



Bundesamt für
Verbraucherschutz und
Lebensmittelsicherheit



Bundesinstitut für Risikobewertung

BVL-Report · 16.1 Berichte zur Lebensmittelsicherheit

► Zoonosen-Monitoring 2020



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.

© 2021 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. Beatrice Pfefferkorn (BVL, Ref. 115), PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen (BfR), Lars Wiehle (BVL, Ref. 132)
ViSdP:	Harald Händel (BVL, Pressestelle)
Umschlaggestaltung:	ORCA Affairs, Berlin
Titelbild:	Adobe Stock – montreux13
Satz:	ORCA Affairs, Berlin

Berichte zur Lebensmittelsicherheit

Zoonosen-Monitoring 2020

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 2020	3
3.3	Untersuchungsmethoden	9
3.3.1	Erregernachweis	9
3.3.2	Resistenztestung.....	11
3.3.2.1	Bewertungskriterien bei der Resistenztestung.....	13
3.3.3	Plausibilitätskontrolle sowie Ausschluss- und Auswertungskriterien für Untersuchungsergebnisse	14
3.3.4	Kriterien für Isolate der Resistenztestung.....	15
4	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern.....	16
4.1	<i>Salmonella</i> spp	16
4.1.1	Einleitung	16
4.1.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	17
4.1.3	Ergebnisse der Typisierung.....	19
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.....	29
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).....	33
4.5.1	Einleitung	33
4.5.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	34
4.5.3	Ergebnisse der Typisierung	35
4.6	<i>Clostridioides difficile</i>	36
4.6.1	Einleitung	36
4.6.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen	37
4.6.3	Ergebnisse der Typisierung.....	37

4.7	<i>Bacillus cereus</i>	38
4.7.1	Einleitung	38
4.7.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen.....	38
4.7.3	Ergebnisse der Typisierung.....	39
4.8	Extended-Spektrum Beta-Laktamasen (ESBL) und/oder AmpC Beta-Laktamasen (AmpC) bildende <i>E. coli</i>	39
4.8.1	Einleitung.....	39
4.8.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen.....	40
4.8.3	Ergebnisse der Typisierung.....	42
4.9	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	42
4.9.1	Einleitung.....	42
4.9.2	Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung	43
5	Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern	44
5.1	<i>Salmonella</i> spp.....	44
5.2	<i>Campylobacter</i> spp.	47
5.3	Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC).....	51
5.4	Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA).....	53
5.5	Kommensale <i>Escherichia coli</i>	54
5.6	<i>Enterococcus faecalis</i> und <i>Enterococcus faecium</i>	58
6	Bewertung der Ergebnisse.....	60
7	Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen.....	74
8	Literaturquellen	83

Einleitung

1

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

legender 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 und der Wirksamkeit von Bekämpfungsmaßnahmen.

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 für das Zoonosen-Monitoring 2020 wurde vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) erstellt und nach Konsultation der Länder vom Ausschuss Zoonosen beschlossen. Er enthält konkrete Vorgaben über die zu untersuchenden Zoonoseerreger, die zu überwachenden Tierpopulationen, die zu überwachenden Stufen der Lebensmittelkette, die Anzahl der zu untersuchenden Proben, die Probenahmeverfahren und die anzuwendenden Analyseverfahren. Bei der Erstellung des Stichprobenplans ließ sich das BfR von einer Expertengruppe, die aus Sachverständigen der Länder besteht, beraten. Dabei wurden auch Vorgaben der Europäischen Kommission und Empfehlungen der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) berücksichtigt und geprüft, welche Proben aus sonstigen laufenden Monitoring-, Überwachungs- oder Bekämpfungsprogrammen dem Stichprobenplan angerechnet werden können. Die Länder, das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und das Robert Koch-Institut (RKI) können Vorschläge zum jährlichen Stichprobenplan machen.

Die von den Bundesländern im Rahmen des Zoonosen-Monitorings gewonnenen Untersuchungsergebnisse werden an das BVL gemeldet. Das BVL sammelt die Daten, wertet sie aus und veröffentlicht sie zusammen mit den Ergebnissen der Typisierung der Erreger, der Resistenztestung sowie der Bewertung der Ergebnisse durch das BfR in den jährlichen Zoonosen-Monitoring-Berichten. Die Untersuchungseinrichtungen der Länder senden die bei den Untersuchungen gewonnenen Isolate an die Nationalen Referenzlaboratorien des BfR. Diese führen im Rahmen der Risikobewertung eine weitergehende Charakterisierung der Isolate durch und untersuchen die Isolate auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen.

BVL und BfR übermitteln die Untersuchungsergebnisse gemäß den Bestimmungen des Artikels 9 der Richtlinie 2003/99/EG an die 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 2020

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2020 sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Mischfutterwerken, der freien Wildbahn, Erzeugerbetrieben (darunter Erwerbsfischereibetriebe), Eierpackstellen, Mühlenbetrieben, 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* und Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC) und zum anderen um Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA), *Clostridioides difficile* (*C. difficile*), präsumtive *Bacillus cereus*, 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*.

Als Probenahmeorte auf der Ebene des Einzelhandels konnten Einfuhrstellen und der Großhandel gewählt werden, wenn es sich bei den beprobten Waren um Verpackungen für die Endverbraucherinnen und Endverbraucher handelte. Dies galt aber nicht für Proben von Hähnchenfleisch, da diese entsprechend den Vorgaben des Beschlusses 2013/652/EU ausschließlich aus dem Einzelhandel stammen sollten. Auf der Ebene

des Einzelhandels konnten auch importierte Lebensmittel berücksichtigt werden, wenn sie den Kriterien des Zoonosen-Stichprobenplans entsprachen. Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Matrices auf unterschiedlichen Stufen der Lebensmittelketten auf Bundesebene. Für die Probenahmen wurden jeweils die am besten geeigneten Stufen der Lebensmittelkette ausgewählt. Die Untersuchungen von Proben aus der Primärproduktion zielten darauf ab, die Prävalenz der Erreger bzw. ihre Resistenzeigenschaften in den Erzeugerbetrieben abzuschätzen. Probenahmen aus Schlachtbetrieben zu Beginn oder während des Schlachtprozesses zielten darauf ab, den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Mit der Beprobung am Ende des Schlachtprozesses (nach der Kühlung und vor der Weiterverarbeitung) sollte die Beurteilung der Übertragung der Erreger auf das Fleisch und in die weitere Verarbeitung ermöglicht werden. Mit den Untersuchungen von (Konsum-)Eiern aus Eierpackstellen sollten Erkenntnisse zur Verschleppung sowie zum Eintrag von Kontaminationen in den Einzelhandel gewonnen werden. Die Untersuchungen im Einzelhandel waren darauf ausgerichtet, abzuschätzen, wie häufig kontaminierte Lebensmittel zu den Verbraucherinnen und Verbrauchern gelangen. Die Untersuchungen von Proben von verarbeiteten Ölsaaten bei der Anlieferung an Mischfuttermittelwerke zielten darauf ab, die Belastung des Futtermittels mit Salmonellen und den dadurch möglichen Eintrag in die Futtermittelbetriebe und Tierbestände zu beurteilen. Mit der Beprobung in Mühlenbetrieben sollte die Prävalenz der Erreger in Getreidemehl am Ende des Mahlprozesses geschätzt und damit Erkenntnisse zum Eintrag von Kontaminationen in den Einzelhandel gewonnen werden. 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 Hähnenschlachtkörpern und frischem Hähnchenfleisch auf *Campylobacter* spp. berücksichtigten die Beschlüsse der Länderarbeitsgemeinschaft Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft (AFFL),

die diese Untersuchungen von 2017 bis einschließlich 2021 in einem jährlichen Rhythmus vorsehen. Hiermit soll eine Datengrundlage geschaffen werden, um die Wirkung getroffener Maßnahmen auf die Reduzierung dieser Zoonoseerreger in der Geflügelfleisch- und Schweinefleischkette beurteilen zu können. Untersuchungen auf *C. difficile* dienen dazu, die Datelage zum Vorkommen dieses Erregers während der Fleischgewinnung zu verbessern. Die Untersuchungen auf *Bacillus cereus*, der nicht als Zoonoseerreger gilt, jedoch lebensmittelbedingte Erkrankungen verursachen kann, dienen dazu, die Verbreitung dieses Erregers in pflanzlichen Lebensmitteln abzuschätzen.

Auf das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* wird im Zoonosen-Monitoring untersucht, um die Ausbreitung dieser resistenten Keime zu beobachten. Außerdem soll das Auftreten von neuen Resistenzen frühzeitig erkannt werden. Untersuchungen zu kommensalen *E. coli* und Enterokokken werden im Zoonosen-Monitoring durchgeführt, um ergänzend zu den Zoonoseerregern auch die Resistenzsituation bei diesen Kommensalen zu überwachen, da sie als Indikatorkeime für den beim Wirtsorganismus vorliegenden Selektionsdruck gelten. Für den gesundheitlichen Verbraucherschutz sind sie von besonderem Interesse, weil sie ein Reservoir von Resistenzgenen bzw. Resistenzmechanismen darstellen, die im Zuge des horizontalen Gentransfers auf andere, auch pathogene Keime übertragen werden können. Ziel dieser regelmäßigen Untersuchungen von kommensalen *E. coli* hinsichtlich ihrer Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika ist das Erkennen von Entwicklungstendenzen und neu auftretenden Resistenzen. Untersuchungen von Proben auf *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis* erfolgten, um verstärkt die Resistenzsituation auch bei grampositiven Erregern zu untersuchen. Die Antibiotikaresistenzuntersuchungen bei Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben und erlegten Wildschweinen dienen dazu, den Eintrag von resistenten Keimen aus der Umwelt in die Lebensmittelkette abzuschätzen.

Der Probenumfang wurde so gewählt, dass mit einer akzeptablen Genauigkeit und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % die Prävalenz des Erregers geschätzt werden kann. Für einige Programme, bei denen die Untersuchungen von der Verfügbarkeit geeigneter Proben abhängen, wurde lediglich ein unverbindlicher Untersuchungsumfang vorgeschlagen. Für die Programme, deren Stichprobenumfang auf $N = 384$ festgelegt wurde, wurde der Berechnung eine Prävalenz von 50 % bei einer Genauigkeit von ± 5 % und einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zugrunde gelegt. 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* 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 verarbeitete Ölsaaten zu den Ländern richtete sich nach dem Kontrollprogramm für Futtermittel des Bundes für die Jahre 2017 bis 2021. Beim Wildschweinprogramm richtete sich der Stichprobenumfang nach der Jagdstrecke für Wildschweine

je Bundesland im Jahr 2017/18. Die errechneten Zahlen dienten hier wie oben beschrieben nur als Orientierungswert, da kein verbindlich einzuhaltender Stichprobenumfang bei dem Programm festgelegt wurde. Für die Ermittlung der Anzahl der zu beprobenden Erwerbsfischereibetriebe sind die Daten zu gefangenen Cypriniden im Jahr 2017 aus dem Jahresbericht zur deutschen Binnenfischerei und Binnenaquakultur vom BMEL zugrunde gelegt worden. Die Verteilung der Proben aus Eierpackstellen auf die Länder erfolgte anhand der Eierpackstellen, die in der „Liste der für den Handel mit tierischen Lebensmitteln zugelassenen Betriebe“ aufgeführt werden. Bei der Beprobung von Mühlen wurde für die Berechnung des Stichprobenumfangs der Bericht des BMEL *Die Struktur der Mühlenwirtschaft 2018* herangezogen. Alle für das Wirtschaftsjahr 2017/2018 aufgeführten 196 meldepflichtigen Mühlen zur Vermahlung von Weichweizen und Roggen sollten beprobt werden.

In Tabelle 3.1 sind die im Zoonosen-Monitoring 2020 festgelegten Untersuchungsprogramme zusammengefasst. Tabelle 3.2 gibt eine Übersicht über den im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Umfang der Untersuchungen auf Resistenzen im Zoonosen-Monitoring 2020.

Tab. 3.1: Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2020 festgelegten Untersuchungen mit Untersuchungszahlen nach Zoonosen-Stichprobenplan

Stufe der Lebensmittelkette	Tierart, Matrix	Salmonella spp.	Campylobacter spp.	Listeria monocytogenes	STEC	MRSA	Kommensale E. coli	ESBL/AmpC-bildende E. coli	Carbapenemase-bildende E. coli	Enterococcus faecium/faecalis	Clostridioides difficile	präsumtive Bacillus cereus
Erzeugerbetrieb	Zuchthühner der Legerichtung: Kot						#	#				
	Legehennen: Kot						#	#				
	Süßwasserfische aus Erwerbsfischerei ohne Aquakultur ² : Kiementupfer					384	384	384				
Schlachthof	Mastschweine: Schlachtkörper	384										
	Masthähnchen: Blinddarminhalt (Hals)haut	384 384	550 384 ¹	384			204	300	300	384	384 ²	
	Mastputen: Blinddarminhalt (Hals)haut	384 384	680 384				204	300	300	384	384 ²	
Eierpackstelle	Eier (am Anfang der Packstelle)	384	384				384					
Eierpackstelle	Konsumeier (am Ende der Packstelle)	384	384				384					
Mühlenbetrieb	Weizenmehl	384			384							
Mischfutterwerk	verarbeitete Ölsaaten (bei Anlieferung im LKW)	120										
Freie Wildbahn	Wildschweine: Kot	384				304	204	384				
	Nasentupfer					384						
Einzelhandel	Hähnchenfleisch: frisches Fleisch	384	384 ¹	384 ¹			384	300	300			
	Konsumeier	384	384				384					
	Weichkäse aus Rohmilch			384 ¹	384	384						
	Schweinefleisch: Hackfleisch	384	384					384				
	pflanzliche Lebensmittel: getrocknete Blatt- und Grasprodukte	384		384 ¹	384		384					384
	kleine Wiederkäuer: frisches Lammfleisch	384			384	384	384	384				

Kein Probenumfang vorgegeben. Es dürfen Proben genutzt werden, die im Rahmen der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnungen (EG) Nr. 200/2010 (Zuchthühner) und 517/2011 (Legehennen) entnommen wurden.

¹ qualitative und quantitative Untersuchung

² Freiwillige Untersuchungen: Es wird kein Probenumfang vorgegeben, da die Untersuchungen je nach Verfügbarkeit von geeigneten Proben stattfinden. Für eine national repräsentative Stichprobe sollten 384 Proben, verteilt auf die Länder, wie vorgeschlagen, angestrebt werden.

Tab. 3.2: Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2020 festgelegten Resistenzuntersuchungen

Tierart bzw. Lebensmittel	Erreger
Erzeugerbetrieb	
Zuchthühner der Legerichtung (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
Legehennen (Kot)	kommensale <i>E. coli</i>
Süßwasserfische (Cypriniden) aus Erwerbsfischereibetrieben (Kiementupfer)	MRSA, kommensale <i>E. coli</i>
Schlachthof	
Mastschweine (Schlachtkörper)	<i>Salmonella</i> spp.
Masthähnchen (Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Masthähnchen ((Hals)haut)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp.
Mastputen (Blinddarminhalt)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i> , <i>Enterococcus faecium/faecalis</i>
Mastputen ((Hals)haut)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp.
Hersteller und Abpacker	
(Konsum-)Eier aus Eierpackstellen (Poolproben)	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Weizenmehl aus Mühlenbetrieben	<i>Salmonella</i> spp., STEC
Mischfutterwerk	
verarbeitete Ölsaaten	<i>Salmonella</i> spp.
Freie Wildbahn	
Wildschweine (Kot)	<i>Salmonella</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>
Wildschweine (Nasentupfer)	MRSA
Einzelhandel	
frisches Hähnchenfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Konsumeier	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., kommensale <i>E. coli</i>
Weichkäse aus Rohmilch	STEC, MRSA
Schweinehackfleisch	<i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp.
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	<i>Salmonella</i> spp., STEC, kommensale <i>E. coli</i>
frisches Lammfleisch	<i>Salmonella</i> spp., STEC, MRSA, kommensale <i>E. coli</i>

Erzeugerbetrieb

Auf Ebene der Primärproduktion sollten in Zuchthühnerbetrieben der Legerichtung und in Legehennenbetrieben Kotproben für die Untersuchung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und für die Gewinnung von Isolaten von kommensalen *E. coli* für die Resistenzuntersuchung entnommen werden. Die Beprobung in Legehennenbetrieben sollte am Anfang der Legephase (4 Wochen nach Umstallung) erfolgen, um Daten zur Antibiotikaresistenzsituation zu Beginn der Produktionsphase zu gewinnen.

Von Süßwasserfischen (Cypriniden) aus Erwerbsfischereibetrieben sollten Tupferproben aus der Tiefe der Kiemen für die Untersuchung auf das Vorkommen von MRSA und ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und für die Gewinnung von Isolaten von kommensalen *E. coli* für die Resistenztestung entnommen werden.

Schlachthof

An Schlachthöfen sollte je Schlachtcharge nach dem Zurichten, aber vor dem Kühlen die Haut eines Schlachtkörpers eines in Deutschland gemästeten Schweines beprobt und in den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf Salmonellen untersucht werden.

Von in Deutschland gemästeten Masthähnchen und Mastputen sollten an Schlachthöfen je Schlachtcharge der Blinddarminhalt von zehn Tieren und die Halshaut (gegebenfalls um Nackenhaut ergänzt) eines Schlachtkörpers vor der Weiterverarbeitung gewonnen werden. Der Blinddarminhalt sollte auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und Carbapenemase-bildenden *E. coli* untersucht werden. Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten zudem Isolate von kommensalen *E. coli* und *Enterococcus faecium*/

faecalis aus den Blinddarmproben gewonnen werden. Die (Hals)hautproben sollten auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. und *Clostridioides difficile* untersucht werden. Bei den (Hals)hautproben von Masthähnchenschlachtkörpern sollten zudem eine Untersuchung auf *Listeria monocytogenes* erfolgen und eine Keimzahlbestimmung von *Campylobacter* spp. durchgeführt werden.

Hersteller und Abpacker

In Eierpackstellen sollten bei Ankunft der Eier in der Packstelle Poolproben von jeweils zehn unsortierten Eiern aus konventioneller Produktion und nach dem Verpacken der Eier Poolproben von jeweils zehn sortierten Konsumeiern aus konventioneller Produktion entnommen und anschließend die Schalen in den Untersuchungseinrichtungen auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. untersucht werden. Für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen sollten zudem Isolate von kommensalen *E. coli* aus den Poolproben gewonnen werden.

In Mühlenbetrieben sollte eine Beprobung von Weizenmehl am Ende des Mahlprozesses, vor der Verpackung für die Untersuchung auf *Salmonella* spp. und STEC erfolgen.

Mischfutterwerk

An Mischfuttermittelwerken sollten verarbeitete Ölsaaten (Extraktionsschrote und Presskuchen) unmittelbar bei der Anlieferung mit dem LKW für die Untersuchung auf das Vorkommen von Salmonellen gewonnen werden. Dieses Programm ist auf zwei Jahre ausgelegt und wird im Zoonosen-Monitoring 2021 fortgesetzt. Die Berichterstattung erfolgt nach Abschluss der Untersuchungen im Bericht über das Jahr 2021.

Freie Wildbahn

Von in der freien Wildbahn erlegten Wildschweinen sollten Kotproben für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., STEC und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* sowie Nasentupfer für die Untersuchung auf MRSA entnommen werden. Aus den Kotproben sollten für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen zudem Isolate von kommensalen *E. coli* gewonnen werden.

Einzelhandel

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

Die Schalen von Poolproben von jeweils zehn Konsumeiern aus konventioneller Produktion sollten auf *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp. untersucht werden. Von den gepoolten Konsumeierschalen sollten zudem Isolate von kommensalen *E. coli* für die Resistenztestung gewonnen werden.

Im Einzelhandel sollten außerdem Proben von Weichkäse aus Rohmilch ohne Zusätze wie z. B. Kräuter oder Samen für die Untersuchung auf *Listeria monocytogenes*, STEC und MRSA gewonnen werden. Neben der Prävalenzbestimmung sollte auch eine Keimzahlbestimmung von *Listeria monocytogenes* durchgeführt werden.

Proben von Schweinehackfleisch sollten auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* untersucht werden.

Des Weiteren sollten Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten (z. B. Weizengras-Pulver, Gerstengras-Pulver, getrocknete Moringa- oder Olivenblätter, Betelblätter), die als Nahrungsergänzungsmittel oder als Lebensmittel des allgemeinen Verzehrs vermarktet wurden und aus dem Einzelhandel oder dem Internethandel stammten, auf *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes*, STEC und präsumtive *Bacillus cereus* untersucht werden. In Bezug auf *Listeria monocytogenes* sollte neben der Prävalenzuntersuchung auch eine Keimzahlbestimmung durchgeführt werden. Des Weiteren sollten aus den Proben Isolate von kommensalen *E. coli* für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen gewonnen werden.

Im Einzelhandel sollten außerdem Proben von frischem gekühltem oder tiefgekühltem Lammfleisch für die Untersuchung auf *Salmonella* spp., STEC, MRSA und ESBL/AmpC-bildende *E. coli* gewonnen werden. Des Weiteren sollten aus den Proben Isolate von kommensalen *E. coli* für die Untersuchung auf das Vorkommen von Resistenzen gewonnen werden.

3.3 Untersuchungsmethoden

3.3.1 Erregernachweis

Der Zoonosen-Stichprobenplan enthält Vorgaben zu den anzuwendenden Untersuchungsverfahren. Dabei wurden, soweit vorhanden, international standardisierte mikrobiologische Nachweismethoden sowie Empfehlungen der EFSA und des BfR als Referenz-

verfahren herangezogen. Grundsätzlich konnten auch andere gleichwertige Untersuchungsverfahren angewendet werden.

Die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings erfolgten länderspezifisch in den jeweiligen amtlichen Untersuchungseinrichtungen. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2020 vorgeschlagenen Untersuchungsmethoden können der Tabelle 3.3 entnommen werden.

Tab. 3.3: Untersuchungsmethoden zum Erregernachweis in den unterschiedlichen Matrices

Erreger	Untersuchungsmethode/weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
<i>Salmonella</i> spp.	DIN EN ISO 6579-1:2017-07 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-20/:2018-03) gegebenenfalls vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben (Konsum-)Eierschalen: auf die Spezifikationen in den ergänzenden Angaben zum jeweiligen Programm achten (Pools von Eierschalen)	verarbeitete Ölsaaten Schlachtkörper von Mastschweinen Blinddarminhalt und (Hals)haut von Masthähnchen Blinddarminhalt und (Hals)haut von Mastputen (Konsum-)Eierschalen Weizenmehl Kot von Wildschweinen frisches Hähnchenfleisch Schweinehackfleisch frisches Lammfleisch getrocknete Blatt- und Grasprodukte
<i>Campylobacter</i> spp.	qualitativ: DIN EN ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren B, Anreicherung in Preston Bouillon (gegebenenfalls vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben: Real-time PCR Detektion nach selektiver Voranreicherung ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang A oder Anhang B); zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B) quantitativ: DIN EN ISO 10272-2:2017 zumindest Speziesbestimmung der Isolate (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 06.32-1:2013-08, Anhang B) (Konsum-)Eierschalen: auf die Spezifikationen in den ergänzenden Angaben zum jeweiligen Programm achten (Pools von Eierschalen)	(Hals)haut von Masthähnchen (qualitativ und quantitativ) (Hals)haut von Mastputen (Konsum-)Eierschalen frisches Hähnchenfleisch (qualitativ und quantitativ) Schweinehackfleisch
	DIN EN ISO 10272-1:2017 Nachweisverfahren C: Methode zum Direktnachweis. Den Kot mit Peptonwasser oder PBS aufschwimmen (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)	Blinddarminhalt von Masthähnchen Blinddarminhalt von Mastputen
<i>Listeria monocytogenes</i>	qualitativ: DIN EN ISO 11290-1:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-32/1:2018-03) gegebenenfalls vorab PCR mit Bestätigung positiver Proben; § 64 LFGB Real-time PCR-Verfahren quantitativ: DIN EN ISO 11290-2:2017-09 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-22:2018-03)	(Hals)haut von Masthähnchen frisches Hähnchenfleisch (qualitativ und quantitativ) Weichkäse aus Rohmilch (qualitativ und quantitativ) getrocknete Blatt- und Grasprodukte (qualitativ und quantitativ)

Erreger	Untersuchungsmethode/weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Shiga-Toxin bildende <i>Escherichia coli</i> (STEC)	<p>folgende Methoden können eingesetzt werden:</p> <ul style="list-style-type: none"> DIN EN ISO/TS 13136:2013 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L 00.00-150(V):2014-08) ASU § 64 LFGB qualitativer Nachweis von Shiga-Toxin bildenden <i>Escherichia coli</i> (STEC) in frischen pflanzlichen Lebensmitteln L 25.00-6:2017-10; Real-time PCR-Systeme zum Nachweis der Shiga-Toxin-Gene <i>stx1</i> und <i>stx2</i> und des Intimin-Gens <i>eae</i> Protokoll zur Isolierung von Shiga-Toxin bildenden <i>E. coli</i> (STEC) nach Identifikation mittels Real-time PCR Detection of <i>Escherichia coli</i> producing the <i>Stx2f</i> subtype by Real-Time PCR (EU-RL VTEC/STEC: Laboratory methods for VTEC/STEC detection and typing, https://www.iss.it/documents/5430402/0/EURL-VTEC_Method_10_Rev+0.pdf/fdd913ba-1709-4c0b-d8c4-c21631e43f72?t=1619459131430) <p>Kot von Wildschweinen: Die in der ISO/TS 13136:2013 beschriebenen „Umgebungsproben im Bereich der Primärproduktion“ beinhalten auch die Möglichkeit, Kotproben nach dieser ISO zu untersuchen. Als Medium zur Anreicherung empfehlen wir gepuffertes Peptonwasser.</p>	<p>Weizenmehl Kot von Wildschweinen Weichkäse aus Rohmilch getrocknete Blatt- und Grasprodukte frisches Lammfleisch</p>
Methicillin-resistente <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA)	<p>nach Methodenvorschrift des BfR, Fassung von 2019 Hinweis: Mit dieser Methode werden MRSA-verdächtige <i>Staphylococcus aureus</i> nachgewiesen. Der endgültige Nachweis von MRSA erfolgt durch den Nachweis der Kombination eines speziesspezifischen Gens mit dem Resistenzgen*.</p>	<p>Süßwasserfische Nasentupfer von Wildschweinen Weichkäse aus Rohmilch</p>
<i>Clostridioides difficile</i>	<p>qualitative BfR-Hausmethode (Selektivanreicherung)</p>	<p>(Hals)haut von Masthähnchen (Hals)haut von Mastputen</p>
Präsumtive <i>Bacillus cereus</i>	<p>DIN EN ISO 7932:2005 (ASU § 64 LFGB, Technische Regel BVL L00.00-33 2006-09)</p>	<p>getrocknete Blatt- und Grasprodukte</p>
Kommensale <i>E. coli</i>	<p>Es wird keine spezifische Methode vorgeschrieben. Für Kotproben wird ein Direktausstrich einer geringen Kotmenge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Für Lebensmittel wird ein Direktausstrich einer geringen Menge direkt auf einem geeigneten Selektivmedium empfohlen. Für pflanzliche Lebensmittel wird die ISO 16649 Teil 1 oder ISO 16649 Teil 2 oder eine vergleichbare akkreditierte Methode empfohlen. gegebenenfalls Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode Süßwasserfische, (Konsum-)Eierschalen: auf die Spezifikationen in den ergänzenden Angaben zum jeweiligen Programm achten</p>	<p>Kot von Zuchthühnern Kot von Legehennen Süßwasserfische Blinddarminhalt von Masthähnchen Blinddarminhalt von Mastputen (Konsum-)Eierschalen Kot von Wildschweinen frisches Hähnchenfleisch getrocknete Blatt- und Grasprodukte frisches Lammfleisch</p>
ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i>	<p>qualitative selektive Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR) Bestätigung von <i>E. coli</i> mit Hausmethode Süßwasserfische: auf die Spezifikationen in den ergänzenden Angaben zum Programm achten</p>	<p>Kot von Zuchthühnern Kot von Legehennen Süßwasserfische Blinddarminhalt von Masthähnchen Blinddarminhalt von Mastputen Kot von Wildschweinen frisches Hähnchenfleisch Schweinehackfleisch frisches Lammfleisch</p>

Erreger	Untersuchungsmethode/weiterführende Bestimmung	Tierart/Matrix/Probenahmeort
Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>	qualitative selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i> (entsprechend Methodenvorschrift des EURL-AR)	Blinddarminhalt von Masthähnchen Blinddarminhalt von Mastputen frisches Hähnchenfleisch
<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 Masthähnchen Blinddarminhalt von Mastputen

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

3.3.2 Resistenztestung

Alle für diesen Bericht ausgewählten Isolate von *Salmonella* spp., *Campylobacter* (*C. jejuni*, *Campylobacter* (*C. coli*, *Escherichia* (*E. coli*, Shiga-Toxin bildenden *E. coli* (STEC), *Enterococcus* (*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 Mo7) 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 gegebenenfalls EUVSEC2 (*Salmonella* spp. und *E. coli*), EUVENC

(Enterokokken), EUCAMP2 (*Campylobacter* spp.) und EUST (MRSA) der Firma TREK Diagnostic Systems/ Thermo Fisher Scientific verwendet.

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

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

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

Tab. 3.4: Resistenztestung von *Salmonella* spp. und *E. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2020. Die Bewertung erfolgte soweit möglich unter Beachtung der Festlegung im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU.

Wirkstoffklasse	Antimikrobielle Substanz	Cut-Off-Wert >		Konzentrationsbereich	
		<i>Salmonella</i> spp.	<i>E. coli</i>	Minimum	Maximum
		µg/ml	µg/ml	µg/ml	µg/ml
Aminoglykoside	Gentamicin	2	2	0,5	32
Amphenicole	Chloramphenicol	16	16	8	128
Cephalosporine	Cefotaxim	0,5	0,25	0,25	4
	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.

Tab. 3.5: Resistenztestung von *C. jejuni* und *C. coli*. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2020. 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***Tab. 3.6:** Resistenztestung von MRSA. Übersicht über die eingesetzten Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien (Epidemiologische Cut-Off-Werte von EUCAST) für 2020.

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 Wirkstoffe, die getesteten Konzentrationsbereiche sowie die Bewertungskriterien für 2020. 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
		$\mu\text{g/ml}$	$\mu\text{g/ml}$	$\mu\text{g/ml}$	$\mu\text{g/ml}$
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 2020 konnten so insgesamt 11 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 Kapitel 4). Das 95%-Konfidenzintervall wurde nach dem Verfahren von Agresti und Coull ermittelt (Agresti und Coull 1998). Dieses Verfahren liefert bei kleiner Prävalenz und selbst bei fehlenden Nachweisen zuverlässige Konfidenzintervalle.

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

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

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

wobei k_u und k_o die 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	316
Berlin	112
Baden-Württemberg	572
Bayern	1.027
Bremen	18
Hamburg	68
Hessen	174
Mecklenburg-Vorpommern	301
Niedersachsen	2.250
Nordrhein-Westfalen	776
Rheinland-Pfalz	192
Schleswig-Holstein	222
Saarland	53
Sachsen	305
Sachsen-Anhalt	244
Thüringen	177
Gesamt	6.807

Tab. 3.9: Anzahl Proben nach Programmen

Herkunft	Probenanzahl
Zuchthühner der Legerichtung in Erzeugerbetrieben	89
Legehennen in Erzeugerbetrieben	292
Süßwasserfische aus Erwerbsfischereibetrieben	103
Mastschweine am Schlachthof	354
Masthähnchen am Schlachthof	997
Mastputen am Schlachthof	1.218
(Konsum-)Eier aus Eierpackstellen	642
Weizenmehl aus Mühlenbetrieben	242
Ölsaaten aus Mischfutterwerken	85
Wildschweine	527
frisches Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel	454
Konsumeier aus dem Einzelhandel	367
Weichkäse aus Rohmilch aus dem Einzelhandel	347
Schweinehackfleisch	437
getrocknete Blatt- und Grasprodukte aus dem Einzelhandel/Internethandel	264
frisches Lammfleisch aus dem Einzelhandel	389
Gesamt	6.807

3.3.4 Kriterien für Isolate der Resistenztestung

Für die Auswertung der Ergebnisse der Resistenztestung im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 wurden alle Isolate berücksichtigt, die dem BfR mit dem Hinweis übermittelt wurden, dass sie im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 gewonnen wurden und zu denen auch dem BVL Daten übermittelt wurden. Alle in der Auswertung berücksichtigten Isolate wurden auch dahingehend geprüft, ob es sich um einen Vertreter der im Zoonosen-Stichprobenplan betrachteten Zoonoseerreger (z. B. *Salmonella* spp.) bzw. um *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium* oder *Enterococcus faecalis* handelte. Isolate, für die eine Zuordnung zu einem Programm nicht möglich war, wurden von

dieser Auswertung ausgeschlossen. Nicht berücksichtigt wurden auch Isolate, die aufgrund der angegebenen Matrix, aus der sie stammten, keinem der Programme zugeordnet werden konnten, sowie im Rahmen der Programme zusätzlich eingesandte Isolate aus einer Probe. Wurden aus einer Matrix deutlich mehr Isolate eingesandt, als von der EFSA für eine Bewertung der Resistenzsituation als Minimum empfohlen wird, wurden Isolate nach dem Zufallsprinzip zur Resistenztestung ausgewählt. Dieses Verfahren kam bei *E.-coli*-Isolaten aus dem Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen zur Anwendung. Tabelle 3.10 gibt eine Übersicht über die Anzahl der getesteten und in diesem Bericht berücksichtigten Isolate.

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

Ebene der Beprobung	Tierart, Matrix	<i>Salmonella</i> spp.	<i>Campylobacter</i> spp. (<i>C. jejuni</i> + <i>C. coli</i>)	MRSA	<i>Enterococcus</i> spp. (<i>E. faecalis</i> + <i>E. faecium</i>)	Shiga-Toxin bildende <i>E. coli</i> (STEC)	Kommensale <i>E. coli</i>
Gesamt	Getestete Isolate	152	1.259 (794+465)	13	631 (324+307)	94	1.449
Erzeugerbetrieb	Zuchthuhn, Legelinie, Kot/Staub	–	–	–	–	–	26
	Legehennen, Kot/Staub	–	–	–	–	–	296
Packstelle	(Konsum-)Eier, konventionell, unsortiert	0	9 (5+4)	–	–	–	54
	Konsumeier, konventionell, sortiert	0	2 (1+1)	–	–	–	58
Schlachthof	Mastschwein (Schlachtkörper)	14	–	–	–	–	–
	Masthähnchen, (Blinddarminhalt)	10	275 (217+58)	–	252 (128+124)	–	214
	Masthähnchen, (Schlachtkörper)	23	254 (201+53)	–	–	–	–
	Mastpute (Blinddarminhalt)	3	491 (189+302)	–	379 (196+183)	–	213
	Mastpute (Schlachtkörper)	67	26 (16+10)	–	–	–	–
Freie Wildbahn	Wildschweine, Nasentupfer	–	–	2	–	–	–
	Wildschweine, Kot	9	–	–	–	18	227
Einzelhandel	Masthähnchen, frisches Fleisch	19	201 (164+37)	–	–	–	209
	Lamm, frisches Fleisch	3	–	11	–	52	77
	Hackfleisch vom Schwein	3	–	–	–	–	–
	Rohmilchkäse	–	–	0	–	4	–
	Konsumeier, konventionell	0	1 (1+0)	–	–	–	63
	Cypriniden, Kiemen	–	–	0	–	–	11
	Weizenmehl	0	–	–	–	19	–
	Blatt- und Grasprodukte	1	–	–	–	1	1

– Untersuchung war im Zoonosen-Stichprobenplan 2020 nicht vorgesehen

Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung der Isolate nach Erregern

4.1 *Salmonella* spp.

