit Salmo-

nellen in Deutschland eher niedrig ist. Ähnliche Ergebnisse wurden 2019 für den Osten Kanadas berichtet (Vogt et al. 2019) und 2017 auch in einem Review dargestellt (Elmberg et al. 2017).

Resistenzsituation bei *Salmonella* spp.

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

Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Salmonellen waren zu 39,3 % sensibel gegen alle Testsubstanzen. Dabei waren alle Isolate aus Alleinfuttermitteln für Schweine sensibel, obwohl sich darunter auch je ein Isolat von *S. Typhimurium* und seiner monophasischen Variante befand, die üblicherweise hohe Resistenzraten aufweisen (EFSA und ECDC 2020).

Lediglich aus der Lebensmittelkette Schwein lagen aus den Beständen, den Blinddarmproben und den Schlachtkörpern mehr als zehn Isolate vor. Aus Schweinefleisch, einschließlich Hackfleisch waren es zwölf Isolate, von denen zwei aus ökologischer Produktion stammten. Ein valider Vergleich der Resistenz der Salmonellen aus den unterschiedlichen Herkünften aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch war daher nicht möglich.

Die Isolate aus der Schweinefleischkette waren vor allem resistent gegen Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol. Allerdings waren die hier festgestellten Resistenzraten (zwischen 45 % und 53 %) deutlich niedriger als in 2017, als sie zwischen 70 % und 85 % lagen. Dies erklärt sich nicht zuletzt durch den deutlich höheren Anteil des weniger häufig resistenten Serovars *S. Derby* im Verhältnis zu dem häufig mehrfachresistenten *S. Typhimurium*.

Keines der untersuchten Isolate wies eine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation (Cefotaxim und Ceftazidim) oder gegen das Carbapenem Meropenem auf. Resistenzen gegen Fluorchinolone lagen bei 2,9 %, was ebenfalls niedriger war als 2017, als es 6,1 % waren. Gegen Colistin waren drei Isolate resistent (4,3 %), nur geringfügig weniger als 2017 (6,1 %).

Die insgesamt sieben Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof sowie aus Rindfleisch waren ebenfalls am häufigsten gegen Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol resistent. Auch bei den Isolaten von Rindern und Rindfleisch wurden Resistenzen gegen Fluorchinolone (ein Isolat, 14,3 %) und Colistin (drei Isolate, 42,9 %) nachgewiesen. Das Fluorchinolon-

resistente Isolat aus Rindfleisch gehörte zum Serovar S. Kentucky, das in den letzten Jahren durch eine Fluorchinolonresistenz mit einer sehr hohen minimalen Hemmkonzentration aufgefallen ist (Le Hello et al. 2011).

Die Isolate aus importiertem rohem Fisch waren durchweg resistent gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin. Dies entspricht auch dem hohen Anteil fluorochinolon-resistenter *E. coli* aus diesen Proben (s. u.). Aufgrund der hohen medizinischen Bedeutung der Fluorchinolone unterstreicht dieser Befund die Notwendigkeit, solchen importierten Fisch nicht roh zu verzehren und im Umgang damit die Regeln der Küchenhygiene sorgfältig zu beachten.

***Campylobacter* spp.**

Campylobacter spp. wurden, wie in den vergangenen Jahren auch, 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 2019 mit 23,1 % höher als in der Grundlagenstudie der EU im Jahre 2008, in der dieser Wert bei 15,7 % lag (BfR 2009b) und in der Untersuchung 2013, als 19,4 % der Proben über 10^3 KbE/g aufwiesen (BVL 2015). Gegenüber den Erhebungen im Zoonosen-Monitoring in 2016, 2017 und 2018, als entsprechend 24,1 %, 22,7 % und 22,9 % der Proben diesen Wert aufwiesen, ist keine Verbesserung der Situation zu beobachten. Das Prozesshygienekriterium limitiert das Überschreiten des Grenzwertes von 10^3 KbE/g in maximal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof. Ab 2020 dürfen nur noch 30 % und ab 2025 nur noch 20 % der Proben oberhalb von 10^3 KbE/g liegen.

Auch in diesem Jahr war der Anteil hoch kontaminierter Proben nicht gleichmäßig zwischen den Schlachtbetrieben verteilt. Betrachtet man die Betriebe, aus denen mindestens zehn Proben untersucht wurden, so schwankte der Anteil von Proben, die über 1000 KbE/g enthielten, zwischen 0 % und 69,2 %. Diese Variabilität könnte möglicherweise andeuten, dass es in den Schlachthöfen unterschiedlich gut gelingt, die Kontamination der Schlachtkörper mit *Campylobacter* spp. zu verhindern, und/oder dass die geschlachteten Hühner einen unterschiedlichen Besiedlungsstatus mit dem Keim aufwiesen. Um hier eine gesicherte Aussage zu machen, müssten die Probenmenge und die Anzahl unterschiedlicher Probenahmezeitpunkte pro Schlachthof erhöht wer-

den. Dazu müssten die Proben möglichst innerhalb der Sommermonate (mit hoher Prävalenz von *Campylobacter* spp. in den Hühnerbeständen) gleichmäßig und mehrfach pro Schlachthof gezogen werden. Mithilfe derartiger Daten wäre es möglich, die Qualität des Schlachtprozesses in einzelnen Schlachthöfen miteinander zu vergleichen und geeignete Schlachtbedingungen zu identifizieren, mit denen der Kontaminationsgrad von *Campylobacter* auf dem Masthähnchenschlachtkörper begrenzt werden kann.

Im Rahmen der Zoonosen-Berichterstattung wurden 2019 auch erstmals die Ergebnisse der Eigenkontrollen der Lebensmittelunternehmer nach VO (EG) Nr. 2073/2005 erhoben. Das Ergebnis dieser Erhebung war, dass nur 7 % Schlachtkörper Keimzahlen von über 1000 KbE/g aufwiesen. Die Ursachen der Diskrepanz dieses Wertes von den Ergebnissen der Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in den letzten Jahren sind nicht bekannt. Weitere Datenanalysen sind nicht möglich, weil die Ergebnisse der Lebensmittelunternehmer nur auf Landesebene aggregiert vorliegen. Aus Sicht der Risikobewertung wäre es hilfreich, die Ergebnisse der Eigenkontrollen in den Betrieben unmittelbar mit denen der amtlichen Untersuchungen vergleichen zu können.

Auf Hähnchenfleisch wurden wiederum häufig qualitativ *Campylobacter* spp. nachgewiesen (46,4 %), auch wenn die Keimzahlen hier – wie in den Vorjahren – deutlich niedriger waren. Nur in 14 von 434 Proben (3,3 %) wurden *Campylobacter* spp. mit Keimzahlen > 10 KbE/g nachgewiesen. Keimzahlen > 1000 KbE/g wurden nicht nachgewiesen. Masthähnchen und Hähnchenfleisch werden in Source-attribution-Modellen als die häufigste Quelle von *Campylobacteriosen* des Menschen eingeschätzt (Kittl et al. 2013, Rosner et al. 2017).

In den Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern sowie von Mastschweinen am Schlachthof wurden wie in den Vorjahren häufig *Campylobacter* spp. nachgewiesen (49,4 % bzw. 67,3 %). Im Gegensatz zur Situation beim Geflügel werden diese jedoch selten auf den Schlachtkörper übertragen, sodass die Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher über das Fleisch dieser Tierarten eher gering ist. Während in den Proben von Rindern meist *C. jejuni* nachgewiesen wurde, handelte es sich bei den *Campylobacter*-Isolaten von Mastschweinen am Schlachthof fast ausschließlich um *C. coli*. Dies entspricht den Ergebnissen vergangener Jahre (BVL 2016b, 2018). Rindfleisch wurde in den vergangenen Jahren in Europa trotzdem wiederholt mit *Campylobacter*-Ausbrüchen in Verbindung gebracht (EFSA und ECDC 2019a). Rinder wurden im Rahmen von Source-attribution-Modellen als die

nach Hühnern häufigste Quelle von *Campylobacter*-infektionen eingeschätzt (Kittl et al. 2013, Rosner et al. 2017).

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

In Tankmilchproben aus Milchviehbetrieben wurden ebenfalls *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Dies bestätigen Befunde aus Programmen in der Vergangenheit. Der Anteil positiver Proben lag mit 2,5 % etwas über den Werten der Untersuchungen in den Jahren 2009, 2010 und 2014 (0,9 % bis 2,2 %). Rohmilch wird immer wieder mit Ausbrüchen humaner *Campylobacter*-infektion in Verbindung gebracht. Diese Ausbrüche gehörten 2017 und 2018 zu den häufigsten, die im bundesweiten Erfassungssystem für Lebensmittel, die an Krankheitsausbrüchen beteiligt sind (BELA), registriert wurden.

Sie wurden auch in anderen europäischen Staaten häufig festgestellt.

Im Jahr 2019 waren diese Ausbrüche in Deutschland seltener als in den Jahren zuvor, allerdings bleibt abzuwarten, ob dies ein Trend ist oder nur eine normale jährliche Schwankung darstellt. Da die Nachweise nicht seltener waren als in der Vergangenheit, ist der Rückgang der Krankheitsausbrüche vermutlich nicht durch eine Veränderung der Kontaminationsrate von Tankmilch zu erklären.

Alle Proben von Wildgeflügel waren negativ für *Campylobacter* spp. Da *Campylobacter* spp. für Geflügel ein kommensaler Keim ist, ist dieser Befund zunächst überraschend. Eine mögliche Erklärung ist, dass die Probenahmetechnik möglicherweise dem Überleben von *Campylobacter* spp. in der Probe z. B. durch Austrocknung abträglich war. In Skandinavien wurden wiederholt *Campylobacter* spp. bei Wildgänsen nachgewiesen (Elmberg et al. 2017). Die Untersuchung von Kottupfern wurde für das Zoonosen-Monitoring gewählt, um eine standardisierte Probenahme zu ermöglichen. Möglicherweise führte dies aber zu einer eingeschränkten Sensitivität der Untersuchung auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp.

Untersuchungen in Hähnchenbeständen mit Sockentupferproben führten in der Vergangenheit auch nur zu geringen Nachweisraten bei *Campylobacter*, obwohl in den Blinddarmproben am Schlachthof im selben Jahr häufig *Campylobacter* gefunden wurden.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings bestätigen die hohe Belastung der Hähnchenfleischkette mit *Campylobacter* und die damit einhergehende starke Exposition von Verbraucherinnen und Verbrauchern gegenüber Hähnchenfleisch. Auch die mögliche Exposition über den Verzehr von Rohmilch wurde in diesem Jahr wieder bestätigt.

Resistenzsituation bei *Campylobacter* spp.

Im Zoonosen-Monitoring 2019 wurden *Campylobacter* spp. aus Hähnchenfleisch nicht auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet, da der Fokus der Resistenztestung gemäß den Vorgaben des Durchführungsbeschlusses der Kommission 2013/652/EU auf den Lebensmittelketten vom Schwein und vom Rind lag.

Isolate aus Blinddarmproben vom Schwein waren bis auf fünf Isolate durchweg *C. coli*. Sie wiesen, wie in den vergangenen Jahren, hohe Resistenzraten gegenüber Tetracyclin und Streptomycin auf, die auch, trotz des verringerten Antibiotikaeinsatzes in diesem Bereich, weitgehend den Ergebnissen der Jahre 2015 und 2017 entsprachen. Die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin war mit 55,4 % höher als 2015 (42,8 %), nicht aber als 2017 (53,8 %). Die Resistenz gegenüber Erythromycin war hingegen mit 6,9 % etwas seltener als 2017 (12,6 %) und 2015 (10,7 %). Die Verringerung dieser Rate ist insofern bedeutsam, als dass die Makrolide von der WHO als „highest priority critically important antimicrobials“ eingestuft werden, gerade wegen ihrer Bedeutung für die Behandlung der *Campylobacter*-infektion des Menschen (WHO 2019).

Die Isolate aus Mastkälbern und Jungrindern gehörten beiden Spezies an, wobei *C. coli* wiederum häufiger resistent war als *C. jejuni*. Dies galt numerisch für alle Substanzen. Die Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin (80,4 %), Erythromycin (19,6 %) und Tetracyclin (93,5 %) bei *C. coli* waren auch höher als die korrespondierenden Resistenzraten bei *C. coli* von Schweinen. Für Tetracyclin und die Fluorchinolone bestätigt das die Ergebnisse aus dem Jahr 2015, in dem allerdings die Resistenzraten für Tetracyclin etwas niedriger waren als 2019 (85,2 % vs. 93,5 %), gegenüber Ciprofloxacin aber etwas höher (87,0 % vs. 80,4 %). Gegenüber Erythro-

mycin gab es 2015 keinen Unterschied zwischen *C. coli* von Schweinen und Mastkälbern/Jungrindern.

Von *C. jejuni* aus Tankmilch wurden nur acht Isolate untersucht, sodass ein Vergleich der Resistenzraten mit anderen Herkünften oder Untersuchungen vergangener Jahre nicht valide möglich ist.

Insgesamt zeigen die Resistenzraten der *Campylobacter*-Isolate im Vergleich zu den Vorjahren eine heterogene Entwicklung. *Campylobacter* von Tieren sind eine häufige Quelle lebensmittelbedingter Erkrankungen beim Menschen (Rosner et al. 2017). Ein Vergleich der Resistenzraten auf europäischer Ebene zeigte, dass die bei den Isolaten von Tieren festgestellten Resistenzraten auf nationaler Ebene mit denen des Menschen korrelieren (ECDC et al. 2017).

Gegenüber Gentamicin wurden nur ganz vereinzelt Resistenzen beobachtet (je ein Isolat von *C. coli* aus Mastkälbern/Jungrindern und aus Schweinen). Resistenzen gegenüber Gentamicin wurden bei Isolaten von Schwein 2015 und 2017 nicht beobachtet, bei den Isolaten von Kälbern gab es 2015 ebenfalls ein resistentes Isolat.

Listeria monocytogenes

Auf *Listeria (L.) monocytogenes* wurden im Zoonosen-Monitoring 2019 Tankmilch aus Milchviehbetrieben, unverarbeiteter Importfisch (Tilapia und Pangasius) sowie tiefgefrorene Petersilie untersucht.

Die Nachweisrate in Tankmilch lag mit 3,0 % leicht unter der Nachweisrate vergangener Untersuchungen (2010: 4,6 %, 2014: 3,5 %). Quantitative Untersuchungen wurden nicht durchgeführt. Die Ergebnisse bestätigen, dass *L. monocytogenes* über die Rohmilch in milchverarbeitende Betriebe eingetragen werden kann. Wird die Milch wärmebehandelt, wird der Erreger darin wirksam abgetötet. Im Falle der Weiterverarbeitung zu Rohmilchprodukten kann es jedoch zur Verschleppung und ggf. auch Anreicherung von *L. monocytogenes* in verzehrfertigen Rohmilchprodukten kommen. Darüber hinaus kann der Erreger über kontaminierte Rohmilch in die Produktionsumgebungen der milchverarbeitenden Betriebe gelangen und hier bei Vorhandensein entsprechender Nischen mitunter jahrelang persistieren und zu Rekontaminationen auch von bereits wärmebehandelten Zwischen- und Endprodukten führen. *L. monocytogenes* wird regelmäßig in verzehrfertigen Produkten aus Rohmilch und wärmebehandelter Milch nachgewiesen (BVL 2013, EFSA und ECDC 2017b) und mit *L. monocytogenes* kontaminierte Milchprodukte waren in 2002 bis 2015 am häufigsten

Gegenstand von RASFF-Schnellwarnmeldungen, von denen Deutschland betroffen war (Lüth et al. 2019). Die im Zoonosen-Monitoring erhobenen Ergebnisse zu molekularen Serotypen von *L. monocytogenes* lassen keine Rückschlüsse darauf zu, ob die in der Rohmilch gefundenen *L.-monocytogenes*-Stämme mit denen aus den verzehrfertigen Milchprodukten übereinstimmen und somit eine tatsächliche Verschleppung anzeigen. Zur Überprüfung dieser These bedarf es hochauflösender Typisierungsmethoden wie z. B. der Gesamtgenomsequenzierung. Dass mit *L. monocytogenes* kontaminierte verzehrfertige Milchprodukte Humanerkrankungen auslösen, belegen verschiedene Studien (Schmid et al. 2014, Jackson et al. 2018).