4.1.1 Einleitung

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

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

Die Salmonellose ist in Deutschland und europaweit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste gemeldete bakterielle gastrointestinale Erkrankung beim Menschen (EFSA und ECDC 2021, RKI 2020). Der seit dem Jahr 2008 EU-weit zu beobachtende Rückgang der gemeldeten Salmonellose-Fälle hat sich in den letzten sechs Jahren nicht fortgesetzt. Im Jahr 2019 wurden in der EU insgesamt 87.923 bestätigte Salmonellose-Fälle beim Menschen gemeldet. Die Inzidenz lag mit 20 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf demselben Niveau wie im Vorjahr (20,1 Fälle pro 100.000 Einwohner) (EFSA und ECDC 2021). Der über mehrere Jahre zu beobachtende Anstieg der gemeldeten Erkrankungsfälle in der EU, die durch *Salmonella* Enteritidis hervorgerufen wurden, hat sich im Zeitraum 2015 bis 2019 ebenfalls nicht fortgesetzt (EFSA und ECDC 2021). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2020 insgesamt 8.606 Salmonellose-Fälle gemeldet (RKI 2021). Im Vorjahr lag die Zahl der gemeldeten Salmonellose-Erkrankun-

gen bei 13.693 (RKI 2020). Dieser drastische Rückgang der übermittelten Fälle trat bei den meisten meldepflichtigen Infektionskrankheiten auf und wird auf die COVID-19-Pandemie und die damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen zurückgeführt (Schranz und Ullrich 2021). Zum einen kann davon ausgegangen werden, dass es zu einem tatsächlichen Rückgang von Infektionskrankheiten durch Maßnahmen wie Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln, aber auch Schul- und Kita-Schließungen gekommen ist. Andererseits können aber auch durch eine verminderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen durch die Bevölkerung und durch eine verminderte Testung Fälle meldepflichtiger Infektionskrankheiten weniger erkannt und übermittelt worden sein (Schranz und Ullrich 2021).

Die bisherigen Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring zeigen, dass die Besiedlung von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof mit Salmonellen und die Salmonellen-Kontaminationsraten von Geflügelschlachtkörpern und frischem Geflügelfleisch in den Jahren 2009 bis 2014 abgenommen haben, seitdem aber kein weiterer Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten zu verzeichnen ist (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2017, BVL 2019). Bei Putenschlachtkörpern ist sogar eine deutliche Zunahme der Salmonellen-Nachweisrate zu beobachten (BVL 2017, BVL 2019). Bei den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings im Jahr 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, Mastkalb- und Jungrindfleisch 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). 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. Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern

waren im Jahr 2019 zu 1,0 % mit Salmonellen kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2017, BVL 2018, BVL 2019 und BVL 2020).

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

Die Salmonellose ist eine klassische Lebensmittelinfektion. Insbesondere erhöhen ungenügend gekühlte Lebensmittel und ungenügend durchgegarnte Lebens-

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

4.1.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Salmonella* spp. in Proben aus Schlachthöfen, Eierpackstellen, Mühlenbetrieben, der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.1 bis 4.8 zu entnehmen.

Tab. 4.1: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Mastschweinen sowie in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Schlachtkörper	354	14	4,0 (2,3–6,6)
Einzelhandel			
Hackfleisch	437	3	0,7 (0,1–2,1)

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	456	12	2,6 (1,5–4,6)
(Hals)haut	434	29	6,7 (4,7–9,5)
Einzelhandel			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	436	20	4,6 (3,0–7,0)

Tab. 4.3: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	497	4	0,8 (0,2–2,1)
(Hals)haut	447	69	15,4 (12,4–19,1)

Tab. 4.4: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von (Konsum-)Eierschalen aus Eierpackstellen und dem Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Eierpackstelle			
(Konsum-)Eierschalen am Eingang der Packstelle	317	0	0,0 (0,0–1,4)
Konsumeierschalen am Ausgang der Packstelle	325	0	0,0 (0,0–1,4)
Einzelhandel			
Konsumeierschalen	367	0	0,0 (0,0–1,2)

Tab. 4.5: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Weizenmehl aus Mühlenbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Mühlenbetrieb			
Weizenmehl	242	0	0,0 (0,0–1,9)

Tab. 4.6: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Kotproben von Wildschweinen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	260	12	4,6 (2,6–8,0)
Kot (Jungtier)	88	9	10,2 (5,3–18,5)
Kot (ausgewachsenes Tier)	141	2	1,4 (0,1–5,3)
Kot (keine Angabe zum Alter)	31	1	3,2 (0,0–17,6)

Tab. 4.7: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten im Einzelhandel und Internethandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (n)	<i>Salmonella</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	264	1	0,4 (0,0–2,3)

Tab. 4.8: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von frischem Lammfleisch 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			
frisches Lammfleisch gesamt	377	3	0,8 (0,2–2,4)
frisches Lammfleisch deutscher Herkunft	188	2	1,1 (0,0–4,0)
frisches Lammfleisch anderer Herkunft	176	1	0,6 (0,0–3,5)
frisches Lammfleisch ohne Angabe der Herkunft	13	0	0,0 (0,0–26,6)

Insgesamt wurden 5.213 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Salmonella* spp. einbezogen. In 4,0 % der Proben von Schlachtkörpern von Mast Schweinen wurden Salmonellen nachgewiesen. Schweinehackfleisch aus dem Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 0,7 % auf. Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof betrug 2,6 %. In Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, wurden Salmonellen zu 6,7 % nachgewiesen. Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate von 4,6 % auf. Bei Mastputen am Schlachthof waren 0,8 % der Blinddarmproben positiv für Salmonellen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Halshautproben der Schlachtkörper, die aus derselben Schlachtcharge entnommen werden sollten, betrug 15,4 %. Weder in Proben von (Konsum-)Eierschalen aus Eierpackstellen noch aus dem Einzelhandel wurden Salmonellen nachgewiesen. Ebenso war keine der untersuchten Weizenmehlproben aus Mühlenbetrieben positiv für Salmonellen. In Kotproben von Wildschweinen in der freien Wildbahn wurden Salmonellen zu 4,6 % nachgewiesen. Dabei waren Proben von Jungtieren zu 10,2 % positiv für Salmonellen, während in Kotproben von ausgewachsenen Wildschweinen Salmonellen zu 1,4 % nachgewiesen wurden. In 0,4 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden Salmonellen nachgewiesen. Frisches Lammfleisch aus dem Einzelhandel war zu 0,8 % positiv für Salmonellen.

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 152 Isolate von *Salmonella enterica* Subspez. *enterica* für die Typisierung zur Verfügung (Tab. 4.9 und 4.10). Diese gehörten 21 Serovaren und fünf Varianten an. Das häufigste Serovar war *Salmonella* (*S.*) *Infantis* mit 33 (21,7 %) Isolaten, die alle aus Masthähnchen stammten. Zahlenmäßig folgt *S.* *Senftenberg* mit 22 (14,5 %) Isolaten, allesamt von Mastputenschlachtkörpern. *S.* *Enteritidis* kam in vier, *S.* *Typhimurium*, einschließlich der monophasischen Variante, kam in 16 (10,5 %) Isolaten vor.

Die meisten Isolate stammten aus den Untersuchungen bei Mastputen am Schlachthof (70 Isolate, 46,1 %), dabei fast ausschließlich (95,7 %) aus Halshautproben. Weitere 52 Isolate (34,2 %) wurden aus Proben von Masthähnchen gewonnen. Davon wurden 63,5 % am Schlachthof gewonnen, die restlichen 19 Isolate stammten aus frischem Hähnchenfleisch ohne Haut, welches im Einzelhandel beprobt wurde. Siebzehn (11,2 %) Isolate aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch stellten den drittgrößten Anteil nach Herkünften dar. Die restlichen 13 Isolate (8,6 %) verteilen sich auf drei Isolate (*S.* Subspez. IIIb) aus frischem Lammfleisch im Einzelhandel, neun aus Kotproben von erlegtem Schwarzwild und ein Isolat (*S.* *Anatum*) aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten in Pulver- oder Blattform.

Aus Untersuchungen von Proben von (Konsum-)Eierschalen an Packstellen und im Einzelhandel sowie von Weizenmehl in Mühlen vor dem Verpacken zur Abgabe an die Verbraucherinnen und Verbraucher wurden keine Isolate gewonnen.

Tab. 4.9: Anzahl der *Salmonella*-Serovare und deren Varianten von Masthähnchen und Mastputen

Tierart/Lebensmittel	Masthähnchen	Masthähnchen	Masthähnchen	Mastputen	Mastputen
Matrix	Blinddarminhalt	Halshaut	frisches Fleisch	Blinddarminhalt	Halshaut
Matrixdetail	Pool à 10 Tiere	Einzel(tier)probe	gekühlt ohne Haut	Pool à 10 Tiere	Einzel(tier)probe
Probenahmestelle	Schlachthof	Schlachthof	Einzelhandel	Schlachthof	Schlachthof
Anzahl untersucht	N = 10	N = 23	N = 19	N = 3	N = 67
S. Anatum					
S. Blockley					1
S. Brandenburg					3
S. Chester		1			
S. Derby				1	1
S. Dublin					
S. Durham					
S. Enteritidis			1	1	2
S. Hadar				1	
S. Indiana		2			
S. Infantis	8	13	12		
S. Kottbus					4
S. London					
S. Newport					1
S. Paratyphi B		5	3		
S. Rauform					
S. Reading					1
S. Rissen					
S. Schwarzengrund		1			7
S. Senftenberg					22
S. Subspez. I Rauform	2	1	2		
S. Subspez. IIIb					
S. Typhimurium					1
S. Typhimurium monophasisch					9
Salmonellen der Gruppe E					1
Subspez. I			1		14

Tab. 4.10: Anzahl der *Salmonella*-Serovare und deren Varianten von Mastschweinen, kleinen Wiederkäuern, Wildschweinen und getrockneten Blättern und Gräsern

Tierart/Lebensmittel	Mastschwein	Mastschwein	Lamm	Wildschwein	Lebensmittel aus Blättern und Gräsern
Matrix	Schlachtkörper	Hackfleisch	frisches Fleisch	Kot	getrocknete Blatt- und Grasprodukte
Matrixdetail	Einzel(tier)probe	gekühlt	gekühlt oder tiefgefroren	Einzelprobe	Pulver- oder Blattform
Probenahmestelle	Schlachthof	Einzelhandel	Einzelhandel	Wildbahn	Einzelhandel
Anzahl untersucht	N = 14	N = 3	N = 3	N = 9	N = 1
S. Anatum					1
S. Blockley					
S. Brandenburg					
S. Chester					
S. Derby	3	1			
S. Dublin	1				
S. Durham				1	
S. Enteritidis					
S. Hadar					
S. Indiana					
S. Infantis					
S. Kottbus					
S. London		1			
S. Newport					
S. Paratyphi B					
S. Rauform				1	
S. Reading					
S. Rissen	1				
S. Schwarzengrund					
S. Senftenberg					
S. Subspez. I Rauform	3			1	
S. Subspez. IIIb	1		3	2	
S. Typhimurium	1	1		1	
S. Typhimurium monophasisch	3				
Salmonellen der Gruppe E					
Subspez. I	1			3	

4.2 *Campylobacter* spp.

4.2.1 Einleitung

Campylobacter spp. sind gramnegative, thermophile, spiral- oder helikal geformte Bakterien, die den Darm verschiedener Wild-, Haus- und Nutztiere in der Regel symptomlos besiedeln. Vögel stellen das wichtigste Reservoir von *Campylobacter* spp. dar. Die bei Vögeln im Vergleich zu anderen Tieren vorherrschende höhere Körpertemperatur von 42 °C stellt für *Campylobacter* spp. optimale Lebensbedingungen dar (Wysok und Uradzinski 2009). *Campylobacter* (*C.*) *jejuni* und *C. coli* sind die wichtigsten humanpathogenen Spezies (RKI 2020, Zautner et al. 2010). *C. jejuni* tritt häufiger beim Geflügel und Rind auf, während *C. coli* eher beim Schwein nachgewiesen wird (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2016b, BVL 2017, BVL 2018, BVL 2020 und Wassenaar und Laubenheimer-Preusse 2010). Eine Infektion des Menschen mit *Campylobacter* spp. kann zu einer akuten Darmentzündung führen, die mit starken Abdominalschmerzen und blutigen Durchfällen einhergehen kann. In der Regel klingt die Erkrankung nach wenigen Tagen von selbst wieder ab. Allerdings werden in ca. 30 % der akuten Fälle zur Behandlung Antibiotika eingesetzt (Rosner et al. 2017). Als seltene Komplikation können reaktive Gelenkentzündungen auftreten. Auch das Guillain-Barré-Syndrom, eine seltene, schwere neurologische Erkrankung, wird mit einer vorhergegangenen *C.-jejuni*-Infektion in Verbindung gebracht (RKI 2018a, Zhang et al. 2010, Zautner et al. 2010).

Die Campylobacteriose ist seit dem Jahr 2005 die häufigste gemeldete Zoonose beim Menschen in der EU (EFSA und ECDC 2021). In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2020 insgesamt 45.924 *Campylobacter*-Erkrankungen gemeldet (RKI 2021). Im Jahr zuvor lag die Zahl bei 61.526 Fällen (RKI 2020). Dieser deutliche Rückgang der übermittelten *Campylobacter*-Erkrankungen wird auf die COVID-19-Pandemie und die damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen sowie auf die verminderte Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen zurückgeführt (s. Kap. 4.1.1). 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 (2015–2019) stabil auf hohem Niveau geblieben (EFSA und ECDC 2021). Im Jahr 2019 wurden 220.682 bestätigte Campylobacteriose-Fälle in der EU gemeldet. Damit liegt die Inzidenz EU-weit bei 59,7 Fällen pro 100.000 Einwohner. Im Vergleich zum Vorjahr, in dem 64,1 Campylobacteriose-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner auftraten, ist die Inzidenz um 6,9 % gesunken (EFSA und ECDC 2021).

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

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

Der Verzehr von kontaminiertem Geflügelfleisch gilt als eine der Hauptursachen für Infektionen mit *Campylobacter* spp. (EFSA 2010). In Lebensmitteln werden *Campylobacter* spp. EU-weit am häufigsten in Proben von frischem Geflügelfleisch nachgewiesen (EFSA und ECDC 2021). 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 2019, BVL 2020). Proben von frischem Putenfleisch waren mit 15 % bis 32,7 % positiver Proben ebenfalls häufig mit *Campylobacter* verunreinigt (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2019). In Proben von frischem Schweine- und Rindfleisch wurden *Campylobacter* dagegen bisher nur selten im Zoonosen-Monitoring nachgewiesen (< 1 % positive Proben) (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2016b). Auch mit *Campylobacter* spp. verunreinigte Rohmilch stellt ein mögliches Vehikel für die Übertragung der Erreger auf den Menschen dar (RKI 2020). Im Zoonosen-Monitoring waren in den vergangenen Jahren etwa 1 % bis 2,5 % der Proben von Tankmilch *Campylobacter*-positiv (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2016b, BVL 2020). Es konnte allerdings kürzlich gezeigt werden, dass die Anzahl lebender *Campylobacter* durch Verlust der Kultivierbarkeit in Rohmilch mittels Routinemethoden deutlich unterschätzt werden kann (Wulsten et al. 2020). Dies weist auf die Notwendigkeit des Einsatzes verbesserter Nachweisverfahren in der Routinediagnostik hin. Außerdem spielen Kreuzkontaminationen während der Speisenzubereitung eine wichtige Rolle bei der Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber *Campylobacter* spp. (EFSA 2011). Aufgrund der niedrigen Infektionsdosis des Erregers ist

die direkte Übertragung von Mensch zu Mensch insbesondere bei Kindern ebenfalls möglich (RKI 2018a). Durch die weite Verbreitung von *Campylobacter* spp. bei Haus- und Nutztieren und in der Umwelt wird die Infektionsquelle häufig nicht identifiziert (Hamedy et al. 2007). Die Einschätzung, dass eine Reduktion der quantitativen Belastung der Lebensmittel mit *Campylobacter* zu einer deutlichen Reduktion der menschlichen Infektionen führen könnte, führte dazu, dass mit der Verordnung (EU) Nr. 1495/2017 die Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel um ein Prozesshygienekriterium bei der Schlachtung von Masthähnchen ergänzt wurde. Das seit 01.01.2018 in Kraft getretene Prozesshygienekriterium im Rahmen der Schlachtung sieht vor, dass maxi-

mal 40 % der Halshautproben auf dem Schlachthof eine Keimzahl von 1.000 KbE/g überschreiten dürfen. Dieser Wert wurde am 01.01.2020 auf 30 % reduziert und wird am 01.01.2025 auf 20 % gesenkt werden.

4.2.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Campylobacter* spp. in Proben aus Schlachthöfen, Eierpackstellen und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.11 bis 4.16 zu entnehmen.

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

Tab. 4.11: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof und von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	560	279	49,8 (45,7–53,9)
Halshaut	360	196	54,4 (49,3–59,5)
Einzelhandel			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	453	248	54,7 (50,1–59,3)

Tab. 4.12: 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	416	198 (47,6)	10	960	$3,5 \times 10^5$
frisches Hähnchenfleisch	436	10 (2,3)	10	42,5	200

Tab. 4.13: Quantitative Verteilung der Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel (KbE/g)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis ≥ 10 KbE/g und ≤ 100 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 100 KbE/g und ≤ 1.000 KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>Campylobacter</i> -Nachweis > 1.000 KbE/g
Halshaut	416	32 (7,7)	75 (18,0)	91 (21,9)
frisches Hähnchenfleisch	436	6 (1,4)	4 (0,9)	–

Campylobacter-Keimzahlen (in %) in Halshautproben von Masthähnchen

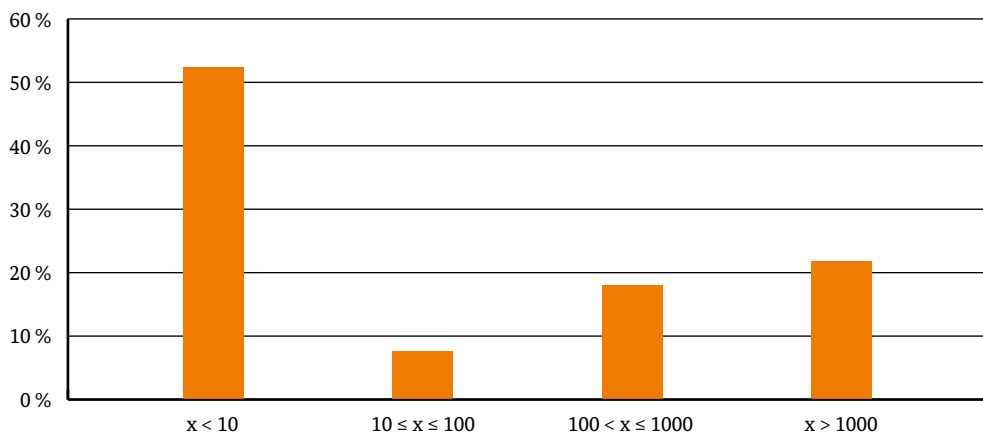


Abb. 4.1: Verteilung der Keimzahlen (x) aus der quantitativen Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (KbE/g)

Tab. 4.14: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	771	486	63,0 (59,6–66,4)
Halshaut	443	30	6,8 (4,8–9,5)

Tab. 4.15: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von (Konsum-)Eierschalen aus Eierpackstellen und dem Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Eierpackstelle			
(Konsum-)Eierschalen am Eingang der Packstelle	313	10	3,2 (1,7–5,9)
Konsumeierschalen am Ausgang der Packstelle	320	4	1,3 (0,4–3,3)
Einzelhandel			
Konsumeierschalen	364	2	0,5 (0,0–2,1)

Tab. 4.16: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (n)	<i>Campylobacter</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	433	1	0,2 (0,0–1,4)

Insgesamt wurden 4.090 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *Campylobacter* spp. einbezogen. In Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 49,8 % nachgewiesen. Die Halshaut der Masthähnchen, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, war zu 54,4 % mit den Erregern kontaminiert. In 47,6 % der Halshautproben von Masthähnchen ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen. 7,7 % der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 18,0 % der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1.000 KbE/g gemessen. Keimzahlen von über 1.000 KbE/g wurden in 21,9 % der Proben nachgewiesen (s. Abb. 1). Die Kontaminationsrate von frischem Hähnchenfleisch mit *Campylobacter* spp. betrug 54,7 %. In 2,3 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* spp. mit der quantitativen Methode nachweisen, wobei vier Proben mehr als 100 KbE/g aufwiesen und die höchste gemessene Keimzahl bei 200 KbE/g lag.

In Poolproben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof wurden *Campylobacter* zu 63,0 % nachgewiesen. Die Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, waren zu 6,8 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert. Proben von (Konsum-)Eierschalen, die am Eingang der Packstelle entnommen wurden, waren zu 3,2 % *Campylobacter*-positiv. In Proben von Konsumeierschalen, die am Ausgang der Packstelle entnommen wurden, wurden *Campylobacter* spp. zu 1,3 % nachgewiesen. Konsumeierschalen aus dem Einzelhandel wiesen eine *Campylobacter*-Nachweisrate von 0,5 % auf. In Proben von Schweinehackfleisch wurden *Campylobacter* spp. zu 0,2 % nachgewiesen.

4.2.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde mindestens ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war

dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Auch waren insgesamt 23 eingesandte Isolate mit Zuordnung zu einem Programm im NRL nicht anzüchtbar. Von 1.260 berücksichtigten Isolaten von *Campylobacter* (*C.*) spp. wurde der überwiegende Anteil aus Blinddarminhalt von Mastputen (N = 491; 39,0 %) und Masthähnchen (N = 275; 21,8 %) am Schlachthof eingesandt. Weitere 254 Isolate (20,2 %) stammten aus Untersuchungen von Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof und 201 (16,0 %) aus frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel. Von (Konsum-)Eiern (Schalenpools à 10 Eier) aus konventioneller Produktion wurden insgesamt 12 Isolate zur Typisierung eingesandt. Davon stammten 11 aus Packstellen (9 unsortiert) und ein Isolat aus Konsumeiern im Einzelhandel.

Ein Isolat aus Putenhalshaut vom Schlachthof wurde als *C. lari* im NRL bestimmt. Mit Ausnahme von Isolaten aus Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof gehörten die meisten Isolate der Spezies *C. jejuni* an. So waren 78,9 % der Isolate von Blinddarminhalt von Masthähnchen, 79,1 % von Halshautproben von Masthähnchen und 81,6 % von frischem Hähnchenfleisch *C. jejuni*. Aus Proben von Blinddarminhalt von Mastputen waren 189 Isolate (38,5 %) *C. jejuni*, während der dominierende Teil als *C. coli* (61,5 %) identifiziert wurde. Unter den 27 Isolaten aus Putenhalshautproben gehörten wiederum 37,0 % der Spezies *C. coli* an. Auch in 2016 und 2018 war der Anteil an *C. coli* in Putenblinddarmproben und in 2016 (2018 nicht untersucht) ebenfalls im Putenfleisch höher als an *C. jejuni*. Im Jahr 2012 wurden erheblich mehr Isolate (N = 187) aus Putenhalshautproben gewonnen und zur Typisierung eingesandt, die zu ähnlichen Anteilen auf die Spezies *C. jejuni* und *C. coli* verteilt waren wie in 2016 und 2018. Der Grund für die in 2020 auffälligen Verteilungen ist noch unklar. Allgemein sind Schwankungen in der Speziesverteilung durch das häufige Vorliegen von Mischkulturen von *C. jejuni* und *C. coli* in vielen Wirten und das zufällige Anreichern in Selektivmedien immer wieder zu beobachten.

Abbildung 4.2 gibt die Speziesverteilung unter den Isolaten für das Jahr 2020 wieder. Vier (44,4 %) der Isolate aus unsortierten Eiern an Packstellen gehörten der Spezies *C. coli* an.

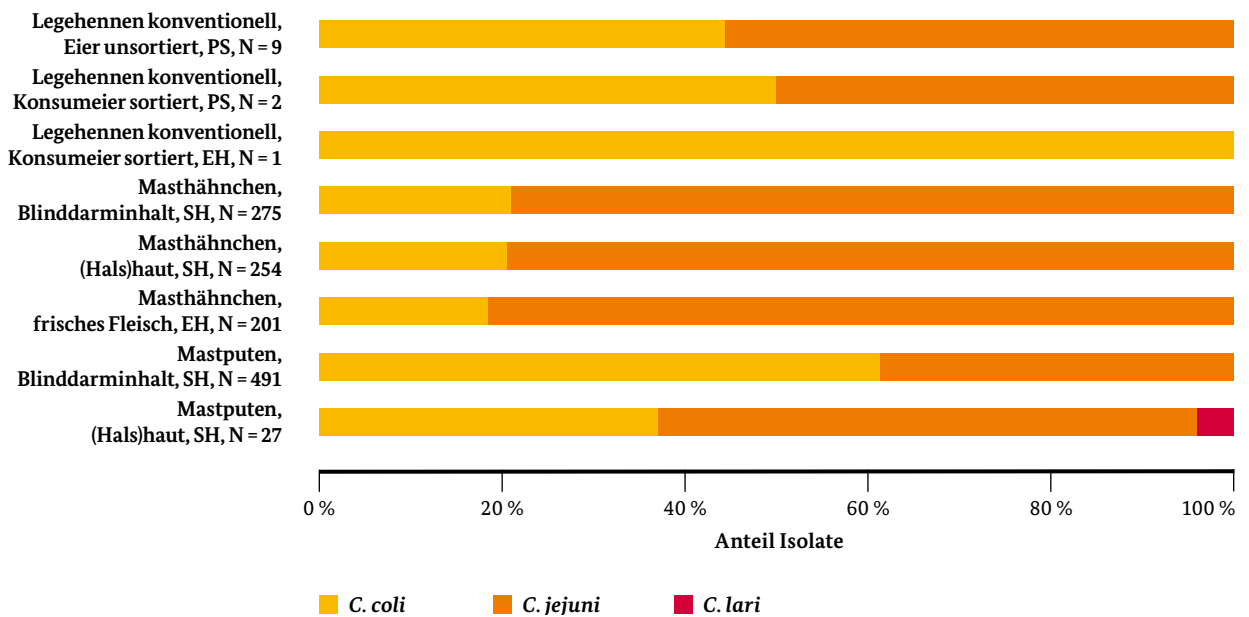


Abb. 4.2: Ergebnisse der Speziesbestimmung bei den Isolaten von *Campylobacter* spp. aus dem Zoonosen-Monitoring 2020 (PS: Packstellen, SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

4.3 *Listeria monocytogenes*

4.3.1 Einleitung

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

Erkrankungen des Menschen mit Listerien werden vornehmlich durch die Spezies *Listeria (L.) monocytogenes* hervorgerufen (RKI 2020). Listerien können Tiere vieler Arten infizieren, führen aber verhältnismäßig selten zu klinischen Symptomen. Am häufigsten erkranken Wiederkäuer (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 deutlich seltener auf, aufgrund der Schwere der Erkrankung spielen sie aber eine wichtige Rolle. Seit Beginn der Überwachung auf EU-Ebene im Jahr 2008 hat die Inzidenz der Erkrankung in Deutschland und europaweit zugenommen, wobei der Anstieg hauptsächlich durch Erkrankungen älterer Menschen von über

64 und dabei insbesondere von Menschen im Alter von über 84 Jahren begründet ist (EFSA 2007, EFSA und ECDC 2021, RKI 2020). In den Jahren 2015 bis 2019 sind die Zahlen bestätigter Listeriose-Fälle in der EU jedoch stabil geblieben (EFSA und ECDC 2021). Aufgrund der zunehmenden Alterung der Gesellschaft in den meisten Mitgliedstaaten ist es wichtig, das Bewusstsein und das Risiko für die Listeriose-Erkrankung insbesondere bei den älteren Menschen zu schärfen, zumal sie oftmals zu bestimmten Kosumgewohnheiten, wie z. B. dem Verzehr von verpackten Fischprodukten, neigen, die mit einem erhöhten Risiko einhergehen, an einer Listeriose zu erkranken (EFSA und ECDC 2021).

Im Jahr 2019 wurden EU-weit 2.621 bestätigte invasive Listeriose-Fälle gemeldet. Damit lag die Inzidenz mit 0,46 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf demselben Niveau wie im Vorjahr (0,47 Fälle pro 100.000 Einwohner) (EFSA und ECDC 2021).

Die Listeriose ist die zoonotische Erkrankung mit der höchsten Sterberate, die in der EU überwacht wird, was sie zu einer der schwerwiegendsten durch Lebensmittel übertragenen Krankheiten macht (EFSA und ECDC 2021). Die Sterberate lag im Jahr 2019 bei 17,6 % und damit höher als in den Vorjahren (2018: 15,6 %, 2017: 13,6 %) (EFSA und ECDC 2021).

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 2020 wurden dem RKI 575 Listeriose-Fälle gemeldet (RKI 2021). Damit liegt die Zahl übermittelter Listeriose-Erkrankungen in derselben Größenordnung wie im Jahr 2019, in dem 591 Fälle gemeldet wurden (RKI 2020). 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 2020). Schwangere weisen in der Regel nur Symptome eines grippalen Infektes auf, können die Infektion aber auf das ungeborene Kind übertragen, mit der Gefahr einer Schädigung des Kindes bzw. einer Früh- oder Totgeburt. Bei älteren und abwehrgeschwächten Menschen manifestiert sich die Listeriose häufiger mit Blutvergiftungen und eitrigen Hirnhautentzündungen. Die Inkubationszeit beträgt bei der Listeriose 3 bis 70 Tage, sodass Krankheitserscheinungen oft erst drei Wochen nach dem Verzehr des Lebensmittels auftreten, was die Ermittlung der Infektionsquelle erschwert (RKI 2010). Listerien sind in der Umwelt weitverbreitet. Der Mensch infiziert sich mit *L. monocytogenes* in erster Linie über kontaminierte Lebensmittel. Hierzu zählen nicht wärmebehandelte Lebensmittel tierischer Herkunft wie Rohmilchprodukte, Rohwürste, rohe Hackfleischzubereitungen (z. B. Mett) und unverarbeitete oder kaltgeräucherte Fischereierzeugnisse (z. B. Sushi, Räucherlachs), aber auch erhitzte und nachträglich kontaminierte Lebensmittel (BfR 2014). 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 inak-

zeptabel kontaminiert und muss – einhergehend mit entsprechenden Verbesserungen im Produktionsprozess – vom Markt genommen werden. Das Auftreten von *Listeria monocytogenes* variiert je nach Kategorie des verzehrfertigen Lebensmittels und nach der Stufe der Probenahme. Im Allgemeinen werden *Listeria monocytogenes* in verzehrfertigen Produkten, die im Einzelhandel entnommen werden, seltener in unerwünschten Mengen nachgewiesen als in verzehrfertigen Lebensmitteln, die auf der Ebene der Verarbeitungsbetriebe beprobt werden. Im Jahr 2019 wurden unbefriedigende Ergebnisse EU-weit am häufigsten in Proben von verzehrfertigem Fisch gesehen (5,8 % nicht zufriedenstellende Proben) (EFSA und ECDC 2021).

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

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

4.3.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *Listeria monocytogenes* in Proben aus Schlachthöfen und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.17 bis 4.22 zu entnehmen.

Tab. 4.17: Prävalenz von *Listeria monocytogenes* spp. in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof und von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (n)	<i>L.-monocytogenes</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Halshaut	431	86	20,0 (16,4–24,0)
Einzelhandel			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	451	87	19,3 (15,9–23,2)

Tab. 4.18: Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* 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>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis	davon Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	307	2 (0,7)	10 und 500	1 (0,3)

Tab. 4.19: Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von Weichkäse aus Rohmilch 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			
Weichkäse aus Rohmilch	346	1	0,3 (0,0–1,8)

Tab. 4.20: Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von Weichkäse aus Rohmilch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis	davon Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g
Weichkäse aus Rohmilch	325	0	–	–

Tab. 4.21: Prävalenz von *Listeria monocytogenes* in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten im Einzelhandel und Internethandel (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			
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	263	0	0,0 (0,0–1,7)

Tab. 4.22: Quantitative Bestimmung von *Listeria monocytogenes* in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten im Einzelhandel

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	ermittelte Keimzahlen von Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis	davon Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>L.-monocytogenes</i> -Nachweis oberhalb von 100 KbE/g
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	249	0	–	–

Insgesamt wurden 1.493 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In Halshautproben von Masthähnchenschlächtkörpern wurden *L. monocytogenes* zu 20,0 % und in Hähnchenfleischproben aus dem Einzelhandel zu 19,3 % nachgewiesen. In einer Probe (0,3 %) von Weichkäse

aus Rohmilch aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. Die Keimzahl lag allerdings unterhalb der Nachweisgrenze des quantitativen Verfahrens. Keine der untersuchten Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten war positiv für *L. monocytogenes*.

4.3.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden aus drei Untersuchungsprogrammen 171 Isolate an das Nationale Referenzlabor für *Listeria monocytogenes* am BfR eingesandt und dort mittels molekularbiologischer Methoden typisiert. Sechs Isolate gehörten anderen Spezies als *Listeria (L.) monocytogenes* an. Vier Isolate aus Hähnchenfleisch wurden als *L. welshimeri*, ein Isolat aus Rohmilchkäse als *L. ivanovii* und ein Isolat aus Halshaut von Masthähnchen am Schlachthof als *L. innocua* typisiert.

Die verbleibenden 165 Isolate von *L. monocytogenes* teilen sich nach den festgestellten Serotypen wie folgt auf: Isolate aus Halshautproben von Masthähnchen und aus frischem Fleisch im Einzelhandel gehörten jeweils überwiegend zum Serotyp IIa (62,4 % bzw. 68,4 %). Die Isolate aus Halshautproben wiesen zu etwa gleichen Anteilen die Serotypen IIb und IVb auf (16,5 % und 18,8 %). Bei Isolaten aus Fleisch kam neben dem Serotyp IIa hauptsächlich der Typ IVb (24,1 %) vor. Das Isolat aus Rohmilchkäse gehörte dem Serotyp IVb an (Abb. 4.3).

Aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden keine Listerien gewonnen.