Auch in Petersilie wurden vereinzelt *L. monocytogenes* nachgewiesen (1,3 %), jedoch konnten mit dem quantitativen Verfahren in keiner Probe Keimzahlen bestimmt werden, sodass davon auszugehen ist, dass die Belastung der tiefgefrorenen Petersilie sehr niedrig ist. Dies entspricht auch den geringen Keimzahlen auf pflanzlichen Lebensmitteln aus den vergangenen Jahren (BVL 2018). Dennoch kann es bei Verwendung von mit *L. monocytogenes* kontaminierter, tiefgefrorener Petersilie als Zutat für andere Speisen, die nach der Zubereitung nicht noch einmal einer keimabtötenden Behandlung unterzogen werden und bis zum Verzehr nicht gekühlt werden, zur Anreicherung des Erregers kommen. Deshalb sollte bei der Zubereitung solcher Speisen für Personengruppen, welche ein erhöhtes Risiko für Listerioseerkrankungen tragen, auf die Verwendung tiefgekühlter Petersilie verzichtet werden.

L. monocytogenes wurde häufig in unverarbeitetem Importfisch (Tilapia und Pangasius) nachgewiesen (33,1 %). Wie bereits für die Tankmilch ausgeführt, kann auch hier ein Eintrag in die verarbeitenden Betriebe und somit in verzehrfertige Produkte erfolgen. Zusätzlich besteht die Gefahr, dass durch direktes Handling von Rohfisch in Küchenumgebungen dort weitere Lebensmittel kreuzkontaminiert werden können. In Verkehr gebrachte verzehrfertige Fischprodukte wie z. B. geräucherter Fisch müssen regelmäßig aufgrund von Kontaminationen mit *L. monocytogenes* vom Markt zurückgenommen werden (Lüth et al. 2019). Ausbruchsuntersuchungen der letzten Jahre, bei denen verstärkt die Gesamtgenomsequenzierung als effektive Typisierungsmethode zum Einsatz kam, zeigen, dass verzehrfertige Fischprodukte Ursache für humane Listerioseerkrankungen sein können (EFSA und ECDC 2018b, 2019b). Aufgrund dessen kommt der Verhinderung des Eintrags von *L. monocytogenes* in fischverarbeitende Betriebe, z. B. durch Rohfisch, eine besondere Bedeutung zu.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Im Zoonosen-Monitoring 2019 wurde die Mehrheit der STEC aus Blinddarmproben von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof nachgewiesen. Dies bestätigt die Ergebnisse im Zoonosen-Monitoring 2009 (13,5 %), 2012 (24,0 %) und 2015 (25,9 %) (BVL 2010, 2014, 2016b). 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). Vergleiche der hier nachgewiesenen Isolate mit Isolaten aus der Humanmedizin werden dadurch eingeschränkt, dass einige Isolate mit den gängigen Methoden nicht typisiert werden können („Ont“ in 2019 bei 18 Isolaten) und dass in der Humanmedizin häufig der Erreger auch gar nicht isoliert wird, sondern nur das *stx*-Gen oder das Shiga-Toxin nachgewiesen wird (RKI 2019b).

Einige der im Blinddarminhalt nachgewiesenen STEC-Typen (O-Gruppen, O8, O103, O113 und O157) gehören auch beim Menschen zu den häufigsten Erregertypen von EHEC-Erkrankungen (RKI 2019b). Dies wird durch den häufigen zusätzlichen Nachweis des *eae*-Gens in den Isolaten (25,1 % aller Isolate aus dieser Herkunft) unterstrichen. Einige andere beim Menschen häufige Serogruppen wurden jedoch im Zoonosen-Monitoring 2019 nicht nachgewiesen (O26, O91, O128, O145, O146). Einige dieser Serogruppen waren in der Vergangenheit auch bei Mastkälbern nachgewiesen worden (O146, O145, O91) (BVL 2011, 2014, 2016b).

Der Anteil *eae*-positiver STEC-Isolate war bei den Isolaten aus Rindfleisch deutlich geringer, was den Ergebnissen aus dem Jahr 2015 entspricht, als keines der Rindfleisch-Isolate *eae*-positiv war (BVL 2016b). Von den beim Menschen im Jahr 2018 häufigen Serogruppen war lediglich die Gruppe O91 im Rindfleisch vertreten. Die anderen Isolate gehörten zu keiner der beim Menschen besonders häufigen O-Gruppen.

Auch in Tankmilch aus Milchviehbetrieben wurden 2019 wieder STEC nachgewiesen, wobei die Isolate besonders häufig (41,7 %) zusätzlich das *eae*-Gen aufwiesen und auch eine beim Menschen 2018 häufige O-Gruppe (O103) mit dem *eae*-Gen zweimal unter den Isolaten zu finden war. Der Verzehr von Rohmilch wurde in der Vergangenheit häufiger mit lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen in Verbindung gebracht (EFSA und ECDC 2019a). Allerdings wurden solche Fälle im Rahmen des BELA-Systems im Jahr 2019 im Gegensatz zu 2018 nicht berichtet (BVL und RKI 2019).

Isolate aus Hackfleisch vom Schwein (N = 24) wiesen in keinem Fall das *eae*-Gen auf, obwohl mit der O-Gruppe 91 auch hier eine beim Menschen häufige

Serogruppe nachgewiesen wurde. STEC wurden auch 2009, wenn auch seltener (0,8 %) im Rahmen des Zoonosen-Monitorings im Schweinehackfleisch nachgewiesen (BVL 2010). Trotz des regelmäßigen Nachweises von STEC in Schweinehack gilt dieses nicht als wesentliche Quelle für EHEC-Erkrankungen des Menschen. Aufgrund des in Deutschland häufigen Rohverzehrs von Hackfleisch vom Schwein ist jedoch davon auszugehen, dass eine Infektion durch Schweinehack grundsätzlich möglich ist.

Der vereinzelte Nachweis von STEC in pflanzlichen Lebensmitteln ist insofern für den gesundheitlichen Verbraucherschutz bedeutsam, als pflanzliche Lebensmittel teilweise roh oder unzureichend erhitzt verzehrt werden. Dies trifft sowohl für tiefgefrorene Petersilie als auch für Babyspinat zu. Außerdem werden pflanzliche Lebensmittel immer wieder als Vehikel für lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche mit STEC und HUS identifiziert (EFSA und ECDC 2019a). Von besonderer Bedeutung ist daher, dass eines der beiden typisierten Isolate von Babyspinat vom Serotyp O157:H7 und *eae*-positiv war. Dies unterstreicht, dass pflanzliche Lebensmittel immer als Quelle für lebensmittelbedingte EHEC-Erkrankungen in Betracht gezogen werden müssen.

Erfahrungen bei dem großen mit Sprossen assoziierten EHEC-Krankheitsausbruch weisen darauf hin, dass geringe Nachweisraten von STEC in einem Lebensmittel keine Gewähr dafür bieten, dass von diesem Lebensmittel keine Infektionen mit STEC beim Menschen ausgehen können. Ähnliche Vermutungen wurden auch für die Untersuchung von anderen trockenen pflanzlichen Lebensmitteln wie Mehl auf STEC publiziert (Made et al. 2017, Gill et al. 2019).

Im Kot von wildlebendem Wassergeflügel wurden STEC nicht nachgewiesen. Das bedeutet, dass diese Erreger im Kot von Wassergeflügel zumindest nicht häufig sind. Auch beim Hausgeflügel wurden in der Vergangenheit STEC selten oder nicht nachgewiesen und in Geflügelfleisch waren STEC selten oder wurden nicht nachgewiesen (Xia et al. 2010, Hartung et al. 2018). Allerdings wird aus diesem Grund Geflügelfleisch auch selten auf STEC untersucht.

Resistenzsituation bei STEC

Die Resistenzraten bei STEC aus Tankmilch und Rindfleisch unterschieden sich nicht grundlegend von denen bei den ebenfalls untersuchten kommensalen *E. coli*. Bei den Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof waren die Resistenzraten höher als bei den kommensalen *E. coli*. Dies galt insbesondere für Sulfamethoxazol und Tetracyclin. Der

Grund für diesen Unterschied ist nicht klar. Es ist naheliegend, dass die STEC als selektierte Subpopulation sich punktuell anders verhalten als die zufällig ausgewählten *E.-coli*-Isolate. Gemeinsam ist den STEC und den anderen *E. coli* von Mastkälbern und Jung-rindern aber, dass sie deutlich häufiger resistent sind als die Isolate aus Tankmilch und Rindfleisch.

Aus Hackfleisch vom Schwein wurden bei den STEC ähnliche Resistenzraten nachgewiesen wie bei den *E. coli* aus konventionellem Schweinefleisch. Da durch den Produktionsprozess des Hackfleischs die Resistenz der Bakterien vermutlich nicht beeinflusst wird, stimmt dies mit den Erwartungen überein.

Insgesamt wird der Resistenzsituation bei STEC eine geringere Bedeutung für den gesundheitlichen Verbraucherschutz beigemessen, weil STEC-Infektionen des Menschen in der Regel nicht antibiotisch behandelt werden.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 97,5 % als MRSA bestätigt. In der Bewertung der Prävalenzergebnisse wird daher wie im Ergebnisteil auf MRSA referenziert, obwohl sich die gemeldeten Prävalenzen auf das Vorkommen MRSA-verdächtiger Isolate beziehen.

Die bestätigten und typisierten Isolate stammten überwiegend aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch sowie aus unverarbeitetem importiertem Fisch aus Aquakultur. Daneben wurden auch Isolate aus Tankmilchproben von Milchviehbetrieben an das NRL eingesandt.

In Mastschweinebeständen wurden MRSA ähnlich häufig nachgewiesen wie in 2017 (35,7 % vs. 38,1 %; BVL 2018). Dies zeigt, dass MRSA in Mastschweinebeständen immer noch weitverbreitet sind. Daten aus dem Jahr 2015 legen nahe, dass MRSA auch regelmäßig aus den Ferkelerzeugerbetrieben in die Mastbestände eingetragen werden (BVL 2016b). Die Bedeutung des Tierhandels für das Vorkommen von MRSA ist wiederholt betont worden (EFSA 2010b, Fromm et al. 2014). In einer Querschnittsstudie im Jahr 2008 war noch etwa die Hälfte der Mastbestände positiv getestet worden (Alt et al. 2011). Ob der Rückgang gegenüber 2008/2009 auf die geänderte Probenahme (Sockentupfer statt Staubproben) zurückzuführen ist oder einen tatsächlichen Rückgang darstellt, ist nicht sicher einzuschätzen. Ein Rückgang aufgrund des deutlich verminderten Antibiotikaeinsatzes in der Schweinemast wäre denkbar, obwohl der Antibiotikaeinsatz nur einer von vielen Faktoren ist, der das Vorkommen von MRSA bei Mastschweinen beeinflusst (Fromm et al. 2014).

Auch unter den untersuchten Schlachtkörpern war der Anteil MRSA-positiver Schweineschlachtkörper gegenüber früheren Untersuchungen in 2015 unverändert (BVL 2016b).

Die 2019 eingesandten Isolate aus Mastschweinebeständen und Schlachtkörpern von Mastschweinen gehörten überwiegend *spa*-Typen an, die dem nutztierassoziierten klonalen Komplex (CC) 398 zuzuordnen waren, was den Ergebnissen vergangener Jahre entspricht (Alt et al. 2011, BVL 2016b, 2018). Die wenigen Isolate anderer *spa*-Typen waren ausschließlich dem *spa*-Typ t1430 zuzuordnen, der wiederum dem CC9 zugeordnet wird. Isolate dieses *spa*-Typs wurden bisher überwiegend bei Geflügel nachgewiesen, wo sie zu den hohen Kontaminationsraten der Schlachtkörper und des Fleisches beitragen (Vossenkühl et al. 2014, BVL 2019a, Pauly et al. 2019). Ob der Nachweis von MRSA dieses *spa*-Typs auf Schweineschlachtkörpern und bei Mastschweinen im Bestand (hier stellten sie drei der sieben non-CC398-Isolate) auf eine Übertragung dieser Typen vom Geflügel auf Schweine zurückgeht, muss in weiteren molekularen Untersuchungen geprüft werden.

Generell wurden in 2019 alle *spa*-Typen, die auf Schweineschlachtkörpern gefunden wurden, auch in Schweinebeständen nachgewiesen, was der Aussage entspricht, dass die meisten Isolate auf Schlachtkörpern aus der Primärproduktion stammen (Vossenkühl et al. 2014). Darüber hinaus wurden in den Schweinebeständen noch andere *spa*-Typen gefunden, die nicht auf Schlachtkörpern nachgewiesen wurden. Da die betrachteten Schlachtchargen von den untersuchten Erzeugerbetrieben unabhängig waren, war eine solche Differenz zu erwarten.

Die MRSA-Isolate aus Tankmilch gehörten alle dem CC398 an. Dies entspricht den Ergebnissen vorheriger Untersuchungen von Tankmilch beim Milchrind, die 2009, 2010 und 2014 durchgeführt wurden (BVL 2010, 2012, Tenhagen et al. 2014, BVL 2016a). Nur 2014 war ein Isolat aus Tankmilch von ökologisch wirtschaftenden Betrieben nicht dem CC398 zuzuordnen (BVL 2016a, Tenhagen et al. 2018). Die Prävalenz von MRSA in Tankmilchproben war 2019 numerisch geringer als in den untersuchten konventionellen Betrieben 2014. MRSA ist beim Milchrind nicht nur als zoonotisch übertragbares resistentes Bakterium relevant, sondern auch als Mastitiserreger (Schnitt und Tenhagen 2019). Untersuchungen in betroffenen Milchviehbetrieben zeigten, dass der Erreger nicht nur bei den Milchkühen, sondern vor allem auch bei Kälbern und Jungrindern festzustellen ist, sodass etwaige Kontrollmaßnahmen diese Tiergruppen mit einbeziehen müssen.

Ob MRSA über Rohmilchverzehr auf den Menschen übertragen werden können, ist nicht geklärt. Die häufige Besiedlung von Milchkälbern in den Betrieben deutet darauf hin, dass dies möglich ist. Allerdings waren die Keimzahlen in Tankmilchproben sehr gering, sodass die Keimkonzentration vermutlich nicht ausreicht, beim Rohverzehr von Milch eine Besiedlung des Menschen mit MRSA auszulösen. Der Nachweis von MRSA auch bei anderen Tieren in Milchviehbetrieben deutet allerdings auf eine erhebliche Exposition der Beschäftigten in solchen Betrieben hin (Schnitt et al. 2019).

Die in importiertem unverarbeitetem Fisch aus Aquakultur nachgewiesenen MRSA unterschieden sich grundlegend von den ansonsten in Lebensmittelketten nachgewiesenen MRSA. Mehr als die Hälfte der Isolate war nicht dem CC398 zuzuordnen, sondern anderen klonalen Komplexen. Interessanterweise wurden aber dennoch relativ wenige unterschiedliche *spa*-Typen gefunden.

MRSA wurden bereits 2010 bei Tilapia aus Malaysia nachgewiesen (Atyah et al. 2010). Auch auf rohem Fisch in Japan wurden MRSA nachgewiesen, allerdings wurden diese nicht so weitgehend typisiert (Hammad et al. 2012). MRSA offenkundig humanen Ursprungs wurden zudem in Fisch aus südafrikanischen Aquakulturen nachgewiesen, wobei diese Isolate sich deutlich von den im Zoonosen-Monitoring nachgewiesenen unterschieden (Fri et al. 2020). Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten Proben stammten überwiegend aus Vietnam (338/419), mit 118 der 121 MRSA-positiven Proben. Nur insgesamt zwei der MRSA-Isolate stammten nicht aus vietnamesischen Proben, bei einer Probe war kein Herkunftsland angegeben. Von den MRSA-positiven vietnamesischen Fischproben stammten nur zwei von der Gattung Tilapia.

Innerhalb der MRSA-Isolate aus Fisch war der häufigste *spa*-Typ t189. Dieser ist dem MLST-Typen ST188 zuzuordnen. Er wird überwiegend bei Menschen in Asien nachgewiesen (Ghaznavi-Rad et al. 2010, Yu et al. 2012) und wurde ansonsten vereinzelt bei Makaken in Forschungslabors gefunden, wo er zwischen Menschen, Tieren und der Umgebung übertragen wurde (Soge et al. 2016). Eine Übertragung dieser Bakterien aus dem ostasiatischen Raum nach Europa über Lebensmittel erscheint denkbar. Wie und an welcher Stelle dieser Erreger in die Lebensmittel gelangt ist, ist aus den Ergebnissen des Monitorings allein nicht abzuleiten. Der bei den MRSA aus Fischproben ebenfalls häufige *spa*-typ t2174 wird dem klonalen Komplex CC97 zugeordnet. CC97-assoziierte MRSA wurden insbesondere in Italien bei Nutztieren nachgewiesen (Feltrin et al. 2016), vor allem bei Rindern (Ikawaty et al. 2009). Der *spa*-Typ t127, der zum ST1 gezählt wird,

wurde in der Vergangenheit bereits mehrfach im Zoonosen-Monitoring nachgewiesen. Dabei handelte es sich überwiegend um Isolate aus Fleisch unterschiedlicher Tierarten (BVL 2016b, 2017, 2018, 2019a).

Insgesamt zeigen die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings, dass MRSA in den untersuchten Lebensmittelketten (weiterhin) häufig auftreten und dass insbesondere über importierte Lebensmittel neue Typen von MRSA in die Lebensmittelkette und damit potenziell auch in die menschliche Population eingetragen werden können. Allerdings ist bisher davon auszugehen, dass MRSA sich eher nicht über den Verzehr kontaminierter Lebensmittel verbreiten, weil die nachgewiesenen Keimkonzentrationen eher gering sind (Pauly et al. 2019) und experimentelle Infektionsversuche bei Schweinen zeigten, dass für die eher häufige nasale Besiedlung 10^4 Keime oder mehr erforderlich sind (Szabo et al. 2012). Bei den Fischproben wiesen häufig mehrere Proben aus unterschiedlichen Bundesländern ähnliche bis identische Chargenbezeichnungen auf. Dies deutet darauf hin, dass einzelne Produktionschargen über den Handel über ganz Deutschland verbreitet werden und damit auch einen gewissen Einfluss auf das Ergebnis des Zoonosen-Monitorings haben können. Andererseits spiegelt dies auch die Expositionssituation der Verbraucherinnen und Verbraucher wider.

Resistenzsituation bei MRSA

MRSA sind definitionsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch und der Tankmilch waren darüber hinaus fast ausnahmslos resistent gegen Tetrazyklin (92,1 % bzw. 96,0 %), eine Eigenschaft, die für nutztierassoziierte MRSA (la-MRSA) häufig beschrieben wird (Argudin et al. 2011, Schroeter und Käsbohrer 2012, Tenhagen et al. 2014, Vossenkühl et al. 2014) und von einigen Autoren sogar als Marker für die Identifizierung von la-MRSA vorgeschlagen wird (McCarthy et al. 2012). Diese Eigenschaft unterscheidet sie auch von den in den Einrichtungen des Gesundheitswesens vorherrschenden MRSA, die nur zu einem geringen Prozentsatz (13,5 %) resistent gegen Tetrazyklin sind. Von den am Nationalen Referenzzentrum untersuchten gegen Tetrazyklin resistenten MRSA war dabei die Hälfte dem nutztierassoziierten klonalen Komplex 398 zuzuordnen (Layer et al. 2018).

Die im Zoonosen-Monitoring untersuchten MRSA wiesen gegen 5 der 19 untersuchten Substanzen keine oder nur vereinzelt (< 1 %) Resistenzen auf. Dabei handelt es sich um Antibiotika, die für die Behandlung von

Lebensmittel liefernden Tieren keine Zulassung haben (Vancomycin, Linezolid, Mupirocin, Fusidinsäure und Rifampin). Auch gegen Sulfamethoxazol waren fast alle MRSA-Isolate empfindlich (98,9 %). Dies überrascht insofern, als gegen diese Substanz viele kommensale *E. coli* aus den untersuchten Populationen resistent waren und Sulfonamide hinter den Penicillinen, Tetrazyklinen und Polypeptidantibiotika zu den mengenmäßig am meisten von pharmazeutischen Unternehmen und Großhändlern an Tierärztinnen und Tierärzte abgegebenen Antibiotika gehören. Der Einsatz von Chloramphenicol, gegen das nur 4,8 % der MRSA eine Resistenz aufwiesen, ist dagegen seit 1994 in der Nutztierhaltung verboten.

Die großen Unterschiede zwischen den Isolaten aus importiertem Fisch und den Isolaten aus den anderen Herkünften entsprechen den Differenzen hinsichtlich der identifizierten *spa*-Typen. Auch von anderen in der Literatur beschriebenen MRSA von Fischen aus Aquakultur unterschieden sich die Resistenzmuster der Isolate aus importiertem Fisch (Fri et al. 2020). Die Resistenzmuster der Isolate aus der Lebensmittelkette Schwein und der Tankmilch entsprachen hingegen weitgehend den Mustern, die in vorherigen Jahren festgestellt wurden (BVL 2016a, 2016b, 2018, Tenhagen et al. 2018).

***Clostridioides difficile* (syn. *Clostridium difficile*)**

Im Gegensatz zu den Vorjahren (BVL 2018, 2019a) wurden in 2019 keine *C. difficile* in Hackfleischproben vom Schwein nachgewiesen. Dies bestätigt die Befunde der vergangenen Jahre insofern, als dass die Erreger im Hackfleisch selten sind. Wie in den vergangenen Jahren war die Untersuchung den Ländern freigestellt, da sie aufwendig ist und die Etablierung der Methode bei nur wenigen zu untersuchenden Proben pro Land in einem ungünstigen Verhältnis zum Erkenntnisgewinn steht.

Yersinia enterocolitica

Auch in 2019 konnten wieder aus Fleisch vom Schwein Yersinien der Spezies *Y. enterocolitica* nachgewiesen werden. Dabei unterschied sich die Nachweishäufigkeit kaum zwischen konventionell erzeugtem Fleisch (2,7 %) und Fleisch aus ökologischer Produktion (1,7 %). Die Nachweishäufigkeit entsprach auch der von Hackfleisch vom Schwein aus dem Jahr 2018 (2,4 %).

Der Verzehr rohen Schweinefleischs geht daher mit dem Risiko einer Infektion des Menschen einher. Schweinefleisch wird in der Literatur als wesentliche Quelle von Yersinieninfektionen des Menschen angesehen (Fosse et al. 2008, Rosner et al. 2012).

Die meisten der 18 ans Konsiliarlabor für Yersinien gesandten Isolate von pathogenen *Y. enterocolitica* wiesen das Virulenzgen *ail* (13/18) und das Gen *virF* (11/18) 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 wichtiges Regulatorgen für andere Virulenzfaktoren wie *yadA* (*Yersinia*-Adhäsion) und *yop* (*Yersinia* outer membrane proteins), die wiederum eine Rolle für die Invasivität der Yersinien spielen (Bancerz-Kisiel et al. 2018). Wie im vergangenen Jahr ist davon auszugehen, dass in den untersuchten Schweinefleischproben sowohl pathogene als auch apathogene Stämme nachgewiesen wurden.

***Vibrio* spp.**

An dem Programm zu Vibrionen im Fisch beteiligten sich bis auf ein Land alle Länder. Dabei wurden in nur wenigen Proben Vibrionen nachgewiesen. Vibrionen kommen vor allem im Salzwasser vor. Bei den eingesandten Proben handelte es sich aber um Süßwasserfische aus Aquakultur, sodass nicht mit einem hohen Anteil positiver Proben zu rechnen war. Von den vier eingesandten Isolaten gehörten zwei der Spezies *V. cholerae* an, allerdings nicht den toxinbildenden Typen (non-O1, non-O139).

Die beiden anderen gehörten zur Spezies *V. metschnikovii*, einer Spezies, die nur in seltenen Fällen mit menschlichen Erkrankungen in Verbindung gebracht wird (Linde et al. 2004, Wallet et al. 2005).

Kommensale *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 wurden kommensale *E. coli* ausschließlich zum Zweck der Resistenztestung isoliert. Die 1.165 untersuchten Isolate stammten überwiegend aus den Lebensmittelketten vom Schwein (614) und vom Rind (405). Während die Isolate vom Schwein über die Herkünfte hinweg ein relativ einheitliches Resistenzmuster aufweisen, bestanden bei den Isolaten vom Rind deutliche Unterschiede zwischen den Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof einerseits und den Isolaten aus Tankmilchproben sowie solchen aus Rindfleisch. Wiederum ganz andere Resistenzmuster wurden bei den Isolaten von Wildgänsen und Wildenten sowie denen von importiertem Fisch aus Aquakultur nachgewiesen.

In der Lebensmittelkette Schweinefleisch waren die Isolate aus den Beständen von Mastschweinen (45,4 %)

und aus Blinddarmproben am Schlachthof (47,2 %) seltener gegen alle Substanzen empfindlich als die Isolate aus Schweinefleisch (konventionell 66 % und ökologisch 72 %). Zwischen den Schweinen im Bestand und denen am Schlachthof bestand hingegen kaum ein Unterschied. Dies bestätigt in der Tendenz die Ergebnisse aus den vergangenen Jahren, wobei der Unterschied zwischen den Tieren (ca. 49 %) und dem Fleisch der Tiere (63 %) 2017 nicht so deutlich war. Der nur geringe Unterschied zwischen konventionellem und ökologisch erzeugtem Fleisch stellt einen Unterschied zu den Daten aus Putenfleisch dar, das 2018 untersucht wurde und einen deutlichen Unterschied zwischen konventioneller und ökologischer Produktion zeigte (BVL 2019a).

Im Hinblick auf den Anteil der Isolate, die gegen drei oder mehr Substanzklassen resistent waren, ergab sich ein ähnliches Bild. Dieser Anteil war bei den Isolaten aus Fleisch tendenziell geringer (ökologisch 8,2 % und konventionell 14,6 %) als bei den Isolaten aus den Beständen (20,4 %) und denen aus Blinddarmproben am Schlachthof (24,3 %). Zwar wiesen bei 13 der 14 getesteten Substanzen die Isolate aus der ökologischen Produktion numerisch geringere (9 Substanzen) oder identische Resistenzraten (keine Resistenz gegen Tigecyklin, Meropenem, Colistin und Gentamicin) auf. Der Unterschied war aber bei keiner Substanz signifikant. Gegenüber Azithromycin war jeweils ein Isolat resistent, sodass der prozentuale Anteil bei den 61 Isolaten aus ökologischer Produktion etwas höher war als bei den 89 Isolaten aus konventioneller Produktion. Die Ursache für den fehlenden Unterschied zwischen der ökologischen und der konventionellen Produktion ist aus den vorhandenen Daten nicht zu identifizieren. Vergleichsdaten aus der Tierhaltung liegen für die ökologische Schweinehaltung nicht vor, weil für die Erstellung des Stichprobenplans für 2019 keine ausreichende Datengrundlage über die ökologisch wirtschaftenden Schweinebetriebe in den Ländern vorlag. Hier sollte dafür gesorgt werden, dass solche Untersuchungen in künftigen Jahren nachgeholt werden können, indem den Ländern die für die Stichprobenplanung erforderlichen Daten zur Verfügung stehen.

Im Vergleich zu den Untersuchungen im Jahr 2017 bestand kein signifikanter Unterschied hinsichtlich der Resistenz der Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch. Der Anteil sensibler Isolate war bei den Proben aus dem Bestand und vom Schlachthof etwas niedriger als 2017. Gegenüber 2015 war der Anteil sensibler Isolate am Schlachthof jedoch numerisch höher (47,2 % vs. 38,5 %). Beim Schweinefleisch wiesen die Isolate aus konventioneller Produktion höhere Anteil sensibler Isolate (66,3 %) auf als 2017 (63,6 %) und 2015 (50,0 %). Allerdings waren auch diese Unterschiede nicht signifikant.

Bei den Resistenzen gegenüber den besonders kritischen Antibiotika gab es im Vergleich zu den Vorjahren keine wesentlichen Veränderungen. Eine Resistenz gegen Colistin wurde 2019 im Gegensatz zu 2017 nicht beobachtet, allerdings war sie auch 2017 und 2015 sehr selten und wurde 2015 nur bei Läufer Schweinen häufiger (6 %) gefunden, die nach dem Absetzen häufig mit Colistin behandelt werden (Flor et al. 2019). Die Resistenzrate gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation lag 2017 bei 0 % bis 3 %, 2015 etwas höher (0 % bis 8 %) und 2019 bei 0 % bis 3,5 %. Die Resistenzraten gegenüber den (Fluor-)Chinolonen war gegenüber 2017 etwa gleich bei 0 % bis 7 %, aber tendenziell niedriger als 2015 (2 % bis 11,2 %).

Die deutlichen Unterschiede zwischen den Isolaten aus den unterschiedlichen Herkünften vom Rind fanden sich in allen Bereichen. Isolate von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof waren signifikant seltener sensibel gegen alle Testsubstanzen verglichen mit denen aus Tankmilch und vom Rindfleisch. Sie waren auch signifikant häufiger multiresistent (≥ 3 Resistenzen gegenüber unterschiedlichen Wirkstoffklassen). Die Unterschiede zeigten sich numerisch bei fast allen Substanzen. Eine Ausnahme stellten die Cephalosporine der 3. Generation dar. Hier war die Resistenz gegen Cefotaxim und/oder Ceftazidim signifikant häufiger bei Isolaten aus Tankmilch als bei Isolaten aus Rindfleisch oder aus Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof. Der häufige Nachweis dieser Resistenz bei Tankmilchproben vom Milchrind entspricht der Situation bei Mastitisisolaten von Milchrindern. Dies könnte mit dem häufigen Einsatz von Cephalosporinen bei Milchkühen zur Behandlung der Mastitis und anderer Erkrankungen im Zusammenhang stehen (Tenhagen et al. 2020).

Die Unterschiede zwischen Isolaten aus Tankmilch und von Kälbern und Jungrindern wurden bereits in früheren Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings festgestellt (BVL 2010, 2012). Nämliches gilt für die Unterschiede zwischen Mastkälbern und Jungrindern und Rindfleisch (BVL 2016b, 2018). Gegenüber vorherigen Untersuchungen war der Anteil sensibler Isolate (53,0 %) und multiresistenter Isolate (29,5 %) bei Kälbern und Jungrindern unverändert (BVL 2016b, 2018). Auch die Isolate aus dem Rindfleisch und der Tankmilch wiesen in dieser Hinsicht keine signifikanten Unterschiede zu den Vorjahren auf. Allerdings war die relativ hohe Resistenzrate der Isolate aus Tankmilch gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation 2014 nicht beobachtet worden.