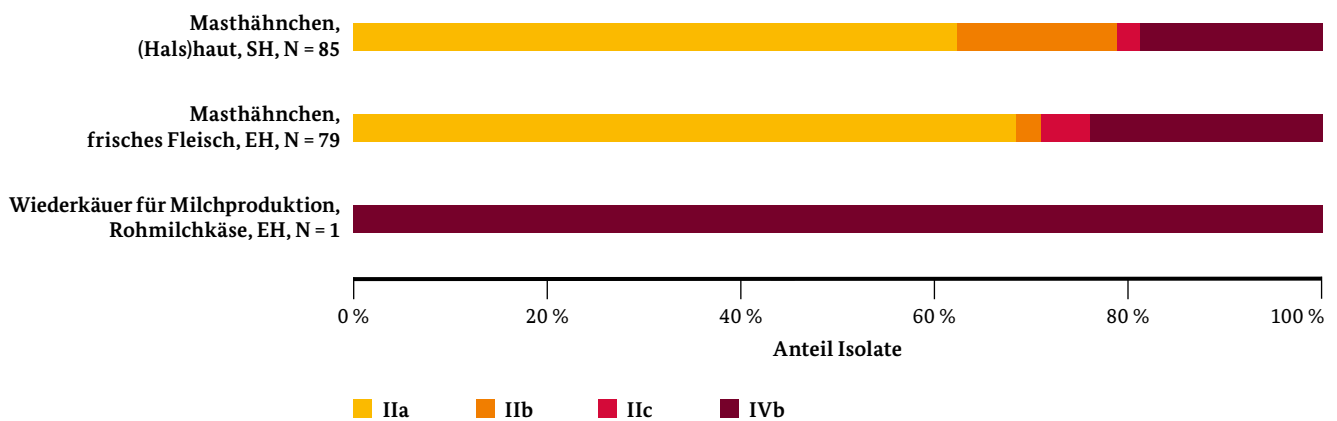


Abb. 4.3: Übersicht über die Verteilung der Serotypen bei *Listeria-monocytogenes*-Isolaten aus Proben im Zoonosen-Monitoring 2020 (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

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

4.4.1 Einleitung

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC) sind gram-negative, stäbchenförmige Bakterien, die bestimmte Zytotoxine (Shiga-Toxine syn. Vero-Toxine) bilden können. Diese Toxine können akute Darmentzündungen hervorrufen, die bei 10 % bis 20 % der Erkrankten einen schweren Verlauf mit einer hämorrhagischen Kolitis und krampfartigen Abdominalschmerzen nehmen können. Sobald STEC Humanerkrankungen verursachen, werden sie auch als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bezeichnet. Insbesondere bei Kindern kann eine Infektion mit STEC das hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auslösen (5 % bis 10 % der symptomatischen STEC-Infektionen), bei dem es zur Ausbildung einer hämolytischen Anämie, Thrombozytopenie und

eines akuten Nierenversagens kommt (RKI 2011a). HUS ist die häufigste Ursache für akutes Nierenversagen bei Kindern und macht bei etwa 66 % der Erkrankten eine Dialysebehandlung notwendig (Scheiring et al. 2010). Die bei Menschen am häufigsten isolierte Serogruppe von STEC ist O157 (RKI 2011a, Wadl et al. 2010, EFSA und ECDC 2021). Zwischen unterschiedlichen STEC-Typen bestehen deutliche Virulenzunterschiede. Hochpathogene Stämme, die in der Lage sind, schwere Erkrankungen beim Menschen hervorzurufen, werden sowohl im Tierbestand als auch in Lebensmitteln seltener nachgewiesen als andere STEC-Stämme (Blanco et al. 1996, Bülte und Heckötter 1997, Menrath 2009, Messelhäuser et al. 2008).

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. Im Jahr

2019 wurden 7.775 bestätigte STEC-Erkrankungen in der EU gemeldet. Die Inzidenz lag mit 2,2 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf demselben Niveau wie im Vorjahr (2,3 Fälle pro 100.000 Einwohner) (EFSA und ECDC 2021). EHEC ist damit auch im Jahr 2019 wieder die dritthäufigste in der EU gemeldete Zoonose gewesen (EFSA und ECDC 2021).

In Deutschland wurden dem RKI im Jahr 2020 mit insgesamt 1.338 STEC-(EHEC-)Fällen deutlich weniger Erkrankungen als im Vorjahr gemeldet, in dem die Zahl gemeldeter EHEC-Fälle bei 1.877 lag (RKI 2021, RKI 2020). 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 2020 lag die Zahl gemeldeter HUS-Fälle bei 60 und damit ähnlich hoch wie zuvor (2019: 73 Fälle) (RKI 2021, RKI 2020). Das RKI führt den allgemeinen Rückgang der übermittelten Fälle meldepflichtiger Erkrankungen im Jahr 2020 auf die COVID-19-Pandemie und die damit assoziierten Public-Health-Maßnahmen zurück (s. Kap. 4.1.1).

STEC kommen vor allem im Darm von Wiederkäuern (Rinder, Schafe und Ziegen) und Wildwiederkäuern (Dam-, Reh-, Rot- und Sikawild) vor und werden über den Kot ausgeschieden, ohne dass die Tiere erkranken (Bülte und Heckötter 1997, Bülte 2002, Menrath 2009). In Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings waren in der Vergangenheit etwa 30 % der Kotproben von Mastkälbern und Jungrindern sowie etwa 20 % der Kotproben von Mastrindern STEC-positiv (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b). Mit 40,2 % positiver Kotproben waren Rehe noch häufiger Träger von STEC als Mastkälber und Mastrinder (BVL 2018). Das Vorhandensein von STEC im Darm von Wiederkäuern und Wildwiederkäuern birgt die Gefahr einer fäkalen Kontamination des Fleisches mit den Erregern während des Schlachtprozesses bzw. der Wildfleischgewinnung sowie einer Kontamination der Rohmilch während der Milchgewinnung. Dies kann durch die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bestätigt werden: Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrin-

dern sowie Mastrindern waren zu 2 % bis 6 % mit STEC kontaminiert. Proben von Kalb- und Jungrindfleisch waren zu etwa 6 % und Proben von frischem Rindfleisch zu 0,9 % bis 4,4 % mit STEC belastet (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Das Fleisch von Wildwiederkäuern war im Vergleich zu Rindfleisch mit 16,1 % (Zoonosen-Monitoring 2012) bzw. 29,8 % (Zoonosen-Monitoring 2017) positiver Proben deutlich häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2014, BVL 2018).

In Tankmilch von Milchkühen wurden STEC zu 1,4 % bis 4,9 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2020). Verglichen damit war Tankmilch von Schafen und Ziegen mit etwa 7 % positiver Proben deutlich häufiger mit STEC kontaminiert (BVL 2016b). Von den im Rahmen des Zoonosen-Monitorings untersuchten pflanzlichen Lebensmitteln wurden STEC in Proben von Blatt- und Kopfsalaten nachgewiesen (1,3 % positive Proben), frischem Babyspinat (1,2 % positive Proben) und tiefgefrorener Petersilie (0,3 % positiver Proben) (BVL 2014, BVL 2020). 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 aus Mühlenbetrieben, der freien Wildbahn und dem Einzelhandel und Internethandel sind den Tabellen 4.23 bis 4.27 zu entnehmen.

Tab. 4.23: Prävalenz von STEC in Proben von Weizenmehl aus Mühlenbetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Mühlenbetrieb			
Weizenmehl	242	22	9,1 (6,0–13,4)

Tab. 4.24: Prävalenz von STEC in Kotproben von Wildschweinen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	257	18	7,0 (4,4–10,9)
Kot (Jungtier)	89	4	4,5 (1,4–11,3)
Kot (ausgewachsenes Tier)	138	13	9,4 (5,5–15,6)
Kot (keine Angabe zum Alter)	30	1	3,3 (0,0–18,1)

Tab. 4.25: Prävalenz von STEC in Proben von Weichkäse aus Rohmilch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Weichkäse aus Rohmilch	318	6	1,9 (0,8–4,2)

Tab. 4.26: Prävalenz von STEC in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten im Einzelhandel und Internethandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	259	1	0,4 (0,0–2,4)

Tab. 4.27: Prävalenz von STEC in Proben von frischem Lammfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	STEC-positive Proben (n)	STEC-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frisches Lammfleisch	380	50	13,2 (10,1–16,9)
frisches Lammfleisch deutscher Herkunft	190	36	18,9 (14,0–25,1)
frisches Lammfleisch anderer Herkunft	177	12	6,8 (3,8–11,6)
frisches Lammfleisch ohne Angabe der Herkunft	13	2	15,4 (3,1–43,5)

Es wurden insgesamt 1.456 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von STEC einbezogen. In 9,1 % der Proben von Weizenmehl aus Mühlenbetrieben wurden STEC nachgewiesen. Die Nachweisrate von STEC in Kotproben von Wildschweinen betrug 7,0 %, wobei STEC in Kotproben von Jungtieren zu 4,5 % und in Kotproben von ausgewachsenen Wildschweinen zu 9,4 % nachgewiesen wurden. Die auf der Ebene des Einzelhandels entnommenen Proben von Weichkäse aus Rohmilch und von getrockneten Blatt- und Grasprodukten waren zu 1,9 % bzw. 0,4 % positiv für STEC. In Proben von frischem Lammfleisch wurden STEC zu 13,2 % nachgewiesen. Proben von frischem Lammfleisch aus Deutschland waren zu 18,9 % und damit deutlich häufiger STEC-positiv als Proben aus anderen Herkunftsländern, bei denen STEC zu 6,8 % nachgewiesen wurden.

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 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 94 Isolate aus fünf Programmen als STEC eingesandt, die als STEC bestätigt werden konnten. Etwa die Hälfte der Isolate (55,3 %) stammte aus Proben von Lammfleisch im Einzelhandel, gefolgt

von je ca. einem Fünftel an Isolaten aus Weizenmehl vor dem Verpacken in Mühlen (20,2 %) und aus Kotproben von Wildschweinen (19,1 %). Weitere vier Isolate aus Weichkäseproben aus Rohmilch und ein Isolat aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten standen ebenfalls für die Typisierung zur Verfügung.

Von den Isolaten wiesen insgesamt 55,3 % bzw. 65,9 % das *stx1*- bzw. das *stx2*-Gen auf. Jedoch war diese Verteilung nicht gleichmäßig in den unterschiedlichen Matrices. Während etwa drei Viertel (76,9 %) der Isolate aus Lammfleisch positiv für das *stx1*-Gen war, war dies bei Isolaten aus Wildschweinkot (5,5 %) und Weizenmehl (36,8 %) seltener. Der Nachweis des *stx2*-Gens erfolgte mit 88,8 % am häufigsten bei Isolaten aus Wildschweinkot, gefolgt von 63,1 % bei Isolaten aus Weizenmehl und 59,6 % bei Lammfleisch-Isolaten. Allerdings wurde bei 18 Isolaten aus Wildschweinkot

der *stx2e*-Subtyp nachgewiesen. Die Kombination aus *stx1* und *stx2* wiesen 19 Isolate aus Lammfleisch (36,5 %) und das eine Isolat aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten auf. Das *eae*-Gen konnte bei fünf Isolaten nachgewiesen werden, drei davon aus Weizenmehl. Das *ehxA*-Gen wurde insgesamt 55-mal nachgewiesen. Etwa die Hälfte (30 Isolate) der Nachweise erfolgte bei Isolaten aus Lammfleisch.

Insgesamt gehörten die 94 Isolate 28 verschiedenen O-Serogruppen an. Zehn Isolate konnten nicht typisiert werden. Die Serogruppe O146 kam am häufigsten vor (17 Isolate, 18,1 %). Die Isolate trugen drei verschiedene H-Antigene. Vierzehn der Isolate stammten aus Lammfleisch. Zehn Isolate (10,6 %) (sieben aus Weizenmehl) gehörten der zweithäufigsten Serogruppe O187 an (Tab. 4.28). Die Serogruppe O157 wurde nicht nachgewiesen.

Tab. 4.28: Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC-Isolate auf Serotypen, die Shiga-Toxin kodierenden Gene (*stx1* und *stx2*) sowie die *eae*- und *ehxA*-Gene

O-Gruppe	H-Gruppe	<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	<i>eae</i>	<i>ehxA</i>	Rohmilch- weichkäse	Lamm- fleisch	Wild- schwein- kot	Weizen- mehl	Blatt- und Gras- produkte
		N = 52	N = 62	N = 5	N = 55	N = 4	N = 52	N = 18	N = 19	N = 1
6	[H10]	+	-	-	-		3			
6	[H49]	-	+	-	+			1		
8	[H30]	-	+	-	-		1			
8	[H8]	-	+	-	+			2		
8	[H9]	-	+	-	-		2			
11	[H48]	+	-	-	-				3	
11	[H5]	-	+	-	+				2	
15	[H11]	+	+	-	-		1			
15	[H16]	-	+	-	-	1				
15	[H27]	+	+	-	-		1			
21	[H21]	-	+	-	+			1		
21	[H2]	+	+	-	+		1			
26	[H11]	+	-	+	+				1	
27	[H30]	-	+	-	-			1		
36	[H14]	-	+	-	+				1	
36	[H19]	-	+	-	-			1		
38	[H26]	+	+	-	+		2			
43	[H2]	-	+	-	+			2	1	
55	[H1]	+	-	-	-	1				
70/71	[H8]	+	+	+	+					1
76	[H19]	+	-	-	+		1			
78	[H4]	+	-	-	+		1			
87	[H16]	-	+	-	-		1			
87	[H16]	-	+	-	-		1			
87	[H2]	-	+	-	-		1			
91	[H14]	+	+	-	-		1			
91	[H14]	+	+	-	+		3			
91	[H14]	+	+	-	-		1			
91	[H23]	+	+	-	-		1			
103	[H2]	+	-	+	+				1	

O-Gruppe	H-Gruppe	stx1	stx2	eae	ehxA	Rohmilch- weichkäse	Lamm- fleisch	Wild- schwein- kot	Weizen- mehl	Blatt- und Gras- produkte
103	[H2]	+	-	+	-				1	
104	[H7]	+	-	-	-	1				
113	[H21]	-	+	-	+		1			
128	[H2]	+	+	-	+		1			
128	[H2]	+	+	-	-		1			
145	[H28]	-	+	+	+			1		
146	[H21]	+	+	-	+		3			
146	[H21]	+	-	-	+		1			
146	[H21]	+	-	-	+		9			
146	[H21]	+	-	-	-			1		
146	[H28]	-	+	-	-			1	1	
146	[H8]	+	-	-	-		1			
153	[H25]	-	+	-	+	1				
154	[H2]	+	-	-	-				1	
154	[H31]	+	-	-	-			1		
166	[H28]	+	+	-	+		1			
166	[H28]	-	+	-	+		2			
176	[H4]	+	-	-	+		1			
186	[H10]	+	+	-	+		1			
187	[H28]	-	+	-	+				1	
187	[H28]	-	+	-	+			2	5	
187	[H28]	-	+	-	+				1	
187	[H52]	+	-	-	-		1			
NT	[H14]	-	+	-	-		1			
NT	[H21]	-	+	-	-			2		
NT	[H2]	+	+	-	+		1			
NT	[H4]	+	-	-	+		1			
NT	[H14]	-	+	-	-		2			
NT	[H2]	+	-	-	-		1			
NT	[H8]	-	+	-	+			1		
NT	[H9]	+	-	-	-		1			
Rau	[H19]	-	+	-	-			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 Besiedelung mit dem Keim der Hauptrisikofaktor für eine Infektion ist (EFSA 2009a). Bei Infektion einer Wunde mit MRSA können lokale (oberflächliche), tiefgehende oder systemische Krankheitserscheinungen auftreten (RKI 2016c).

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

Im Rahmen von Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring wurden bisher die höchsten Nachweisraten von nutztierassoziierten MRSA in der Geflügelfleischkette gefunden. Schlachtkörper von Mastputen waren mit über 60 % und frisches Putenfleisch mit 30 % bis 40 % positiver Proben besonders häufig mit MRSA kontaminiert (BVL 2010, BVL 2012, BVL 2014, BVL 2016a, BVL 2017). Auf Masthähnchenschlachtkörpern und in frischem Hähnchenfleisch wurden MRSA zu etwa 50 % bzw. 25 % nachgewiesen (BVL 2010, BVL 2013, BVL 2015, BVL 2017). Seit 2016 ist die MRSA-Nachweisrate in Proben von frischem Hähnchenfleisch allerdings auf unter 20 % gesunken (BVL 2017, BVL 2019). In der Lebensmittelkette Mastschwein kommen MRSA ebenfalls häufig vor: Knapp 40 % der Proben von Sockentupfern aus Mastschweinebetrieben waren positiv für MRSA. Die Schlachtkörper von Mastschweinen waren zu etwa 20 % und frisches Schweinefleisch zu etwa 13 % mit MRSA kontaminiert (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Bei Mastkälbern und Jungrindern wurden MRSA auf allen Stufen der Lebensmittelkette häufiger nachgewiesen als bei Mastrindern (BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Während die Nasentupfer von Mastkälbern und Jungrindern am Schlachthof zu 35,0 % bis 45,0 % MRSA-positiv waren, waren nur etwa 8 % der Mastrinder zum Zeitpunkt der Schlachtung nasal mit MRSA besiedelt. Die Schlachtkörper von Mastkälbern und Jungrindern waren mit 30,8 % positiver Proben ebenfalls deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert als Schlachtkörper von Mastrindern, die nur zu 5,0 % eine Verunreinigung mit MRSA aufwiesen. Frisches Fleisch von Mastkälbern und Jungrindern war zu etwa 10 % bis 12 % und frisches Rindfleisch zu 5 % bis 8 % positiv für MRSA (BVL 2010,

BVL 2012, BVL 2013, BVL 2014, BVL 2015, BVL 2016b, BVL 2018). Tankmilch aus Milchrinderbetrieben wies eine Kontaminationsrate mit MRSA von etwa 4 % bis 10 % auf (BVL 2011, BVL 2012, BVL 2016a, BVL 2020). Der Verzehr oder die Handhabung von mit MRSA kontaminierten Lebensmitteln ist nach derzeitigem Kenntnisstand nicht mit einem erhöhten Risiko verbunden, zu einem Träger des Bakteriums zu werden oder durch dieses infiziert zu werden (EFSA 2009b). Ein erhöhtes Risiko, sich zu infizieren bzw. symptomloser Träger zu werden, besteht aber für Menschen, die einen vermehrten Kontakt mit Tieren haben wie Landwirte und Tierärzte (Bisdorff et al. 2012, Reynaga et al. 2016 und Reynaga et al. 2017). Durch diese Berufsgruppen könnte dann der Erreger weiter verbreitet und z. B. in Krankenhäuser eingetragen werden. Menschen, die mit „nutztierassoziierten“ MRSA kolonisiert sind, scheinen seltener zu einer Ausbreitung von MRSA in Krankenhäusern beizutragen als Träger von „krankenhausassoziierten“ MRSA-Stämmen. Außerdem scheint eine Infektion des Menschen mit „nutztierassoziierten“ MRSA-Stämmen nur in seltenen Fällen zu schweren Krankheitserscheinungen zu führen (EFSA 2009b, Van Cleef et al. 2011). Allerdings werden alle Krankheitsbilder von Hautinfektionen bis Septikämien beschrieben (Köck et al. 2013).

4.5.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von MRSA in Proben aus Erwerbsfischereibetrieben, der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.29 bis 4.32 zu entnehmen.

Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder MRSA-verdächtige Isolate aus der Primärisolierung ein, die im Nationalen Referenzlabor für koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR bestätigt werden. Von den 15 eingesandten Isolaten konnten 13 (86,7 %) 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. 4.29: Prävalenz von MRSA in Kiementupfern von Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Erwerbsfischereibetrieb			
Kiementupfer	103	1	1,0 (0,0–5,8)

Tab. 4.30: Prävalenz von MRSA in Nasentupfern von Wildschweinen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Nasentupfer	262	2	0,8 (0,0–2,9)

Tab. 4.31: Prävalenz von MRSA in Proben von Weichkäse aus Rohmilch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Weichkäse aus Rohmilch	345	0	0,0 (0,0–1,3)

Tab. 4.32: Prävalenz von MRSA in Proben von frischem Lammfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-positive Proben (n)	MRSA-positive Proben (in %) (95 %-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frisches Lammfleisch	386	11	2,8 (1,5–5,1)
frisches Lammfleisch deutscher Herkunft	193	5	2,6 (0,9–6,1)
frisches Lammfleisch anderer Herkunft	180	4	2,2 (0,7–5,8)
frisches Lammfleisch ohne Angabe der Herkunft	13	2	15,4 (3,1–43,5)

Es wurden insgesamt 1.096 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA einbezogen. In 1,0 % der Kiementupferproben von Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben wurde MRSA nachgewiesen. Die Nachweisrate von MRSA in Nasentupferproben von Wildschweinen in der freien Wildbahn betrug 0,8 %. In Proben von Weichkäse aus Rohmilch wurden keine MRSA nachgewiesen. Proben von frischem Lammfleisch aus dem Einzelhandel waren zu 2,8 % 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. Lediglich das Isolat aus Süßwasserfischen wurde nicht eingesandt. Von den zur Bestätigung eingesandten 15 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 13 (86,7 %) als MRSA bestätigt. Zwei Isolate waren Methicillin-sensible *S. aureus*.

Die 13 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus zwei Programmen: Lammfleisch im Einzelhandel und Wildschwein. Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des 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 neun verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die meisten Isolate (8/13) dem CC398 zugeordnet werden können. Die Typen t011 (2 Isolate) und t034 (3 Isolate) kamen zusammengekommen am häufigsten vor. Bei weiteren drei Isolaten wurden andere *spa*-Typen bestimmt, die jedoch ebenfalls dem CC398 (t1451, t2576 und t19979) zuzuordnen sind. Isolate, die sich nicht dem CC398 zuordnen ließen, gehörten vier *spa*-Typen an: t1154, t15010, t223 (2 Isolate) und t267. Abbildung 4.4 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate (N = 11) stammten aus Lammfleisch. Unter ihnen befinden sich die fünf non-CC398 *spa*-Typen. Die zwei Isolate aus Nasentupfern von Wildschweinen wurden beide dem CC398 zugeordnet.

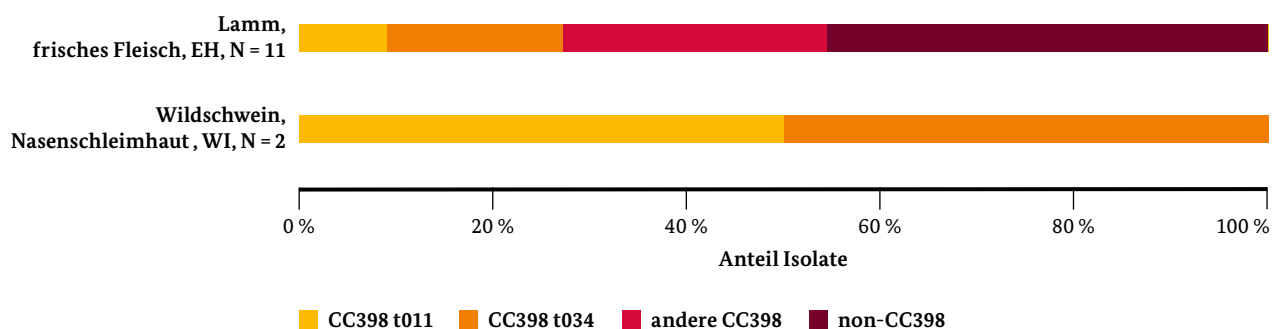


Abb. 4.4: Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen im Nutztierbereich (eingeteilt anhand ihres *spa*-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398) der untersuchten Isolate aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2020 (EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn)

4.6 *Clostridioides difficile*

4.6.1 Einleitung

Clostridioides (C.) difficile ist ein grampositives, sporenbildendes, anaerobes Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommt. Nach oraler Aufnahme keimen die Sporen im Intestinaltrakt aus und können vorübergehend oder chronisch den Dickdarm besiedeln. Altersabhängig sind viele Menschen mit diesem Keim kolonisiert, ohne zu erkranken (von Müller 2016). *C. difficile* ist der häufigste Erreger von im Krankenhaus erworbenen und 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). 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 2020 wurden dem RKI insgesamt 1.559 schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankungen und damit deutlich weniger Fälle gemeldet als im Jahr 2019, in dem 2.262 Fälle erfasst wurden (RKI 2020, RKI 2021). Eine mögliche Ursache für diesen Rückgang der gemeldeten Fälle ist die Abnahme der Patientenzahlen während der COVID-19-Pandemie in den Krankenhäusern aufgrund der Empfehlung, planbare Eingriffe zu verschieben, bzw. aufgrund eines Aufnahmestopps in den Krankenhäusern (Reuss et al. 2021). Ein weiterer Faktor, der zu einem Rückgang der Fallzahlen geführt haben könnte, ist die Erhöhung der allgemeinen Hygienemaßnahmen in den Krankenhäusern, um die Covid-19-Ansteckungen zu verhindern. Andererseits ist aber auch denkbar, dass die hohe Arbeitsbelastung des Klinikpersonals, der niedergelassenen Ärzte, der Labore und des öffentlichen Gesundheitsdienstes dazu geführt hat, dass weniger Erkrankungen gemeldet und übermittelt wurden (Reuss et al. 2021).

Eine *C.-difficile*-Infektion führt typischerweise zu einer akuten wässrigen Durchfallerkrankung mit krampfartigen Unterbauchschmerzen, die meist fünf bis zehn Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie auftritt (Schneider et al. 2007). Vorwiegend bei älte-

ren Menschen (> 70 Jahre) kommen aber auch schwere lebensbedrohliche Verläufe vor, die unter anderem mit der Ausbildung einer pseudomembranösen Kolitis oder eines Megakolons einhergehen. Ebenso ist aber auch eine Kolonisation des Darms ohne Ausbildung von Symptomen möglich (RKI 2020). Die Infektion erfolgt auf fäkal-oralem Weg unter anderem durch direkten Patientenkontakt, über kontaminierte Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt (Lübbert et al. 2014, RKI 2018b und RKI 2020). Landwirtschaftliche Nutztiere stellen ein potenzielles Reservoir für *C. difficile* dar und werden daher als mögliche Quelle für Infektionen des Menschen diskutiert (von Müller 2016). Insbesondere wird der Ribotyp 078 häufig bei Tieren und Menschen nachgewiesen (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). Genetische Untersuchungen von *C.-difficile*-Isolaten des Ribotyps 078 – der besonders häufig bei ambulanten *C.-difficile*-Infektionen des Menschen auftritt – von Schweinen und Menschen in den Niederlanden zeigten, dass Menschen und Schweine identische Stämme tragen, was auf eine Übertragung zwischen diesen Populationen hindeutet (Debast et al. 2009 und Knetsch et al. 2014). 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 0,0 % bis 1,4 % der untersuchten Proben von Schweinehackfleisch positiv für *C. difficile*. Die aus dem Schweinehackfleisch stammenden Isolate waren toxinogen und vom Ribotyp 078, 001 bzw. 126 (BVL 2018, BVL 2019 und BVL 2020).

4.6.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von *C. difficile* in Proben aus Schlachthöfen sind den Tabellen 4.33 und 4.34 zu entnehmen.

Tab. 4.33: Prävalenz von *Clostridioides difficile* in Proben von Schlachtkörpern von Masthähnchen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (n)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Halshaut	243	4	1,6 (0,5–4,3)

Tab. 4.34: Prävalenz von *Clostridioides difficile* in Proben von Schlachtkörpern von Mastputen am Schlachthof

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (n)	<i>C.-difficile</i> -positive Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Halshaut	418	1	0,2 (0,0–1,5)

Es wurden insgesamt 661 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *C. difficile* einbezogen. In 1,6 % der Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern und in 0,2 % der Halshautproben von Mastputenschlachtkörpern wurden *C. difficile* nachgewiesen.

4.6.3 Ergebnisse der Typisierung

Aus den Untersuchungen von Halshautproben auf *Clostridioides difficile* wurden vier Isolate zur Typisierung an das BfR gesandt. Drei stammten aus Proben von Masthähnchen und eines aus Puten. Es handelte sich bei allen Isolaten um toxinogene Stämme, die bei der Herkunft Masthähnchen den PCR-Ribotypen (RT) 010, AI-9-1 und 081 zugeordnet werden konnten. Das Isolat aus Puten trug den RT 005.

4.7 *Bacillus cereus*

4.7.1 Einleitung

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

Der Verzehr von mit *B. cereus* verunreinigten Lebensmitteln kann zu zwei Arten von in der Regel eher mild verlaufenden lebensmittelbedingten Erkrankungen führen – einer emetischen Erkrankung (Intoxikation) und einer Durchfallerkrankung (Toxikoinfektion). Die emetische Erkrankung wird durch das hitzestabile Toxin Cereulid ausgelöst. Cereulid wird bei der Vermehrung der vegetativen Zellen im Lebensmittel produziert und führt bereits innerhalb weniger Stunden nach der Aufnahme zu Übelkeit und Erbrechen. Bei schweren Intoxikationen kann Cereulid außerdem Leberschäden und Hirnödeme verursachen (Dierick et al. 2005; Shiota et al. 2010). Bei der Durchfallerkrankung werden Sporen und/oder vegetative Zellen mit dem Lebensmittel aufgenommen. Während die meisten vegetativen Zellen bei der Magenpassage inaktiviert werden, überleben die Sporen größtenteils die Magenpassage und können dann nahe bzw. in direktem

Kontakt mit dem Dünndarm-Epithel auskeimen und vegetative Zellen bilden. Diese können dann Enterotoxine bilden (Jessberger et al. 2017; Wijnands et al. 2007), welche Durchfall auslösen. Die Symptome treten meist 8 bis 24 Stunden nach der Aufnahme des kontaminierten Lebensmittels auf. Häufig sind zubereitete und erhitzte Speisen, die ungenügend kühl oder heiß gelagert wurden, ursächlich für lebensmittelbedingte Erkrankungen durch *B. cereus* (s. l.) (Stenfors et al. 2008, Granum und Lund 1997, EFSA 2005, EFSA 2016). Viele Arten von Lebensmitteln sowohl pflanzlichen als auch tierischen Ursprungs waren bisher bei lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen, die durch *B. cereus* (s. l.) verursacht wurden, beteiligt. Gekochte stärkehaltige Speisen, die Nudeln oder Reis enthalten, gehören dabei zu den Lebensmitteln, die am häufigsten mit emetischen Lebensmittelintoxikationen in Verbindung gebracht werden (Rouzeau-Szynalski et al. 2020). In der Mehrzahl der durch *B. cereus* verursachten Krankheitsausbrüche wurden *B.-cereus*-(s.l.)-Gehalte von über 10^5 KbE/g in den beteiligten Lebensmitteln nachgewiesen. Es sind aber auch Fälle bekannt, bei denen bereits niedrigere *B.-cereus*-(s.l.)-Gehalte von 10^3 bis 10^5 KbE/g zu Erkrankungen sowohl des emetischen als auch des Diarrhoe-Typs geführt haben (EFSA 2005 und EFSA 2016). Die EFSA geht davon aus, dass die Keimzahlen von *B. cereus*, die in Lebensmitteln als Risiko betrachtet werden müssen, wahrscheinlich auch für *B. thuringiensis* gelten, da auch *B. thuringiensis* das Potenzial haben, Enterotoxine zu produzieren (nicht hingegen das emetische Toxin Cereulid) (EFSA 2016). Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 wurden in 28,4 % der untersuchten Proben von Tomaten und in 8,3 % der Proben von frischen Sprossen präsumtive *Bacillus cereus* nachgewiesen. Die aus Tomaten gewonnenen Isolate gehörten fast ausnahmslos der Spezies *Bacillus thuringiensis* an, während unter den aus Sprossen eingesandten Isolaten von präsumtiven *Bacillus cereus* keine *Bacillus thuringiensis* auftraten (BVL 2017).

4.7.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der quantitativen Untersuchungen zum Vorkommen von präsumtiven *B. cereus* in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten sind der Tabelle 4.35 zu entnehmen.

Tab. 4.35: Quantitative Bestimmung von präsumtiven *Bacillus cereus* in Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten im Einzelhandel, Internethandel, Großhandel sowie Einfuhrstellen

Matrix	Anzahl Proben (N), bei denen eine quantitative Bestimmung vorgenommen wurde	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> - (s.l.)-Nachweis oberhalb der Nachweisgrenze von 10 KbE/g	ermittelte Keimzahlen (KbE/g) von Proben mit <i>B. cereus</i> (s.l.)	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> - (s.l.)-Nachweis ≥ 10 KbE/g und $\leq 10^3$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> - (s.l.)-Nachweis $> 10^3$ und $\leq 10^4$ KbE/g	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit <i>B.-cereus</i> - (s.l.)-Nachweis $> 10^4$ und $\leq 10^5$ KbE/g
getrocknete Blatt- und Grasprodukte	262	83 (31,7)	zwischen 10 und $3,7 \times 10^4$	76 (29,0)	5 (1,9)	2 (0,8)

Insgesamt wurde bei 262 Proben eine quantitative Untersuchung auf präsumtive *B. cereus* durchgeführt. In 31,7 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen. Bei 29,0 % der Proben lag die Keimzahl zwischen 10 und 10^3 KbE/g. 1,9 % der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10^3 und 10^4 KbE/g auf. Zwei Proben (0,8 %) wiesen einen Keimgehalt von über 10^4 KbE/g auf. Als höchste Keimbelastung wurden $3,7 \times 10^4$ KbE/g gemessen.

4.7.3 Ergebnisse der Typisierung

Es wurden präsumtive *Bacillus(B.)-cereus*-Isolate aus 43 Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten an das Labor für Sporenbildner am BfR übersandt. Mit einer Ausnahme wurde die Zugehörigkeit zur *B.-cereus*-Gruppe für alle Isolate bestätigt. Auffällig war das relativ häufige Auftreten von *B. pseudomycoloides* und der psychrotoleranten Spezies *B. mycoloides* mit acht bzw. zehn Isolaten. Mit Ausnahme einiger *B.-pseudomycoloides*-Isolate wurden Enterotoxin-Gene bei allen Isolaten der *B.-cereus*-Gruppe nachgewiesen. Das *cytK-1*-Gen (charakteristisch für *B. cytotoxicus*) und der *ces*-Gen-Cluster (Cereulid-Bildung) wurden hingegen nicht nachgewiesen.

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

4.8.1 Einleitung

ESBL- und/oder AmpC-bildende Bakterien zeichnen sich dadurch aus, dass sie Enzyme bilden, die die Wirksamkeit von Penicillinen und Cephalosporinen herabsetzen bzw. aufheben können, sodass die Bakte-

rien 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 2019 etwa 7 % der *E.-coli*-Isolate aus dem ambulanten Versorgungsbereich als resistent gegen Cefotaxim (Datenstand: 10.09.2021). Im Vergleich dazu waren im Jahr 2009 nur 3,5 % der *E.-coli*-Isolate als Cefotaxim-resistent berichtet worden. (<https://ars.rki.de>, aufgerufen am 10.09.2021)

Eine Rolle spielen ESBL/AmpC-bildende Bakterien insbesondere als Verursacher von Krankenhausinfektionen. Vor allem bei Risikopatienten wie Neugeborenen kann eine Besiedelung mit ESBL-bildenden Bakterien schwerwiegende Infektionen mit Todesfolge auslösen (Pfeifer und Eller 2012).