Die Isolate aus importiertem Fisch aus Aquakultur waren zu 39,2 % sensibel gegen alle Testsubstanzen. Von den 60,8 % Isolaten mit mindestens einer Resis-

tenz waren fast alle resistent gegenüber Ciprofloxacin (58,8 %) und auch viele resistent gegenüber Nalidixinsäure (20,6 %). Gegen weitere Substanzen waren die Isolate selten resistent, auch gegen Ampicillin (4,1 %) und Tetrazyklin (3,1 %). Gegen die Cephalosporine der 3. Generation und gegen Colistin war je ein Isolat resistent. Diese Ergebnisse fallen zum einen durch die hohe Resistenzrate gegen Ciprofloxacin bei gleichzeitiger Empfindlichkeit gegen Nalidixinsäure auf. Diese Diskrepanz wird häufig dem übertragbaren Fluorchinolone-Resistenzgen *qnr* zugeschrieben. Weitere Analysen werden zeigen müssen, in welchem Umfang die Isolate dieses Gen trugen. Die relativ einheitlichen Resistenzmuster der Isolate weisen, wie auch die einheitlichen *spa*-Typen bei den MRSA aus dieser Herkunft auf die Möglichkeit hin, dass die Bakterien eine gemeinsame Quelle haben. Weitere molekularbiologische Analysen zur Verwandtschaft der Isolate sind erforderlich, um diesen Verdacht zu untermauern.

Die Ergebnisse bestätigen vergleichbare Untersuchungen aus Dänemark, die ebenfalls diese auffälligen Resistenzergebnisse zu Fluorchinolonen fanden (resistent gegen Ciprofloxacin und sensibel gegenüber Nalidixinsäure) (Ellis-Iversen and Korsgaard 2018).

Die eingesandten Isolate aus wildlebenden Enten und Gänsen wiesen insgesamt wenig Resistenzen auf. Dies bestätigt die Ergebnisse zu anderen Wildtierpopulationen aus dem Zoonosen-Monitoring 2016 und 2017 (BVL 2017, 2018). Es weist darauf hin, dass resistente Bakterien ohne direkte Exposition der Tierpopulation gegenüber Antibiotika in der Bakterienpopulation nicht im Vordergrund stehen. Andererseits waren aber sowohl Resistenzen gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation als auch gegenüber Colistin und den Fluorchinolonen in je einem Isolat festzustellen. Von daher ist das Risiko der Übertragung solcher Bakterien durch Wildvögel vorhanden, wenn es auch durch die geringen Resistenzraten begrenzt ist.

Im Zoonosen-Monitoring 2019 wurden erneut häufig ESBL-/AmpC-bildende *E. coli* in Blinddarminhalt von Mastschwein sowie von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof nachgewiesen. Der Anteil bestätigter Isolate von den eingesandten Isolaten war mit 97,7 % 2019 ähnlich hoch wie 2018, was auf eine ausreichende Spezifität der selektiven Nachweismethode hindeutet.

Der Anteil ESBL-/AmpC-positiver Proben ist gegenüber 2017 sowohl bei den Mastschweinen (49,1 % vs. 47,0 %) als auch bei den Mastkälbern und Jungrindern (70,8 % vs. 68,0 %) leicht angestiegen, sodass hier keinerlei Fortschritt zu verzeichnen ist, zumal die Werte 2017 auch numerisch über denen von 2015 lagen. Die Cephalosporin-resistenten Bakterien sind in den

beiden Populationen offenkundig weitverbreitet, auch wenn die Ergebnisse bei der Untersuchung der kommensalen *E. coli* zeigen, dass sie die *E. coli*-Population von Schweinen und Mastkälbern nicht dominieren.

Die Herkunft der ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei den Schweinen und den Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wird im Zoonosen-Monitoring nicht geprüft. Bei Kälbern ist bekannt, dass sie sehr häufig ESBL/AmpC-bildende *E. coli* beherbergen. In einer Studie in bayerischen Milchviehherden wies mehr als die Hälfte der Kotproben von Kälbern nach selektiver Anreicherung ESBL/AmpC-bildende *E. coli* auf (Schmid et al. 2013). Über 40 % (47,1 %) der klinischen *E. coli*-Isolate von Kälbern mit Durchfallerkrankungen waren im Jahr 2017 resistent gegen die Cephalosporine der 3. Generation. Dabei waren diese Isolate nicht gezielt mit selektiven Methoden gewonnen worden (BVL 2019b, Tenhagen et al. 2020). Bei den klinischen Isolaten von Schweinen liegen die Werte bei Mastschweinen (5,2 %), aber auch bei Ferkeln (7,2 %) und Läufer Schweinen (14,3 %), die ansonsten auch sehr hohe Resistenzraten gegen Antibiotika aufweisen, deutlich niedriger als bei den Kälbern (BVL 2019b). Von den in Mastschweinebeständen genommenen Proben waren etwas weniger positiv als 2017 (39,6 % vs. 45,6 %), allerdings waren die Unterschiede nicht signifikant.

Eine mögliche Erklärung für die im Vergleich zu den Mastschweinen signifikant höheren Nachweisraten bei Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wird in der Exposition von Kälbern gegenüber den Substanzen über die Vertränkung nicht vermarktungsfähiger Milch gesehen. Cephalosporine spielen insbesondere in der Therapie der Mastitis des Rindes eine bedeutende Rolle, werden aber auch z. B. zur Behandlung von Gliedmaßenkrankungen eingesetzt (Kreusikon 2011, Ricci et al. 2017). Diese mögliche Erklärung wird durch den relativ hohen Anteil Cephalosporin-resistenter *E. coli* in Tankmilch und den Anteil von 10,1 % ESBL-positiver Tankmilchproben unterstützt. Diese Ergebnisse zeigen, dass auch die vermarktungsfähige Milch ESBL/AmpC-bildende *E. coli* enthält. In einer älteren Studie hatten sogar 30 % der Tankmilchproben ESBL/AmpC-bildende *E. coli* enthalten (Kreusikon 2011). Eine bayerische Studie wies ebenfalls auf den hohen Anteil ESBL/AmpC-positiver Rinderherden hin, ohne allerdings gezielt Tankmilch zu untersuchen (Schmid et al. 2013). Da Milch vor dem Verzehr in der Regel erhitzt wird, ist dieser Befund im Hinblick auf die Lebensmittelsicherheit nur bei Rohverzehr relevant, da durch die Pasteurisierung auch ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zuverlässig abgetötet werden. Bei Rohverzehr von Milch kann es jedoch zur Exposition von Verbraucherinnen und Verbrauchern auch gegenüber ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kommen.

Die Untersuchungen von Schweinefleisch und Rindfleisch bestätigten erneut, dass es bei der Schlachtung von Schweinen und Mastrindern relativ gut gelingt, die Übertragung der resistenten Bakterien auf die Schlachtkörper zu begrenzen, sodass die Bakterien auf Schweinefleisch (5,7 %) und Rindfleisch (3,4 %) deutlich seltener sind als auf Geflügelfleisch. Andererseits ist aufgrund des Verzehrs rohen Schweinefleischs und Rindfleischs die Exposition der Verbraucher gegenüber den auf dem rohen Fleisch vorhandenen Bakterien deutlich höher als bei Geflügelfleisch, das mit Ausnahme von einigen Rohfleischprodukten durchweg erst nach Erhitzung verzehrt wird.

Die Nachweisrate in Schweinefleisch aus ökologischer Produktion (4,8 %) unterschied sich nicht wesentlich von der aus konventioneller Produktion (5,7 %). Hier wurden beim Putenfleisch 2018 signifikante Unterschiede beobachtet (37,6 % vs. 12,2 %). Warum diese signifikanten Unterschiede bei den Proben von Schweinefleisch nicht beobachtet wurden, ist nicht klar. Es stimmt aber mit den fehlenden Unterschieden bei den Resistenzen der kommensalen *E. coli* überein. Hier sollten weitere Untersuchungen in der Tierhaltung und am Schlachthof durchgeführt werden, um zu prüfen, ob das beobachtete Ergebnis der Situation in den Beständen entspricht.

Der Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* mit dem selektiven Nachweisverfahren in Kottupfern von Wildvögeln (9,8 %) bestätigt das Vorkommen Cephalosporin-resistenter *E. coli* bei diesen Tieren. Ein vergleichbares Bild hatte sich auch bei der Untersuchung der kommensalen *E.-coli*-Isolate, die ohne selektives Nachweisverfahren gewonnen worden waren, gezeigt. Wildgänse und Wildenten können daher auch zur Verbreitung solcher Bakterien beitragen, zumal insbesondere Wildgänse sich über erhebliche Strecken bewegen.

Bei anderen Wildtieren waren in der Vergangenheit seltener ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen worden (Rehwild 2017 2,3 %, Wildschweine 2016 6,4 %). Dies zeigt, dass diese Bakterien in der Umwelt offenbar weitverbreitet sind. Nähere molekularbiologische Untersuchungen müssen zeigen, ob es sich bei den Isolatn eher um Stämme handelt, die aus der Tierhaltung stammen oder um solche, die ihren Ursprung beim Menschen haben und ggf. über Abwässer in die Umwelt gelangen. In einer norwegischen Arbeit wurden 2018 Füchse auf *E. coli* untersucht. Es zeigte sich, dass die Bakterien dort besonders häufig resistent waren, wo sich Füchse in dicht besiedelten Gebieten bewegten (Mo et al. 2018).

In importiertem Fisch aus Aquakultur wurden ebenfalls ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen, aller-

dings relativ selten (3,0 %). Cephalosporine der 3. Generation spielen in der Aquakultur keine bedeutende Rolle (Rico et al. 2017). Aufgrund ihres Resistenzprofils wurden die meisten Isolate als ESBL-bildend klassifiziert (10/12). Von diesen wurden zwei gleichzeitig als AmpC-bildend eingestuft. Zwei weitere Isolate wurden nur als AmpC-bildend eingestuft. Diese Verteilung entsprach weitgehend der bei den anderen Matrices. Elf der zwölf Isolate stammten vom Pangasius aus Vietnam, das zwölfte aus Tilapia, ebenfalls aus Vietnam. Im Gegensatz zu den nicht selektiv gewonnenen *E. coli* wiesen die ESBL-bildenden Isolate deutlich häufiger auch Resistenzen gegen andere Substanzen auf. Der seltene Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei importiertem Fisch aus Aquakultur bestätigt Untersuchungen aus Dänemark aus den Jahren 2017 und 2018 (Ellis-Iversen und Korsgaard 2018)

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden insgesamt drei Isolate als Carbapenemase-positive *E. coli* (CPE) bestätigt. Alle drei stammten aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch. Während in der Vergangenheit sämtliche CPE das Gen bla_{VIM-1} getragen hatten, wurden im Jahr 2019 drei verschiedene Gene identifiziert, und zwar die Gene bla_{OXA-48} (Irrgang et al. 2020), bla_{GES} und bla_{VIM}. Zwei Isolate stammten aus Mastschweinebeständen. In beiden Beständen konnten bei der Nachuntersuchung keine CPE nachgewiesen werden.

Die Ergebnisse bestätigen, dass CPE in Schweinebeständen sporadisch vorkommen. Sie zeigen auch, dass Isolate von Nutztieren verschiedene Carbapenemase-Gene tragen können. Die Ergebnisse der Nachuntersuchung dieser und weiterer Betriebe deuten darauf hin, dass die Erreger bisher nicht dazu neigen, Bestände permanent zu kolonisieren. Aufgrund des deutlich häufigeren Vorkommens von CPE in der Humanmedizin besteht die Möglichkeit, dass es sich um einen Eintrag von Bakterien von außen in die Bestände handelt. Dass die Nachweise sich in den letzten Jahren auf die Lebensmittelkette Schweinefleisch beschränkten, bedarf einer weiteren Untersuchung.

Enterokokken

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

Der Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU sieht ihre Untersuchung im Blinddarm-

inhalt von Schlachttieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2019 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Mastschweinen sowie Mastkälbern und Jungrindern bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Im Jahr 2019 wurden deutlich mehr Isolate von Mastkälbern und Jungrindern getestet als im Jahr 2017. Dabei zeigten sich, wie in den Vorjahren, Unterschiede in den Resistenzen zwischen den Bakterienspezies.

E. faecalis aus beiden Herkunftstypen wiesen vor allem Resistenzen gegen Tetrazyklin auf, etwas seltener gegen Erythromycin. Zwischen den beiden Herkunftstypen bestand kein Unterschied. Dies bestätigt die Ergebnisse aus dem Jahr 2017, wobei die Resistenzraten 2019 geringfügig, aber nicht signifikant höher lagen. Dies galt auch für die Resistenz gegen Chloramphenicol. Gegen Gentamicin und Ciprofloxacin waren wie in den Vorjahren nur einzelne Isolate resistent. Gegen Tigecyclin nur eines vom Schwein.

Im Gegensatz dazu waren Isolate aus dem ambulanten Bereich der Humanmedizin im Jahr 2018 häufig resistent gegen die Fluorchinolone Levofloxacin (22,6 %) und Moxifloxacin (70,2 %) und auch deutlich häufiger resistent gegen Gentamicin (16,6 %). (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, aufgerufen am 26.06.2020).

Die Isolate von *E. faecium* wiesen wie im Jahr 2017 geringere Resistenzraten gegen Tetrazyklin und Erythromycin auf als solche von *E. faecalis*. Dafür waren die Isolate häufiger resistent gegen Ciprofloxacin und vereinzelt auch gegen Daptomycin. Humane Isolate aus dem stationären Bereich waren zu über 90 % resistent gegen die Fluorchinolone Levofloxacin und Moxifloxacin und auch gegenüber Ampicillin und unterschieden sich damit grundlegend von den Isolaten von Schweinen und Rindern.

Resistenzen gegen Vancomycin und Teicoplanin wurden bei den Isolaten beider Spezies aus beiden Herkunftstypen nicht nachgewiesen, während Vancomycin-resistente Isolate fast ein Viertel der *E.-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.

Proben von Alleinfuttermitteln für Mastschweine aus Mischfutterwerken waren zu 1,9 % mit *Salmonella* spp. verunreinigt. Die Ergebnisse zeigen, dass durch die Verfütterung von Alleinfuttermitteln an Mastschweine ein Eintrag von Salmonellen in die Mastschweinebestände möglich ist. Hierauf weisen auch die Typisierungsergebnisse der eingeschickten *Salmonella*-Isolate hin. Das bei Schweinen am häufigsten vorkommende Serovar *Salmonella* Typhimurium bzw. seine monophasische Variante wurde auch in den Futtermitteln nachgewiesen. Grundsätzlich ist der Eintrag von Salmonellen in Bestände über Futtermittel eine Herausforderung für die Salmonellenbekämpfung beim Schwein, 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 Kotproben von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben wurden *Salmonella* spp. zu 5,7 % und damit etwas seltener als in den Vorjahren (2011: 9,4 % positive Proben, 2017: 7,9 % positive Proben) nachgewiesen. Das Ergebnis der Untersuchungen von Proben von Blinddarminhalt von Mastschweinen am Schlachthof (5,8 % positive Proben) stimmt mit den Werten aus den Vorjahren überein, in denen ebenfalls jeweils etwa 6 % der Proben positiv für Salmonellen waren. Anders als in den Vorjahren traten im Zoonosen-Monitoring 2019 keine deutlichen Unterschiede in den Nachweisraten von Salmonellen in den Proben von Kot oder Blinddarminhalt von Mastschweinen aus Betrieben unterschiedlicher Kategorie nach der Schweine-Salmonellen-Verordnung auf. Allerdings stammten auch nur sehr wenige Proben von Mastschweinen aus Betrieben der Kategorie II und III. Die Kontaminationsrate von Schweineschlachtkörpern mit *Salmonella* spp. lag im Zoonosen-Monitoring 2019 bei 3,4 %. Damit waren die Schlachtkörper tendenziell seltener mit Salmonellen verunreinigt als im Zoonosen-Monitoring des Vorjahres, in dem 5,1 % der Proben positiv für Salmonellen

waren. Insgesamt lässt sich in Bezug auf die Nachweisraten von Salmonellen auf den Schweineschlachtkörpern in den letzten Jahren allerdings kein Trend erkennen, vielmehr schwanken die Werte zwischen etwa 3 % und 5 % positiver Proben. Frisches Schweinefleisch aus konventioneller Produktion war zu 0,4 % mit Salmonellen belastet, was den Ergebnissen aus den Vorjahren entspricht. Frisches Schweinefleisch aus ökologischer Produktion wies eine vergleichbare Kontaminationsrate von 0,6 % auf.

Schweinehackfleisch war zu 1,9 % mit Salmonellen belastet. Damit waren etwas mehr Proben mit Salmonellen belastet als in den Vorjahren (2017: 0,7 % positive Proben, 2018: 1,3 % positive Proben). In den Proben wurden auch *Salmonella*-Serovare nachgewiesen, die beim Menschen besonders häufig Infektionen hervorrufen. Dies unterstreicht die Bedeutung von Schweinehackfleisch als mögliche Infektionsquelle für den Menschen mit Salmonellen.

Die Ergebnisse zeigen, dass sich der Eintrag von Salmonellen in die Schlachthöfe über *Salmonella*-positive Schweine in den letzten Jahren nicht geändert 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 Kot und Blinddarminhalt mehrheitlich übereinstimmten. Um eine Kontamination der Schlachtkörper und damit des Fleisches mit Salmonellen zu verhindern, ist es deshalb wichtig, die Belastung der Schweine mit Salmonellen durch intensive Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den landwirtschaftlichen Betrieben zu verringern.

Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern wurden im Zoonosen-Monitoring 2019 erstmalig auf Salmonellen untersucht. Die Kontaminationsrate war mit 1,0 % positiver Proben gering und lag in derselben Größenordnung wie die Salmonellen-Nachweisrate in Proben von frischem Rindfleisch (0,6 % positive Proben). Die Ergebnisse bestätigen, dass von Rindfleisch ein eher geringes Risiko für eine Infektion des Menschen mit Salmonellen ausgeht. Allerdings wurden

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. Dies 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 Tankmilch aus Milchrinderbetrieben wurden wie bereits im Zoonosen-Monitoring 2010 keine Salmonellen nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass Rohmilch keine Bedeutung als Infektionsquelle des Menschen mit Salmonellen zu haben scheint.

In keiner Kotprobe von Wildenten und Wildgänsen wurden Salmonellen nachgewiesen, sodass diese Tiere kein bedeutendes Reservoir für Salmonellen zu sein scheinen. Es ist allerdings nicht gänzlich auszuschließen, dass die Menge Probenmaterial, die bei einer Tupferentnahme gewonnen wird, zu gering ist, um vorhandene Salmonellen sicher nachweisen zu können.

Importierter Fisch aus Aquakultur stellt mit 1,0 % positiver Proben eine potenzielle Infektionsquelle des Menschen mit Salmonellen dar und sollte deshalb nur ausreichend durchgegart verzehrt werden. Die in den Proben nachgewiesenen Serovare spielen bei Infektionen des Menschen mit Salmonellen allerdings nur eine untergeordnete Rolle.

Weder in tiefgefrorener Petersilie noch in frischem Babyspinat wurden Salmonellen nachgewiesen. Aus diesen Ergebnissen lässt sich somit eine Ansteckungsgefahr des Menschen mit Salmonellen durch diese pflanzlichen Lebensmittel nicht ableiten.

Die höchsten Resistenzraten traten bei den *Salmonella*-Isolaten aus der Lebensmittelkette Mastschweine gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol auf (45 % bis 53 % resistente Isolate). Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2017, in dem 70 % bis 85 % der Isolate resistent gegenüber diesen antibiotischen Substanzen waren, waren die Resistenzraten im letzten Jahr niedriger. Dieser Unterschied steht im Zusammenhang mit dem höheren Anteil an Isolaten des Serovars *Salmonella* Derby in den Proben gegenüber dem Zoonosen-Monitoring 2017. Dieses Serovar zeichnet sich durch niedrigere Resistenzraten aus als *Salmonella* Typhimurium. Als positiv zu bewerten ist, dass keine Resistenzen gegen Cephalosporine der 3. Generation auftraten und die Resistenzraten gegenüber Fluor-

chinolonen niedriger waren als im Zoonosen-Monitoring 2017 (2,9 % vs. 6,1 %).

Die sieben *Salmonella*-Isolate von Mastkälbern und Jungrindern und aus Rindfleisch wiesen ebenfalls die höchsten Resistenzraten gegenüber Ampicillin, Tetrazyklin und Sulfamethoxazol auf. Bei dem Isolat, das eine Resistenz gegen Fluorchinolone aufwies, handelte es sich um das Serovar *Salmonella* Kentucky, das sich seit einigen Jahren durch hohe Resistenzraten auszeichnet. Drei Isolate wiesen eine Resistenz gegen Colistin auf, bei dem es sich ebenfalls um ein in der Humanmedizin wichtiges Antibiotikum handelt.

Die *Salmonella*-Isolate aus Alleinfuttermitteln von Mastschweinen waren gegenüber allen Testsubstanzen sensibel, während alle *Salmonella*-Isolate aus importiertem Fisch aus Aquakultur eine Resistenz gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin aufwiesen.

***Campylobacter* spp.**

In Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen wurden keine *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Allerdings ist nicht auszuschließen, dass die Bakterien in den Kottupfern aufgrund ihrer hohen Empfindlichkeit gegenüber Austrocknung nicht mehr nachweisbar waren.

In Tankmilch aus Milchrinderbetrieben wurden *Campylobacter* spp. zu 2,5 % nachgewiesen. Dieses Ergebnis liegt in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2014 (2,2 % positive Proben) und 2010 (1,9 % positive Proben). Gegenüber dem Jahr 2009, in dem 0,9 % der Proben von Tankmilch positiv waren, ist es zu einem leichten Anstieg der *Campylobacter*-Nachweisrate gekommen. Verbraucher sollten der Aufforderung, Rohmilch vor dem Verzehr durchzuerhitzen, unbedingt nachkommen, da von Rohmilch eine potenzielle Gesundheitsgefahr durch *Campylobacter* ausgeht.

Sowohl Mastschweine als auch Mastkälber/Jungrinder am Schlachthof waren mit 67,3 % bzw. 49,4 % positiver Proben von Blinddarminhalt häufig mit *Campylobacter* spp. besiedelt. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass Schweine und Rinder ein Reservoir für *Campylobacter* darstellen. Allerdings ist bei beiden Tierarten die Nachweisrate gegenüber dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, im dem noch 75,5 % der Proben von Mastschweinen und 64,2 % der Proben von Mastkälbern und Jungrindern positiv für *Campylobacter* waren, deutlich gesunken. Der Schlachtprozess scheint bei Schweinen und Rindern die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. wirkungsvoll zu verhindern, da

frisches Schweine- und Rindfleisch nur sehr selten mit *Campylobacter* kontaminiert ist, wie die Ergebnisse aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre zeigen (< 1 % positive Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch). Frisches Schweine- und Rindfleisch hat als Vehikel für die Übertragung von *Campylobacter* spp. daher eine untergeordnete Bedeutung. Allerdings wurden Schweinehackfleisch und Rindfleisch auch schon mit lebensmittelbedingten *Campylobacter*-Ausbrüchen in Verbindung gebracht.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 46,4 % und damit in derselben Größenordnung wie in den vorherigen Jahren (2014: 54,0 % positive Proben, 2016: 47,2 % positive Proben, 2017: 51,8 %, 2018: 47,8 %). Auch bei der Reduzierung hoher Keimzahlen von *Campylobacter* auf den Schlachtkörpern von Masthähnchen wurden keine Fortschritte erzielt. Der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1000 KbE/g ist mit 23,4 % trotz Einführung des Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern im Jahr 2018 etwa gleich hoch wie in den Jahren zuvor (2013: 19,4 %; 2016: 24,1 %, 2017: 22,7 %, 2018: 22,6 %). In den Proben von frischem Hähnchenfleisch wurden deutlich niedrigere Keimzahlen gemessen als in Halshautproben. In 3,3 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* mittels der quantitativen Methode nachweisen. Lediglich 0,7 % der Proben wiesen hohe Keimzahlen von über 1000 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.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, das Vorkommen von *Campylobacter* in der Geflügelfleischkette zu verringern, weiterhin intensiviert werden müssen. Hierzu sollte das Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* auf Masthähnchenschlachtkörpern beitragen, da bei Nichteinhaltung der Anforderungen entsprechende Maßnahmen zur Sicherstellung der Prozesshygiene vom Lebensmittelunternehmer eingeleitet werden müssen.

Auffallend war, dass zwischen den einzelnen Schlachthöfen erneut deutliche Unterschiede in der Häufigkeit des Vorkommens hoher Keimzahlen auf den Schlachtkörpern bestanden. Weitere Studien sind daher notwendig, um zu zeigen, welche Maßnahmen am Schlachthof das Risiko der erheblichen Kontamination der Schlachtkörper verringern können.

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*. Bei *C. coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen traten wie bereits in den Jahren zuvor die höchsten Resistenzen gegenüber Tetrazyklin und Streptomycin auf. Die Resistenzrate gegenüber Ciprofloxacin lag bei 55,4% und entsprach damit etwa der Rate im Zoonosen-Monitoring 2017 (53,8 %). Als positiv zu bewerten ist, dass die Resistenzrate der *Campylobacter*-Isolate gegenüber dem Wirkstoff Erythromycin, die bei 6,1 % lag, gegenüber den Vorjahren etwas gesunken ist (2017: 12,6 %, 2015 10,7 %). Dies ist insofern von Bedeutung, als es sich hierbei um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der Campylobacteriose des Menschen eingesetzt wird.

Die *C. coli*-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof wiesen höhere Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin (80,4 %), Erythromycin (19,6 %) und Tetrazyklin (93,5 %) auf als die entsprechenden Isolate von Schweinen.

Listeria monocytogenes

Die Nachweisrate von *Listeria monocytogenes* in Proben von Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben lag bei 3,0 % und damit in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2014. Im Jahr 2010 waren mit 4,6 % positiver Proben tendenziell etwas mehr Tankmilchproben mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert. Da Konsummilch in Deutschland vor der Abgabe an Verbraucher grundsätzlich wärmebehandelt wird, stellen Zoonoseerreger in der Tankmilch keine Gefahr für den Verbraucher dar. Eine gesundheitliche Gefahr geht aber dann von der Rohmilch aus, wenn die Erhitzung ausbleibt, wie bei der Herstellung von Rohmilchkäse und anderen Rohmilchprodukten. Empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immunsupprimierten Menschen sowie Schwangeren sollte deshalb angeraten werden, auf den Konsum von Rohmilchprodukten zu verzichten.

Importierter Fisch aus Aquakultur war mit 33,1 % positiver Proben häufig mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert und stellt somit grundsätzlich ein Risiko

für eine Infektion des Menschen mit diesem Erreger dar. Dabei ist zu bedenken, dass es sich bei Fisch aus Aquakultur nicht um ein verzehrfertiges Lebensmittel handelt, sondern in der Regel vor dem Verzehr eine Hitzebehandlung erfolgt. Allerdings besteht auch die Gefahr, dass es bei der Handhabung des Fisches bei mangelnder Küchenhygiene zu Kreuzkontaminationen von verzehrfertigen Lebensmitteln wie z. B. Salat kommt. Zudem können *Listeria monocytogenes* über den rohen Fisch in Fischverarbeitungsbetriebe eingeschleppt werden und dort zu einer Rekontamination von bereits wärmebehandelten verzehrfertigen Produkten führen. Es ist deshalb wichtig, den Eintrag von *L. monocytogenes* in fischverarbeitende Betriebe z. B. durch Rohfisch zu verhindern.

In Proben von tiefgefrorener Petersilie wurden *Listeria monocytogenes* zu 1,3 % nachgewiesen. Allerdings waren die Keimzahlen gering, da in keiner Probe Listerien oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g der quantitativen Methode nachgewiesen wurden. In dieser Größenordnung stellen Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* üblicherweise keine Gesundheitsgefahr für den Menschen dar. Empfindliche Verbrauchergruppen mit einem erhöhten Risiko, an einer Listeriose zu erkranken, wie Schwangere und ältere Menschen, sollten dennoch auf den Verzehr von Speisen mit roher tiefgekühlter Petersilie als Zutat verzichten, da eine Vermehrung vorhandener Listerien in den Speisen nicht immer sicher ausgeschlossen werden kann.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

In keiner der untersuchten Kottupfer von Wildenten und Wildgänsen wurden STEC nachgewiesen, sodass diese Tiere kein Reservoir für STEC zu sein scheinen.

Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben war zu 4,9 % und damit deutlich häufiger mit STEC kontaminiert als in den Jahren 2009 und 2010, in denen 1,5 % bzw. 1,4 % der Proben STEC-positiv waren. Im Zoonosen-Monitoring 2014 waren 3,6 % der Tankmilchproben mit STEC kontaminiert. Die Bedeutung von Rohmilch als mögliche Quelle für STEC-Infektionen des Menschen wird dadurch unterstrichen, dass die gewonnenen Isolate besonders häufig Träger des *eae*-Gens – einer der Hauptvirulenzfaktoren von STEC – waren. Die Ergebnisse bestätigen, dass nicht wärmebehandelte Rohmilch und Rohmilchprodukte ein potenzielles gesundheitliches Risiko darstellen und deshalb nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immunsupprimierten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden sollten.

Bei Mastkälbern und Jungrindern wurden STEC häufiger nachgewiesen als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre. Während im letzten Jahr in 43,2 % der Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof STEC nachgewiesen wurden, waren in den Vorjahren nur etwa 25 % der Blinddarmproben positiv für STEC. Die Nachweisrate von STEC in frischem Rindfleisch lag bei 4,4 % und damit ebenfalls etwas höher als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, in dem 1 % bis 2 % der Rindfleischproben mit STEC kontaminiert waren. Die Ergebnisse bestätigen, dass Mastkälber und Jungrinder häufig Träger von STEC sind und es im Rahmen der Fleischgewinnung zu einer Kontamination des Fleisches mit STEC kommen kann. Unter den Isolaten traten sowohl im Darm als auch im Fleisch STEC-Typen auf, die beim Menschen häufig EHEC-Erkrankungen hervorrufen. Der Nachweis des *eae*-Gens bei einem Teil der Isolate unterstreicht die Bedeutung von Mastkälbern bzw. Jungrindern und Rindern als mögliche Quelle für schwerwiegende EHEC-Infektionen beim Menschen. Empfindlichen Verbrauchergruppen, wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren, sollte vom Verzehr von rohem Rindfleisch und daraus erzeugten Rohwurstprodukten abgeraten werden.

Mit 7,4 % positiver Proben wurden STEC häufig in Schweinehackfleisch nachgewiesen. Die Nachweisrate war damit deutlich höher als im Zoonosen-Monitoring 2009, in dem lediglich in 0,8 % der Proben von Schweinehackfleisch STEC nachgewiesen wurden. Unter den gewonnenen Isolaten war auch eine O-Gruppe vertreten, die beim Menschen häufig EHEC-Infektionen auslöst. Allerdings wies keines der Isolate das *eae*-Gen auf. Die Ergebnisse zeigen, dass von Schweinehackfleisch grundsätzlich ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC ausgeht.

STEC wurden in 0,3 % der Proben von tiefgefrorener Petersilie und in 1,2 % der Proben von frischem Babyspinat nachgewiesen. Somit stellen diese pflanzlichen Lebensmittel – insbesondere auch dadurch, dass sie häufig ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden – eine mögliche Quelle für STEC-Infektionen des Menschen dar. Die Bedeutung von pflanzlichen Lebensmitteln als Quelle für EHEC-Infektionen wird noch dadurch unterstrichen, dass unter den Isolaten aus dem Babyspinat die weltweit bedeutendste STEC-Serogruppe O157 auftrat, die zudem noch das *eae*-Gen trug. Frische Kräuter und Salat sollten deshalb vor dem Verzehr gründlich gewaschen werden, um eine mögliche Kontamination mit Keimen zu verringern.