Auch bei landwirtschaftlichen Nutztieren werden ESBL/AmpC-bildende Bakterien nachgewiesen (BfR 2015, Friese et al. 2013).

Im Zoonosen-Monitoring wurden in bisherigen Untersuchungen ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mittels selektiver Verfahren in Betrieben von 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 2019). In der Lebensmittelkette Mastputzen waren etwa die Hälfte der untersuchten Kotproben aus konventionellen Mastputzenbetrieben (51,8 % positive Proben) und etwa 40 % der Proben von frischem Putenfleisch positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* (BVL 2017a und BVL 2019).

Im Blinddarminhalt von Mastschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu etwa 50 % und in Proben von frischem Schweinefleisch zu etwa 5 % nachgewiesen (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Mastkälber und Jungrinder waren mit 60 % bis 70 % positiver Proben von Blinddarminhalt noch häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* als Mastgeflügel und Schweine (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020). Bei Mastrindern traten mit 17,7 % positiver Kotproben ESBL/AmpC-bildende *E. coli* deutlich seltener auf (BVL 2016b). Frisches Rindfleisch wies eine Kontaminationsrate von 3,4 % bis 4,4 % auf (BVL 2016b, BVL 2018, BVL 2020).

4.8.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen

Die Ergebnisse der Untersuchungen über das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben aus Zuchthühner- und Legehennenbetrieben, aus Erwerbsfischereibetrieben, aus Schlachthöfen, der freien Wildbahn und dem Einzelhandel sind den Tabellen 4.36 bis 4.42 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 630 eingesandten Isolaten aus Proben, die im Zusammenhang mit dem Zoonosen-Monitoring 2020 entnommen wurden, konnten 627 (99,5 %) phänotypisch als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt werden, sodass davon ausgegangen werden kann, dass die Prävalenz von mutmaßlich ESBL/AmpC-bildenden *E.-coli*-Isolaten weitgehend der Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* entspricht. Im vorliegenden Bericht wird daher über ESBL/AmpC-bildende *E. coli* berichtet, obwohl nicht alle gemeldeten positiven Befunde bestätigt wurden.

Tab. 4.36: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben aus Zuchthühnerbetrieben der Legerichtung und aus Legehennenbetrieben

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)
Zuchthühnerbetrieb			
Kot	89	21	23,6 (15,9–33,5)
Legehennenbetrieb			
Kot	291	58	19,9 (15,7–24,9)

Tab. 4.37: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kiementupfern von Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben

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)
Erwerbsfischereibetrieb			
Kiementupfer	102	0	0,0 (0,0–4,4)

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

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Schlachthof			
Blinddarminhalt	422	154	36,5 (32,0–41,2)
Einzelhandel			
frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	449	151	33,6 (29,4–38,1)

Tab. 4.39: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof

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	433	190	43,9 (39,3–48,6)

Tab. 4.40: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Kotproben von Wildschweinen in der freien Wildbahn

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Freie Wildbahn			
Kot	260	13	5,0 (2,9–8,4)
Kot (Jungtier)	87	3	3,4 (0,8–10,1)
Kot (ausgewachsenes Tier)	142	10	7,0 (3,7–12,6)
Kot (ohne Angabe des Alters)	31	0	0,0 (0,0–13,1)

Tab. 4.41: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von Schweinehackfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
Hackfleisch	428	58	13,6 (10,6–17,1)

Tab. 4.42: Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von frischem Lammfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (n)	ESBL/AmpC-positive <i>E.-coli</i> -Proben (in %) (95%-Konfidenzintervall)
Einzelhandel			
frisches Lammfleisch	382	8	2,1 (1,0–4,2)
frisches Lammfleisch deutscher Herkunft	193	6	3,1 (1,3–6,8)
frisches Lammfleisch anderer Herkunft	176	2	1,1 (0,0–4,3)
frisches Lammfleisch ohne Angabe der Herkunft	13	0	0,0 (0,0–26,6)

Insgesamt wurden 2.856 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* einbezogen. 23,6 % der Kotproben aus Zuchtühnerbetrieben und 19,9 % der Kotproben aus Legehennenbetrieben waren positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli*. In Kiementupferproben von Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben wurden keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* nachgewiesen. Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Proben von

Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof betrug 36,5 % bzw. 43,9 %. Proben von frischem Hähnchenfleisch waren zu 33,6 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert. In 5,0 % der untersuchten Kotproben von Wildschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Schweinehackfleisch war zu 13,6 % und frisches Lammfleisch zu 2,1 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert.

4.8.3 Ergebnisse der Typisierung

Zu den meisten, aber nicht allen an das BVL übermittelten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Antibiotikaresistenz am BfR eingesandt. Auch wurden einzelne Isolate eingesandt, zu denen keine Daten an das BVL übermittelt wurden, weshalb diese Isolate aus der Auswertung ausgeschlossen wurden. Dadurch stimmt die Zahl der typisierten Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Insgesamt wurden 630 Isolate aus der selektiven Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* eingesandt, die den geplanten Programmen im Zoonosen-Monitoring

2020 zugeordnet werden konnten. Davon wurden 627 als ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bestätigt (99,5 %). Die Eingruppierung der Isolate anhand ihrer phänotypischen Eigenschaften erfolgte nach den Kriterien von EFSA (European Food Safety Authority) und ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) aus dem Jahr 2017 (EFSA 2017b). Demnach ließen sich alle untersuchten Isolate in die festgelegten Klassen bzgl. ESBL-/AmpC-/Carbapenemase-Phänotyp einordnen. Im Rahmen des spezifischen ESBL-Monitorings wurden im Jahr 2019 keine Carbapenemase-verdächtigen Isolate festgestellt. Die Verteilung der Isolate auf die Untersuchungsprogramme gibt Tabelle 4.43 wieder.

Tab. 4.43: Gruppierung der eingesandten verdächtigen ESBL/AmpC-bildenden *E.-coli*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2020 nach phänotypischer Untersuchung

Programmdetails	Anzahl untersucht	ESBL-verdächtig	AmpC-verdächtig	ESBL+AmpC-verdächtig
Zuchthühner Legelinie, Kot/Staub, EB	8	4	3	1
Legehennen, Kot/Staub, EB	70	59	9	2
Masthähnchen, Blinddarminhalt, SH	149	129	7	13
Masthähnchen, frisches Fleisch, EH	149	135	5	9
Mastputen, Blinddarminhalt, SH	176	152	11	13
Mastschwein, Hackfleisch, EH	56	50	4	2
Lamm, frisches Fleisch, EH	7	3	2	2
Wildschwein, Kot, WI	12	12	0	0

EB: Erzeugerbetrieb, SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn

4.9 Carbapenemase-bildende *E. coli*

4.9.1 Einleitung

Carbapenemase-bildende Enterobacteriaceae zeichnen sich durch eine Resistenz gegenüber Beta-Laktam-Antibiotika der Carbapenem-Gruppe aus. Carbapeneme sind Antibiotika mit einem breiten Wirkungsspektrum, die in erster Linie bei Infektionen mit gramnegativen Bakterien eingesetzt werden. Sie gelten als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen, da sie bisher meistens auch noch dann gegen Krankheitserreger wirksam sind,

wenn andere antibiotische Substanzen – insbesondere andere Beta-Laktam-Antibiotika – bereits keine Wirkung mehr zeigen. Carbapeneme werden oft als letztes Mittel der Wahl, insbesondere bei der Behandlung von schweren Krankenhausinfektionen, eingesetzt (BfR 2016, Kaase 2012, Nordmann et al. 2011). Bei einer Infektion mit Carbapenemase-bildenden gramnegativen Krankheitserregern sind Carbapeneme jedoch unwirksam. Diese Resistenz entsteht meist durch die Bildung eines Carbapenemase-Enzyms, das 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 bisher nur in zwei Kotproben aus Mastschweinebetrieben, in einer Probe von Blinddarminhalt von Mastschweinen und in einer Probe von Schweinefleisch Carbapenemase-bildende *E. coli* nachgewiesen (BVL 2018, BVL 2020).

4.9.2 Ergebnisse der Prävalenzuntersuchungen und der Typisierung

Insgesamt wurden 1.295 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von Carbapenemase-bildenden *E. coli* in Proben von Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel einbezogen. Gemäß Zoonosen-Stichprobenplan senden die Länder Isolate aus der Primärisolierung von mutmaßlich Carbapenemase-bildenden *E. coli* ein. Von den zwei aus frischem Hähnchenfleisch eingesandten verdächtigen Isolaten aus dem spezifischen Monitoring für Carbapenemase-bildende *E. coli* konnte keines im Nationalen Referenzlabor phänotypisch als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt werden.

Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen nach Erregern

Insgesamt wurden bei 3.598 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, EFSA 2012b).

5.1 *Salmonella* spp.

Insgesamt wurden 152 *Salmonella*-Isolate, die einem der Programme des Zoonosen-Monitorings 2020 zugeordnet werden konnten, auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.1, Tab. 5.1 bis 5.3). Die überwiegende Anzahl der Isolate stammte aus den Lebensmittelketten Putenfleisch (N = 70) und Hähnchenfleisch (N = 52). Aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch wurden 17 Isolate untersucht. Neun Isolate stammten aus Kot von erjagten Wildschweinen, drei aus Lammfleisch im Einzelhandel und eines aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten, weshalb die Ergebnisse der Resistenzuntersuchung in diesen drei Matrices nur orientierenden Charakter besitzen.

Der Anteil sensibler Isolate war am geringsten bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Putenfleisch (15,7 %). Geringfügig höher war er bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch (26,9 %) und wiederum höher bei den 17 Isolaten aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (41,2 %). Alle drei Isolate aus Lammfleisch sowie das Isolat aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten waren sensibel. Bei den neun Isolaten aus Kotproben vom Wildschwein waren 66,7 % sensibel. Aus der Untersuchung der Eier auf verschiedenen Stufen der Vermarktungskette, aus Proben von Mischfutter von Mastschweinen sowie aus Mehl wurden keine Isolate zur Untersuchung eingesandt.

Die höchsten Resistenzraten über alle Herkünfte hinweg sowie aus den Lebensmittelketten Hähnchen- und Putenfleisch wurden gegenüber den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin (CIP) und Nalidixinsäure (NAL)

nachgewiesen. Dabei waren die Resistenzraten gegenüber den beiden Substanzen in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch identisch (69,2 %), während sie sich in der Lebensmittelkette Putenfleisch deutlich unterschieden (CIP 65,7 %, NAL 37,1 %). Nur je ein Isolat aus der Lebensmittelkette Schweinefleisch (5,9 %) und aus Kot von Wildschweinen (11,1 %) war resistent gegen diese Substanzklasse.

Etwa gleich hohe Resistenzraten wurden über alle Herkünfte hinweg, aber auch bei den drei hauptsächlich vertretenen Lebensmittelketten gegenüber Sulfamethoxazol (30,3 %) und Tetrazyklin (27,6 %) nachgewiesen. Hier wurden bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch die höchsten Resistenzraten (55,8 % und 48,1 %) gefunden, gefolgt von der Lebensmittelkette Schweinefleisch (41,2 % und 35,3 %) und der Lebensmittelkette Putenfleisch (14,3 % und 15,7 %).

Resistenzen gegen Ampicillin wurden seltener beobachtet. Hier wurden die höchsten Resistenzraten in der Lebensmittelkette Schweinefleisch (29 %) beobachtet, während die Raten bei den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch (19,2 %) und Putenfleisch (15,7 %) niedriger waren. Bei Salmonellen aus anderen untersuchten Matrices wurde keine Resistenz gegen Ampicillin beobachtet. Gegenüber Trimethoprim waren insgesamt 13 % der Isolate resistent. Dabei wurde die höchste Rate in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch gefunden (30,8 %), gefolgt von der Lebensmittelkette Schweinefleisch (17,3 %) und der Lebensmittelkette Putenfleisch (1,5 %, ein Isolat).

Gegenüber den Cephalosporinen der 3. Generation, dem Carbapenem Meropenem sowie Tigazyklin wurden bei keiner der untersuchten Salmonellen Resistenzen beobachtet. Gegenüber Colistin waren insgesamt acht Isolate resistent (5,3 %), wobei sich diese in allen drei Lebensmittelketten sowie bei den Isolaten aus Kot von Wildschweinen fanden.

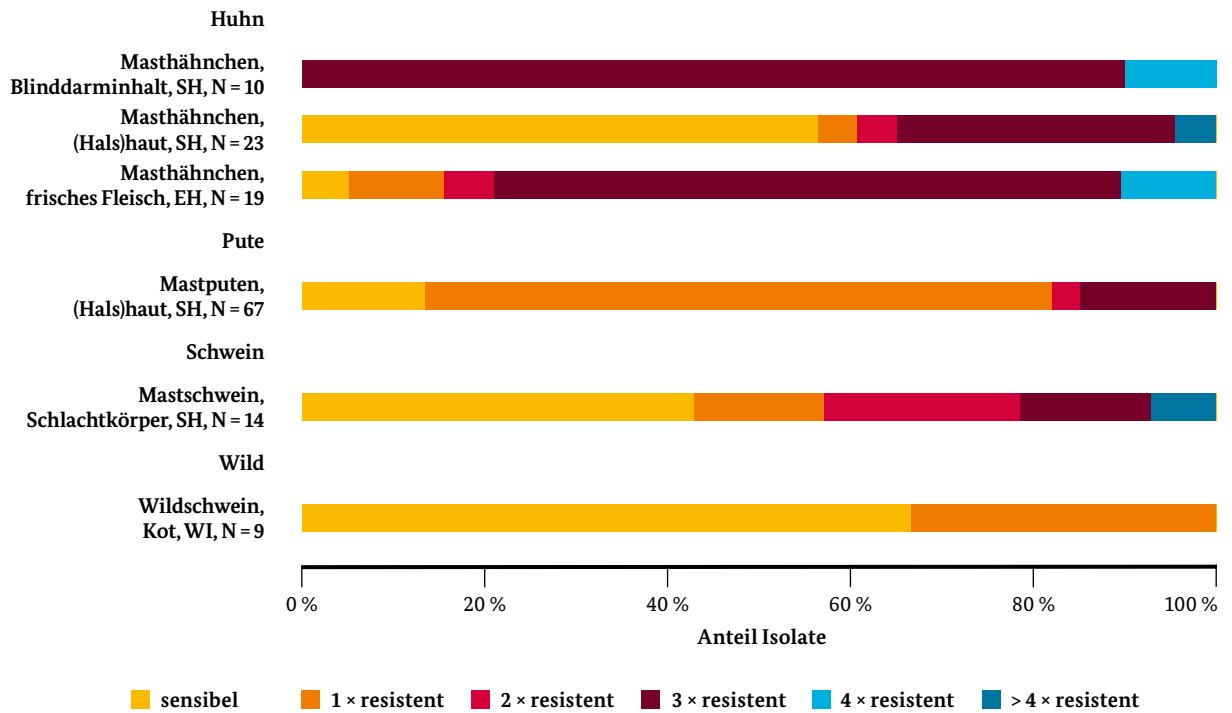


Abb. 5.1: Ergebnisse der Resistenztestung bei *Salmonella* spp. im Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden. (SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

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

Tierart Matrix Probenahmeort	Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof		Masthähnchen Halshaut Schlachthof		Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	10		23		19	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	2	20,0	5	21,7	3	15,8
Chloramphenicol	0	0,0	1	4,3	0	0,0
Azithromicin	1	10,0	1	4,3	0	0,0
Meropenem	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
Ciprofloxacin	10	100,0	10	43,5	16	84,2
Nalidixinsäure	10	100,0	10	43,5	16	84,2
Trimethoprim	2	20,0	6	26,1	8	42,1
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	1	4,3	1	5,3
Sulfamethoxazol	8	80,0	5	21,7	16	84,2
Tetrazyklin	8	80,0	3	13,0	14	73,7
sensibel	0	0,0	13	56,5	1	5,3
1 x resistant	0	0,0	1	4,3	2	10,5
2 x resistant	0	0,0	1	4,3	1	5,3
3 x resistant	9	90,0	7	30,4	13	68,4
4 x resistant	1	10,0	0	0,0	2	10,5
> 4 x resistant	0	0,0	1	4,3	0	0,0

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

Tierart Matrix Probenahmeort	Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof		Mastputen Halshaut Schlachthof		Mastschwein Schlachtkörper Schlachthof		Mastschwein Hackfleisch Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	3		67		14		3	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	1	7,1	0	0,0
Ampicillin	1	33,3	10	14,9	4	28,6	1	33,3
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	1	7,1	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	1	1,5	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	46	68,7	1	7,1	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	26	38,8	1	7,1	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	1	1,5	1	7,1	2	66,7
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	3	4,5	1	7,1	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	10	14,9	5	35,7	2	66,7
Tetrazyklin	1	33,3	10	14,9	5	35,7	1	33,3
sensibel	2	66,7	9	13,4	6	42,9	1	33,3
1 × resistent	0	0,0	46	68,7	2	14,3	1	33,3
2 × resistent	1	33,3	2	3,0	3	21,4	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	10	14,9	2	14,3	1	33,3
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	1	7,1	0	0,0

Tab. 5.3: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *Salmonella*-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren – Lammfleisch, Kot von Wildschweinen, getrocknete Blatt- und Grasprodukte

Tierart/Lebensmittel Matrix Probenahmeort	Lamm		Wildschwein		Pflanzliche Lebens- mittel/Nahrungs- ergänzungsmittel getrocknete Blatt- und Grasprodukte	
	frisches Fleisch		Kot		Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	3		9		1	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	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
Ciprofloxacin	0	0,0	1	11,1	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	1	11,1	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	2	22,2	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	3	100,0	6	66,7	1	100,0
1 × resistent	0	0,0	3	33,3	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.2 *Campylobacter* spp.

Insgesamt wurden 1.259 *Campylobacter*-Isolate getestet, die einem der Programme zugeordnet werden konnten (Abb. 5.2 und 5.3, Tab. 5.4 bis 5.9). Hierbei handelte es sich um 12 Isolate von (Konsum-)Eiern (9 aus unsortierten, 3 aus sortierten Eiern in der Packstelle und im Einzelhandel), 730 Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch und 517 Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch. Insgesamt wurden 794 Isolate von *C. jejuni* und 465 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*. Insgesamt war ein größerer Anteil der Isolate von *C. jejuni* sensibel (18,6 %) als von *C. coli* (7,3 %). Die höchsten Resistenzraten wurden bei beiden Bakterienspezies gegenüber den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure sowie gegen Tetrazyklin beobachtet. Resistenzen gegen Erythromycin wurden nur bei *C. coli* beobachtet (22,4 %), nicht aber bei *C. jejuni*. Resistenzen gegenüber Streptomycin waren dagegen bei *C. jejuni* häufiger als bei *C. coli*. Eine Resistenz gegen Gentamicin wurde nur bei einem Isolat von *C. coli* beobachtet.

Die wenigen auf (Konsum-)Eiern nachgewiesenen Isolate waren zu einem Drittel sensibel. Gegen die (Fluor)chinolone war die Hälfte der Isolate resistent, gegen Tetrazyklin war es ein Drittel. Bei einem Isolat von *C. coli* wurde eine Resistenz gegenüber Streptomycin festgestellt. Gegenüber Erythromycin und Gentamicin waren alle Isolate sensibel.

Von den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch waren 16,7 % der Isolate von *C. jejuni* und 14,2 % der Isolate von *C. coli* sensibel. Die höchsten Resistenzraten wurden bei beiden Spezies gegenüber den (Fluor)chinolonen beobachtet (*C. jejuni* 80,1 %, *C. coli* 74,3 %), gefolgt von Tetrazyklin (*C. jejuni* 62,9 %, *C. coli* 66,2 %). Resistenzen gegen Streptomycin waren bei *C. jejuni* häufiger als bei *C. coli* (29,2 % vs. 5,4 %), während Resistenzen gegen Erythromycin nur bei *C. coli* beobachtet wurden (11,5 %). Eine Resistenz gegen Gentamicin wurde nur bei einem Isolat von *C. coli* beobachtet.

Deutlichere Unterschiede zwischen *C. coli* und *C. jejuni* fanden sich in der Lebensmittelkette Putenfleisch. Hier waren viel mehr Isolate von *C. jejuni* sensibel (23,9 %) als von *C. coli* (3,5 %). Entsprechend waren die Resistenzraten gegenüber den (Fluor)chinolonen (73,7 % vs. 93,6 %) und Tetrazyklin (47,8 % vs. 84,6 %) bei Isolaten von *C. jejuni* niedriger als bei *C. coli*. Wie bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch wurde eine Resistenz gegenüber Streptomycin bei *C. jejuni* häufiger beobachtet als bei *C. coli* (15,1 % vs. 6,7 %), während eine Resistenz gegenüber Erythromycin nur bei *C. coli* beobachtet wurde (27,9 %). Kein Isolat aus der Putenfleischkette war resistent gegen Gentamicin.

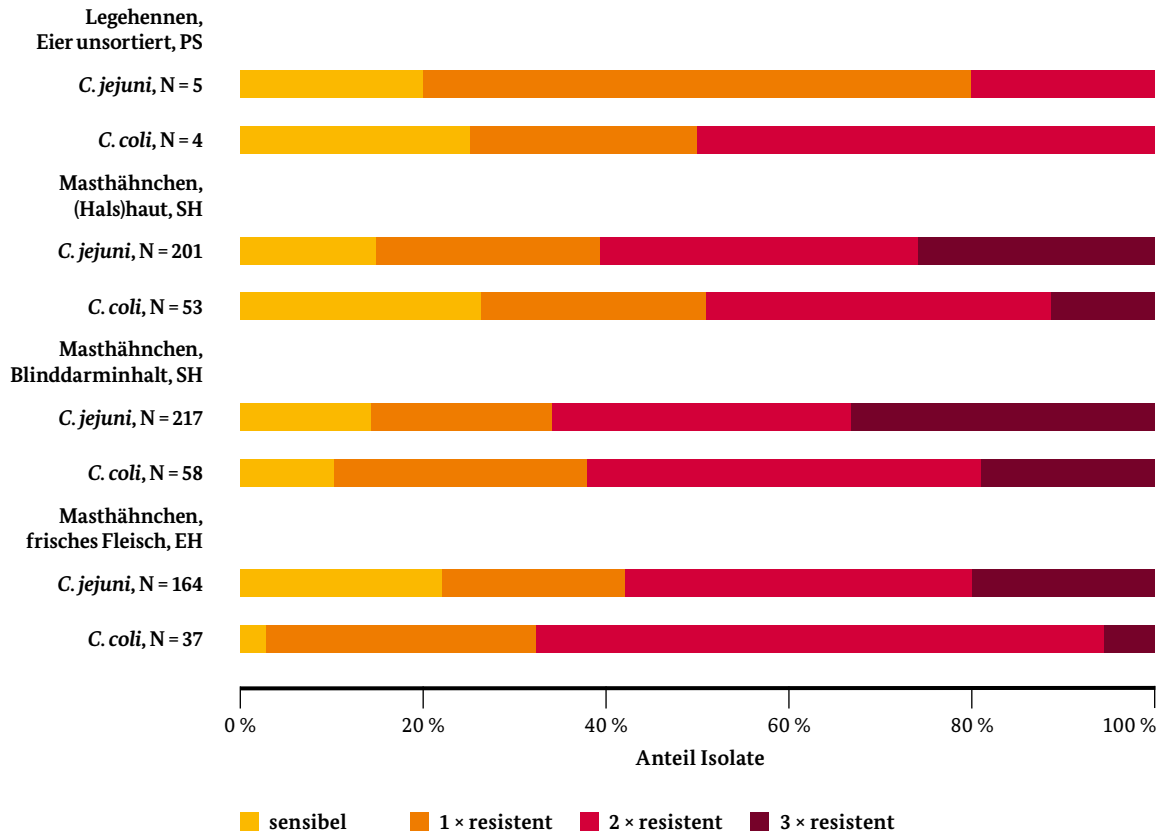


Abb. 5.2: Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* von Eiern und aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch aus dem Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. (PS: Packstelle, SH: Schlachthof, EH: Einzelhandel)

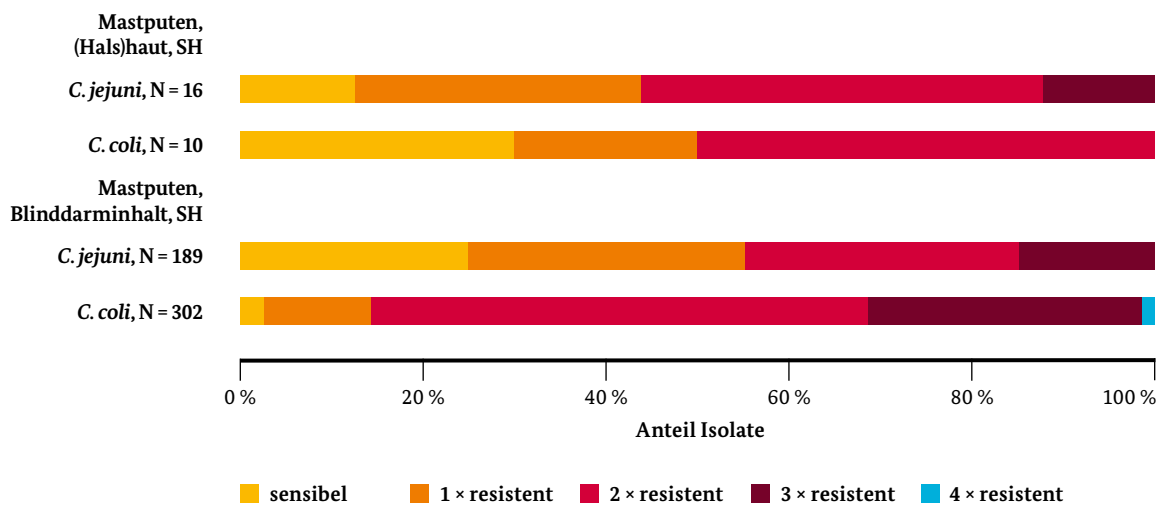


Abb. 5.3: Ergebnisse der Resistenztestung bei *C. jejuni* und *C. coli* aus dem Zoonosen-Monitoring 2020 aus der Lebensmittelkette Putenfleisch. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden. (SH: Schlachthof)

Tab. 5.4: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hühnerei im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Legehennen Eier unsortiert Packstellen		Legehennen Konsumeier sortiert Packstellen		Legehennen Konsumeier sortiert Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	5		1		1	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	2	40,0	1	100,0	0	0,0
Nalidixinsäure	2	40,0	1	100,0	0	0,0
Tetrazyklin	3	60,0	0	0,0	0	0,0
Erythromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	1	20,0	0	0,0	1	100,0
1 × resistent	3	60,0	1	100,0	0	0,0
2 × resistent	1	20,0	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.5: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hühnerei im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Legehennen Eier unsortiert Packstellen		Legehennen Konsumeier sortiert Packstellen	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	4		1	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	1	25,0	0	0,0
Ciprofloxacin	3	75,0	0	0,0
Nalidixinsäure	3	75,0	0	0,0
Tetrazyklin	1	25,0	0	0,0
Erythromycin	0	0,0	0	0,0
sensibel	1	25,0	1	100,0
1 × resistent	1	25,0	0	0,0
2 × resistent	2	50,0	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.6: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof		Masthähnchen (Hals)haut Schlachthof		Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	217		201		164	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	76	35,0	58	28,9	36	22,0
Ciprofloxacin	181	83,4	163	81,1	122	74,4
Nalidixinsäure	178	82,0	159	79,1	121	73,8
Tetrazyklin	144	66,4	124	61,7	98	59,8
Erythromycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	31	14,3	30	14,9	36	22,0
1 × resistent	43	19,8	49	24,4	33	20,1
2 × resistent	71	32,7	70	34,8	62	37,8
3 × resistent	72	33,2	52	25,9	33	20,1
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.7: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof		Masthähnchen (Hals)haut Schlachthof		Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	58		53		37	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	1	2,7
Streptomycin	2	3,4	2	3,8	4	10,8
Ciprofloxacin	47	81,0	33	62,3	30	81,1
Nalidixinsäure	47	81,0	33	62,3	30	81,1
Tetrazyklin	40	69,0	31	58,5	27	73,0
Erythromycin	10	17,2	5	9,4	2	5,4
sensibel	6	10,3	14	26,4	1	2,7
1 × resistent	16	27,6	13	24,5	11	29,7
2 × resistent	25	43,1	20	37,7	23	62,2
3 × resistent	11	19,0	6	11,3	2	5,4
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.8: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-jejuni*-Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof		Mastputen (Hals)haut Schlachthof	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	189		16	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	29	15,3	2	12,5
Ciprofloxacin	138	73,0	13	81,3
Nalidixinsäure	134	70,9	13	81,3
Tetrazyklin	88	46,6	10	62,5
Erythromycin	0	0,0	0	0,0
sensibel	47	24,9	2	12,5
1 × resistent	57	30,2	5	31,3
2 × resistent	57	30,2	7	43,8
3 × resistent	28	14,8	2	12,5
4 × resistent	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.9: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter *C.-coli*-Isolate aus der Lebensmittelkette Putenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2020 sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof		Mastputen (Hals)haut Schlachthof	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	302		10	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Streptomycin	20	6,6	1	10,0
Ciprofloxacin	286	94,7	6	60,0
Nalidixinsäure	286	94,7	6	60,0
Tetrazyklin	259	85,8	5	50,0
Erythromycin	87	28,8	0	0,0
sensibel	8	2,6	3	30,0
1 × resistent	35	11,6	2	20,0
2 × resistent	164	54,3	5	50,0
3 × resistent	91	30,1	0	0,0
4 × resistent	4	1,3	0	0,0

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

Insgesamt wurden 94 STEC auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen getestet (Abb. 5.4, Tab. 5.10 und 5.11). Von diesen waren 94,7 % gegen alle Testsubstanzen empfindlich. Zwei Isolate waren gegen eine Substanzklasse resistent (2,1 %), 3 Isolate gegen zwei Substanzklassen (3,2 %). Die Mehrheit der Isolate stammte aus Lammfleisch, Mehl und dem Kot von Wild-

schweinen. Vier Isolate stammten aus Rohmilchweichkäse und eines aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten. Die Isolate aus pflanzlichen Lebensmitteln und aus dem Kot von Wildschweinen waren alle sensibel.

Eines der vier Isolate aus Rohmilchweichkäse war resistent gegen Tetracyclin. Von den Isolaten aus Lammfleisch waren je 3 resistent gegen Tetracyclin und Sulfamethoxazol und eines gegen Ampicillin. Gegen alle anderen Substanzen waren alle getesteten Isolate sensibel.

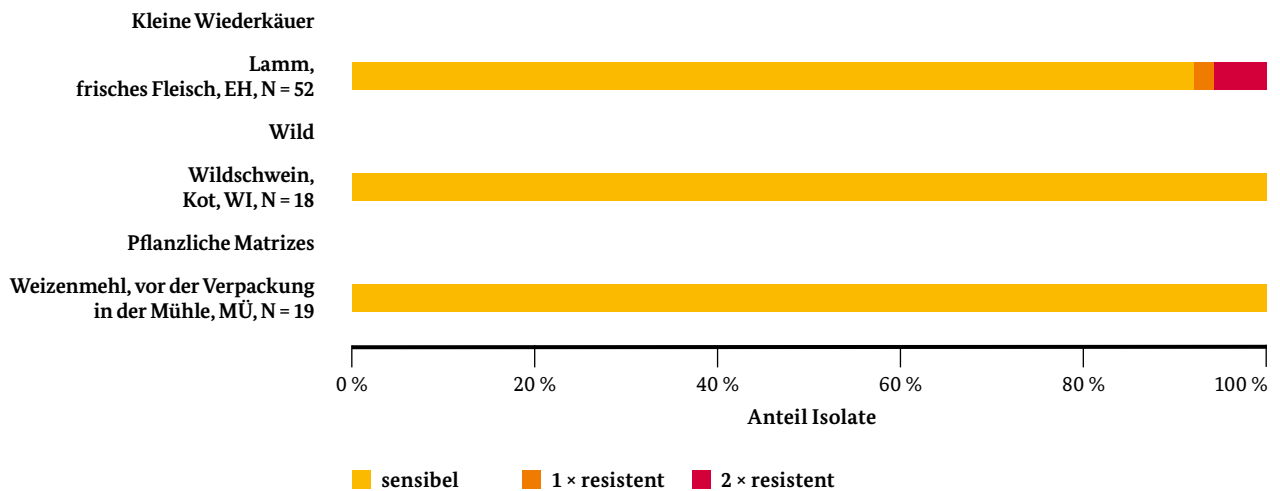


Abb. 5.4: Ergebnisse der Resistenztestung bei Shiga-Toxin bildenden *E. coli* im Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden. (EH: Einzelhandel, MÜ: Mühle)

Tab. 5.10: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter STEC-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren; Rohmilchweickäse, Lammfleisch und Kot von Wildschweinen

Tierart Matrix Probenahmeort	Milchkuh Rohmilchweickäse Einzelhandel		Lamm frisches Fleisch Einzelhandel		Wildschwein Kot Wildbahn	
	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	4		52		18	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	1	1,9	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	1	25,0	3	5,8	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	3	5,8	0	0,0
sensibel	3	75,0	48	92,3	18	100,0
1 × resistent	1	25,0	1	1,9	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	3	5,8	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.11: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter STEC-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren; pflanzliche Lebensmittel

Lebensmittel Probenahmeort	Weizenmehl vor der Verpackung in der Mühle		getrocknete Blatt- und Grasprodukte Einzelhandel	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	19		1	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	0	0,0
Colistin	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0
sensibel	19	100,0	1	100,0
1 × resistent	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	0	0,0	0	0,0

5.4 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden 13 MRSA-Isolate getestet, die einem der vier vorgeschlagenen Programme zugeordnet werden konnten. Die Ergebnisse für die einzelnen Programme und Wirkstoffe sind in Tabelle 5.12 zusammengefasst. Zu den Programmen Rohmilchkäse und Cypriniden wurden keine Isolate eingesandt.

Circa 80 % der insgesamt 13 Isolate zeigten Resistenzen gegen mindestens 3 der 16 getesteten Substanzklassen (Abb. 5.5, Tab. 5.12). Sensible Isolate wurden

aufgrund der Erregerdefinition nicht festgestellt. Die höchsten Resistenzraten wurden bei den Isolaten aus Lammfleisch im Einzelhandel festgestellt. Neben Penicillin und Cefoxitin (je 100 %) waren die Isolate häufig gegen Tetracyclin (6/11), Erythromycin (5/11) und Trimethoprim (3/11) resistent. Ein Isolat war auch gegen Vancomycin resistent.

Die beiden Isolate, die aus den Nasentupfern von Wildschweinen isoliert wurden, zeigten Resistenzen gegen Penicillin, Cefoxitin, Tetracyclin und Trimethoprim. Nur je eines der beiden Isolate war resistent gegen Clindamycin, Erythromycin, Tiamulin und Quinupristin/Dalfopristin.