Mit einer Resistenzrate von 67 % waren die STEC-Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern am häufigsten resistent gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen, was mit den Ergebnissen aus dem Zoonosen-Monitoring der Vorjahre übereinstimmt und die häufige Anwendung von Antibiotika bei diesen Tiergruppen widerspiegelt. Die Resistenzraten der STEC-Isolate aus Tankmilch, Rindfleisch und Hackfleisch lagen bei 16,6 %, 27,1 % und 37,5 %. Anders als bei den Isolaten von Mastkälbern und Jungrindern traten hier aber keine Resistenzen gegenüber den in der Humanmedizin besonders wichtigen Cephalosporinen der 3. Generation auf. Gegen das Fluorchinolon Ciprofloxacin waren 9,1 % aller Isolate resistent. Gegenüber Tigecyclin, Meropenem und Colistin wurden keine Resistenzen beobachtet. Alle drei STEC-Isolate aus Babyspinat und tiefgekühlter Petersilie waren empfindlich gegenüber den getesteten antibiotischen Substanzen.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

In 35,7 % der Proben von Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben und in 22,4 % der Proben von Schweineschlachtkörpern wurden MRSA nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren, in denen 38,1 % der Sockentupfer und 20,2 % der Schweineschlachtkörper positiv für MRSA waren. Die Ergebnisse bestätigen, dass MRSA in der Lebensmittelkette Mastschweine häufig vorkommen. Die Ergebnisse der Typisierung der eingesandten MRSA-Isolate zeigen eine weitgehende Übereinstimmung der nachgewiesenen *spa*-Typen in der Primärproduktion und am Schlachthof, was darauf hinweist, dass eine Übertragung der Keime von den Tieren auf die Schlachtkörper im Zuge der Lebensmittelgewinnung erfolgt.

Tankmilch war mit 7,7 % positiver Proben etwas seltener mit MRSA kontaminiert als Tankmilch aus konventionellen Milchrinderbetrieben im Zoonosen-Monitoring 2014 (9,7 % positive Proben). Die Nachweisraten von MRSA in Tankmilch im Zoonosen-Monitoring der Jahre 2009 und 2010 waren allerdings geringer und lagen bei 4 % bis 5 %.

Importierter Fisch aus Aquakultur war mit 29,1 % positiver Proben häufig mit MRSA kontaminiert. Die Resistenzmuster und *spa*-Typen (viele non-CC398-Typen) unterschieden sich allerdings von den nutztierassoziierten MRSA. Am häufigsten wurden

spa-Typen nachgewiesen, die bei Menschen aus Asien verbreitet sind. Wie diese Bakterien in die Lebensmittelkette gelangen und ob sie bereits in der Tierhaltung nachweisbar sind, ist nicht bekannt. Die Ergebnisse weisen jedoch darauf hin, dass über importierten Fisch in Europa bisher nicht verbreitete MRSA-Stämme eingetragen werden können. Die Ergebnisse unterstreichen die Empfehlung, importierten Fisch aus Aquakultur nur vollständig durchgegart zu verzehren.

Die eingesandten Isolate waren erwartungsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Außerdem wiesen nahezu alle untersuchten Isolate von Mastschweinen und aus Tankmilch eine für nutztierassoziierte MRSA-Stämme typische Resistenz gegenüber Tetrazyklin auf. Die Isolate aus importiertem Fisch aus Aquakultur waren dagegen nur etwa halb so häufig resistent gegen Tetrazyklin (46,1 %), wiesen aber gegenüber anderen Substanzen, wie z. B. Ciprofloxacin und Erythromycin, deutlich höhere Resistenzraten auf als die Isolate von Mastschweinen und aus Tankmilch. Auffallend war, dass die Isolate aus der Schweinefleischkette und aus Tankmilch gegen Sulfamethoxazol kaum Resistenzen aufwiesen (1,1 %), obwohl es sich um ein Antibiotikum handelt, das häufig bei Nutztieren eingesetzt wird und gegen das die entsprechenden Isolate von kommensalen *E. coli* auch häufig resistent waren. Die Resistenzmuster stimmten weitgehend mit denen der Vorjahre überein.

Yersinia enterocolitica

Yersinia enterocolitica wurden in 2,7 % der Proben von Schweinefleisch aus konventioneller Produktion und in 1,7 % der Proben von Schweinefleisch aus ökologischer Produktion nachgewiesen. Diese Werte entsprechen etwa der Nachweisrate von *Yersinia enterocolitica* in Proben von Schweinehackfleisch im Zoonosen-Monitoring 2018, die bei 2,4 % lag. Dabei ist davon auszugehen, dass unter den nachgewiesenen *Y. enterocolitica* auch wenige apathogene Stämme waren. Die Ergebnisse bestätigen, dass Schweinefleisch eine mögliche Ansteckungsquelle für den Menschen mit pathogenen *Y. enterocolitica* darstellt. Rohes Schweinefleisch (z. B. Mett) sollte deshalb nicht von empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immungeschwächten Menschen sowie Schwangeren verzehrt werden.

Clostridioides difficile

In keiner der untersuchten Proben von Schweinehackfleisch wurden *C. difficile* nachgewiesen. Im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre wurden *C. difficile* dagegen zu 1,4 % bzw. 0,7 % in Schweinehackfleisch nachgewiesen. Damit konnte gezeigt werden, dass Schweinehackfleisch ein potenzielles Vehikel für die Übertragung von *C. difficile* auf den Menschen darstellt, zumal die aus den Proben gewonnenen Isolate zum Teil toxisch waren. Die Bedeutung von *C. difficile*-Stämmen von Schweinen als Auslöser für Erkrankungen beim Menschen ist derzeit auch Gegenstand von Forschungsaktivitäten.

***Vibrio* spp.**

In 2,3 % der Proben von importiertem Fisch aus Aquakultur wurden *Vibrio* spp. nachgewiesen. Bei den Isolatentypen handelte es sich um den nicht toxinbildenden Typen von *Vibrio cholerae* (non-O1/non-O139) und um *Vibrio metschnikovii*, einer Spezies, die selten in Zusammenhang mit menschlichen Erkrankungen auftritt. Die Ergebnisse bestätigen, dass von importiertem Fisch aus Aquakultur grundsätzlich ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit Vibrionen ausgeht, und unterstreichen die Empfehlung, Fisch nur vollständig durchgegart zu verzehren.

Kommensale *Escherichia coli*

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

Die Resistenzraten der *E. coli*-Isolate aus den Lebensmittelketten Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder sowie aus Tankmilch und frischem Rindfleisch lagen im Zoonosen-Monitoring 2019 weitgehend auf dem Niveau der Vorjahre.

Die *E. coli*-Isolate aus Kotproben von Mastschweinen aus Erzeugerbetrieben und aus dem Blinddarminhalt von Schlachtschweinen waren jeweils zu etwa 55 % resistent gegenüber mindestens einer der getesteten antibiotischen Substanzen. Damit wiesen sie wie bereits in den vergangenen Jahren eine höhere Resistenzrate auf als *E. coli*-Isolate aus Schweinefleisch, die zu 34 % (konventionell) bzw. 28 % (ökologisch) resistent gegenüber mindestens einer antibiotischen Substanz waren. Auffallend war, dass anders als bei Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2018 kein deutlicher Unter-

schied in der Resistenzrate der Isolate aus konventionellem und ökologischem Schweinefleisch auftrat. Die Ursache hierfür ist nicht bekannt.

Der Anteil resistenter *E. coli*-Isolate war bei Mastkälbern und Jungrindern (47 %) höher als in Tankmilch (18,4 %) und frischem Rindfleisch (20,3 %). Ebenso traten multiresistente *E. coli*-Isolate häufiger bei Mastkälbern und Jungrindern (29,5 %) auf als in Tankmilch (9,6 %) und Rindfleisch (6,8 %). Lediglich in Bezug auf Cephalosporine der 3. Generation waren die *E. coli*-Isolate aus Tankmilch häufiger resistent als die Isolate aus dem Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern und aus frischem Rindfleisch, was vermutlich mit dem häufigen Einsatz dieser Antibiotika bei Milchrindern mit Mastitis im Zusammenhang steht.

Die *E. coli*-Isolate aus importiertem Fisch aus Aquakultur waren fast ausschließlich resistent gegenüber (Fluor)chinolonen, wobei die Resistenzrate gegenüber Ciprofloxacin (58,8 %) deutlich höher war als gegenüber Nalidixinsäure (20,6 %). Dieses auffällige Resistenzmuster weist auf eine gemeinsame Quelle der Bakterien hin.

E. coli-Isolate von Wildenten und Wildgänsen wiesen nur eine geringe Resistenzrate von 14,3 % auf. Allerdings zeigen die Ergebnisse, dass auch von diesen wildlebenden Tieren eine – wenn auch begrenzte – Verbreitung resistenter Keime ausgeht.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

In Kottupfern von Wildenten und Wildgänsen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren zu 9,8 % nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass diese Resistenzeigenschaften auch außerhalb von Nutztierhaltungen in der Umwelt vorkommen.

In 10,1 % der Proben von Tankmilch wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Die Ergebnisse unterstreichen, dass Rohmilch vor dem Verzehr durchzuerhitzen ist, da dadurch resistente Keime sicher abgetötet werden.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden in 39,6 % der untersuchten Kotproben aus Mastschweinebetrieben und in 49,1 % 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 Kot und Blinddarminhalt von Mastschweinen positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* war. Anders als es bei Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2018

beobachtet werden konnte, trat kein deutlicher Unterschied in der Kontaminationsrate zwischen konventionellem Schweinefleisch, das zu 5,7 %, und ökologischem Schweinefleisch, das zu 4,8 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* war, auf. Die Ergebnisse stimmen etwa mit den Werten aus dem Zoonosen-Monitoring der Jahre 2015 und 2017 überein, in denen in 5,7 % bzw. 5,5 % der Proben von (konventionellem) Schweinefleisch ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen wurden.

Der Grund für die fehlenden Unterschiede in der Nachweisrate ESBL/AmpC-bildender *E. coli* in Schweinefleisch aus unterschiedlichen Haltungssystemen ist nicht bekannt.

Im Blinddarminhalt von Mastkälbern/Jungrindern am Schlachthof wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mit 70,8 % positiver Proben erneut deutlich häufiger nachgewiesen als im Blinddarminhalt von Mastschweinen (49,1 % positive Proben), was möglicherweise mit der Vertränkung nicht vermarktungsfähiger Milch – zu der die Milch von mit Antibiotika behandelten Kühen zählt – an Kälber im Zusammenhang steht. Die Ergebnisse liegen in derselben Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2017, in dem 68,0 % der Blinddarmproben von Mastkälbern und Jungrindern positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, aber deutlich über dem Wert aus dem Jahr 2015 (60,6 % positive Proben). Die Ergebnisse der Untersuchungen von frischem Rindfleisch (3,4 % positive Proben) stimmen etwa mit den Werten aus den Vorjahren überein (2013: 3,8 % positive Proben, 2015: 4,0 % positive Proben, 2017: 4,4 % positive Proben).

Die Kontaminationsrate von importiertem Fisch mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* aus Aquakultur lag bei 3,0 %. Der Grund für die relativ geringe Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in den Proben liegt vermutlich darin, dass Cephalosprine der 3. Generation nicht zu den in der Aquakultur häufig eingesetzten Antibiotika gehören.

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Von den mit Verdacht auf Carbapenem-Resistenz eingesandten Isolaten aus Kotproben von Mastschweinen, Proben von Blinddarminhalt von Mastkälbern und Jungrindern und aus Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch wurden zwei Isolate aus Mastschweinebeständen und ein Isolat aus Schweinefleisch als Carbapenem-resistente *E. coli* bestätigt. Im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre wurden Carbapenemase-bildende *E. coli* ebenfalls ausschließlich vereinzelt in

der Lebensmittelkette Mastschweine nachgewiesen. Die Ergebnisse zeigen, dass diese Bakterien in Nutztierhaltungen bisher wenig verbreitet sind.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Resistenzraten der Isolate von *E. faecalis* waren in den Lebensmittelketten Mastschweine und Mastkälber/Jungrinder wie in den Vorjahren insgesamt höher als bei den *E.-faecium*-Isolaten. Die höchsten Resistenzraten traten bei Isolaten von *E. faecalis* gegenüber Tetracyclin (83,0 %), Erythromycin (53,2 %) und Chloramphenicol (31,9 %) auf. Isolate von *E. faecium* waren dagegen häufiger resistent gegenüber Ciprofloxacin und wiesen vereinzelt auch Resistenzen gegen Daptomycin auf.

Bei beiden Spezies traten gegen Vancomycin und Teicoplanin keine Resistenzen auf, während Vancomycin-resistente *E.-faecium*-Isolate zunehmend beim Menschen nachgewiesen werden. Die insgesamt unterschiedlichen Resistenzmuster zwischen den Enterokokken-Isolaten von Tieren und Menschen deuten darauf hin, dass Mastkälber/Jungrinder und Mastschweine keine wesentliche Quelle für Erkrankungen des Menschen mit dieser Bakterienspezies sind.

Fazit

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

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

Allerdings ist bei den Proben von Schweinehackfleisch ein leichter Anstieg der Salmonellen-Nachweisrate zu

beobachten. Schweinehackfleisch wies zudem eine auffallend hohe STEC-Kontaminationsrate gegenüber den vorherigen Untersuchungen auf. Die Ergebnisse bestätigen, dass rohes Schweinehackfleisch (z. B. Mett) für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere kein geeignetes Lebensmittel ist.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2019 zeigen zudem, dass bei der Reduzierung von *Campylobacter* in der Lebensmittelkette Masthähnchen nach wie vor keine Fortschritte erzielt wurden: Der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1000 KBE/g ist mit 23,4 % trotz Einführung des Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* im Jahr 2018 etwa gleich hoch wie in den Jahren zuvor.

Die Untersuchungen von Tankmilch bestätigen, dass Rohmilch mit Zoonoseerregern und multiresistenten Keimen kontaminiert sein kann. Der Aufforderung, sogenannte „Milch ab Hof“ vor dem Verzehr durchzuerhitzen, sollten Verbraucher deshalb konsequent nachkommen.

Wildgänse und Wildenten scheinen kein bedeutendes Reservoir für die klassischen Zoonoseerreger zu sein. Die Tiere waren dagegen häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, was zeigt, dass Wildgänse und Wildenten zur Verbreitung dieser Bakterien beitragen.

Tiefgefrorene Petersilie und Babyspinat stellen – insbesondere auch dadurch, dass sie häufig ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden – eine mögliche Quelle für STEC- Infektionen des Menschen dar.

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

Die Untersuchungen von Fisch aus Aquakultur zeigen, dass über importierte Lebensmittel neue Typen von MRSA eingetragen werden können.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* sind bei Mastschweinen und Mastkälbern/Jungrindern weitverbreitet. Der häufige Nachweis von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei Nutztieren ist aufgrund der besonderen Bedeu-

tung der Cephalosporine der 3. und 4. Generation für die Therapie des Menschen besorgniserregend, zumal nach derzeitigem wissenschaftlichem Kenntnisstand davon auszugehen ist, dass diese resistenten Keime auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragen werden können.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen zeigen, dass es im Hinblick auf das Vorkommen von Resistenzen bei Bakterien-Isolaten aus den Lebensmittelketten Mastschweine, Mastkälber und Jungrinder sowie aus Tankmilch und frischem Rindfleisch im Zoonosen-Monitoring 2019 zu keinen Verbesserungen gekommen ist. Auffallend war, dass keine deutlichen Unterschiede in den Resistenzraten von Isolaten aus konventionellem und ökologischem Schweinefleisch zu sehen waren. Weitere Untersuchungen auf Bestandesebene sollten durchgeführt werden, um Vergleichsdaten aus konventionellen und ökologischen Mastschweinebetrieben zu erheben.