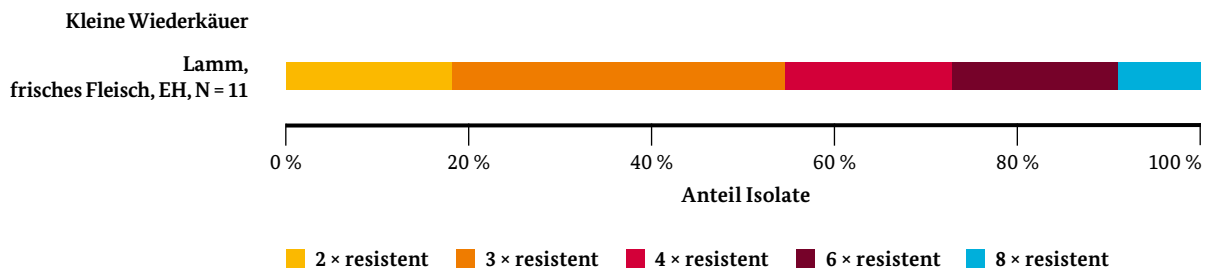


Abb. 5.5: Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* im Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden. (EH: Einzelhandel)

Tab. 5.12: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter MRSA-Isolate sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren (für Rohmilchkäse und Cypriniden standen keine Isolate zur Verfügung)

Tierart Matrix Probenahmeort	Lamm frisches Fleisch Einzelhandel		Wildschwein Nasentupfer Wildbahn	
	N	%	N	%
Anzahl untersucht	11		2	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0
Kanamycin	1	9,1	0	0,0
Streptomycin	1	9,1	0	0,0
Chloramphenicol	1	9,1	0	0,0
Penicillin G	11	100,0	2	100,0
Cefoxitin	11	100,0	2	100,0
Ciprofloxacin	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	6	54,5	2	100,0
Rifampicin	0	0,0	0	0,0
Clindamycin	2	18,2	1	50,0
Erythromycin	5	45,5	1	50,0
Vancomycin	1	9,1	0	0,0
Linezolid	0	0,0	0	0,0
Tiamulin	1	9,1	1	50,0
Mupirocin	0	0,0	0	0,0
Quinupristin/Dalfopristin	1	9,1	1	50,0
Fusidinsäure	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	3	27,3	2	100,0
Sulfamethoxazol	0	0,0	0	0,0
sensibel	0	0,0	0	0,0
1 × resistent	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	2	18,2	0	0,0
3 × resistent	4	36,4	0	0,0
4 × resistent	2	18,2	1	50,0
5 × resistent	0	0,0	0	0,0
6 × resistent	2	18,2	0	0,0
7 × resistent	0	0,0	0	0,0
8 × resistent	1	9,1	1	50,0
> 8 × resistent	0	0,0	0	0,0

5.5 Kommensale *Escherichia coli*

Insgesamt wurden 1.449 kommensale *E.-coli*-Isolate getestet, die den vorgeschlagenen zehn 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 Blinddarmhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof und bei Isolaten von Wildschweinen der Fall. Aus den übrigen Matrizes wurden alle eingesandten Isolate untersucht. Die Abbildungen 5.6 und 5.7

zeigen die Untersuchungsergebnisse für die kommensalen *E.-coli*-Isolate im Hinblick auf die Anzahl an Substanzklassen, gegen die die Isolate resistent waren. Die Ergebnisse der Resistenztestung der Isolate aus den einzelnen Programmen sind in den Tabellen 5.13 bis 5.15 gegenübergestellt. Gegenüber Meropenem wurden keine resistenten Isolate festgestellt.

Der Anteil sensibler Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch lag bei 15,4 % (Blinddarmproben am Schlachthof) bzw. 17,7 % (Hähnchenfleisch im Einzelhandel). Bei den Isolaten aus Blinddarmproben von Puten lag der Wert bei 27,7 %. Alle eingesandten Isolate von Cypriniden (n = 11) und das Isolat aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten waren

sensibel. Isolate von Zuchthühnern der Legelinie sowie aus Legehennenherden waren mehrheitlich sensibel (65,4 % und 74,0 %). Auch die Isolate von Eiern aus konventionellen Beständen wiesen auf allen Ebenen (vor und nach der Sortierung sowie im Einzelhandel) hohe Anteile sensibler Isolate auf (53,7 % bis 82,5 %). Isolate aus Lammfleisch (87,0 %) und Kot von Wildschweinen (89,4 %) waren ganz überwiegend gegen alle Testsubstanzen sensibel.

Bei 12 der 14 Substanzen wiesen Isolate aus Blinddarmproben von Masthähnchen am Schlachthof die höchsten Resistenzraten auf. Lediglich gegenüber Chloramphenicol und Tetrazyklin wiesen Isolate aus Blinddarmproben von Mastputen am Schlachthof die höchsten Resistenzraten auf.

Insgesamt wurden über alle Herkünfte hinweg die höchsten Resistenzraten gegenüber Ampicillin beobachtet (31,1 %). Die höchsten Resistenzraten gegen diese Substanz wurden bei Isolaten aus Blinddarmproben von Masthähnchen am Schlachthof nachgewiesen (64,0 %), dicht gefolgt von solchen aus Hähnchenfleisch (60,3 %) und aus Blinddarminhalten von Puten am Schlachthof (54,5 %). Isolate aus Zuchthühnerbeständen waren zu 19,2 % resistent, solche aus Legehennenbeständen zu 13,9 %. Isolate von (Konsum-)Eiern wiesen zu 9,7 % eine Resistenz gegenüber Ampicillin auf, wobei diese Resistenz vor allem bei den unsortierten Eiern beobachtet wurde (20,4 %), während Isolate von sortierten Konsumeiern (3,4 %) und von Konsumeiern im Einzelhandel (6,3 %) niedrigere Raten aufwiesen.

Über alle Herkünfte hinweg wurde die zweithöchste Resistenzrate gegenüber dem Fluorchinolon Ciprofloxacin beobachtet (24,1 %). Auch hier wiesen die

Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch die höchsten Resistenzraten auf (Blinddarminhalt: 60,7 %, Fleisch 51,7 %), wiederum gefolgt von den Isolaten von Puten (32,4 %). Isolate aus anderen Geflügelherkünften wiesen je Herkunft weniger als 10 % Resistenzen gegen Ciprofloxacin auf, solche aus anderen Matrices unter 2 %. Die Resistenzraten gegenüber Nalidixinsäure (insgesamt 18,8 %) lagen vor allem beim Mastgeflügel jeweils einige Prozentpunkte unter denen gegenüber Ciprofloxacin. Resistenzen gegenüber Sulfamethoxazol und Tetrazyklin waren über alle Herkünfte hinweg in etwa gleich häufig (20,8 und 20,3 %). Allerdings wiesen gegenüber Tetrazyklin die Isolate von Puten die höchsten Resistenzraten auf (39,0 %), während es gegenüber Sulfamethoxazol wiederum die Isolate aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch waren. Bei den Isolaten aus Zuchthühnern, aus Legehennen und von (Konsum-)Eiern waren die Resistenzen gegen Tetrazyklin und Ampicillin die häufigsten.

Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation waren insgesamt selten (1,2 %), wobei die höchsten Resistenzraten mit 2,4 % und 2,3 % jeweils bei den Masthähnchenprogrammen festgestellt wurden. Eine Resistenz gegen Meropenem wurde nicht beobachtet. Gegenüber Colistin wurden die höchsten Resistenzraten bei Masthähnchen (8,9 %) und Mastputen am Schlachthof (7,5 %) nachgewiesen. Bei Isolaten von Legehennen und von (Konsum-)Eiern wurde eine Resistenz gegen Colistin vereinzelt nachgewiesen. Auffällig war eine Resistenzrate von 5,3 % bei Isolaten von Wildschweinen. Auch in Isolaten von Lammfleisch wurde diese Resistenz nachgewiesen (2,6 %).

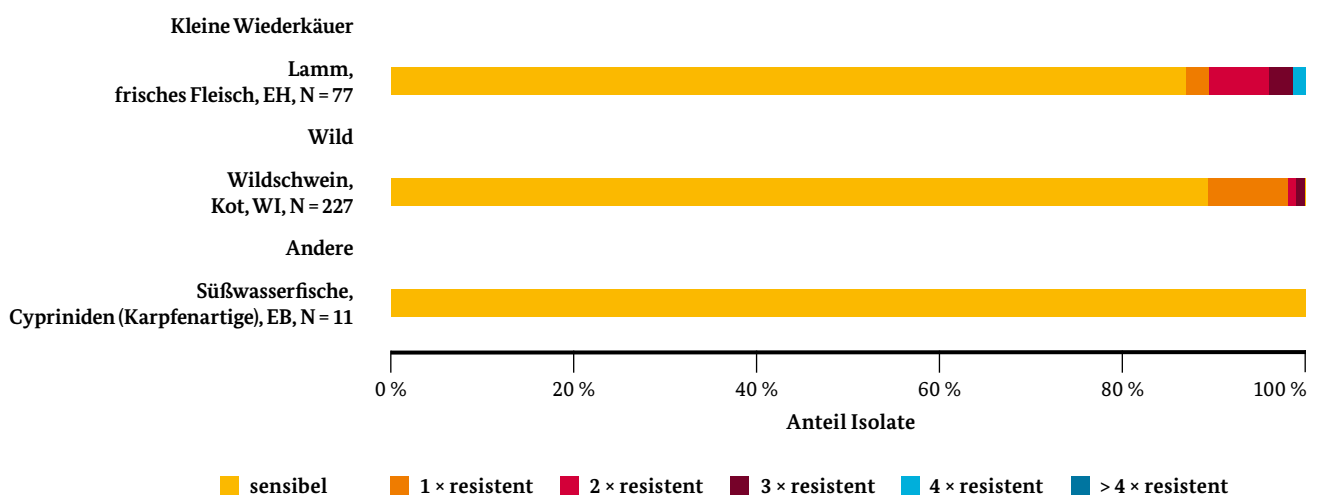


Abb. 5.6: Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* im Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. (EB: Erzeugerbetrieb, EH: Einzelhandel, WI: Wildbahn)

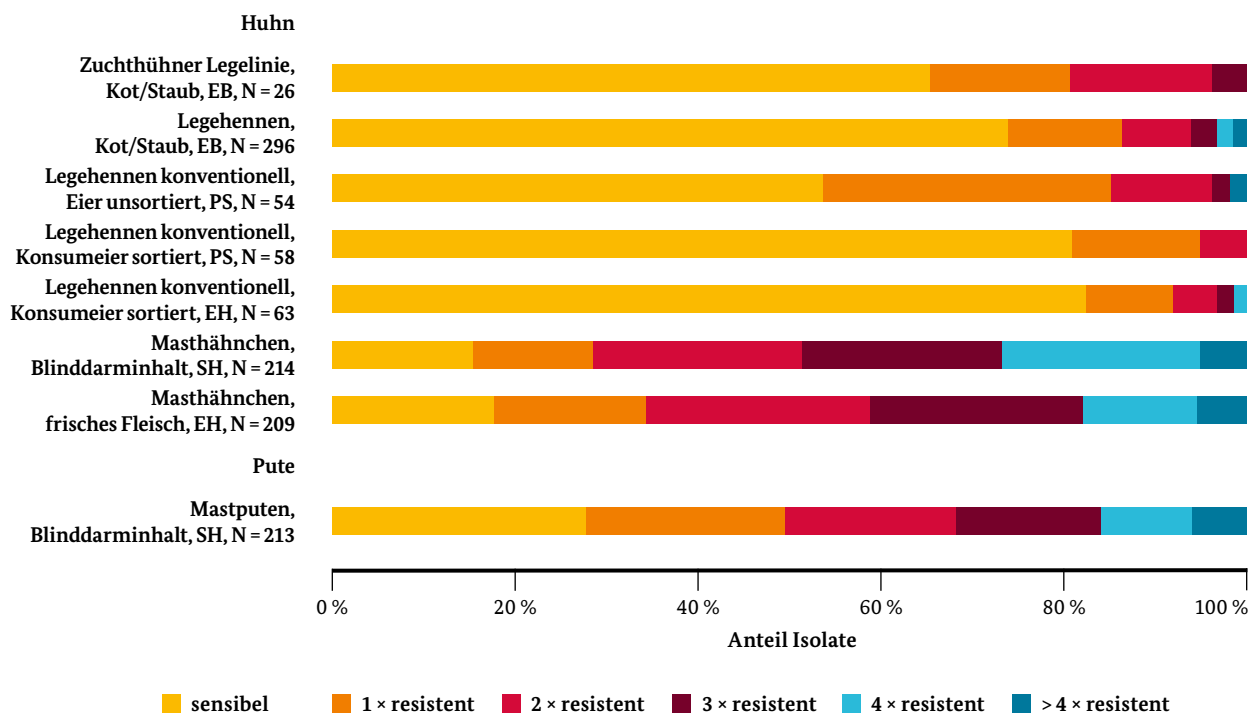


Abb. 5.7: Ergebnisse der Resistenztestung bei kommensalen *E. coli* im Zoonosen-Monitoring 2020 in den Geflügel-Lebensmittelketten. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. Nur Herkünfte, bei denen mindestens fünf Isolate untersucht wurden. (EB: Erzeugerbetrieb, PS: Packstelle, EH: Einzelhandel, SH: Schlachthof)

Tab. 5.13: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate aus den Lebensmittelketten Geflügel sowie Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren

Tierart Matrix Probenahmeort	Zuchthühner Legelinie Kot/Staub Erzeugerbetrieb		Masthähnchen Blinddarminhalt Schlachthof		Masthähnchen frisches Fleisch Einzelhandel		Mastputen Blinddarminhalt Schlachthof	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	26		214		209		213	
Gentamicin	0	0,0	20	9,3	17	8,1	6	2,8
Chloramphenicol	1	3,8	11	5,1	10	4,8	24	11,3
Ampicillin	5	19,2	137	64,0	126	60,3	116	54,5
Cefotaxim	0	0,0	5	2,3	5	2,4	3	1,4
Ceftazidim	0	0,0	5	2,3	5	2,4	2	0,9
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	2	7,7	130	60,7	108	51,7	69	32,4
Nalidixinsäure	1	3,8	112	52,3	83	39,7	43	20,2
Colistin	0	0,0	19	8,9	10	4,8	16	7,5
Tetrazyklin	6	23,1	68	31,8	71	34,0	83	39,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	6	2,8	2	1,0	0	0,0
Trimethoprim	0	0,0	83	38,8	61	29,2	27	12,7
Sulfamethoxazol	1	3,8	109	50,9	86	41,1	54	25,4
sensibel	17	65,4	33	15,4	37	17,7	59	27,7
1 × resistent	4	15,4	28	13,1	35	16,7	47	22,1
2 × resistent	4	15,4	49	22,9	51	24,4	39	18,3
3 × resistent	1	3,8	47	22,0	49	23,4	34	16,0
4 × resistent	0	0,0	46	21,5	26	12,4	21	9,9
> 4 × resistent	0	0,0	11	5,1	11	5,3	13	6,1

Tab. 5.14: Anzahl und Anteil untersuchter bzw. resistenter kommensaler *E.-coli*-Isolate von Legehennen und von (Konsum-)Eiern aus konventioneller Produktion auf verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette

Tierart Matrix Probenahmeort	Legehennen Kot/Staub Erzeugerbetrieb		Legehennen Eier unsortiert Packstellen		Legehennen Konsumeier sortiert Packstellen		Legehennen Konsumeier sortiert Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	296		54		58		63	
Gentamicin	2	0,7	0	0,0	1	1,7	1	1,6
Chloramphenicol	8	2,7	2	3,7	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	41	13,9	11	20,4	2	3,4	4	6,3
Cefotaxim	2	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	2	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	26	8,8	5	9,3	2	3,4	5	7,9
Nalidixinsäure	21	7,1	5	9,3	2	3,4	4	6,3
Colistin	1	0,3	1	1,9	1	1,7	0	0,0
Tetrazyklin	36	12,2	10	18,5	3	5,2	5	7,9
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	1	1,6
Azithromicin	2	0,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	19	6,4	4	7,4	1	1,7	3	4,8
Sulfamethoxazol	28	9,5	5	9,3	5	8,6	2	3,2
sensibel	219	74,0	29	53,7	47	81,0	52	82,5
1 × resistent	37	12,5	17	31,5	8	13,8	6	9,5
2 × resistent	22	7,4	6	11,1	3	5,2	3	4,8
3 × resistent	9	3,0	1	1,9	0	0,0	1	1,6
4 × resistent	5	1,7	0	0,0	0	0,0	1	1,6
> 4 × resistent	4	1,4	1	1,9	0	0,0	0	0,0

Tab. 5.15: 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 Matrix Probenahmeort	Lamm frisches Fleisch		Wildschwein Kot		Cypriniden (Karpfenartige) Kiementupfer		Pflanzliche Lebens- mittel / Nahrungs- ergänzungsmittel getrocknete Blatt- und Grasprodukte	
	Einzelhandel		Wildbahn		Erzeugerbetrieb		Einzelhandel	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	77		227		11		1	
Gentamicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Chloramphenicol	2	2,6	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ampicillin	5	6,5	4	1,8	0	0,0	0	0,0
Cefotaxim	0	0,0	2	0,9	0	0,0	0	0,0
Ceftazidim	0	0,0	2	0,9	0	0,0	0	0,0
Meropenem	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Ciprofloxacin	1	1,3	1	0,4	0	0,0	0	0,0
Nalidixinsäure	0	0,0	1	0,4	0	0,0	0	0,0
Colistin	2	2,6	12	5,3	0	0,0	0	0,0
Tetrazyklin	7	9,1	5	2,2	0	0,0	0	0,0
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Azithromicin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Trimethoprim	5	6,5	1	0,4	0	0,0	0	0,0
Sulfamethoxazol	5	6,5	6	2,6	0	0,0	0	0,0
sensibel	67	87,0	203	89,4	11	100,0	1	100,0
1 × resistent	2	2,6	20	8,8	0	0,0	0	0,0
2 × resistent	5	6,5	2	0,9	0	0,0	0	0,0
3 × resistent	2	2,6	2	0,9	0	0,0	0	0,0
4 × resistent	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
> 4 × resistent	1	1,3	0	0,0	0	0,0	0	0,0

5.6 *Enterococcus faecalis* und *Enterococcus faecium*

Insgesamt wurden 631 von 640 (98,6 %) eingesandten und dem Stichprobenplan zuzuordnende Enterokokken-Isolate als *Enterococcus faecalis* oder *E. faecium* identifiziert. Bei den neun verbleibenden Isolaten wurden andere Spezies als *E. faecalis* und *E. faecium* festgestellt. Der Anteil der beiden Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* an den Isolaten aus Blinddarminhalten von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof war nahezu identisch (Abb. 5.8).

In die Resistenztestung wurden 631 Enterokokken-Isolate (324 *E. faecalis*, 307 *E. faecium*) aus Blinddarminhalten von Masthähnchen (N = 252) und Mastputen (N = 379) am Schlachthof einbezogen (Abb. 5.9, Tab. 5.16).

Der Anteil der sensiblen Isolate lag insgesamt bei *E. faecium* höher als bei *E. faecalis* (Abb. 5.9). Die Isolate von Masthähnchen waren insgesamt ähnlich häufig sensibel wie die von Mastputen, allerdings zeigten sich bei Isolaten von Masthähnchen große Unterschiede zwischen *E. faecalis* (7,0 %) und *E. faecium* (29,0 %), die bei den Isolaten von Mastputen nicht festgestellt wurden (20,4 % vs. 15,8 %).

Die höchsten Resistenzraten wurden über alle Herkünfte und Spezies hinweg gegenüber Tetrazyklin (57,8 %) und Erythromycin (58,6 %) beobachtet. Dabei waren bei *E. faecalis* deutlich mehr Isolate gegen Tetrazyklin resistent (68,5 %) als bei *E. faecium* (46,6 %). Gegenüber Erythromycin wurden keine Unterschiede zwischen den beiden Bakterienspezies (57,4 % vs. 59,9 %), wohl aber zwischen Masthähnchen und Mastputen beobachtet (66,3 vs. 53,6 %).

Sowohl gegenüber Tetrazyklin als auch gegenüber Erythromycin waren *E. faecalis* von Masthähnchen deutlich häufiger resistent (67,2 % und 72,7 %) als *E. faecium* (27,6 % und 59,3 %). Bei den Isolaten von Mastputen waren Resistenzen gegenüber Tetrazyklin häufiger bei *E. faecalis* (69,4 % vs. 59,6 %) und solche gegen Erythromycin häufiger bei *E. faecium* (60,1 % vs. 47,4 %).

Deutliche Unterschiede zwischen den Enterokokkenspezies wurden auch in der Empfindlichkeit gegenüber Ampicillin gesehen (0,3 % *E. faecalis* vs. 11,4 % *E. faecium*), und zwar bei beiden Tierarten. Eine Resistenz gegen Ciprofloxacin wurde bei *E. faecalis* von der Pute und *E. faecium* vom Hähnchen jeweils häufiger beobachtet als bei der anderen Bakterienspezies. Resistenzen gegen Linezolid, Teicoplanin, Vancomycin und Tigazyklin wurden bei beiden Spezies nicht beobachtet (Tabelle 5.16).

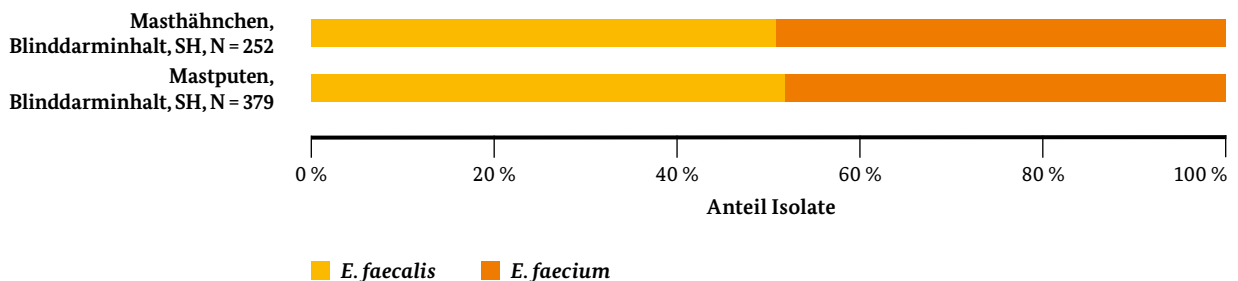


Abb. 5.8: Übersicht über die Verteilung der Spezies *E. faecalis* und *E. faecium* unter den typisier ten Enterokokken-Isolaten aus den verschiedenen Herkünften im Zoonosen-Monitoring 2020. (SH: Schlachthof)

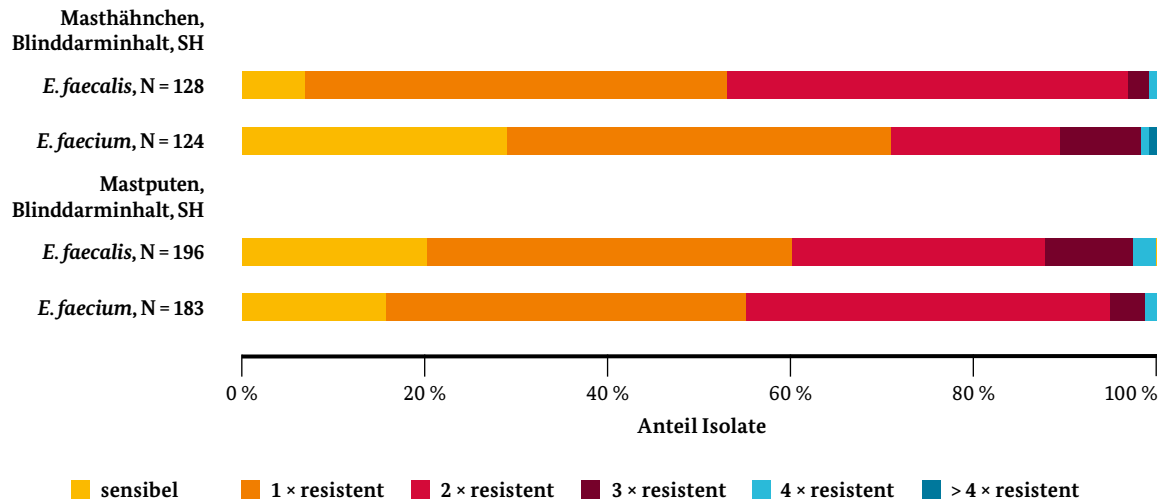


Abb. 5.9: Ergebnisse der Resistenzuntersuchung bei Enterokokken aus Proben von Blinddarminhalt im Zoonosen-Monitoring 2020. Anzahl der Substanzklassen, gegen welche die Isolate resistent waren. (SH: Schlachthof)

Tab. 5.16: Anzahl und Anteil untersuchter 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>			
	Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt		Masthähnchen Schlachthof Blinddarminhalt		Mastputen Schlachthof Blinddarminhalt	
	N	%	N	%	N	%	N	%
Anzahl untersucht	128		196		124		183	
Gentamicin	0	0,0	2	1,0	1	0,8	2	1,1
Chloramphenicol	3	2,3	11	5,6	0	0,0	1	0,5
Ampicillin	0	0,0	1	0,5	17	13,7	18	9,8
Ciprofloxacin	2	1,6	19	9,7	14	11,3	5	2,7
Tetrazyklin	86	67,2	136	69,4	34	27,6	109	59,6
Tigezyklin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Erythromycin	93	72,7	93	47,4	74	59,3	110	60,1
Teicoplanin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Vancomycin	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Daptomycin	0	0,0	1	0,5	0	0,0	2	1,1
Linezolid	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0
sensibel	9	7,0	40	20,4	36	29,0	29	15,8
1 × resistent	59	46,1	78	39,8	52	41,9	72	39,3
2 × resistent	56	43,8	54	27,6	23	18,5	73	39,9
3 × resistent	3	2,3	19	9,7	11	8,9	7	3,8
4 × resistent	1	0,8	5	2,6	1	0,8	2	1,1
5 × resistent	0	0,0	0	0,0	1	0,8	0	0,0

Bewertung der Ergebnisse

Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans 2020

Die Durchführung des Zoonosen-Monitorings erfolgte gemäß Zoonosen-Stichprobenplan 2020 (ZSP 2020). Die Beteiligung der Länder an den Monitoringprogrammen entsprechend dem ZSP 2020 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 2020 waren die Abweichungen vom Stichprobenplan insgesamt begrenzt, sodass mit wenigen, im Folgenden spezifizierten Ausnahmen die Daten als repräsentativ für Deutschland angesehen werden können.

Die Programme in Erzeugerbetrieben wurden von allen Ländern durchgeführt, denen Proben zugeteilt waren. Zum Programm bei Zuchthühnern der Lege- richtung wurden keinerlei Probenzahlen vorgegeben, da hier die Vorgaben der Bekämpfungsprogramme maßgeblich sind, daher entfällt die Bewertung der Umsetzung. Für die Legehennenbetriebe waren Richtzahlen für den Probenumfang angegeben, die insgesamt eingehalten wurden. Lediglich ein Bundesland mit einem erheblichen Anteil an der Stichprobe (mehr als 30 %) hat das ihm zugewiesene Probensoll um mehr als 20 % überschritten, sodass hier eine Verzerrung der Ergebnisse der Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* möglich ist. Beim Programm zu Cypriniden in Erwerbsfischereibetrieben zur freiwilligen Durchführung wurden zwar keine verbindlichen Probenzahlen vorgegeben, aber der zur Orientierung angegebene Stichprobenumfang wurde insgesamt zu weniger als 30 % umgesetzt. Somit sind die Ergebnisse der Untersuchungen bzgl. der Prävalenz von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und MRSA in Kiementupferproben von Cypriniden nur als Orientierungswerte geeignet, nicht aber als nationale Prävalenzschätzung. Aller-

dings wurden in den 102 untersuchten Proben keine ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* und nur einmal MRSA nachgewiesen, sodass eine hohe Belastung von einheimischen Cypriniden mit diesen Keimen unwahrscheinlich ist (s. u.).

Die Programme am Schlachthof haben das Probensoll insgesamt erfüllt. Bei einzelnen Untersuchungen wurde das Probensoll deutlich (um mehr als 20 %) überschritten. Das war bei den Untersuchungen auf ESBL/AmpC- sowie Carbapenemase-bildende *E. coli* in Blinddarminhalt sowohl von Masthähnchen (140 %) als auch von Mastputen (145 %) und bei *Salmonella* spp. in Blinddarminhalt von Mastputen (130 %) der Fall. Da diese Überschreitungen des Probensolls unter Beteiligung des Bundeslandes mit den größten zugewiesenen Stichprobenanteilen zustande gekommen ist, ist eine Verzerrung der Ergebnisse wahrscheinlich. In beiden Geflügelschlachthofprogrammen wurden deutlich mehr Proben auf *E. coli* untersucht als erforderlich (180 %).

Die größte Anzahl von Programmen wurde auch 2020 im Einzelhandel durchgeführt. Das Probensoll wurde mit Ausnahme des Programms zu getrockneten Gras- und Blattprodukten zu 80 % bis 117 % erfüllt, was einer guten Umsetzung entspricht. Die Untersuchungen in getrockneten Gras- und Blattproduktproben erfüllten das Probensoll nur zu 65 % bis 69 %, sodass die Ergebnisse mit einer erhöhten Unsicherheit behaftet sind.

Beim Wildprogramm wurde das Probensoll deutlich unterschritten (67 % bis 68 %). Da sich die Probenzahl an der Jagdstrecke des Vorjahres orientiert, sind die Abweichungen unter Vorbehalt anzusehen, da möglicherweise das Ausbruchsgeschehen der Afrikanischen Schweinepest einen Einfluss auf die Jagdstrecke im Jahr 2020 hatte.

Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2020 unter dem Gesichtspunkt des gesundheitlichen Verbraucherschutzes

Das Ziel des Zoonosen-Monitorings gemäß Zoonosen-Stichprobenplan, für ausgewählte Erreger und Lebensmittelketten das Vorkommen von Zoonoseerregern

und spezifischen resistenten Mikroorganismen (MRSA, Extended-Spektrum bzw. AmpC Beta-Laktamase (ESBL/AmpC)-bildende *E. coli*, Carbapenemase-verdächtige *E. coli*) sowie die Resistenzsituation bei Zoonoseerregern, Enterokokken und kommensalen *E. coli* in verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette für das Jahr 2020 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 2020 liegen nun zu einigen Erregern Daten aus einem Zeitraum von zwölf Jahren (2009 bis 2020) 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 Methodenetablierung. Dieser Aufwand ist insbesondere für ein Land mit geringen zugeteilten Probenzahlen unverhältnismäßig hoch. Bei einigen freiwilligen Programmen führt dies dazu, dass nicht alle Länder an den Programmen teilnehmen (z. B. *C. difficile*). Hier sollte erwogen werden, solche Programme gegebenenfalls länderübergreifend durchzuführen, indem insbesondere Proben aus Ländern mit geringem Probensoll von Laboren anderer Länder mituntersucht werden.

In allen Programmen konnten wichtige Erkenntnisse zum Vorkommen von Zoonoseerregern, kommensalen *E. coli* und Enterokokken sowie spezifischen resistenten Keimen wie MRSA und ESBL/AmpC-

bildenden bzw. Carbapenemase-verdächtigen *E. coli* und deren Eigenschaften gewonnen werden. Nachfolgend werden die Ergebnisse für die einzelnen Erreger bewertet. Dabei werden bei der Bewertung auch die Einschränkungen bei der Programmdurchführung adressiert, ohne dass jedoch versucht wird, etwaige Auswirkungen dieser Einschränkungen auf die Ergebnisse quantitativ abzuschätzen. Insgesamt ist – wie oben erläutert – nicht zu erwarten, dass die Abweichungen vom Stichprobenplan zu einer grundlegenden Verschiebung der geschätzten Prävalenzen geführt haben, es kann aber im Einzelfall zu Verzerrungen kommen, die für die Bewertung von Bedeutung sind.

Aus den Ergebnissen der hier dargestellten Querschnittsstudien allein können keine Schlussfolgerungen hinsichtlich ursächlicher Zusammenhänge oder Empfehlungen für Vermeidungs- und Reduktionsstrategien abgeleitet werden. Die vorliegenden Ergebnisse können aber zur Generierung von Hypothesen 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 zwölf Jahren belegen den Eintrag der betrachteten Erreger über verschiedene Tierarten aus der Primärproduktion in Deutschland in die Lebensmittelketten. Die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings betrachteten Zoonoseerreger, Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*, ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*, kommensalen *E. coli* sowie Enterokokken können auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette nachgewiesen werden. Es gibt aber deutliche Unterschiede in der Prävalenz zwischen den Lebensmittelketten sowie auch auf den verschiedenen Stufen der jeweiligen Lebensmittelkette. Die Ergebnisse belegen auch, dass eine Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher gegenüber den untersuchten Zoonoseerregern, Keimen mit besonderen Resistenzeigenschaften und kommensalen *E. coli* über verschiedene Arten 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 im Rahmen des Schlachtprozesses die Erreger aus einer Tiergruppe auf Schlachtkörper anderer Tiergruppen übertragen werden können.

Im Rahmen dieser Bewertung werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2020 zu den Ergebnis-

sen des Zoonosen-Monitorings vergangener Jahre und der Literatur in Beziehung gesetzt. Hinsichtlich der Daten aus der Literatur werden insbesondere die Ergebnisse der risikoorientierten Lebensmittelüberwachung der Vorjahre herangezogen, um sie mit den Ergebnissen des Zoonosen-Monitorings zu vergleichen, und so festzustellen, ob sich die Ergebnisse der Überwachung, die jährlich vorliegen, deutlich von den im Rahmen des Monitorings erzielten Ergebnissen unterscheiden.

Die Bewertung der minimalen Hemmkonzentrationen erfolgte anhand der epidemiologischen Cut-off-Werte (www.eucast.org), welche im Durchführungsbeschluss 2013/652/EU festgelegt und für einige Substanzen von der EFSA ergänzt wurden. Diese liefern frühzeitig Hinweise auf eine beginnende Resistenzentwicklung bei Bakterienpopulationen (s. Kap. 3.3.2.1). Bei der Bewertung der Ergebnisse der Resistenzuntersuchungen über längere Zeiträume hinweg ist zu berücksichtigen, dass sich mit dem Durchführungsbeschluss 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.**

Es wurden Blinddarmproben von Masthähnchen am Schlachthof und Halshäute auf *Salmonellen* untersucht. Von den Blinddarmproben waren insgesamt 12 positiv (2,6 %), etwas mehr als in den Vorjahren (2018: 1,9 %, 2016: 2,3 %). Dies entspricht der Nachweisrate in den Masthähnchenherden im Rahmen des Bekämpfungsprogramms von 2020 (BfR 2021). Von den 12 eingesandten Isolaten erwiesen sich acht als *S. Infantis* und zwei als *S. Subspez. I* Rauform. Dies deutet auf eine erhebliche Verbreitung von *S. Infantis* in den Hähnchenbeständen hin, während *S. Typhimurium* und *S. Enteritidis* hier selten sind (BfR 2021). Im Gegensatz zu *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* sind *S. Infantis* beim Masthähnchen nicht bekämpfungspflichtig, sodass im Falle positiver Befunde nicht notwendigerweise Maßnahmen ergriffen werden.