Die Ergebnisse 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 von der WHO als HPCIA klassifizierten Substanzen. Die Dringlichkeit der Reduktion des Einsatzes von Cephalosporinen vor allem beim Milchrind wird durch die sehr hohen Resistenzraten gegen diese Substanzklasse unterstrichen. Aber auch der Einsatz von Colistin muss aufgrund des Vorkommens der identifizierten übertragbaren Resistenzgene und der gestiegenen Bedeutung der Substanz für die Humanmedizin weiter reduziert werden.

Als problematisch werden auch die hohen Resistenzraten von *E.-coli*-Isolaten aus importiertem Fisch gegenüber (Fluor)chinolonen gesehen, da es sich hier um Antibiotika handelt, die für die Behandlung beim Menschen besonders wichtig sind. Um die Aufnahme dieser resistenten Keime zu verhindern, sollte der Fisch nur vollständig durchgegart verzehrt werden.

Die niedrigen Resistenzraten von Isolaten von Wildenten und Wildgänsen spiegeln den geringen antimikrobiellen Selektionsdruck wider, dem die Darmbakterien von wildlebenden Tieren unterliegen.

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

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

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

Literaturquellen

- Agresti, A. und B. A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119–126
- Alt, K., A. Fetsch, A. Schroeter, B. Guerra, J. A. Hammerl, S. Hertwig, N. Senkov, A. Geinets, C. Mueller-Graf, J. Braeunig, A. Kaesbohrer, B. Appel, A. Hensel und B. A. Tenhagen (2011): Factors associated with the occurrence of MRSA CC398 in herds of fattening pigs in Germany. *BMC.Vet Res* 7(1):69. doi: 1746-6148-7-69 [pii];10.1186/1746-6148-7-69 [doi]
- Argudin, M., B. A. Tenhagen, A. Fetsch, J. Sachsenröder, A. Käsbohrer, A. Schroeter, J. Hammerl, S. Hertwig, R. Helmuth, J. Braunig, M. C. Mendoza, B. Appel, M. R. Rodicio und B. Guerra (2011): Virulence and resistance determinants of German *Staphylococcus aureus* ST398 isolates from non-human sources. *Applied and Environmental Microbiology* 77:3052-3060
- Atyah, M. A., M. Zamri-Saad und A. Siti-Zahrah (2010): First report of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from cage-cultured tilapia (*Oreochromis niloticus*). *Veterinary microbiology* 144(3-4):502-504. doi: 10.1016/j.vetmic.2010.02.004
- Bancerz-Kisiel, A., M. Pieczywek, P. Lada und W. Szweda (2018): The Most Important Virulence Markers of *Yersinia enterocolitica* and Their Role during Infection. *Genes (Basel)* 9(5)doi: 10.3390/genes9050235
- Bekanntmachung des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit (1999): *Yersinia enterocolitica*. Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 42: 613–621
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_zuchtschweinebestaenden_vorgelegt.pdf
- BfR (2009b): Grundlagenstudie zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. und *Salmonella* spp. in Schlachtkörpern von Masthähnchen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/343/grundlagenstudie_zum_vorkommen_von_campylobacter_spp_und_salmonella_spp_in_schlachtkoerpern_von_masthaehnchen_vorgelegt.pdf
- BfR (2011): ESBL-bildende Bakterien in Lebensmitteln und deren Übertragbarkeit auf den Menschen. Stellungnahme Nr. 002/2012 des BfR vom 5. Dezember 2011. http://www.bfr.bund.de/de/a-z_index/esbl_bildende_bakterien-127699.html
- BfR (2015): Fragen und Antworten zu ESBL- und/oder AmpC-bildenden antibiotikaresistenten Keimen. www.bfr.bund.de
- BfR (2016): Antibiotikaresistenz: Carba-penemase-bildende Keime in Nutztierbeständen. Aktualisierte Mitteilung Nr. 036/2016 des BfR vom 23.12.2016. <http://www.bfr.bund.de/cm/343/antibiotikaresistenz-carba-penemase-bildende-keime-in-nutztierbestaenden.pdf>
- BfR (2017): Schutz vor Lebensmittelinfektionen mit Listerien. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin. http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps_schutz_vor_lebensmittelbedingten_infektionen_mit_listerien.pdf
- Bisdorff, B., J. Scholholter, K. Claußen et al. (2012): MRSA-ST398 in livestock farmers and neighbouring residents in a rural area in Germany. *Epidemiology and Infection*. 140(10):1800-1808
- Blanco, M., J. E. Blanco, J. Blanco, E. A. Gonzales, A. Mora, C. Prado, L. Fernandez, M. Rio, J. Ramos und M. P. Alonso (1996): Prevalence and characteristics of *Escherichia coli* serotype O157:H7 and other verotoxin-producing *E. coli* in healthy cattle. *Epidemiol. Infect.*, (7), 251–257

- Brugère-Picoux, J. (2008): Ovine listeriosis. Small Ruminant Res 76:12-20
- Bülte, M. (2002): Veterinärmedizinische Aspekte der Infektionen durch enterohämorrhagische *E.-coli*-Stämme (EHEC). Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz 45:484-490
- Bülte, M. und S. Heckötter (1997): Vorkommen und Bedeutung von O157 und anderen verotoxinbildenden *E. coli* bei Tieren und in Lebensmitteln – Occurrence and significance of O157 and other verocytotoxigenic *E. coli* in animals and food. Mitt Gebiete der Lebensm Hyg 88:665-680
- BVL (2010): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2009 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2012): Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2010 – Zoonosen-Monitoring. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2013): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2011. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2014): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2012. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2015): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2013. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2016a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2014. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2016b): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2015. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2017): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2018): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2017. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2019a): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2018. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2019b): Berichte zur Resistenzmonitoringstudie 2017 – Resistenzsituation bei klinisch wichtigen tierpathogenen Bakterien. Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Berlin
- BVL und RKI (2019): Gemeinsamer nationaler Bericht des BVL und RKI zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen in Deutschland 2018. Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Berlin
- 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
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds blaCTX-M genes in different plasmids from German clinical Escherichia coli isolates. J Med Microbiol 59: 580-587
- Debast, S., A. L. van Leengoed, A. Goorhuis, C. Harmanus, E. Kuijper und A. Bergwerff (2009): Clostridium difficile PCR ribotype 078 toxinotype V found in diarrhoeal pigs identical to isolates from affected humans. Environmental Microbiology 11: 505-511
- ECDC (2017): Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2015. Surveillance report
- ECDC, EFSA und EMA (2017): ECDC/EFSA/EMA second joint report on the integrated analysis of the consumption of antimicrobial agents and occurrence of antimicrobial resistance in bacteria from humans and food-producing animals. Joint Interagency Antimicrobial Consumption and Resistance Analysis (JIACRA) Report. EFSA Journal 15(7):4872. doi: 10.2903/j.efsa.2017.4872
- 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. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/rn-135>

- 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/efsa-journal/pub/1376>
- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. EFSA Journal 993:1-73. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010a): 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 (2010b): Analysis of the baseline survey on the prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in holdings with breeding pigs, in the EU, 2008, Part B: factors associated with MRSA contamination of holdings. The EFSA Journal 2010(8(6)):1597. doi: 10.2903/j.EFSA.2009.1376
- 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 (2020): Manual for reporting on antimicrobial resistance within the framework of Directive 2003/99/EC and Decision 2013/652/EU for information derived from the year 2019. EFSA supporting publication 2020:EN-1794. 26 pp. doi:10.2903/sp.efsa.2020.EN-1794
- EFSA und ECDC (2017a): The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2015. EFSA Journal 15(2):4694, 212 pp. doi:10.2903/j.efsa.2017.4694
- EFSA und ECDC (2017b): The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2016. EFSA-Journal 15(12):5077
- EFSA und ECDC (2018a): The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA Journal 2018;16(12):5500
- EFSA und ECDC (2018b): Multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* sequence type 8 infections linked to consumption of salmon products. EFSA supporting publication 2018:EN-1496. EFSA supporting publication 15(10):16. doi: doi:10.2903/sp.efsa.2018.EN-1496
- EFSA und ECDC (2019a): The European Union One Health 2018 Zoonoses Report EFSA-Journal 17(12):5926
- EFSA und ECDC (2019b): Multi-country outbreak of *Listeria monocytogenes* clonal complex 8 infections linked to consumption of cold-smoked fish products. EFSA supporting publication 16(6):20. (Technical Report) doi: 10.2903/sp.efsa.2019.EN-1665
- EFSA und ECDC (2020): The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2017/2018. The EFSA Journal 18(3):6007. doi: 10.2903/j.efsa.2020.6007
- Ellis-Iversen, J. und H. Korsgaard (2018): Antimicrobial resistance in prawns and pangasius filets imported from Asia. In: B. Borck Høg, J. Ellis-Iversen und U. Wolff Sönksen (Hrsg.), DANMAP 2018. Statens Serum Institut; National Food Institute, Technical University of Denmark, Copenhagen, DK. p. 106–108
- Elmberg, J., C. Berg, H. Lerner, J. Waldenstrom und R. Hessel (2017): Potential disease transmission from wild geese and swans to livestock, poultry and humans: a review of the scientific literature from a One Health perspective. Infect Ecol Epidemiol 7(1):1300450. doi: 10.1080/20008686.2017.1300450
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>

- Feltrin, F., P. Alba, B. Kraushaar, A. Ianzano, M. A. Argudin, P. Di Matteo, M. C. Porrero, F. M. Aarestrup, P. Butaye, A. Franco und A. Battisti (2016): A Livestock-Associated, Multidrug-Resistant, Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Clonal Complex 97 Lineage Spreading in Dairy Cattle and Pigs in Italy. *Appl Environ Microbiol* 82(3):816-821. doi: 10.1128/AEM.02854-15
- Flor, M., A. Käsbohrer, H. Kaspar, B.-A. Tenhagen und J. Wallmann (2019): Beiträge der Arbeitsgruppe Antibiotikaresistenz zur Evaluierung der 16. AMG-Novelle – Themenkomplex 1: Entwicklung der Antibiotika-abgabe- und -verbrauchsmengen sowie der Therapiehäufigkeit, Berlin.
- Fosse, J., H. Seegers und C. Magras (2008): Foodborne zoonoses due to meat: a quantitative approach for a comparative risk assessment applied to pig slaughtering in Europe. *Vet Res* 39(1):1. doi: 10.1051/vetres:2007039
- Frank, C., S. Kapfhammer, D. Werber, K. Stark und L. Held (2008): Cattle Density and Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* Infection in Germany: Increased Risk for Most but Not All Serogroups. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* 8:635-644
- Fredriksson-Ahomaa, M., M. Bucher, C. Hank, A. Stolle und H. Korekala (2001): High Prevalence of *Yersinia enterocolitica* 4:O3 on Pig Offal in Southern Germany: A Slaughtering Technique Problem. *System. Appl. Microbiol.* 24, 457-463
- Fredriksson-Ahomaa, M., A. Stolle und R. Stephan (2007): Prevalence of pathogenic *Yersinia enterocolitica* in pigs slaughtered at a Swiss abattoir. *International Journal of Food Microbiology* 119, 207-212
- Fri, J., H. A. Njom, C. N. Ateba und R. N. Ndip (2020): Antibiotic Resistance and Virulence Gene Characteristics of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) Isolated from Healthy Edible Marine Fish. *Int J Microbiol* 2020:9803903. doi: 10.1155/2020/9803903
- Friedrich-Loeffler-Institut (2019): Tiergesundheitsjahresbericht 2018. Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald
- 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
- Fromm, S., E. Beisswanger, A. Käsbohrer und B. A. Tenhagen (2014): Risk factors for MRSA in fattening pig herds – a meta-analysis using pooled data. *Prev Vet Med* 117(1):180-188. doi: 10.1016/j.prevetmed.2014.08.014
- Ghaznavi-Rad, E., M. Nor Shamsudin, Z. Sekawi, L. Y. Khoo, M. N. Aziz, R. A. Hamat, N. Othman, P. P. Chong, A. van Belkum, H. Ghasemzadeh-Moghaddam und V. Neela (2010): Predominance and emergence of clones of hospital-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Malaysia. *J Clin Microbiol* 48(3):867-872. doi: 10.1128/JCM.01112-09
- Gill, A., C. Carrillo, M. Hadley, R. Kenwell und L. Chui (2019): Bacteriological analysis of wheat flour associated with an outbreak of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O121. *Food microbiology* 82:474-481. doi: 10.1016/j.fm.2019.03.023
- Guin, S., M. Saravanan, Anjay et al. (2019): Pathogenic *Vibrio parahaemolyticus* in diarrhoeal patients, fish and aquatic environments and their potential for inter-source transmission. *Heliyon Open Access* 5. e01743
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hammad, A. M., W. Watanabe, T. Fujii und T. Shimamoto (2012): Occurrence and characteristics of methicillin-resistant and -susceptible *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant coagulase-negative staphylococci from Japanese retail ready-to-eat raw fish. *Int J Food Microbiol* 156(3):286-289. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2012.03.022
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2016. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Huehn S., C. Eichhorn, S. Urmersbach, J. Breidenbach, S. Bechlars, N. Bier, T. Alter, E. Bartelt, C. Frank, B. Oberheitmann, F. Gunzer, N. Brennholt, S. Böer, B. Appel, R. Dieckmann und E. Strauch (2014): Pathogenic vibrios in environmental, seafood and clinical sources in Germany. *Int J Med Microbiol.* 2014 Oct;304(7):843-50. doi: 10.1016/j.ijmm.2014.07.010. Epub 2014 Jul 25
- Ikawaty, R., E. C. Brouwer, M. D. Jansen, E. van Duijkeren, D. Mevius, J. Verhoef und A. C. Fluit (2009): Characterization of Dutch *Staphylococcus aureus* from bovine mastitis using a Multiple Locus Variable Number Tandem Repeat Analysis. *Veterinary microbiology* 136(3-4):277-284. doi: 10.1016/j.vetmic.2008.10.034

- Irrgang, A., N. Pauly, B. A. Tenhagen, M. Grobbel, A. Kaesbohrer und A. J. A. Hammerl. (2020): Spill-Over from Public Health? First Detection of an OXA-48-Producing *Escherichia coli* in a German Pig Farm. *Microorganisms* 8(6)doi: 10.3390/microorganisms8060855
- 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
- Jackson, K. A., L. H. Gould, J. C. Hunter, Z. Kucerova und B. Jackson (2018): Listeriosis Outbreaks Associated with Soft Cheeses, United States, 1998-2014(1). *Emerg Infect Dis* 24(6):1116-1118. doi: 10.3201/eid2406.171051
- Jones, J. L., C. H. M. Lüdeke, J. C. Bowers, N. Garrett, M. Fischer, M. B. Parsons, C. A. Bopp, A. DePaola (2012): Biochemical, serological, and virulence characterization of clinical and oyster *Vibrio parahaemolyticus* isolates. *Journal of Clinical Microbiology* 50: 2343-2352
- 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. doi: 10.1371/journal.pone.0081796
- Knetsch, C. W., T. Connor, A. Mutreja, S. van Dorp., I. Sanders., H. Browne, D. Harris, L. Lipman, E. Keessen, J. Corver et al. (2014): Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Euro Surveill.* 19:1-12. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.45.20954
- Knetsch, C. W., N. Kumar, S. C. Forster, T. R. Connor, H. P. Browne, C. Harmanus, I. M. Sanders und S. R. Harris (2018): Zoonotic Transfer of *Clostridium difficile* Harboring Antimicrobial Resistance between Farm Animals and Humans. *J Clin Microbiol.* 22;56(3). pii: e01384-17. doi: 10.1128/JCM.01384-17
- Knight, D., B. Elliott, B. Chang, T. Perkins und T. Riley (2015): Diversity and Evolution in the Genome of *Clostridium difficile*. *Clinical Microbiology Reviews* 28, 721-741 doi:10.1128/CMR.00127-14
- 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
- Kreusikon, K. (2011): Usage of antimicrobials on 60 dairy farms in Northern Germany and characterization of methicillin resistant staphylococcus aureus MRSA and extended spectrum beta lactamases producing *Escherichia coli* ESBLs producing *E. coli* isolated from bulk tank milk samples. Freie Universität Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin, Berlin
- 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. doi: 10.1002/btpr.2874
- Kuijper, E. und J. van Dissel (2008): Spectrum of *Clostridium difficile* infections outside health care facilities. *CMAJ* 179(8): 747-748
- Layer, F., B. Strommenger, C. Cuny, I. Noll, M. Abu Sin, T. Eckmanns und G. Werner (2018): Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016. *Epidemiologisches Bulletin* 2018 (Nr. 5):57-62
- Le Hello, S., R. S. Hendriksen, B. Doublet, I. Fisher, E. M. Nielsen, J. M. Whichard, B. Bouchrif, K. Fashae, S. A. Granier, S. N. Jourdan-Da, A. Cloeckert, E. J. Threlfall, F. J. Angulo, F. M. Aarestrup, J. Wain und F. X. Weill (2011): International Spread of an Epidemic Population of *Salmonella enterica* Serotype Kentucky ST198 Resistant to Ciprofloxacin. *J Infect Dis* (jir409 pii ;10.1093/infdis/jir409 doi)
- Lehmacher, A. und B. Hansen (2007): Real-time PCR of virulent *Vibrio parahaemolyticus* in fish and crustacean products [Real-time PCR von virulenten *Vibrio parahaemolyticus* in Fisch- und Krebstierprodukten]. *J. Verbr. und Lebensm.* 2: 213-217
- Li, Y., X. Pei, J. Yan, D. Liu, H. Zhang, B. Yu, N. Li, D. Yang (2019): Prevalence of foodborne pathogens isolated from retail freshwater fish and shellfish in China. *Food Control* 99: 131-136