Insgesamt waren bei Masthähnchen mit 6,7 % deutlich weniger Schlachtkörper positiv als bei den Puten, allerdings stammten auch hier die positiven Befunde aus nur wenigen Schlachthöfen. Von 29 positiven Proben stammten 26 aus drei Schlachthöfen in drei verschiedenen Ländern, in denen die Nachweis-

raten bei 90 %, 31 % und 21 % lagen. Auch hier zeigen die Ergebnisse, dass es möglich ist, Schlachtkörper mit einer geringen Belastung mit *Salmonellen* zu produzieren, dass dies aber in einigen Schlachthöfen nicht gelingt. Der Anteil positiver Schlachtkörper entsprach in etwa den Werten der Vorjahre (2018: 7,6 %, 2016: 6,7 %). Auch die Häufung der Nachweise in einigen Schlachthöfen entspricht der Situation der Vorjahre.

Von den nachgewiesenen Serovaren war wiederum *S. Infantis* das häufigste Serovar mit 13 der 23 eingesandten Isolate. Dies deutet darauf hin, dass die Dominanz von *S. Infantis* bei den Schlachttieren ihren Niederschlag auch auf den Schlachtkörpern findet. Neben *S. Infantis* wurde auch *S. Paratyphi B, dT+* mehrfach (5/23 Isolate) nachgewiesen, während im Gegensatz zu 2018 *S. Typhimurium* nicht nachgewiesen wurde.

Auch Hähnchenfleisch im Einzelhandel war mit 4,6 % häufig mit *Salmonellen* kontaminiert. Ähnlich wie bei den Schlachtkörpern entsprach der Wert dem aus 2016 (4,7 %), während 2018 eine etwas höhere Nachweisrate ermittelt wurden (5,6 %). Auch hier dominierte, wie in den Vorjahren, *S. Infantis* bei den Nachweisen (12/19 eingesandten Isolate), gefolgt mit großem Abstand von *S. Paratyphi B, dT+* (3/19). Proben aus Fleisch mit Herkunftsland Deutschland wiesen seltener *Salmonellen* auf (3,3 %) als solche aus anderen Herkunftsländern (11,8 %).

Insgesamt zeigen die Ergebnisse die Dominanz von *S. Infantis* in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch. Nach *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* ist *S. Infantis* das beim Menschen am dritthäufigsten nachgewiesene Serovar. Da der Erreger bei anderen Tierarten seltener nachgewiesen wird, ist es nicht unwahrscheinlich, dass ein Teil der humanen Infektionen eine Verbindung zur Lebensmittelkette Hähnchenfleisch aufweist (Jabin et al. 2019).

Die Resistenz der in der Hähnchenfleischkette nachgewiesenen *Salmonella*-Isolate unterschied sich deutlich zwischen den Isolate aus Blinddarmproben, von denen keines sensibel war, zu denen aus Fleisch im Einzelhandel, von denen eines sensibel war, und zu denen auf den Schlachtkörpern, bei denen die Hälfte sensibel war. Auch bei den Isolate des Serovars *S. Infantis* war dieser Unterschied augenfällig. Während alle Isolate von *S. Infantis* aus Blinddarmproben resistent gegen die (Fluor)chinolone, Sulfamethoxazol und Tetracyclin waren, war dies nur bei 3/13 Isolate von Schlachtkörpern der Fall. Dies deutet darauf hin, dass die meisten Schlachtkörper nicht mit Stämmen kontaminiert sind, die aus den untersuchten Schlachtkörpern kamen. Im Einzelhandel waren wieder alle zwölf Isolate resistent gegen diese Substanzen, wobei zwei Isolate noch eine weitere Resistenz trugen.

Die fünf Isolate von *S. Paratyphi B*, dT+ auf den Schlachtkörpern wiesen drei verschiedene Resistenzmuster auf, wobei drei Isolate aus einem Schlachthof in einem Bundesland dasselbe Muster aufwiesen.

Insgesamt unterstreichen diese Befunde die Bedeutung des Schlachthofs für die Verschleppung der Salmonellen aus den Beständen auf das Fleisch im Einzelhandel, aber auch die Heterogenität der Übertragungsraten.

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden Blinddarmproben von Puten am Schlachthof sowie die Halshaut von Putenschlachtkörpern auf Salmonellen untersucht. Die geringen Nachweisraten in den Blinddarmproben spiegeln dabei die geringe Prävalenz von Salmonellen in Putenbeständen infolge der Bekämpfungsprogramme für Salmonellen bei Hausgeflügel wider. Die relativ hohen (15,4 %) Kontaminationsraten der Halshäute weisen auf eine erhebliche Verschleppung von Salmonellen in Putenschlachthöfen hin. Der größte Anteil der Proben von Putenschlachtkörpern stammte wie immer aus einem Land. Aus diesem Land stammten auch 64 der 67 eingesandten Isolate. 51 dieser 64 Isolate stammten aus einem Schlachthof, bei dem insgesamt 79,7 % der Schlachtkörper positiv auf Salmonellen getestet wurden. Ein Drittel der 67 eingesandten Isolate gehörte dem Serovar *S. Senftenberg* an. Dieses Serovar ist eigentlich mit Futtermitteln assoziiert, wurde in den vergangenen Jahren aber wiederholt auch gehäuft auf Putenschlachtkörpern nachgewiesen. Da die Nachweisraten in den Blinddarmproben gering sind und *S. Senftenberg* in diesen Proben überhaupt nicht nachgewiesen wurde, deutet diese Häufung darauf hin, dass sich *S. Senftenberg* möglicherweise in diesem Schlachthof etabliert hat. Auch *S. Brandenburg* wurde 2020 von Putenschlachtkörpern isoliert. Das Serovar wurde auch im Rahmen eines mit Putenfleisch als wahrscheinlicher Quelle assoziierten lebensmittelbedingten Krankheitsausbruchs nachgewiesen (BVL und RKI 2021).

Die drei Isolate, die aus einem anderen Bundesland stammten, gehörten den Serovaren *S. Enteritidis* (2) und *S. Typhimurium* (1) an und stammten wiederum aus einem Schlachthof.

Die Ergebnisse deuten auf erhebliche Schwächen in der Hygiene eines Schlachthofes hin, der damit die nationale Prävalenz deutlich verschlechtert, die ohne die Proben dieses Schlachthofs nur bei ca 5 % läge, dem bei Schweinen festgestellten Niveau. Die Ergebnisse zeigen auch, dass es im Gegensatz zu diesem einen Schlachthof in vielen Putenschlachthöfen relativ gut gelingt, die Verschleppung von Salmonellen auf die Schlachtkörper zu begrenzen.

Da Putenfleisch in der Regel nicht roh verzehrt wird, kommt es nur selten zu einer unmittelbaren Exposition

der Verbraucherinnen und Verbraucher. Auch gehört ein Großteil der nachgewiesenen Serovare nicht zu denen, zu denen häufig Erkrankungsfälle beim Menschen gemeldet werden. Dementsprechend kommen Source-attribution-Modelle für Deutschland zu dem Schluss, dass nur relativ wenige humane Infektionen mit Puten assoziiert sind (Jabin et al. 2019). Im Rahmen eines größeren Ausbruchsgeschehens wurde 2020 aber zu Kebap verarbeitetes Putenfleisch als wahrscheinliche Quelle für *S. Brandenburg* identifiziert (BVL und RKI 2021).

Die *Salmonella*-Isolate von Puten wiesen deutlich mehr Resistenzen auf. Hier dominierte die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin, die bei etwa zwei Drittel der Isolate festgestellt wurde, während Resistenzen gegen das Chinolon Nalidixinsäure deutlich seltener waren. Hohe Resistenzraten gegen die (Fluor)chinolone wurden auch 2016 und 2018 beobachtet. Die Differenz zwischen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure wurde beim Serovar *S. Schwarzengrund* und bei einer monophasischen Variante von *S. Subspez. I* (*S. 4,12:d:-*) nachgewiesen. Hier trugen bis auf eines alle Isolate diese Kombination, was auf die enge Assoziation von Serovaren mit bestimmten Resistenzen hinweist. Resistenzen gegen andere Substanzen waren seltener. Resistenzen gegen die Cephalosporine der 3. Generation wurden bei den Salmonellen aus der Putenfleischkette wie in den Jahren 2016 und 2018 nicht beobachtet. Drei Isolate waren gegen Colistin resistent. Es handelte sich bei zwei der drei Isolate um *S. Brandenburg*, die aber wenig weitere Resistenzen trugen. Resistenzen gegen Colistin waren 2018 bei Salmonellen aus der Putenfleischkette nicht beobachtet worden. Im Jahr 2016 waren zwei Isolate anderer Serovare resistent gewesen.

Im Jahr 2020 wurden Schlachtkörper von Mast Schweinen und Hackfleisch vom Schwein auf Salmonellen untersucht. In beiden Matrizes wurden Salmonellen nachgewiesen. Die Ergebnisse der Untersuchungen von Schlachtkörpern zeigen eine im Vergleich zu den Vorjahren unveränderte Prävalenz von Salmonellen auf Schlachtkörpern: 4,0 % vs. 4,5 % (2015), 2,9 % (2017), 5,0 % (2018) und 3,4 % (2019).

Es wurden unterschiedliche Serovare nachgewiesen, wobei *S. Typhimurium* inkl. seiner monophasischen Variante am häufigsten war, gefolgt von *S. Derby*. Die Variabilität der Serovare deutet nicht auf eine spezifische Häufung eines Serovars in einzelnen Schlachthöfen hin, wie sie in der Vergangenheit schon beobachtet wurden. Auch wurden aus keinem Schlachthof mehr als zwei positive Befunde gemeldet.

Die Nachweisraten lagen wiederum höher als die von den Lebensmittelunternehmern im Rahmen der Eigenkontrollen in den letzten Jahren festgestellten Nachweisraten. Die Nachweishäufigkeit bei Schlacht-

körpern unterstreicht, dass die Verhinderung der Verschleppung von Salmonellen auf Schweineschlachtkörper eine Herausforderung bleibt.

Die Nachweisrate in Hackfleisch war mit 0,7 % etwas niedriger als in den beiden vergangenen Jahren (2019: 1,9 %; 2018: 1,3 %) und als in einem Bericht aus den USA mit 1,4 % (Broadway et al. 2021), entsprach aber der aus 2017 (0,7 %). Auch hier wurden unterschiedliche Serovare gefunden (je ein Isolat pro Serovar), wobei auch die beim Schwein häufigen Serovare *S. Typhimurium* und *S. Derby* vertreten waren, was dafür spricht, dass die Isolate aus der Primärproduktion in das Produkt verschleppt worden sein könnten. Da Hackfleisch vom Schwein in Deutschland auch roh verzehrt wird, ist bei Verbraucherinnen und Verbrauchern mit diesen Verzehrgewohnheiten mit einer regelmäßigen Exposition gegenüber diesen Bakterien zu rechnen. Dementsprechend haben sogenannte Source-attribution-Modelle dem Schweinefleisch auch immer eine erhebliche Bedeutung für die Erkrankungen des Menschen zugeordnet (Jabin et al. 2019, Pires et al. 2011).

Die Resistenzsituation unterschied sich bei den Isolaten von Schlachtkörpern und aus Hackfleisch nicht wesentlich von den Vorjahren, wobei durch die geringe Zahl der Isolate (insgesamt 17) die Genauigkeit der Schätzung begrenzt ist. Relativ hohe Resistenzraten gegenüber Ampicillin, Tetracyclin und Sulfamethoxazol werden seit langem bei Isolaten aus Schweinen und von ihnen stammenden Lebensmitteln beobachtet. Insbesondere beim Rohverzehr von Hackfleisch sind diese Resistenzen von unmittelbarer Relevanz für die betroffenen Verbraucherinnen und Verbraucher, wenn sich die Notwendigkeit einer antibiotischen Behandlung ergibt. Als besonders kritisch sind Resistenzen gegen Substanzen anzusehen, die von der WHO als „highest priority critically important antimicrobials“ (HPCIA) und von der Europäischen Arzneimittelbehörde in die Kategorie B („restrict“) klassifiziert werden. Von den Isolaten aus der Schweinefleischkette war nur eines gegen die zu dieser Kategorie zählenden (Fluor)chinolone resistent, während eine Resistenz gegen Cephalosporine der 3. Generation und gegen Colistin nicht beobachtet wurde.

Das Vorkommen von Salmonellen in 0,8 % der Proben von Lammfleisch (3/377) entspricht den Nachweisraten bei anderem Rotfleisch und bestätigt, dass auch Lammfleisch mit Salmonellen kontaminiert sein kann und daher gut durchgebraten werden sollte, insbesondere wenn es von vulnerablen Gruppen verzehrt werden soll. Alle drei eingesandten Isolate wurden als *S. Subspez. IIIb* monophasisch identifiziert und waren gegen alle 14 getesteten Antibiotika sensibel. Die Lebensmittel stammten aus drei verschiedenen Bundesländern. Angaben zum Hersteller oder zur

Charge lagen nicht vor, sodass nicht auszuschließen ist, dass es sich um Fleisch aus derselben Produktionspartie handelt. Das unterstreicht, dass diese Angaben zumindest bei verpackten Lebensmitteln unbedingt miterhoben werden sollten.

Auf (Konsum-)Eiern, die im Zoonosen-Monitoring 2020 in der Packstelle und im Einzelhandel untersucht wurden, wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Aus den Untersuchungen im Rahmen der amtlichen Überwachung ist aber bekannt, dass Eier immer wieder mit Salmonellen kontaminiert sein können, wenn dies auch infolge der Bekämpfungsmaßnahmen sehr selten geworden ist. Aufgrund des seltenen Nachweises ist es beim gegebenen Probenumfang durchaus möglich, dass durch zufällige Effekte keine positiven Eier nachgewiesen wurden. In jedem Fall deutet der fehlende Nachweis aber darauf hin, dass Salmonellen auf Eiern derzeit sehr selten sind. Trotzdem werden in Source-attribution-Modellen noch immer viele humane Salmonellose-Infektionen mit Legehennen und damit vor allem mit Eiern assoziiert, was wesentlich auf den relativ hohen Anteil von *S. Enteritidis* an den Salmonellen-Infektionen und -Besiedlungen bei Legehennen zurückzuführen ist, auch wenn der Anteil dieses Serovars an den humanen Infektionen seit der Einführung der Bekämpfungsprogramme deutlich zurückgegangen ist (Jabin et al. 2019, RKI 2019b).

Der Nachweis von Salmonellen in Kotproben erjagter Wildschweine bestätigt die Untersuchungen aus dem Zoonosen-Monitoring 2016 (BVL 2017, Plaza-Rodriguez et al. 2020). Interessanterweise wurden im Gegensatz zu 2016 in 2020 Salmonellen vor allem bei jungen Tieren nachgewiesen. 2016 waren sämtliche Salmonellen bei adulten Tieren nachgewiesen worden. Über die Ursache dieses Unterschiedes ist nichts bekannt. Es wurden bei den neun untersuchten Isolaten sechs verschiedene Serovare nachgewiesen, was die Heterogenität der Serovare beim Wildschwein unterstreicht, die bereits 2016 und unlängst auch in einer italienischen Studie beobachtet wurde (Razzuoli et al. 2021). Dabei sind die Quellen für die nachgewiesenen Isolate unklar. Die Isolate aus Deutschland waren aber – wie schon 2016 – zu zwei Dritteln sensibel gegen die 14 getesteten Substanzen. Auch dies entsprach der Situation in Italien, allerdings wurden die dortigen Isolate noch gegen besondere Sulfonamide getestet, gegen die diese überwiegend resistent waren.

In Weizenmehl wurden keine Salmonellen nachgewiesen. Ein ähnliches Ergebnis wurde auch in einer kanadischen Untersuchung 2018/19 gefunden (Zhang et al. 2021). In den letzten Jahren wurde Mehl immer wieder mit lebensmittelbedingten Infektionen in Verbindung gebracht, was zum Teil auf den sorglosen Umgang mit dem vermeintlich sicheren trockenen

Lebensmittel zurückgeführt wird (Feng und Archila-Godínez 2021). Im Rahmen der Untersuchung von Futtermitteln wurde in der Vergangenheit gelegentlich Mehl untersucht. Es wurden aber nur sehr selten Salmonellen nachgewiesen (Hartung et al. 2020). Als Quelle kommt vor allem im Rahmen der Ernte oder Lagerung kontaminiertes Getreide in Betracht. Im Hinblick auf die Aussagekraft des negativen Untersuchungsergebnisses gilt aufgrund der Seltenheit des Nachweises das für Eier Gesagte. Bei dem gegebenen Stichprobenumfang ist nicht auszuschließen, dass nur zufällig keine positiven Proben identifiziert wurden. Gleichwohl zeigt das Ergebnis, dass der Nachweis von Salmonellen in Mehl vermutlich eine Ausnahme darstellt. Problematisch am Vorkommen der Salmonellen in Mehl wäre, dass Verbraucherinnen und Verbraucher nicht damit rechnen und daher die entsprechende Sorgfalt nicht anwenden.

Beim Nachweis von *S. Newport* in getrockneten Blatt- und Grasprodukten ergibt sich eine ähnliche Problematik wie beim Mehl. Verbraucherinnen und Verbraucher halten diese Produkte aufgrund ihres geringen Wassergehalts für sicher, sodass keine Vorsichtsmaßnahmen ergriffen werden. Ob die in den Produkten enthaltenen Keimmengen für eine Infektion beim Menschen ausreichen, ist nicht bekannt. Allerdings könnte es beim Hinzufügen solcher Produkte zu anderen Speisen zu einer nachträglichen Vermehrung der Salmonellen kommen, sodass Verbraucherinnen und Verbrauchern auch hier Vorsicht anzuraten ist.

***Campylobacter* spp.**

Campylobacter spp. wurden wie in den vergangenen Jahren häufig auf der Halshaut geschlachteter Hähnchen und im Hähnchenfleisch im Einzelhandel nachgewiesen. Die Ergebnisse der Quantifizierung von *Campylobacter* spp. auf der Halshaut von Hähnchenschlachtkörpern 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 2020 mit 21,9 % etwas niedriger als 2019 (23,1 %), aber 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 24,1 %, 22,7 % und 22,9 % der Proben über dem Grenzwert lagen, ist allenfalls nur eine geringe Verbesserung der Situation zu beobachten. Das Prozesshygienekriterium limitiert das Über-

schreiten des Grenzwertes von 10^3 KbE/g auf 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 1.000 KbE/g enthielten zwischen 3,3 % und 45,3 %. Diese Variabilität könnte möglicherweise andeuten, dass es in den Schlachthöfen unterschiedlich gut gelingt, die Kontamination der Schlachtkörper mit *Campylobacter* spp. zu verhindern, bzw. dass die geschlachteten Hühner einen unterschiedlichen Besiedelungsstatus mit dem Keim aufwiesen. Um hier eine gesicherte Aussage zu machen, müsste die Probenmenge und die Anzahl unterschiedlicher Probenahmezeitpunkte pro Schlachthof erhöht werden. Dazu müssten die Proben möglichst innerhalb der Sommermonate (mit hoher Prävalenz von *Campylobacter* spp. in den Hühnerbeständen) gleichmäßig und mehrfach pro Schlachthof gezogen werden. Mithilfe derartiger Daten wäre es möglich, die Qualität des Schlachtprozesses in einzelnen Schlachthöfen miteinander zu vergleichen und geeignete Schlachtbedingungen zu identifizieren, mit denen der Kontaminationsgrad von *Campylobacter* auf dem Masthähnchenschlachtkörper begrenzt werden kann.

Im Rahmen der Zoonosen-Berichterstattung werden seit 2019 auch die Ergebnisse der Eigenkontrollen der Lebensmittelunternehmer nach VO (EG) Nr. 2073/2005 erhoben. Im Jahr 2019 ergab diese Erhebung, dass nur 7 % der Schlachtkörper Keimzahlen von über 1.000 KbE/g aufwiesen. Auch 2020 wurden bei den Eigenkontrollen der Lebensmittelunternehmer nur in 7,5 % der Proben Keimzahlen in dieser Größenordnung festgestellt. 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, da 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 mit 54,7 % wiederum häufig qualitativ *Campylobacter* spp. nachgewiesen (2019: 46,4 %), auch wenn die Keimzahlen hier – wie in den Vorjahren – deutlich niedriger waren. Nur in 10 von 436 Proben (2,3 %) wurden *Campylobacter* spp. mit Keimzahlen > 10 KbE/g nachgewiesen. Keimzahlen > 1.000 KbE/g wurden nicht nachgewiesen. Masthähnchen und Hähnchenfleisch werden in Source-

attribution-Modellen als die häufigste Quelle von *Campylobacteriosen* des Menschen eingeschätzt.

Die Resistenzraten der eingesandten *Campylobacter* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch waren wiederum sehr hoch. Die höchsten Resistenzraten wurden gegenüber den (Fluor)chinolonen (78,9 %) und Tetrazyklin (63,6 %) nachgewiesen. Dabei waren im Gegensatz zu einigen anderen Studien (Tenhagen et al. 2020, 2021) die Resistenzraten gegenüber den (Fluor)chinolonen und Streptomycin bei *C. jejuni* höher als bei *C. coli*. Resistenz gegen Gentamicin zeigte nur ein Isolat von *C. coli* (0,1 %). Resistenz gegen Erythromycin wurde nur bei *C. coli* beobachtet (11,5 %). Gravierende Unterschiede zwischen den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette bestanden nicht, was darauf hindeutet, dass die Isolate im Lebensmittel überwiegend aus der Primärproduktion stammen, auch wenn es im Schlachthof in einem erheblichen Maße zur Kreuzkontamination kommt. Aufgrund der besonderen Bedeutung von *Campylobacter* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch für die humanen *Campylobacteriose*-Erkrankungen ist insbesondere die Resistenz gegenüber den (Fluor)chinolonen und gegenüber Erythromycin als problematisch zu betrachten, weil diese von der WHO als HPCIA eingestuft werden. Im Gegensatz zur Resistenz gegenüber Tetrazyklin ist die Resistenz gegenüber Ciprofloxacin bei *C. jejuni* in den letzten Jahren signifikant angestiegen, und zwar von 65,8 % im Jahr 2014 auf 83,4 % im Jahr 2020.

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

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden *Campylobacter* im Jahr 2020 in Blinddarminhalt am Schlachthof und auf der Halshaut nachgewiesen. Dabei zeigte sich, dass der Blinddarminhalt von Puten noch häufiger positiv für *Campylobacter* war als der von Masthähnchen, dass aber die Schlachtkörper und Putenfleisch deutlich seltener positiv waren. Letzteres bestätigt grundsätzlich ältere Untersuchungen und wurde für Putenfleisch auch im Rahmen der Überwachung gezeigt (BVL 2017, BVL 2019, Hartung et al. 2020). Allerdings war der Anteil positiver Schlachtkörper mit 6,8 % auffällig niedrig. Putenschlachtkörper wurden zuletzt 2012 im Zoonosen-Monitoring untersucht. Damals war die Nachweisrate ähnlich wie auf Hähnchenschlachtkörpern, sie betrug 53,5 % und lag damit deutlich höher als 2020 (BVL 2014). Eine mögliche Interpretation der Ergebnisse ist, dass es mittlerweile besser gelingt, die Kontamination von Putenschlachtkörpern mit *Campylobacter* im Rahmen der Schlachtung zu minimieren. Auffällig ist allerdings

das im Vergleich zu den Blinddarmproben umgekehrte Verhältnis der beiden zu betrachtenden *Campylobacter*-Spezies. Während in den Blinddarmproben bei Puten überwiegend *C. coli* nachgewiesen wurden (61,5 %), wurden auf den Schlachtkörpern überwiegend *C. jejuni* gefunden (16/26, 61,5 %). Die Ursache dieser Verschiebung ist nicht bekannt, könnte aber mit Schwierigkeiten beim Nachweis von vor allem *C. coli* auf dem Schlachtkörper von Puten zusammenhängen. Die Verschiebung der isolierten *C. coli* aus Blinddarmproben und Halshautproben wird auch durch ein verändertes Resistenzprofil der Isolate deutlich. Daher ist anzunehmen, dass Isolate, die eigentlich auf der Haut durch Kontamination aus dem Putendarm vorkommen, über die Anreicherung verloren gehen. Das Problem wird international diskutiert und eine Anpassung der ISO 10272-1:2017 angestrebt. Allerdings bleibt selbst bei einer unterstellten Unterschätzung der *C. coli* der Anteil positiver Schlachtkörperproben deutlich niedriger als bei den Hähnchenschlachtkörpern (< 10 %).

Die Resistenzraten der *Campylobacter* aus der Lebensmittelkette Putenfleisch gegenüber den (Fluor)chinolonen, Tetrazyklin und Erythromycin waren höher als in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch. Dabei waren die Resistenzraten der bei der Pute dominierenden Spezies *C. coli* gegenüber diesen Substanzen höher als bei *C. jejuni*. Die Resistenzraten gegenüber Streptomycin waren dagegen niedriger als in der Hähnchenfleischkette. Hier zeigten sich wie in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch höhere Resistenzraten bei *C. jejuni* als bei *C. coli*.

Die hohen Resistenzraten insbesondere bei *C. coli* gegenüber den (Fluor)chinolonen und Erythromycin sind aus Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes besonders problematisch aufgrund der hohen Bedeutung dieser Substanzen für die Humanmedizin und der unmittelbaren Relevanz für den Menschen im Falle von lebensmittelassoziierten Infektionen mit diesen *Campylobacter*-Stämmen.

Auf Eierschalen wurden insgesamt nur selten *Campylobacter* spp. nachgewiesen, wobei die meisten positiven Befunde in der Packstelle vor der Sortierung gefunden wurden und die beiden Spezies sich in der Häufigkeit kaum unterschieden. Geringe Nachweisraten von *Campylobacter* entsprechen den Ergebnissen im Rahmen der Lebensmittelüberwachung.

Diese Ergebnisse zeigen, dass bei (Konsum-)Eiern grundsätzlich mit dem Vorkommen von *Campylobacter* auf der Oberfläche gerechnet werden muss. Hinzu kommt, dass durch die Kultur möglicherweise nicht alle *Campylobacter* auf der Eierschale tatsächlich nachgewiesen werden können.

Die Isolate waren tendenziell weniger häufig resistent als die Isolate aus den Lebensmittelketten Hähn-

chenfleisch und Putenfleisch. Auch hier waren aber wieder die Resistenzraten gegen die (Fluor)chinolone am höchsten, gefolgt vom Tetracyclin. Allerdings sollten diese Daten aufgrund der niedrigen Untersuchungszahl der Isolate vorsichtig bewertet werden.

Im Hackfleisch von Schweinen wurde nur in einem Fall (0,2 %) *Campylobacter* nachgewiesen, wobei das Isolat nicht zur weiteren Charakterisierung eingesandt wurde. Geringe Nachweisraten im Rotfleisch entsprechen den Ergebnissen der vergangenen Jahre. Allerdings ist bei Hackfleisch vom Schwein zu bedenken, dass dieses auch roh verzehrt wird. Dem Nachweis von *Campylobacter* kommt damit auch im Hinblick auf die geringe erforderliche Infektionsdosis eine besondere Bedeutung zu. Vereinzelt wurde rohes Hackfleisch in der Vergangenheit auch als Vehikel für lebensmittelübertragende *Campylobacter*-fälle beschrieben (Siffczyk et al. 2017).

Listeria monocytogenes

Auf *Listeria (L.) monocytogenes* wurden im Zoonosen-Monitoring 2020 Hähnenschlaktkörper, Hähnchenfleisch im Einzelhandel, Rohmilchkäse und getrocknete Blatt- und Grasprodukte untersucht.

Schlaktkörper von Masthähnchen und Hähnchenfleisch im Einzelhandel waren jeweils zu etwa einem Fünftel positiv für *L. monocytogenes*. Diese Nachweisrate entsprach in etwa einer in Italien beschriebenen Nachweisrate (Iannetti et al. 2020). Die Autoren konnten zeigen, dass die auf den Schlaktkörpern nachgewiesenen Listerien in den Schlachthöfen häufig über die Zeit identisch waren, was auf einen Eintrag aus der Schlachthofumgebung hindeutet. Dieses Phänomen wurde im Rahmen des Zoonosen-Monitorings auch schon für Salmonellen auf Geflügelschlaktkörpern gezeigt (BVL 2015). Auch waren die im Rahmen des Projektes in Italien untersuchten Blinddarmproben der Masthähnchen negativ für *L. monocytogenes*.

Bei der quantitativen Untersuchung von Hähnchenfleisch im Einzelhandel wies jedoch nur eine von 307 Proben über 100 KbE/g auf. Da Hähnchenfleisch aus unterschiedlichsten Gründen nicht zum Rohverzehr geeignet ist, hat dieser Nachweis zunächst keine besondere Bedeutung für den gesundheitlichen Verbraucherschutz. Er zeigt aber, dass über rohes Hähnchenfleisch kontinuierlich Listerien in die Lebensmittelkette, d. h. in Verarbeitungsbetriebe und in den Einzelhandel eingetragen werden. Welche Konsequenzen dieser gegebenenfalls hat, kann aus den vorliegenden Daten nicht abgeleitet werden.

Der Nachweis von *L. monocytogenes* in einer Probe von Rohmilchweichkäse entspricht den Erwartungen,

da Weichkäse als mögliche Infektionsquelle für *L. monocytogenes* für den Menschen bekannt ist. *L. monocytogenes* wird regelmäßig in verzehrfertigen Produkten aus Rohmilch und wärmebehandelter Milch nachgewiesen (BVL 2013, EFSA 2017a) 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). Bei der quantitativen Untersuchung konnte dieser Nachweis allerdings nicht reproduziert werden, was für eine nur geringe Keimzahl spricht. Da Weichkäse in der Regel roh verzehrt wird, ist davon auszugehen, dass die im Lebensmittel enthaltene mikrobielle Belastung unmittelbar zu einer Exposition der Verbraucherinnen und Verbraucher führt. Wird ein solcher Weichkäse längere Zeit unter ungünstigen Bedingungen gelagert, kann es darüber hinaus auch zu einer weiteren Vermehrung der Listerien kommen.

In getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden keine *L. monocytogenes* nachgewiesen.

Die im Zoonosen-Monitoring erhobenen Ergebnisse zu molekularen Serotypen von *L. monocytogenes* decken sich mit den Befunden aus der Vergangenheit in unterschiedlichen Lebensmitteln. Da es sich jeweils um häufige Serotypen handelt, lassen sie keine Rückschlüsse auf mögliche Verschleppungen zu. Dazu bedarf es hochauflösender Typisierungsmethoden wie z. B. der Gesamtgenomsequenzierung. Dass mit *L. monocytogenes* kontaminierte verzehrfertige Milchprodukte Humanerkrankungen auslösen können, belegen verschiedene Studien (Jackson et al. 2018, Schmid et al. 2014).

Shiga-Toxin bildende Escherichia coli (STEC)

Im Zoonosen-Monitoring 2020 wurden der Kot von erlegten Wildschweinen, Weichkäse aus Rohmilch, Lammfleisch, Weizenmehl und getrocknete Blatt- und Grasprodukte auf STEC untersucht. Die höchsten Nachweisraten wurden in Lammfleisch erzielt (13,2 %). Diese Nachweisrate ist deutlich höher als die Nachweisrate in Rindfleisch in den vergangenen Jahren. Die Ursache dafür ist nicht bekannt. Es ist denkbar, dass es im Rahmen des Schlachtprozesses bei Schafen nicht so gut wie bei Rindern gelingt, eine Kontamination des Tierkörpers zu verhindern. Der festgestellte Wert liegt unterhalb der in einem neueren Review festgestellten durchschnittlichen Häufigkeit von STEC in Lammfleisch (McCarthy et al. 2021).

Der Anteil der positiven Befunde war für Lammfleisch mit dem deklarierten Herkunftsland Deutschland (18,9 %) höher als bei Fleisch aus anderen Län-

dern (6,8 %). Keines der Isolate trug zusätzlich das für den Virulenzfaktor Intimin codierende *eae*-Gen. Von 52 eingesandten Isolaten trugen 30 das *ehxA*-Gen, einen weiteren Virulenzfaktor.

Die Resistenz der STEC-Isolate gegen antimikrobielle Substanzen war gering. 48 der 52 Isolate waren gegen alle Testsubstanzen sensibel. Gegen Tetrazyklin und Sulfamethoxazol wurde bei jeweils drei Isolaten eine Resistenz festgestellt, wobei zwei der Isolate gegen beide Substanzen resistent waren. Ein weiteres Isolat wies eine Resistenz gegenüber Ampicillin auf. Dies zeigt, dass Antibiotikaresistenz bei STEC von den geschlachteten Schafen nur eine geringe Bedeutung hat.

Der Nachweis von STEC in 9,1 % der Proben von Weizenmehl bestätigt vorherige Berichte über das Vorkommen der Erreger in dieser Matrix (Mäde et al. 2017, Morton et al. 2020, Projahn et al. 2021, Zhang et al. 2021). Ähnlich wie bei den Salmonellen in Mehl liegt die besondere Problematik darin, dass Verbraucherinnen und Verbraucher Mehl nicht für eine Quelle von Zoonoseerregern halten und daher keine besonderen Vorsichtsmaßnahmen im Umgang mit Mehl ergreifen. STEC haben sich in Mehl als sehr stabil erwiesen (Forghani et al. 2018, Gill et al. 2020).

Von besonderer Bedeutung ist, dass drei der nachgewiesenen Isolate aus Mehl das *eae*-Gen trugen und auch Serogruppen angehören, die häufig an EHEC-Infektionen des Menschen beteiligt sind (2019: O26, 10 % der typisierten Humanisolate; O103, 6 %) Auch die Serogruppe O146, die bei einem weiteren Isolat gefunden wurde, gehört zu den zehn häufigsten Serogruppen beim Menschen (RKI 2020). Ähnliche Befunde wurden auch bei der retrospektiven Analyse von Isolaten aus Mehl in Deutschland gefunden (Projahn et al. 2021). Dies spricht dafür, dass Mehl möglicherweise eine bisher unterschätzte Quelle von STEC ist. Entsprechend gibt es aus anderen Ländern auch Berichte über lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche (Morton et al. 2020).

Die eingesandten Isolate waren durchweg sensibel gegen alle 14 untersuchten Antibiotika.

STEC wurden auch in Rohmilchweichkäse nachgewiesen. Da Wiederkäuer ein wichtiges Reservoir für STEC sind, wurden auch in der Vergangenheit bereits Rohmilch und Milchprodukte auf STEC untersucht, wobei die Nachweisraten in einem ähnlichen Bereich lagen wie in dem im Jahr 2020 untersuchten Rohmilchkäse. Von den aus dieser Matrix eingesandten Isolaten trug keines das *eae*-Gen. Auch von den beim Menschen besonders häufigen Serogruppen war keine vertreten. Die Antibiotikaresistenz dieser Isolate war ebenfalls gering. Von den vier Isolaten trug lediglich eines eine Resistenz gegen Tetrazyklin. Käse war in Europa wiederholt an lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen durch STEC beteiligt (EFSA

und ECDC 2021) und so sollten insbesondere vulnerable Gruppen wie Kleinkinder und Schwangere vom Verzehr von Rohmilchkäse Abstand nehmen.