- Linde, H. J., R. Kobuch, S. Jayasinghe, U. Reischl, N. Lehn, S. Kaulfuss und L. Beutin (2004): *Vibrio metschnikovii*, a rare cause of wound infection. *J Clin Microbiol* 42(10):4909-4911. doi: 10.1128/JCM.42.10.4909-4911.2004
- 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
- Lüth, S., I. Boone, S. Kleta und S. Al Dahouk (2019): Analysis of RASFF notifications on food products contaminated with *Listeria monocytogenes* reveals options for improvement in the rapid alert system for food and feed. *Food Control* 96:479-487
- Mäde, D., A. C. Geuthner, R. Imming und A. Wicke (2017): Detection and isolation of Shiga-Toxin producing *Escherichia coli* in flour in Germany between 2014 and 2017. *J Verbrauch Lebensm* 12(3):245-253. doi: 10.1007/s00003-017-1113-1
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin
- Messelhäuser, U., H. Beck, P. Gallien, B. Schalch und U. Busch (2008): Presence of Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* and thermophilic *Campylobacter* spp. in cattle, food and water sources on Alpine pastures in Bavaria. *Arch. Lebensmittelhyg.* 59:103-106
- Metelmann, C., K. Schulz, R. Geldschläger-Canda, S. Plötz und W. Handrick (2010): Listeriose bei Erwachsenen – Fallberichte und Literatur-Übersicht. *Wien Klin Wochenschr* 122:354-359
- Mo, S. S., A. M. Urdahl, K. Madslie, M. Sunde, L. L. Nesse, J. S. Slettemeas und M. Norstrom (2018): What does the fox say? Monitoring antimicrobial resistance in the environment using wild red foxes as an indicator. *Plos One* 13(5):e0198019. doi: 10.1371/journal.pone.0198019
- Mok, J. S., A. Ryu, J. Y. Kwon, K. Park und K. B. Shim (2019a): Abundance, antimicrobial resistance, and virulence of pathogenic *Vibrio* strains from molluscan shellfish farms along the Korean coast. *Marine Pollution Bulletin* 149, Article number 110559
- Mok, J. S., A. Ryu, J. Y. Kwon, B. Kim und K. Park (2019b): Distribution of *Vibrio* species isolated from bivalves and bivalve culture environments along the Gyeongnam coast in Korea: Virulence and antimicrobial resistance of *Vibrio parahaemolyticus* isolates. *Food Control* 106, Article number 106697
- 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. doi: 10.1111/zph.12403
- Niemann, J.-K., T. Alter, G. Gözl, E. Tietze, A. Fruth, W. Rabsch, C. Münchhausen, R. Merle und L. Kreienbrock (2016): Simultaneous occurrence of *Salmonella enterica*, *Campylobacter* spp. and *Yersinia enterocolitica* along the pork production chain from farm to meat processing in five conventional fattening pig herds in Lower Saxony. *Berliner und Münchener tierärztliche Wochenschrift*, 129, 296-303
- Nordmann, P., T. Naas und L. Poirel (2011): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Emerging Infectious Diseases* 17, 1791-1798
- Nordmann, P., L. Poirel und L. Dortet (2012): Global Spread of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Rapid Detection of Carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. Emerging Infectious Diseases* 18, 1503-1507
- Pauly, N., H. Wichmann-Schauer, B. Ballhausen, N. Torres Reyes, A. Fetsch und B.-A. Tenhagen (2019): Detection and quantification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in fresh broiler meat at retail in Germany. *Int J Food Microbiol* 292:8-12. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.025
- Pfeifer, Y. (2010): ESBL, AmpC und Carbapenemasen: Vorkommen, Verbreitung und Diagnostik 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 Krankenhauserreger – Zeitraum 1. Januar 2017 – 31. Dezember 2017. *Epid Bull*; 28:263 – 267 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-034

- Ricci, A., A. Allende, D. Bolton, M. Chemaly, R. Davies, P. Salvador, F. Escamez, R. Girones, K. Koutsoumanis, R. Lindqvist, B. Norrung, L. Robertson, G. Ru, M. Sanaa, M. Simmons, P. Skandamis, E. Snary, N. Speybroeck, B. Ter Kuile, J. Threlfall, H. Wahlstrom, B. Bengtsson, D. Bouchard, L. Randall, B. A. Tenhagen, E. Verdon, J. Wallace, R. Brozzi, B. Guerra, E. Liebana, P. Stella, L. Herman und E. P. B. H. BIOHAZ (2017): Risk for the development of Antimicrobial Resistance (AMR) due to feeding of calves with milk containing residues of antibiotics. *Efsa Journal* 15(1):101. (Article) doi: 10.2903/j.efsa.2017.4665
- Rico, A., R. Jacobs, P. J. Van den Brink und A. Tello (2017): A probabilistic approach to assess antibiotic resistance development risks in environmental compartments and its application to an intensive aquaculture production scenario. *Environ Pollut* 231(Pt 1):918-928. doi: 10.1016/j.envpol.2017.08.079
- 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#doc237453obodyText9
- 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 Krankenhausreger. *Epidemiologisches Bulletin* Nr. 19, 197-171
- RKI (2016a): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhausreger 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#doc237456obodyText7
- RKI (2019b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2020a): *Epidemiologisches Bulletin* 3/2020 www.rki.de/epidbull
- RKI (2020b): Antworten auf häufig gestellte Fragen zu Nicht-Cholera-Vibrionen <https://www.rki.de/Shared-Docs/FAQ/Vibrionen/FAQ-Liste.html>

- Roschanski, N., A. Friese, C. von Salviati-Claudius, J. Hering, A. Kaesbohrer, L. Kreienbrock und U. Roesler (2017): Prevalence of carbapenemase producing Enterobacteriaceae isolated from German pig-fattening farms during the years 2011–2013. *Veterinary Microbiology* 200, 124-9
- Rosner, B. M., K. Stark, M. Hohle und D. Werber (2012): Risk factors for sporadic *Yersinia enterocolitica* infections, Germany 2009–2010. *Epidemiol Infect* 140(10):1738-1747. doi: 10.1017/S0950268811002664
- Rosner, B. M., A. Schielke, X. Didelot, F. Kops, J. Breidenbach, N. Willrich, G. Golz, T. Alter, K. Stingl, C. Josenhans, S. Suerbaum und K. Stark (2017): A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany, 2011–2014. *Sci Rep* 7(1):5139
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading_1533_1257451891
- 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
- Schmid, A., S. Hormansdorfer, U. Messelhauser, A. Kasbohrer, C. Sauter-Louis und R. Mansfeld (2013): Prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* on Bavarian dairy and beef cattle farms. *Appl Environ Microbiol* 79(9):3027-3032. doi: 10.1128/AEM.00204-13
- Schmid, D., F. Allerberger, S. Huhulescu, A. Pietzka, C. Amar, S. Kleta, R. Prager, K. Preussel, E. Aichinger und A. Mellmann (2014): Whole genome sequencing as a tool to investigate a cluster of seven cases of listeriosis in Austria and Germany, 2011–2013. *Clin Microbiol Infect* 20(5):431-436. doi: 10.1111/1469-0691.12638
- 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
- Schnitt, A. und B. A. Tenhagen (2019): Risk Factors for the Occurrence of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Dairy Herds: An Update. *Foodborne Pathog Dis* doi: 10.1089/fpd.2019.2638
- Schnitt, A., T. Lienen, H. Wichmann-Schauer und B.-A. Tenhagen (2019): Risikofaktoren für das Vorkommen von Methicillin resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) in deutschen Milchviehherden. In: 13. Berlin-Brandenburgischer Rindertag / DVG-Rindertagung, Berlin, Germany. p 43.
- Schroeter, A. und A. Käsbohrer (2012): Deutsche Antibiotikaresistenz-Situation in der Lebensmittelkette – DARLink 2009. Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
- Siffczyk, C., M. Smuskiewicz, K. Weise, B. Rosner, A. Fruth, R. Prager, W. Rabsch, M. Hausner, C. Friedrich und G. Ellsäßer (2017): The largest *Campylobacter coli* outbreak in Germany, associated with mincemeat consumption, May 2016, National Symposium on Zoonoses Research 2017, Berlin
- Soge, O. O., D. No, K. E. Michael, J. Dankoff, J. Lane, K. Vogel, J. Smedley und M. C. Roberts (2016): Transmission of MDR MRSA between primates, their environment and personnel at a United States primate centre. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* 71(10):2798-2803. doi: 10.1093/jac/dkw236
- Sperling, L., T. Alter und S. Huehn (2015): Prevalence and antimicrobial resistance of *Vibrio* spp. in retail and farm shrimps in Ecuador. *Journal of Food Protection* 78: 2089-2092
- Szabo, I., B. Beck, A. Friese, A. Fetsch, B. A. Tenhagen, and U. Roesler (2012): Colonization kinetics of different methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* sequence types in pigs and host susceptibilities. *Appl Environ Microbiol* 78(2):541-548. doi: AEM.05327-11 [pii];10.1128/AEM.05327-11 [doi]
- Tenhagen, B.-A., C. Wegeler, A. Schroeter, C. Dorn, R. Helmuth und A. Käsbohrer. (2009): Association of *Salmonella* spp. in slaughter pigs with farm management factors. In: Safepork – 8th International Symposium on the epidemiology and control of foodborne pathogens in pork, Quebec, Kanada. p 232-235
- Tenhagen, B.-A., B. Vossenkuhl, A. Käsbohrer, K. Alt, B. Kraushaar, B. Guerra, A. Schroeter und A. Fetsch (2014): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in cattle food chains – prevalence, diversity, and antimicrobial resistance in Germany. *Journal of Animal Science* 92(6):2741-2751. doi: 10.2527/jas.2014-7665

- Tenhagen, B.-A., K. Alt, B. Pfefferkorn, L. Wiehle, A. Käsbohrer und A. Fetsch (2018): Short communication: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in conventional and organic dairy herds in Germany. *J Dairy Sci* 101(4):3380-3386. doi: 10.3168/jds.2017-12939
- Tenhagen, B. A., A. Käsbohrer, M. Grobbel, J.-A. Hammerl und H. Kaspar (2020): Antibiotikaresistenz von *E. coli* aus Rinderpopulationen in Deutschland. *Tierärztliche Praxis* in press
- Tra, V.T.T., L. Meng, D. Pichpol, N.H. Pham, M. Baumann, T. Alter S. Huehn (2016): Prevalence and antimicrobial resistance of vibrio spp. In retail shrimps in Vietnam [Prävalenz und antimikrobielle Resistenz von *Vibrio* spp. in Shrimps von Märkten in Vietnam] *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 129: 48-51
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner-Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Vanantwerpen, G., I. Van Damme, L. De Zutter und K. Houf (2014): Within-batch prevalence and quantification of human pathogenic *Yersinia enterocolitica* and *Y. pseudotuberculosis* in tonsils of pigs at slaughter. *Veterinary Microbiology* 169, 223-227
- Van Cleef, B. A., D. L. Monnet et al. (2011): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans. *Europe. Emerg Infect Dis* 17:502-505
- Van Doren, J. M., R. J. Blodgett, R. Pouillot, A. Westerman, D. Kleinmeier, G. C. Ziobro, Y. Ma, T. S. Hammack, V. Gill, M. F. Muckenfuss und L. Fabbri (2013): Prevalence, level and distribution of *Salmonella* in shipments of imported capsicum and sesame seed spice offered for entry to the United States: observations and modeling results. *Food Microbiol* 36(2):149-160. doi: 10.1016/j.fm.2013.05.003
- Vogt, N. A., D. L. Pearl, E. N. Taboada, R. J. Reid-Smith, M. R. Mulvey, N. Janecko, S. K. Mutschall und C. M. Jardine (2019): A repeated cross-sectional study of the epidemiology of *Campylobacter* and antimicrobial resistant Enterobacteriaceae in free-living Canada geese in Guelph, Ontario, Canada. *Zoonoses Public Health* 66(1):60-72. doi: 10.1111/zph.12529
- von Müller, L. (2016): Aktuelles zu Clostridium-difficile-Infektionen. *Deutsche medizinische Wochenschrift* 141(16):e157
- Vossenkuhl, B., J. Brandt, A. Fetsch, A. Käsbohrer, B. Kraushaar, K. Alt und B.-A. Tenhagen (2014): Comparison of spa Types, SCCmec Types and Antimicrobial Resistance Profiles of MRSA Isolated from Turkeys at Farm, Slaughter and from Retail Meat Indicates Transmission along the Production Chain. *Plos One* 9(5):e96308. doi: ARTN e96308 DOI 10.1371/journal.pone.0096308
- Wadl, M., D. E. Müller-Wiefel, K. Stark, A. Fruth, H. Karch und D. Werber (2010): Enteropathisches hämolytisch-urämisches Syndrom. Sporadischer Einzelfall oder Teil eines Krankheitsausbruchs? *Monatsschr Kinderheilkd* 159:152-160
- Wallet, F., M. Tachon, S. Nseir, R. J. Courcol, and M. Roussel-Delvallez (2005): *Vibrio metschnikovii* pneumonia. *Emerg Infect Dis* 11(10):1641-1642. doi: 10.3201/eid1110.050177
- Wassenaar, T. M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. *Arch. Lebensmittelhyg.* 61, 85-90
- WHO (2019): Critically Important Antimicrobials for Human Medicine, 6th Revision 2018, World Health Organisation, Genf, CH
- Wulsten et al. (2020): *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
- Xia, X., J. Meng, P. F. McDermott, S. Ayers, K. Blickenstaff, T. T. Tran, J. Abbott, J. Zheng und S. Zhao (2010): Presence and characterization of shiga toxin-producing *Escherichia coli* and other potentially diarrheagenic *E. coli* strains in retail meats. *Appl Environ Microbiol* 76(6):1709-1717. doi: 10.1128/AEM.01968-09
- 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

Yu, F., T. Li, X. Huang, J. Xie, Y. Xu, J. Tu, Z. Qin, C. Parsons, J. Wang, L. Hu und L. Wang (2012): Virulence gene profiling and molecular characterization of hospital-acquired *Staphylococcus aureus* isolates associated with bloodstream infection. *Diagn Microbiol Infect Dis* 74(4):363-368. doi: 10.1016/j.diagmicrobio.2012.08.015

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