Der Nachweis von STEC in Wildschweinen bestätigt Befunde aus den Jahren 2009 und 2016. Welche Rolle STEC in Wildschweinen für die Gesundheit des Menschen spielen, ist nicht klar. In der Vergangenheit wurde gezeigt, dass es auch zur Kontamination von Fleisch von Wildschweinen kommen kann, da bei der Lebensmittelgewinnung im Rahmen der Jagd häufig hygienische Herausforderungen beim Aufbrechen der Tierkörper bestehen und es damit zur Kontamination des Fleisches mit Darminhalt kommen kann. Ob durch die Wildschweine andere pflanzliche Lebensmittel in relevantem Umfang kontaminiert werden, ist nicht bekannt. Hierzu bedürfte es weitergehender molekularer Analysen, um detaillierte Vergleiche zwischen STEC aus Wildschweinen und pflanzlichen Lebensmitteln zu ziehen.

Ein einzelnes STEC-Isolat wurde auch bei der Untersuchung von getrockneten Blatt- und Grasprodukten nachgewiesen. Auch hier ergibt sich die Problematik, dass Verbraucherinnen und Verbraucher diese Lebensmittel für sicher halten und keine besonderen Vorsichtsmaßnahmen beim Verzehr ergreifen. Das eingesandte Isolat gehörte der O-Gruppe 70/71 an und wies sowohl Shiga-Toxin-Gene, als auch das *eae*- und das *ehxA*-Gen auf. Allerdings war auch dieses Isolat gegen alle Testsubstanzen sensibel. Das BfR hat eine umfangreiche Stellungnahme zu Blatt- und Grasprodukten veröffentlicht, in der auf das mögliche Vorkommen von Krankheitserregern in diesen Lebensmitteln hingewiesen wurde (BfR 2017).

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Insgesamt wurden in den Untersuchungsprogrammen des Zoonosen-Monitorings 2020 in wenigen Proben MRSA nachgewiesen. Die von den Untersuchungseinrichtungen der Länder an das NRL eingesandten Isolate wurden zu 86,7 % (13/15) 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.

Keine Nachweise wurden in 2020 für Weichkäse aus Rohmilch erbracht. Rohmilch war in der Vergangenheit immer wieder als mit MRSA kontaminiert beschrieben worden (BVL 2020; Schnitt und Tenhagen 2019). Beim Zoonosen-Monitoring 2011 wurde MRSA in Weichkäse aus Rohmilch nachgewiesen. Dabei wurden

zwei Isolate vom *spa*-Typ t899 gefunden, die dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren (BVL 2013). In der Literatur gibt es zudem vereinzelt Hinweise auf das Vorkommen von MRSA in Frischkäse, wobei die dort beschriebenen MRSA-Typen eher untypisch für die Lebensmittelkette waren (Sequenztyp ST8, PVL-Gen positiv) (Herrera et al. 2016). In einer Studie in Brasilien wurde in einem leicht verderblichen, aber aus pasteurisierter Milch hergestellten Käse ebenfalls MRSA nachgewiesen (Gonzalez et al. 2017). Systematische Untersuchungen über das Überleben von nutztierassoziierten MRSA aus Rohmilch bei der Käseherstellung fehlen bisher, sind aber Gegenstand eines aktuellen Forschungsprojektes des BfR.

Lammfleisch war dagegen in 2020 häufiger mit MRSA kontaminiert. Berichte über die Untersuchung von Lammfleisch auf MRSA liegen vorwiegend aus fernen Ländern vor. Dort wurden in Fleisch von Schafen häufiger MRSA gefunden, z. B. im Iran (Hasanpour Dehkordi et al. 2017). In Deutschland war 2014 im Rahmen der amtlichen Überwachung eine Probe von Lammfleisch positiv auf MRSA getestet worden. Das Isolat stand dem NRL allerdings nicht zur Verfügung.

Bemerkenswert an den im Zoonosen-Monitoring 2020 gewonnenen Isolaten aus Lammfleisch war die Diversität der nachgewiesenen *spa*-Typen. Von den elf eingesandten Isolaten wurden nur sechs dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 zugeordnet. Die *spa*-Typen der anderen Isolate deuteten eher nicht auf eine Nutztierquelle hin (t1154, t15010, t223 (2 Isolate) und t267). Der *spa*-Typ t223 wird dem Sequenztyp ST22 zugeordnet, einem der beim Menschen am weitesten verbreiteten Sequenztypen, welcher in Deutschland zwar relativ selten ist, aber an Ausbruchsgeschehen bei Kindern und auf einer chirurgischen Station beteiligt war (Layer et al. 2019). Der dem CC97 zugeordnete *spa*-Typ t267 wurde wiederholt auch in Zusammenhang mit Kuhmilch und beim Menschen nachgewiesen (Käppeli et al. 2019, McManus et al. 2021). Demselben klonalen Komplex wurde auch der *spa*-Typ t15010 zugeordnet. Der *spa*-Typ t1154 wird dem Sequenztyp ST5 zugeordnet. Dieser Sequenztyp wurde zum Teil bei Puten beobachtet, überwiegend jedoch beim Menschen. Die Ergebnisse deuten darauf hin, dass es sich bei einem Teil der Befunde auch um eine sekundäre Kontamination durch den Menschen gehandelt haben könnte. Im Hinblick auf den gesundheitlichen Verbraucherschutz sind solche Isolate möglicherweise problematisch, weil sie schon an den Menschen adaptiert sind und ihn daher möglicherweise leichter besiedeln können.

Auch die Resistenzmuster der Isolate spiegeln die Zugehörigkeit von fünf Isolaten zu anderen klonalen Komplexen als dem CC398 wider. So waren nur sechs der elf Isolate aus Lammfleisch resistent gegen Tetra-

zyklin, was für Isolate aus dem CC398 typisch ist. Andererseits war keines der Isolate gegen Ciprofloxacin resistent, was wiederum für humane Isolate typisch wäre (Layer et al. 2019). Diese Eigenschaft spricht eher gegen einen humanen Ursprung der Isolate.

Da Schaffleisch in der Regel nicht roh verzehrt wird, ist das von den Kontaminationen ausgehende Risiko begrenzt. Inwieweit Zubereitungsformen, bei denen das Fleisch zwar erhitzt, aber nicht durchgegart wird, das Risiko einer Besiedlung fördern, kann aufgrund der begrenzten Datenlage nicht eingeschätzt werden. Allerdings handelt es sich bei der Kontamination von Fleischteilstücken meist um eine oberflächliche Kontamination, sodass es auch hier zumindest zu einer deutlichen Minimierung der Kontamination kommt. Durch Mängel in der Küchenhygiene kann es zur Kreuzkontamination anderer Lebensmittel kommen. Auch dieses Risiko dürfte aber gering sein, weil die Konzentrationen von MRSA auf Fleisch meist eher gering sind. Die Infektionsdosis für den Menschen ist zwar nicht bekannt, lag aber beim Schwein bei 10^4 KBE/g und wird über Fleisch meist nicht erreicht (Pauly et al. 2019).

Die Nachweise von MRSA beim Wildschwein waren die ersten ihrer Art im Zoonosen-Monitoring in Deutschland. In früheren Jahren wurden zwar vereinzelt verdächtige Isolate im Rahmen des Zoonosen-Monitoring eingesandt. Diese wurden aber nicht bestätigt. Die beiden bestätigten MRSA-Isolate aus dem Zoonosen-Monitoring 2020 zeigen, dass auch Wildschweine mit MRSA besiedelt sein können. Die Zugehörigkeit zum klonalen Komplex CC398 deutet auf einen Ursprung der MRSA im Nutztierbereich hin. Welche Bedeutung der MRSA-Nachweis bei Wildschweinen in Deutschland hat, ist noch nicht abzusehen. In den folgenden Jahren sollten in jedem Fall erneut Wildschweine im Rahmen des Zoonosen-Monitorings auf MRSA untersucht werden, um festzustellen, ob die Häufigkeit solcher Nachweise zunimmt. In anderen Ländern wurden in der Vergangenheit bereits MRSA in Wildschweinen nachgewiesen, die ebenfalls dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren (Porrero et al. 2013, Sousa et al. 2017).

Clostridioides difficile

Der Nachweis von toxinogenen *C. difficile* in Hähnchen und Putenfleisch deutet darauf hin, dass auch diese Matrizes als Quellen von *C.-difficile*-Infektionen beim Menschen in Betracht kommen. Die nachgewiesenen PCR-Ribotypen (RT) gehören jedoch nicht zu den beim Menschen häufig beschriebenen Stämmen (Berger et al. 2018). Der Nachweis von *C. difficile*

gelang auch in einem parallel durchgeführten wissenschaftlichen Projekt, wobei hier *C. difficile* vor allem in/auf Hähnchenfleisch mit Haut gefunden wurden. Auch in dieser Studie wurden vorwiegend toxinogene Stämme gefunden (Heise et al. 2021). Das Vorkommen von *C. difficile* beim Geflügel führt auch zur Kontamination von Geflügel-Dung, der dann nach Ausbringung zur längerfristigen Kontamination des Bodens führen kann (Frentrup et al. 2021). In der Studie von Frentrup et al. wurden auch *C. difficile* gefunden, die denen, die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings im Fleisch gefunden wurden, ähneln (RT005 und RT081). Ob es durch die Kontamination des Fleisches oder der Umwelt zu einem Eintrag in die Humanpopulation kommen kann, ist nicht bekannt.

Bacillus cereus

Alle 262 untersuchten Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wiesen Gehalte von präsumtiven *B. cereus* unter dem Wert von 10^5 KbE/g auf. Ab Gehalten von 10^5 KbE/g werden Lebensmittel in der Regel als nicht mehr sicher angenommen. Wenige Proben lagen im Bereich von 10^3 und 10^4 KbE/g. In der Vergangenheit wurden einige lebensmittelbedingte Erkrankungen auch im Zusammenhang mit solchen Gehalten an *B. cereus* beschrieben (EFSA BIOHAZ Panel 2016). Vor allem beim Hinzutreten bestimmter Risikofaktoren, wie der Fähigkeit zur Bildung des emetischen Toxins Cereulid oder des Enterotoxins CytK-1 (charakteristisch für *B. cytotoxicus*), können auch Keimgehalte von 10^3 bis 10^4 KbE/g ein Risiko für die Verbraucherinnen und Verbraucher darstellen (BfR 2020). Der *ces*-Gen-Cluster (Cereulid-Bildung) und das *cytK-1*-Gen wurden in den an das BfR übermittelten präsumtiven *B.-cereus*-Isolaten jedoch nicht nachgewiesen.

Bei den am BfR untersuchten Isolaten konnte die Zugehörigkeit zur *B.-cereus*-Gruppe mit einer Ausnahme bestätigt werden. Auffällig war das relativ häufige Auftreten von *B. pseudomycooides* und der psychrotoleranten Spezies *B. mycooides* mit acht bzw. zehn Isolaten. Während das pathogene Potenzial von *B. pseudomycooides* umstritten ist (EFSA BIOHAZ Panel 2016, Guinebretière et al. 2010, Miller et al. 2018), wird *B. mycooides* eher eine geringe Pathogenität zugeschrieben (BfR 2020, Ceuppens et al. 2013, EFSA BIOHAZ Panel 2016, Guinebretière et al. 2010). Die Spezies *B. thuringiensis* wurde hingegen nur einmal nachgewiesen. Dies entspricht den Ergebnissen, die im Zoonosen-Monitoring 2016 für Sprossen erzielt wurden (BVL 2017). Demgegenüber wurden im Monitoring 2016 in Tomaten 99 % der untersuchten Isolate als *B. thuringiensis* identifiziert, was teilweise auf den

Einsatz von *B.-thuringiensis*-haltigen Pflanzenschutzmitteln zurückgeführt wurde (Frentzel et al. 2020).

Mit Ausnahme einiger *B.-pseudomycooides*-Isolate wurden die Gene für die Bildung des Enterotoxins Nhe bei allen Isolaten der *B.-cereus*-Gruppe nachgewiesen. Auch die Gene für die Bildung von Hbl und CytK-2 wurden häufig nachgewiesen. Es wird davon ausgegangen, dass in den meisten Fällen ein Keimgehalt von mindestens 10^5 KbE/g notwendig ist, um eine Durchfallerkrankung durch diese Enterotoxine auszulösen (BfR 2020).

Mitentscheidend für das Risiko, das von *B. cereus* in getrockneten Blatt- und Grasprodukten ausgeht, ist neben dem Keimgehalt und den Stammeigenschaften auch die Verzehrmenge sowie die Verwendung der Produkte, bei der eine mögliche Vermehrung von *B. cereus* in Betracht gezogen werden muss.

Kommensale Escherichia coli

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 wurden kommensale *E. coli* ausschließlich zum Zweck der Resistenztestung isoliert. Die 1.449 untersuchten Isolate stammten überwiegend aus den Lebensmittelketten vom Hähnchen- und Putenfleisch, aus Legehennenbeständen und von Wildschweinen.

In der Lebensmittelkette Legehennen und Eier waren die Resistenzraten signifikant niedriger als beim Mastgeflügel. Zwischen den verschiedenen Stufen bestanden zwar numerische Unterschiede, diese waren aber an keiner Stelle statistisch signifikant. Die höchsten Resistenzraten wurden gegen Ampicillin und Tetrazyklin beobachtet, die zwei in der Tierhaltung besonders häufig eingesetzte Substanzklassen repräsentieren. Dies entsprach auch der Resistenzlage bei den Isolaten aus Zuchtherden der Legelinie. Allerdings kamen hier nur 26 Isolate zur Untersuchung, sodass die Schätzung der Prävalenz der Resistenz eher ungenau ist. Differenzierte Daten zum Antibiotikaeinsatz bei Legehennen liegen bisher nicht vor.

Bei allen anderen Substanzklassen lagen die Resistenzraten unter 10 %. Im Vergleich zu 2014 haben sich die Resistenzraten bei den Isolaten aus Legehennenbeständen nicht verändert. Gegenüber 2010 waren sie tendenziell eher niedriger und es gab mehr vollständig sensible Isolate. Bei den 2014 zuletzt untersuchten Beständen von Zuchthühnern der Legerichtung zeigten sich für mehrere Substanzen deutliche numerische Verringerungen, die allerdings aufgrund der begrenzten Probenzahl und des damit verbundenen breiten Vertrauensbereichs nicht signifikant waren.

Die nicht signifikanten Unterschiede zwischen den Isolaten aus dem Bestand und denen von Eiern deu-

ten darauf hin, dass die *E. coli* auf den Oberflächen der Eier überwiegend aus der Tierhaltung stammen, selbst wenn es im Laufe der Vermarktungskette zu Kreuzkontaminationen zwischen Eiern aus verschiedenen Beständen kommen sollte.

Isolate von *E. coli* aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch werden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings regelmäßig auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Im Jahr 2020 waren die Isolate aus Blinddarmproben etwas häufiger resistent als solche aus Hähnchenfleisch. Dies galt für die meisten Substanzen mit Ausnahme von Meropenem und Tigazyklin, gegen die keine Resistenzen festgestellt wurden, und mit Ausnahme von den Cephalosporinen der 3. Generation, gegen die Resistenzen ebenfalls sehr selten waren.

Im Vergleich zu 2018 stieg der Anteil sensibler Isolate zwar leicht an, es gab aber auch numerisch höhere Resistenzraten gegenüber Ciprofloxacin, Colistin und die Cephalosporine der 3. Generation, also die für den Menschen besonders wichtigen Antibiotika. Keine dieser Veränderungen war aber statistisch signifikant. Inwieweit der leichte Anstieg mit einem zunehmenden Einsatz antimikrobieller Substanzen einhergeht, wie er anhand der Kennzahlen der Therapiehäufigkeit seit 2015 zu beobachten ist, kann nicht gesagt werden, weil differenzierte Daten zu den eingesetzten Substanzen derzeit nicht vorliegen. Da Cephalosporine allerdings für das Geflügel nicht zugelassen sind, ist ein spezifischer Effekt dieser Substanzen auszuschließen.

Bei den Isolaten aus Fleisch im Einzelhandel hat sich die Situation bei den untersuchten Isolaten gegenüber 2018 deutlicher verändert, allerdings konnten auch hier keine signifikanten Unterschiede festgestellt werden. Gegenüber den anderen betrachteten Populationen wiesen die Isolate von Masthähnchen am Schlachthof den niedrigsten Anteil sensibler Isolate (15,4 %) auf und auch den höchsten Anteil multiresistenter Isolate (resistent gegen mehr als zwei Substanzklassen: 48,6 %). Bei den einzelnen Substanzen wiesen Isolate aus Blinddärmen von Masthähnchen gegenüber acht Substanzen die numerisch höchsten Resistenzraten auf. Bei zwei weiteren Substanzen wurde bei den Isolaten aus Hähnchenfleisch der höchste Wert festgestellt.

In der Lebensmittelkette Putenfleisch wurden in 2020 nur Isolate aus Blinddarmproben am Schlachthof untersucht. Diese waren zu 27,7 % sensibel und zu 32,0 % multiresistent. Gegen Chloramphenicol (11,3 %) und Tetrazyklin (39,0 %) wiesen die Isolate dieser Herkunft die im Vergleich zu den anderen Herkünften höchsten Resistenzraten auf. Allerdings waren die Werte für beide Substanzen signifikant niedriger als 2018 (20,6 % bzw. 50,3 %). Signifikant niedrigere Resis-

tenzraten wurden auch gegenüber Ampicillin, Trimethoprim und Sulfamethoxazol festgestellt. Steigende Resistenzraten wurden gegenüber 2018 bei keiner Substanz beobachtet.

Isolate aus Lammfleisch waren eher selten resistent. Lammfleisch wurde 2020 erstmalig untersucht, sodass keine Vergleichsdaten vorliegen. Auch werden bisher keine Daten zum Antibiotikaeinsatz bei Schafen erfasst. Insgesamt deuten die Ergebnisse aber auf eine geringe Bedeutung des Lammfleisches als Quelle resistenter *E. coli* hin, was durch den geringen Anteil positiver Proben für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* unterstützt, die relativ hohen Nachweisraten für MRSA jedoch kontrastiert wird.

Die Isolate aus Wildschweinkot waren ganz überwiegend (89,4 %) sensibel gegen alle Testsubstanzen. Allerdings war der Anteil sensibler Isolate signifikant niedriger als 2016 (95,9 %). Nur zwei Isolate (0,9 %) wiesen Resistenzen gegen mehr als zwei Substanzklassen auf. Die höchste Resistenzrate wurde gegenüber Colistin (5,3 %) ermittelt, was insofern erstaunlich ist, als die Resistenz gegen diese Substanz bei den meisten anderen Herkünften auch dann sehr niedrig ist, wenn gegen andere Substanzklassen höhere Resistenzen vorliegen. Auffällig hieran ist auch, dass auch in 2016 schon die Resistenzrate gegenüber Colistin (1,8 %) höher war als die gegen die anderen Substanzen. Hier werden die Isolate einer weiteren Charakterisierung unterworfen werden, um zu identifizieren, ob es sich um einen bestimmten Typ von *E. coli* mit besonderen Resistenzstrukturen handelt. Die Ergebnisse bestätigen, dass es in der Umwelt nicht zu einer massiven Anreicherung resistenter Mikroorganismen bei Wildtieren kommt, obwohl diese grundsätzlich bei den Wildtieren vorkommen können, wie die spezifische Untersuchung auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* und in diesem Jahr auch der Nachweis von MRSA bei Wildschweinen zeigt.

Im Gegensatz zu den Isolaten von importierten Fischen aus Aquakultur wiesen die wenigen von heimischen Cypriniden eingesandten *E.-coli*-Isolate keine Resistenzen auf. Dies deutet wiederum hin, dass es auch im aquatischen Umfeld nicht zu einer deutlichen Anreicherung resistenter *E. coli* bei den Tieren kommt.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli*

Wie in den vergangenen Jahren konnten ESBL/AmpC-bildende *E. coli* häufig im Blinddarminhalt von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof nachgewiesen werden. Insgesamt geht die Belastung der Hähnchen und Puten aber zurück. Bei den Masthähnchen erfolgte der Rückgang bereits seit 2013, als erstmals Kot von Masthähnchen im Erzeugerbetrieb systematisch

darauf untersucht wurde und 64,9 % der Proben positiv waren. Ab 2016 wurden dann gemäß dem Durchführungsbefehl der Kommission 2013/652/EU Blinddarminhalte am Schlachthof untersucht (2016: 52,6 %, 2018: 48,6 %, 2020: 36,5 %). Bei den Puten war die Entwicklung anders. Hier stieg von 2016 auf 2018 der Anteil positiver Proben von 36,5 % auf 46,8 % an und lag 2020 nur geringfügig darunter (43,9 %). Während die Entwicklung bei den Masthähnchen der Erwartung entspricht, ist die Entwicklung bei den Puten insofern erstaunlich, als Cephalosporine der 3. und 4. Generation für Puten wie für Masthähnchen nicht zugelassen sind, also auch hier kein unmittelbarer Selektionsdruck bestehen kann. Allerdings könnte es sein, dass die ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* durch andere Substanzen, etwa Aminopenicilline, selektiert werden. Hierzu sind weitere Untersuchungen erforderlich. ESBL/AmpC-bildende *E. coli* können neben der Resistenz gegen die Cephalosporine noch eine Fülle anderer Resistenzen aufweisen, die im Wege der Co-Selektion zur Selektion von ESBL bei der Pute beigetragen haben könnten.

In Betrieben mit Zuchthühnern ging der Anteil ESBL-positiver Proben seit 2013 ebenfalls deutlich zurück (von 45,2 % auf 23,6 %). Gleiches gilt für Legehennenbetriebe (von 45,7 % in 2014 auf 19,9 %). Die Ergebnisse im Geflügelbereich zeigen, dass ein Resistenzmechanismus, der einmal in der Population etabliert ist, sich sehr lange halten kann, auch wenn die eigentlich selektierende Substanz über einen längeren Zeitraum nicht eingesetzt wird.

Bei der Untersuchung von Hähnchenfleisch zeigt sich eine ähnliche Entwicklung: 2013 waren 66,0 % positiv und 2020 noch 33,6 %, also in etwa die Hälfte. Hier zeigt sich die positive Entwicklung in den Beständen unmittelbar auch im Fleisch und damit für die Verbraucherinnen und Verbraucher.

Das Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei Wildschweinen bestätigt die Untersuchungen aus dem Zoonosen-Monitoring 2016. Auch 2016 wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* in Wildschweinen nachgewiesen und der Anteil positiver Proben war bei den Jungtieren etwas höher als bei den erwachsenen Tieren. Während im Zoonosen-Monitoring 2020 alle zwölf eingesandten Isolate phänotypisch dem ESBL-Typ zugeordnet wurden, waren in 2016 auch zwei AmpC-bildende *E. coli* eingesandt worden. Die Ergebnisse zeigen, dass ESBL auch in Wildpopulationen, die keinerlei unmittelbarem Selektionsdruck ausgesetzt sind, gefunden werden können. Bei der weiteren Typisierung der Isolate aus 2016 zeigte sich, dass es sich bei den nachgewiesenen Isolaten neben den vornehmlich beim Nutztier vorkommenden ESBL-Typen auch um die vor allem beim Menschen vorkommenden ESBL-

Typen handelte (Plaza-Rodriguez et al. 2020). Dies bestätigt die hohe Bedeutung, die der „One Health“-Ansatz für die Beherrschung der Antibiotikaresistenzprobleme hat.

Für den Menschen sind vom Wildschwein stammende ESBL/AmpC-bildende *E. coli* vor allem als potenzielle Kontaminanten im Wildfleisch relevant, da es insgesamt wenig Kontakt zu den Tieren gibt. Die Ausnahme bilden hier Jagd ausübende, für die der Nachweis zusätzliche Relevanz hat.

Die relativ hohe Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Hackfleisch vom Schwein (13,2 %) könnte eine Folge der Mischung des Fleisches verschiedener Tiere bei der Herstellung von Hackfleisch sein. Auch eine externe Kontamination während der Verarbeitung ist denkbar. Frisches Schweinefleisch war in der Vergangenheit signifikant seltener positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* (2019: 5,7 %). Da Hackfleisch in Deutschland auch roh verzehrt wird, kommt es hier zu einer unmittelbaren Exposition des Menschen. Da die ESBL/AmpC-bildenden *E.-coli*-Stämme nicht unbedingt pathogen sind, kann es auf diesem Weg auch zu einer Kolonisierung des Menschen kommen. Wie häufig das ist, ist aber nicht bekannt. Jedenfalls sollten sich Verbraucherinnen und Verbraucher mit entsprechenden Ernährungsgewohnheiten dieses Risikos bewusst sein.

Lammfleisch war im Vergleich zu konventionellem Schweinefleisch (5,7 %), aber auch zu Rindfleisch in 2019 (3,4 %), seltener mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert (2,1 %). Dies korrespondiert mit den sehr niedrigen Resistenzraten der kommensalen *E. coli* von Lammfleisch, nicht aber mit den relativ hohen Nachweisraten von MRSA. Die nachgewiesenen ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* aus Lammfleisch waren auf die drei Typen ESBL, AmpC und eine Kombination aus beiden gleichmäßig verteilt, während bei den meisten anderen Herkünften der ESBL-Typ stark dominierte.

Da Lammfleisch selten roh verzehrt wird, ist der Nachweis dieser Bakterien für Verbraucherinnen und Verbraucher zunächst nur von geringer Bedeutung, wenn es nicht zur Verschleppung der Keime im Rahmen der Zubereitung kommt. Er unterstreicht aber, dass auf Fleisch unterschiedlicher Tierarten immer auch mit dem Vorkommen resistenter oder pathogener Bakterien zu rechnen ist.

Carbapenemase-bildende *E. coli*

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 wurden zwei Isolate als Carbapenemase-verdächtig eingesandt, die beide nicht bestätigt wurden. Zu einem positiven Befund wurde auch kein Isolat eingesandt. Insgesamt

wurden, wie bereits 2016 und 2018, keine Carbapenemase-bildenden *E. coli* in den Geflügel-Lebensmittelketten nachgewiesen, während in den letzten Jahren bei Untersuchungen in der Lebensmittelkette Schweinefleisch jeweils vereinzelt solche Bakterien identifiziert wurden. Im Gegensatz dazu waren im Rahmen des Projektes RESET in den Jahren 2011/2012 auch Carbapenemase-bildende Salmonellen in einem Masthähnchenbestand nachgewiesen worden (Guerra et al. 2014).

Enterokokken

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

Der Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU sieht ihre Untersuchung im Blinddarminhalt von Schlachttieren auf freiwilliger Basis vor. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2020 wurden Enterokokken aus dem Blinddarm von Masthähnchen sowie Mastputen bei der Schlachtung auf ihre Resistenz gegen antimikrobielle Substanzen untersucht. Dabei zeigten sich einerseits deutliche Unterschiede zwischen den beiden Enterokokken-Spezies. *E. faecium* war deutlich seltener resistent gegen Tetrazyklin als *E. faecalis* (46,6 % vs. 68,5 %). Gleichzeitig war *E. faecium* häufiger resistent gegen Ampicillin (11,4 % vs. 0,3 %). Beide Differenzen stellten sich jeweils bei beiden Tierarten dar.

Deutliche Unterschiede zwischen den Tierarten zeigten sich bei der Resistenz gegen Tetrazyklin, die bei den Enterokokken aus Mastputen höher war, während die Resistenz gegen Erythromycin bei den Masthähnchen höher war. Die Resistenz gegenüber Erythromycin zeigte bei Hähnchen einen höheren Wert bei *E. faecalis*, während bei der Pute die Resistenzrate von *E. faecium* höher war.

Die Unterschiede in der Resistenz zwischen den Tierarten und Spezies unterstreichen die Komplexität der Zusammenhänge. Betrachtet man die Daten aus dem Jahr 2018, zeigt sich dasselbe Muster, auch wenn die Unterschiede in dem Jahr nicht immer signifikant waren und die Werte insgesamt auf einem höheren Niveau lagen.

In der Humanmedizin sehen die Resistenzmuster bei den beiden betrachteten Enterokokken-Spezies anders aus. Hier ist *E. faecium* deutlich häufiger resistent gegen viele Substanzen und die Resistenzraten bei Isolat von Blutkulturen erreichen gegenüber Ampicillin und Ciprofloxacin jeweils über 90 % (<https://ars.rki.de/Content/Database/ResistanceOverview.aspx>, aufgerufen am 30.07.2021). Gegenüber Gentamicin werden bei beiden Bakterienspezies vom Menschen Resistenzraten von > 20 % gefunden, während eine Resistenz gegenüber Gentamicin bei den Isolat von Geflügel im Zoonosen-Monitoring 2020, aber auch schon bei der Untersuchung in 2018 bei etwa einem Prozent liegt. Gegenüber Vancomycin und Teicoplanin wurde bei den Geflügelisolaten bei beiden Bakterienspezies keine Resistenz beobachtet, während diese bei *E. faecium* aus Blutkulturen bei 25,6 % bzw. 10,3 % liegt.

Zusammenfassung der Ergebnisse und Schlussfolgerungen

Salmonella spp.

Die Kontaminationsrate von Schweineschlachtkörpern mit *Salmonella* spp. lag im Zoonosen-Monitoring 2020 bei 4,0 % und damit in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren (2019: 3,4 %, 2018: 5,1 %, 2017: 2,9 %, 2015: 4,5 %). Somit lässt sich in Bezug auf die Nachweisraten von Salmonellen auf den Schweineschlachtkörpern in den letzten Jahren kein Trend erkennen, vielmehr schwanken die Werte zwischen etwa 3 % und 5 % positiver Proben. Schweinehackfleisch war zu 0,7 % mit Salmonellen belastet. Damit war die Nachweisrate etwas geringer als im Zoonosen-Monitoring 2019 (1,9 % positive Proben), aber ähnlich hoch wie in den vorherigen Jahren (2018: 1,3 %, 2017: 0,7 %). Die Ergebnisse bestätigen, dass rohes Hackfleisch (z. B. Mett) für empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere kein geeignetes Lebensmittel ist.

Die Ergebnisse der Untersuchungen in der Lebensmittelkette Masthähnchen und Mastputen zeigen, dass nach einem anfänglichen Rückgang der Salmonellen-Nachweisraten in den Jahren 2009 bis 2014/2016 keine weitere Reduzierung zu verzeichnen ist. Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern waren mit 6,7 % und Proben von frischem Hähnchenfleisch mit 4,6 % etwas seltener mit Salmonellen kontaminiert als die entsprechenden Proben im Zoonosen-Monitoring 2018 (7,6 % positive Halshautproben und 5,6 % positive Hähnchenfleischproben). Im Blinddarminhalt von Masthähnchen wurden Salmonellen mit 2,6 % positiver Proben dagegen etwas häufiger als 2018 nachgewiesen (1,9 % positive Proben). Dies trifft auch auf Mastputen zu, bei denen 0,8 % der Proben von Blinddarminhalt *Salmonella*-positiv waren, während im Zoonosen-Monitoring 2018 nur in 0,2 % der Proben von Blinddarminhalt Salmonellen nachgewiesen wurden. Die Nachweisrate von Salmonellen in den Halshautproben von Mastputen lag bei 15,4 % und war damit geringer als die im Zoonosen-Monitoring 2018 (22,7 %).

Zwischen den einzelnen Schlachthöfen traten sowohl bei den Masthähnchen als auch bei den Mastputen erneut deutliche Unterschiede in der Häufigkeit

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

Der häufige Nachweis von *S. Senftenberg* – einem Serovar, das bei Puten nicht typischerweise vorkommt – in den Halshautproben von Mastputen eines Schlachthofs weist auf eine Verschleppung schlachthofspezifischer *Salmonella*-Stämme auf die Schlachtkörper hin. Auffallend war auch der erneut hohe Anteil des Serovars *S. Infantis* in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch. Allerdings wird *S. Infantis* in den Bekämpfungsprogrammen in den Produktionsherden nicht gemaßregelt, obwohl es zu den Serovaren gehört, die häufig bei erkrankten Menschen nachgewiesen werden.

Weder bei Eiern aus Eierpackstellen noch dem Einzelhandel wurden in den untersuchten Poolproben der Schalen Salmonellen nachgewiesen. Im Zoonosen-Monitoring 2010 waren insgesamt 0,7 % der Poolproben von Eierschalen von Konsumeiern im Einzelhandel, die zum Ende des Mindesthaltbarkeitsdatums untersucht wurden, mit Salmonellen kontaminiert, während in Proben vom Eiinhalt keine Salmonellen nachgewiesen wurden. Obwohl Eier aufgrund der erfolgreichen Salmonellen-Bekämpfungsmaßnahmen in den Legehennenbetrieben nur noch selten mit Salmonellen kontaminiert sind, sollten empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immunsupprimierte Menschen sowie Schwangere auf den Verzehr von Speisen, die rohe Eier enthalten, verzichten und diese nur ausreichend durchgegart verzehren, da sie nachweislich immer noch zu den häufigsten Ursachen von lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen durch Salmonellen zählen.

In Proben von Weizenmehl aus Mühlenbetrieben wurden keine Salmonellen nachgewiesen, sodass Weizenmehl keine bedeutende Infektionsquelle des Menschen mit Salmonellen zu sein scheint.

In Kotproben von Wildschweinen wurden Salmonellen zu 4,6 % und damit etwas häufiger als im Zoonosen-Monitoring 2016 nachgewiesen, in dem 2,4 % der Kotproben von Wildschweinen *Salmonella*-positiv waren. Die Nachweisrate von Salmonellen in den Kotproben von Mast Schweinen im Zoonosen-Monitoring 2019 lag bei 5,7 % und damit in einer ähnlichen Größenordnung. Die Ergebnisse bestätigen, dass Wildschweine ein Reservoir für Salmonellen darstellen. Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring 2011 zeigten bereits, dass auch frisches Wildschweinfleisch mit 3,4 % positiver Proben eine potenzielle Ansteckungsquelle für den Menschen mit Salmonellen darstellt. Frisches Wildschweinfleisch sollte deshalb nur gründlich durchgegart verzehrt werden.

In 0,4 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden Salmonellen nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass von getrockneten Blatt- und Grasprodukten ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit Salmonellen ausgeht, zumal diese Produkte in der Regel ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden, sodass vorhandene Keime nicht abgetötet werden. Zudem kann eine Vermehrung vorhandener Salmonellen in Speisen mit getrockneten Blatt- und Grasprodukten als Zutat nicht immer sicher ausgeschlossen werden.

Die Kontaminationsrate von frischem Lammfleisch mit Salmonellen lag bei 1,1 % und damit in einer ähnlichen Größenordnung wie die Salmonellen-Nachweisrate in Proben von frischem Kalb- und Jungrindfleisch und Rindfleisch (0,5 % bis 0,6 % positive Proben). Die Ergebnisse zeigen, dass von frischem Lammfleisch ein eher geringes Risiko für eine Infektion des Menschen mit Salmonellen ausgeht. Von empfindlichen Verbrauchergruppen sollte Lammfleisch dennoch nur ausreichend durchgegart verzehrt werden.

In Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate zeigte sich wie bereits in den Vorjahren eine starke Heterogenität der Resistenzsituation bei Salmonellen. Der Anteil resistenter Isolate war mit 84,3 % in der Lebensmittelkette Mastpute am höchsten. In der Lebensmittelkette Masthähnchen wiesen insgesamt 73,1 % der Isolate eine Resistenz gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen auf, und in der Lebensmittelkette Mast Schweine waren 58,8 % der *Salmonella*-Isolate resistent. Die Isolate aus Lammfleisch und getrockneten Blatt- und Grasprodukten waren sensibel gegenüber allen Testsubstanzen. Von den neun von Wildschweinen stammenden Isolatentypen war ein Drittel resistent gegenüber mindestens einer der getesteten Substanzen.

Die *Salmonella*-Isolate aus der Lebensmittelkette Mastputen und Masthähnchen wiesen deutlich häufiger eine Resistenz gegen das Fluorchinolon Cipro-

floxacin (> 60 % resistente Isolate) auf als die Isolate aus der Lebensmittelkette Mast Schweine (5,9 %). Ciprofloxacin gilt als besonders wichtig für die antibiotische Behandlung beim Menschen. Als positiv zu bewerten ist, dass gegenüber den getesteten Cephalosporinen der 3. Generation und gegenüber Carbapenemen erneut keines der untersuchten *Salmonella*-Isolate resistent war.

***Campylobacter* spp.**

Mit 49,8 % positiver Proben von Blinddarminhalt waren Masthähnchen am Schlachthof im Zoonosen-Monitoring 2020 deutlich häufiger Träger von *Campylobacter* als im Jahr 2018 (41,6 % positive Proben). Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von frischem Hähnchenfleisch lag bei 54,7 % und damit ebenfalls über dem Wert der vorherigen Untersuchungen (2019: 46,4 % positive Proben). In der Halshaut von Masthähnchenschlachtkörpern wurden mit 54,7 % positiver Proben *Campylobacter* spp. zwar deutlich seltener nachgewiesen als im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre (2017: 78,8 %, 2016: 76,9 %), allerdings wurden 2016 und 2017 weniger Halshautproben als in den übrigen Jahren untersucht. Die Ergebnisse der repräsentativen Untersuchungen von Masthähnchenschlachtkörpern aus dem Zoonosen-Monitoring 2013 lagen mit 52,3 % positiver Halshautproben wiederum in derselben Größenordnung wie die aktuellen Ergebnisse. In der Halshaut von Masthähnchenschlachtkörpern wurden in 47,6 % der Proben Keimzahlen von *Campylobacter* spp. oberhalb der Nachweisgrenze der quantitativen Methode gemessen. Der Anteil von Halshautproben mit hohen *Campylobacter*-Keimzahlen von über 1.000 KbE/g ist mit 21,9 % etwa gleich hoch wie in den Jahren zuvor (2013: 19,4 %; 2016: 24,1 %, 2017: 22,7 %, 2018: 22,6 %, 2019: 23,4 %). Damit zeichnen sich auch im Zoonosen-Monitoring 2020 keine relevanten Fortschritte bei der Reduzierung hoher Keimzahlen von *Campylobacter* auf den Schlachtkörpern von Masthähnchen ab. Allerdings traten zwischen den einzelnen Schlachthöfen erneut deutliche Unterschiede in der Häufigkeit des Auftretens von *Campylobacter*-Keimzahlen oberhalb des mikrobiologischen Grenzwertes von 1.000 KbE/g in den Halshautproben auf, sodass es den Schlachthöfen offenbar unterschiedlich gut gelingt, die Verschleppung von *Campylobacter* zu begrenzen. Der Fokus von Minimierungsstrategien sollte deshalb zukünftig in einem Vergleich von Schlachthöfen liegen, um geeignete Maßnahmen zu identifizieren, die die Keimzahl auf dem Schlachtkörper reduzieren.

Wie in den Vorjahren wurden in den Proben von frischem Hähnchenfleisch deutlich niedrigere Keim-

zahlen gemessen als in Halshautproben. In 2,3 % der Proben von frischem Hähnchenfleisch ließen sich *Campylobacter* mittels der quantitativen Methode nachweisen. Keine Probe wies Keimzahlen von über 1.000 KBE/g auf. Dies hängt vermutlich zum Teil auch damit zusammen, dass die besonders kontaminierte Haut nicht Bestandteil der untersuchten Proben von frischem Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring ist. Unklar ist auch, in welchem Umfang es zu einem Übergang von Bakterien in einen Zustand kommt, in dem sie nicht mehr zu kultivieren, aber noch lebend sind. Hier sind weitere Untersuchungen erforderlich. Aufgrund der geringen Infektionsdosis des Erregers beim Menschen stellen auch niedrige Keimzahlen von *Campylobacter* spp. in Lebensmitteln ein Infektionsrisiko dar.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. im Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof lag bei 63,0 % und stimmt damit mit dem Wert aus dem Zoonosen-Monitoring 2018 weitgehend überein (64,3 %). In den Halshautproben der Mastputenschlachtskörper wurden *Campylobacter* spp. zu 6,8 % und damit deutlich seltener nachgewiesen als im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre (2010: 68,0 %, 2012: 53,5 %). Es ist unklar, ob dieser Unterschied zu einem Teil auch durch methodische Schwierigkeiten beim Nachweis vor allem von *Campylobacter coli* auf den Schlachtkörpern zu erklären ist. Dies bedarf der weiteren Abklärung und weiterer Untersuchungen.

In 3,2 % der Poolproben von Eierschalen, die von konventionellen, unsortierten Eiern am Eingang der Eierpackstelle stammten, wurden *Campylobacter* spp. nachgewiesen. Poolproben von Eierschalen, die von konventionellen, sortierten Konsumeiern am Ausgang der Eierpackstelle stammten, waren zu 1,3 % und damit etwas seltener mit *Campylobacter* spp. kontaminiert. Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Poolproben von Eierschalen von konventionellen Konsumeiern im Einzelhandel war mit 0,5 % am geringsten und entspricht etwa der von Konsumeierschalen aus dem Zoonosen-Monitoring 2014, die bei 0,4 % lag. *Campylobacter* spp. gelangen über den Kot der Legehennen (41,8 % positive Kotproben im Zoonosen-Monitoring 2009) auf die Eischale, sodass die niedrigere *Campylobacter*-Nachweisrate auf den Eiern, die am Ende der Packstelle und im Einzelhandel entnommen wurden, vermutlich damit im Zusammenhang steht, dass in der Eierpackstelle die mit Kot verschmutzten Eier aussortiert werden und in den Einzelhandel nur weitgehend saubere Eier gelangen. Die Empfindlichkeit von *Campylobacter* spp. gegenüber Austrocknung wird zu der Reduzierung der Nachweisrate ebenfalls beitragen. Da *Campylobacter* spp. von der Eischale beim Aufschlagen der Eier während

der Speisenzubereitung durch Kreuzkontamination in die Eierspeise gelangen können, stellen Eier ein potenzielles Risiko für die Verbraucherinnen und Verbraucher dar, sich mit *Campylobacter* spp. zu infizieren. Aus diesem Grund sollten für die Herstellung von Speisen, die rohe Eier enthalten, ausschließlich saubere Eier verwendet werden und beim Aufschlagen der Eier der Eihalt möglichst wenig Kontakt zur Eischale bekommen. Nach dem Berühren der Eier sollten sich Verbraucherinnen und Verbraucher gründlich die Hände waschen.

Die Nachweisrate von *Campylobacter* spp. in Proben von Schweinehackfleisch lag mit 0,2 % in derselben Größenordnung wie die Befunde aus den Vorjahren (0,4 % positive Proben). Im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre konnte gezeigt werden, dass Schweine häufig Träger von *Campylobacter* spp. sind (> 70 % positive Proben von Blinddarminhalt). Der Schlachtprozess bei Schweinen scheint die Kontamination des Fleisches mit *Campylobacter* spp. allerdings sehr wirkungsvoll zu verhindern, da frisches Schweinefleisch nur sehr selten mit *Campylobacter* kontaminiert ist (0,2 % bis 0,5 % positive Proben). Schweinefleisch scheint deshalb eine geringere Bedeutung bei der Übertragung dieses Zoonoseerregers auf den Menschen zu haben. Rohes Schweinehackfleisch (z. B. Mett) kommt als Quelle für *Campylobacter*-Infektionen des Menschen aber grundsätzlich infrage.

Wie in den vergangenen Jahren wiesen *Campylobacter coli*-Isolate höhere Resistenzraten auf als Isolate von *Campylobacter jejuni*. Dieser Unterschied war insbesondere in der Lebensmittelkette Mastputen deutlich, in der 95,5 % der *Campylobacter coli*-Isolate und 76,1 % der *Campylobacter jejuni*-Isolate resistent gegenüber mindestens eine der getesteten Substanzen waren. Die höchsten Resistenzraten traten in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute bei beiden *Campylobacter*-Spezies gegenüber den (Fluor)chinolonen Ciprofloxacin und Nalidixinsäure, gefolgt von Tetracyclin auf, wobei die Resistenzraten bei den *Campylobacter jejuni*-Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen gegenüber Ciprofloxacin in den letzten Jahren deutlich angestiegen ist, und zwar von 65,8 % im Jahr 2014 auf 83,4 % im Jahr 2020. Die hohen Resistenzraten gegenüber (Fluor)chinolonen sind besorgniserregend, da es sich bei diesen Substanzen um Antibiotika handelt, die für die Behandlung beim Menschen besonders wichtig sind. Resistenzen gegen Erythromycin wurden nur bei der Spezies *Campylobacter coli* beobachtet, wobei 11,5 % der Isolate aus der Lebensmittelkette Masthähnchen und 23,9 % der Isolate aus der Lebensmittelkette Mastputen resistent gegen diese Substanz waren. Diese Resistenzen sind insofern problematisch, als es sich bei Erythromycin

um ein Antibiotikum handelt, das für die Behandlung der Campylobacteriose des Menschen von Bedeutung ist. Die wenigen *Campylobacter*-Isolate von Eierschalen waren tendenziell seltener resistent als die Isolate aus den Geflügelfleischketten.

Listeria monocytogenes

In Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Listeria monocytogenes* zu 20,0 % und in Proben von frischem Hähnchenfleisch zu 19,3 % nachgewiesen. Die Nachweisrate von *Listeria monocytogenes* in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2018 lag bei 15,4 % und damit in einer ähnlichen Größenordnung. Bei der quantitativen Untersuchung von frischem Hähnchenfleisch wiesen 0,7 % der Proben messbare Keimzahlen auf. Eine Probe (0,3 %) wies mit einer Keimzahl von 500 KbE/g einen Keimgehalt an *Listeria monocytogenes* auf, der eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellt (Keimgehalt > 100 KbE/g). Dabei ist zu bedenken, dass es sich bei frischem Hähnchenfleisch nicht um ein verzehrfertiges Lebensmittel handelt, sondern in der Regel vor dem Verzehr eine Hitzebehandlung erfolgt. Die häufige Kontamination von Masthähnchenschlächtkörpern mit *Listeria monocytogenes* birgt allerdings die Gefahr des Eintrags dieses Erregers in Verarbeitungsbetriebe über die Rohware.

Proben von Weichkäse aus Rohmilch von Kühen waren zu 0,3 % positiv für *Listeria monocytogenes*. Zwar wurden in keiner dieser Proben Keimzahlen oberhalb der Nachweisgrenze der quantitativen Methode nachgewiesen, bei längerer Lagerung kann es aber zu einer Vermehrung vorhandener Listerien kommen. Empfindlichen Verbrauchergruppen wie Kleinkindern, älteren und immunsupprimierten Menschen sowie Schwangeren wird deshalb vom Konsum von Rohmilchkäse abgeraten. Diese Empfehlung wird auch gestützt durch die Ergebnisse aus dem Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre, in denen einzelne Proben sowohl von Weichkäse aus Rohmilch von Kühen als auch von Rohmilchkäse von Schafen und Ziegen hohe Keimgehalte an *Listeria monocytogenes* aufwiesen ($6,2 \times 10^3$ KbE/g bzw. 570 KbE/g), die eine potenzielle Gesundheitsgefahr für den Menschen darstellen (Keimgehalt > 100 KbE/g).

In Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden weder qualitativ noch quantitativ *Listeria monocytogenes* nachgewiesen. Somit lässt sich eine Bedeutung von getrockneten Blatt- und Grasprodukten als Ansteckungsquelle für den Menschen mit *Listeria monocytogenes* aus diesen Ergebnissen nicht ableiten.

Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* (STEC)

Mit 9,1 % positiver Proben wurden STEC häufig in Proben von Weizenmehl aus Mühlenbetrieben nachgewiesen, sodass von Mehl z. B. als Bestandteil von rohem Keksteig ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC ausgeht. Die Bedeutung von Weizenmehl als mögliche Quelle für STEC-Infektionen des Menschen wird dadurch unterstrichen, dass die gewonnenen Isolate teilweise Träger des *eae*-Gens – einer der Hauptvirulenzfaktoren von STEC – waren und auch Serogruppen angehören, die beim Menschen häufig EHEC-Erkrankungen hervorrufen. Als Quellen für eine mikrobielle Kontamination des Mehls kommen die Ausscheidungen von Wildwiederkäuern auf dem Feld, verunreinigtes Bewässerungswasser und organische Düngung infrage. Hierzu sind weitere Untersuchungen nötig. Eine gute Hygienepaxis in den Mühlen ist notwendig, um die Verbreitung der Keime innerhalb einer Produktcharge und zwischen den Chargen zu verhindern. Verbraucherinnen und Verbraucher sollten Teige und Backwaren nur nach vollständiger Durcherhitzung verzehren, um sich vor einer Infektion mit STEC über kontaminiertes Mehl zu schützen. Bei der Verwendung von Mehl sollte eine strenge Küchenhygiene eingehalten werden, um die Übertragung von im Mehl vorhandener STEC auf andere Lebensmittel, die roh verzehrt werden, zu verhindern. Das Bewusstsein für das Vorkommen von potenziellen Krankheitserregern in Mehl sollte in der Bevölkerung geschärft werden.

In 7,0 % der Kotproben von Wildschweinen wurden STEC nachgewiesen, was dem Befund aus dem Zoonosen-Monitoring 2016 entspricht, in dem 6,9 % der Wildschweinkotproben positiv für STEC waren. Damit bestätigen die Ergebnisse, dass auch Wildschweine ein Reservoir für STEC darstellen.

Weichkäse aus Rohmilch war zu 1,9 % positiv für STEC. Die Nachweisrate lag damit etwas höher als die in Weichkäse und halbfestem Schnittkäse sowie Schnittkäse aus Rohmilch im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, die bei jeweils 0,6 % lag. Die Ergebnisse bestätigen, dass von Rohmilchkäse ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC ausgeht. Allerdings trug keines der STEC-Isolate das *eae*-Gen oder gehörte einer Serogruppe an, die bei erkrankten Menschen besonders häufig nachgewiesen wird.

STEC wurden in 0,4 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten nachgewiesen. Somit stellen diese pflanzlichen Lebensmittel bzw. Nahrungsergänzungsmittel – insbesondere auch dadurch, dass sie ohne vorherige Erhitzung verzehrt werden – eine mögliche Quelle für STEC-Infektionen des Menschen dar. Dies wird noch dadurch unterstrichen, dass das gewonnene STEC-Isolat Träger des *eae*-Gens war.

Frisches Lammfleisch war zu 13,2 % und damit deutlich häufiger mit STEC kontaminiert als das im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre untersuchte Kalb- und Jungrindfleisch (etwa 6,0 %) und Rindfleisch (1 % bis 2 %). Unter den STEC-Isolaten traten auch Serogruppen auf, die häufig bei erkrankten Menschen nachgewiesen werden. Allerdings trug keines der Isolate das *eae*-Gen, das mit schweren Erkrankungen wie HUS im Zusammenhang steht. Die Ergebnisse zeigen, dass von Lammfleisch ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC ausgeht. Empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immunsupprimierte Menschen sowie Schwangere sollten Lammfleisch deshalb nur ausreichend durchgegart verzehren.

Die STEC-Isolate aus Lammfleisch und von Wildschweinen waren überwiegend sensibel gegenüber den getesteten Substanzen. Die STEC-Isolate aus Weizenmehl und getrockneten Blatt- und Grasprodukten wiesen durchweg keine Resistenzen gegen die getesteten Antibiotika auf.

Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Mit 1,0 % positiver Kiementupferproben waren karpfenartige Fische aus Erwerbsfischereibetrieben ohne Aquakultur eher selten Träger von MRSA. Die im Zoonosen-Monitoring 2019 untersuchten Proben von importierten Fisch aus Aquakultur waren mit 29,1 % positiver Proben deutlich häufiger mit MRSA kontaminiert. Die hier nachgewiesenen Resistenzmuster und *spa*-Typen (viele non-CC398-Typen) unterschieden sich allerdings von den nutztierassoziierten MRSA, und es ist nicht bekannt, wie diese Bakterien in die Lebensmittelkette gelangt sind und ob sie bereits in der Tierhaltung nachweisbar sind. Von den karpfenartigen Fischen wurde dagegen kein Isolat zur weiteren Typisierung eingesandt.

Die Nachweisrate von MRSA in Nasentupfern von Wildschweinen lag bei 0,8 %, während im Zoonosen-Monitoring 2016 keine MRSA bei Wildschweinen nachgewiesen wurden. Die beiden untersuchten Isolate gehörten dem klonalen Komplex CC398 an, was auf einen Ursprung aus dem Nutztierbereich hinweist. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings sollten auch zukünftig Wildschweine auf MRSA untersucht werden, um festzustellen, ob sich diese resistenten Keime bei den Tieren weiter ausbreiten.

In keiner Probe von Weichkäse aus Rohmilch wurden MRSA nachgewiesen. Die im Zoonosen-Monitoring 2011 untersuchten Proben von Weichkäse und halbfestem Schnittkäse aus Rohmilch waren

zu 1,6 % mit MRSA kontaminiert. In Tankmilch aus Milcherzeugerbetrieben wurden MRSA im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre zu etwa 4 % bis 10 % nachgewiesen.

In Proben von frischem Lammfleisch wurden MRSA zu 2,8 % nachgewiesen. Damit wies frisches Lammfleisch eine deutlich geringere Kontaminationsrate mit MRSA auf als frisches Kalb- und Jungrindfleisch, das im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre zu etwa 11 % mit MRSA verunreinigt war. In frischem Rindfleisch wurden MRSA in früheren Untersuchungen mit etwa 5 % bis 8 % positiver Proben tendenziell ebenfalls häufiger nachgewiesen als in frischem Lammfleisch. Unter den MRSA-Isolaten befanden sich auch solche, die nicht dem nutztierassoziierten klonalen Komplex CC398 angehörten, was auf eine Kontamination des Fleisches während der Gewinnung und Verarbeitung des Fleisches durch den Menschen mit MRSA hinweist.

Die eingesandten Isolate waren erwartungsgemäß durchweg resistent gegen Beta-Laktam-Antibiotika. Die untersuchten Isolate von Wildschweinen wiesen eine für nutztierassoziierte MRSA-Stämme typische Resistenz gegenüber Tetrazyklin auf. Die Isolate aus Lammfleisch waren dagegen nur zu 54,5 % resistent gegen Tetrazyklin, was mit dem höheren Anteil an Isolaten zusammenhängt, die nicht den nutztierassoziierten MRSA angehörten.

Clostridioides difficile

In 1,6 % der Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern und in 0,2 % der Halshautproben von Mastputenschlachtkörpern wurde *C. difficile* nachgewiesen. Ergebnisse in einer ähnlichen Größenordnung wurden im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre bei der Untersuchung von Schweinehackfleisch erzielt, das zu 0,0 % bis 1,4 % mit *C. difficile* kontaminiert war. Die Ergebnisse zeigen, dass neben Schweinen grundsätzlich auch Masthähnchen und Mastputen als potenzielle Überträger von *C. difficile* auf den Menschen infrage kommen. Die eingesandten Isolate von *Clostridioides difficile* waren allesamt toxinogen, es handelte sich aber nicht um Ribotypen, die in der Humanmedizin häufig beschrieben werden.

Präsumtive *Bacillus cereus*

In 31,7 % der Proben von getrockneten Blatt- und Grasprodukten wurden präsumtive *B. cereus* mittels der quantitativen Methode nachgewiesen, wobei überwiegend Keimzahlen von unter 1.000 KBE/g gemessen

sen wurden. Zwei Proben (0,8 %) wiesen einen Keimgehalt von über 10^4 KbE/g auf. Als höchste Keimzahl von *B. cereus* (s. l.) wurden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings $3,7 \times 10^4$ KbE/g in einer Probe von getrockneten Blatt- und Grasprodukten nachgewiesen. In der Mehrzahl der durch *B. cereus* (s. l.) verursachten Krankheitsausbrüche werden in der Literatur allerdings Gehalte von über 10^5 KbE/g in den beteiligten Lebensmitteln beschrieben. Unter bestimmten Bedingungen können aber auch niedrigere Keimgehalte ein Risiko darstellen. Es ist zudem nicht ausgeschlossen, dass vorhandene Sporen auskeimen und sich anschließend in unzureichend gekühlten oder heißgehaltenen Speisen vermehren. Bei den meisten der hier näher charakterisierten Isolate der *B. cereus*-Gruppe wurden die Gene für die Enterotoxinbildung nachgewiesen. Das *cytK-1*-Gen (charakteristisch für *B. cytotoxicus*) und der *ces*-Gen-Cluster (Cereulid-Bildung) wurden hingegen nicht nachgewiesen.

Kommensale *Escherichia coli*

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen von *E. coli*-Isolaten zeigen, dass in Abhängigkeit von der Herkunft der Isolate deutliche Unterschiede in den beobachteten Resistenzraten auftreten. Isolate von Legehennen (26,0 % resistente Isolate) und Eiern (17,5 % bis 46,3 % resistente Isolate) sowie von Zuchthühnern der Legerichtung (34,6 % resistente Isolate) wiesen erneut deutlich niedrigere Resistenzraten auf als Isolate aus den Lebensmittelketten Masthähnchen (Fleisch: 82,3 %, Blinddarminhalt: 84,6 % resistente Isolate) und Mastputen (72,3 % resistente Isolate). Die *E. coli*-Isolate von Zuchthühnern, Legehennen und Eiern waren am häufigsten resistent gegen Tetrazyklin und Ampicillin, was mit dem verbreiteten Einsatz dieser Antibiotika in der Tierhaltung korrespondiert. Die Resistenzraten der *E. coli*-Isolate aus den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastputen waren insgesamt etwas geringer als im Zoonosen-Monitoring 2018, in der Lebensmittelkette Masthähnchen ist es in Bezug auf einzelne Wirkstoffe aber zu einer Steigerung der Resistenzraten gekommen ist. Dies ist besonders problematisch, da es sich hierbei um die Substanzen Ciprofloxacin, Colistin und die Cephalosporine der 3. Generation handelt, die für die antibiotische Behandlung beim Menschen besonders wichtig sind.

Die *E. coli*-Isolate von Süßwasserfischen aus Aquakultur und das Isolat aus getrockneten Blatt- und Grasprodukten wiesen keine Resistenzen auf. Isolate aus Lammfleisch und von Wildschweinen waren zu annähernd 90 % sensibel gegenüber den getesteten Substanzen. Auffallend war die relativ hohe Resistenzrate bei

Isolaten von Wildschweinen gegen Colistin von 5,3 %. Eine Colistinresistenz bei Isolaten von Wildschweinen fiel auch schon im Zoonosen-Monitoring 2016 auf.

ESBL/AmpC-bildende *Escherichia coli*

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden mittels selektiver Verfahren in Kotproben aus Erzeugerbetrieben von Zuchthühnern der Legerichtung zu 23,6 % und in Kotproben aus Erzeugerbetrieben von Legehennen zu 19,9 % nachgewiesen. Damit haben sich die Nachweisraten gegenüber den Ergebnissen aus dem Zoonosen-Monitoring 2014, in dem 39,3 % der Kotproben von Zuchthühnern der Legerichtung und 45,7 % der Kotproben von Legehennen positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, etwa halbiert.

In keiner Probe von Kiementupfern von Süßwasserfischen aus Erwerbsfischereibetrieben ohne Aquakultur wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* nachgewiesen. Damit zeigen die Ergebnisse, dass diese Resistenzeigenschaften in Erwerbsfischereibetrieben bislang nicht verbreitet sind.

Die Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* im Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof lag bei 36,5 % und damit deutlich unter dem Wert von 2018 (46,8 %). Damit setzt sich der in den letzten Jahren zu beobachtende abnehmende Trend im Vorkommen von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* bei Masthähnchen fort. In Proben von frischem Hähnchenfleisch wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* mit 33,6 % positiver Proben ähnlich häufig nachgewiesen wie in Hähnchenfleischproben im Zoonosen-Monitoring 2018 (35,4 % positive Proben). Dies unterstreicht die Forderung nach Verbesserungen bei der Geflügelschlachthygiene. Die Belastung von Hähnchenfleisch mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* ist weiterhin sehr hoch, weswegen Hähnchenfleisch vor dem Verzehr durcherhitzt und Kreuzkontamination in der Küche zum Schutz der eigenen Gesundheit vermieden werden sollten.

ESBL/AmpC-bildende *E. coli* wurden in 43,9 % der untersuchten Proben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof nachgewiesen. Im Vergleich zum Zoonosen-Monitoring 2018, in dem 48,6 % der Proben von Blinddarminhalt positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren, ist die Nachweisrate bei den Tieren damit leicht gesunken.

Im Kot von Wildschweinen wurden ESBL/AmpC-bildende *E. coli* zu 5,0 % nachgewiesen. Damit liegen die Ergebnisse in einer ähnlichen Größenordnung wie im Zoonosen-Monitoring 2016, in dem 6,4 % der Kotproben von Wildschweinen positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren. Im Vergleich zu Mastschweinen im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre, die

zu etwa 45 % Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* waren, ist die Nachweisrate bei den Wildschweinen gering. Die Ergebnisse zeigen aber, dass diese Resistenzeigenschaften auch außerhalb von Nutztierhaltungen in der Umwelt vorkommen. Die Typisierungsergebnisse im Zoonosen-Monitoring 2016 zeigten, dass bei Wildschweinen neben den vornehmlich beim Nutztier vorkommenden Typen auch Typen auftraten, die vor allem beim Menschen nachgewiesen werden.

Schweinehackfleisch war mit 13,6 % positiver Proben deutlich häufiger mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* kontaminiert als Proben von frischem Schweinefleisch, die im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre zu 5,5 % bzw. 5,7 % positiv für ESBL/AmpC-bildende *E. coli* waren. Die Ergebnisse sind bezüglich der möglichen Verbreitung dieser Resistenzeigenschaften durch den Verzehr von rohem Hackfleisch bedenklich.

Frisches Lammfleisch wies mit 2,1 % eine etwas geringere Kontaminationsrate mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* auf als frisches Rindfleisch im Zoonosen-Monitoring der vergangenen Jahre, das zu etwa 4 % mit ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* verunreinigt war.

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

Carbapenemase-bildende *Escherichia coli*

Von den beiden mit Verdacht auf Carbapenem-Resistenz eingesandten Isolaten aus Proben von frischem Hähnchenfleisch wurde keines als Carbapenem-resistenter *E. coli* bestätigt. Im Zoonosen-Monitoring der Vorjahre wurden Carbapenemase-bildende *E. coli* ausschließlich vereinzelt in der Lebensmittelkette Mastschweine nachgewiesen. Die Ergebnisse zeigen, dass diese Bakterien in Nutztierhaltungen bisher wenig verbreitet sind.

Enterococcus faecalis und *Enterococcus faecium*

Die Resistenzraten der Isolate von *E. faecalis* waren in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute wie in den Vorjahren insgesamt höher als bei den *E.-faecium*-Isolaten. Bei den Isolaten aus der Lebensmittelkette Masthähnchen waren diese Unterschiede in den Resistenzraten zwischen den beiden Spezies besonders groß. Die höchsten Resistenzraten traten bei beiden Spezies erneut gegenüber Tetrazyklin (57,8 %) und Erythromycin (58,6 %) 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 Masthähnchen und Mastputen keine wesentliche Quelle für Erkrankungen des Menschen mit dieser Bakterienspezies sind.

Fazit

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

Die Ergebnisse der Untersuchungen aus dem Jahr 2020 in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastschwein liegen in vielen Bereichen in derselben Größenordnung wie in den Vorjahren.

Auffallend ist allerdings die hohe Nachweisrate von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli* in Schweinehackfleisch, was bezüglich der möglichen Verbreitung dieser Resistenzeigenschaften durch den Verzehr von rohem Hackfleisch bedenklich ist.

Die häufige Kontamination von Masthähnchenschlachtkörpern und frischem Hähnchenfleisch mit *Listeria monocytogenes* birgt die Gefahr der Ein-

schleppung dieser Keime in lebensmittelverarbeitende Betriebe, wo sie zu einer Rekontamination bereits erhitzter Produkte führen können. Inwieweit auch verzehrfertige Hähnchenfleischprodukte mit *Listeria monocytogenes* kontaminiert sind, sollte in Folgeuntersuchungen geprüft werden.

Die Salmonellen-Kontaminationsrate auf Putenschlachtkörpern ist im Vergleich zum Vorjahr gesunken, liegt aber weiterhin auf hohem Niveau. Einzelne Schlachthöfe sind erneut verantwortlich für die hohen Nachweisraten, was auf erhebliche Hygienemängel in diesen Betrieben hinweist.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings 2020 zeigen zudem, dass bei der Reduzierung von *Campylobacter* in der Lebensmittelkette Masthähnchen nach wie vor keine Fortschritte erzielt wurden: Der Anteil von Halshautproben mit *Campylobacter*-Keimzahlen > 1.000 KBE/g ist trotz Einführung des Prozesshygienekriteriums für *Campylobacter* im Jahr 2018 etwa so hoch wie in den Jahren zuvor.

Die erstmalige Untersuchung von frischem Lammfleisch im Zoonosen-Monitoring deutet insbesondere auf ein Risiko für eine Infektion des Menschen mit STEC hin.

Auch Weizenmehl stellt eine mögliche Infektionsquelle des Menschen mit STEC dar, weshalb Lebensmittelunternehmer Fertigteige nur nach vorheriger Hitzebehandlung auf den Markt bringen bzw. Fertigteige nur aus hitzebehandeltem Mehl herstellen sollten. Das BfR gibt in einer Stellungnahme zu Risiken von STEC in Mehl Hinweise für Verbraucherinnen und Verbraucher zum Umgang mit Mehl und Fertigteigen (<https://www.bfr.bund.de/cm/343/escherichia-coli-in-mehl-quellen-risiken-und-vorbeugung.pdf>).

Eierschalen scheinen nur sehr selten mit Salmonellen kontaminiert zu sein, was auf die EU-weiten Salmonellen-Bekämpfungsprogramme in den Geflügelbeständen zurückgeführt werden kann.

Der Nachweis von *Campylobacter* auf der Eierschale unterstreicht, dass beim Umgang mit Eiern eine gute Küchenhygiene eingehalten werden muss.

Wildschweine stellen ein Reservoir für verschiedene Zoonoseerreger dar und sind zudem häufiger Träger von ESBL/AmpC-bildenden *E. coli*.

Getrocknete Blatt- und Grasprodukte können potenziell krank machende Keime enthalten. In einer gesundheitlichen Stellungnahme des BfR zu krank machenden Bakterien in Blatt- und Grasprodukten werden Verbraucherinnen und Verbraucher über die Risiken, die von diesen Produkten ausgehen können, informiert (<https://www.bfr.bund.de/cm/343/gras-und-blattprodukte-zum-verzehr-koennen-mit-krankmachenden-bakterien-verunreinigt-sein.pdf>).

Die Untersuchungen bestätigen, dass von Weichkäse aus Rohmilch ein Risiko für eine Infektion mit *Listeria monocytogenes* und STEC ausgeht. Empfindliche Verbrauchergruppen wie Kleinkinder, ältere und immungeschwächte Menschen sowie Schwangere sollten deshalb Weichkäse aus Rohmilch nicht verzehren.

Die Untersuchungen von karpfenartigen Fischen aus Erwerbsfischereibetrieben ohne Aquakultur weisen darauf hin, dass diese keine bedeutenden Träger von multiresistenten Keimen sind. Für valide Schlussfolgerungen sind jedoch größere Stichproben als im Zoonosen-Monitoring 2020 zu untersuchen.

Als positiv zu bewerten ist, dass in Bezug auf ESBL/AmpC-bildende *E. coli* bei Zuchthühnern der Legerichtung und Legehennen rückläufige Nachweisraten zu verzeichnen sind.

Die Ergebnisse der Antibiotikaresistenzuntersuchungen zeigen, dass es im Hinblick auf das Vorkommen von Resistenzen bei Bakterien-Isolaten aus den Lebensmittelketten Masthähnchen, Mastpute und Mastschwein im Zoonosen-Monitoring 2020 zu keinen wesentlichen Verbesserungen gekommen ist. Die Resistenzraten unter den Nutztieren waren in den Lebensmittelketten Masthähnchen und Mastpute am höchsten, was den häufigen Einsatz von Antibiotika bei diesen Tiergruppen widerspiegelt. Die Ergebnisse zeigen, dass es in der Umwelt bzw. im aquatischen Umfeld nicht zu einer größeren Anreicherung resistenter Bakterien bei den Tieren kommt, da die von Wildschweinen und Süßwasserfischen gewonnenen Isolate überwiegend sensibel gegenüber den getesteten Antibiotika waren.

Die Ergebnisse verdeutlichen, dass die Anstrengungen, den Antibiotikaeinsatz bei Nutztieren zu senken, weiter verstärkt werden müssen, um eine Reduktion der Resistenzraten zu erreichen. Ein Schwerpunkt hierbei sollte auch die Reduktion des Einsatzes kritischer Antibiotika sein, insbesondere jener von der WHO als HPCIA klassifizierten Substanzen. Die Dringlichkeit der Verringerung des Einsatzes von Fluorchinolonen wird durch die sehr hohen und zum Teil noch gestiegenen Resistenzraten bei Isolaten aus den Geflügelfleischketten gegen diese Substanzklasse unterstrichen. Aber auch der Einsatz von Colistin muss aufgrund der identifizierten übertragbaren Resistenzgene und der gestiegenen Bedeutung der Substanz für die Humanmedizin weiter eingeschränkt werden.

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

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

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

Literaturquellen

- Agresti, A. und B.A. Coull (1998): Approximate is better than 'exact' for interval estimation of binomial proportions. *The American Statistician*, 52, 119–126
- Ankolekar, C., T. Rahmati und R. Labbé (2008): Detection of toxigenic *Bacillus cereus* and *Bacillus thuringiensis* spores in U.S. rice. *Int J Food Microbiol* 128: 460–466
- Bamnia, M. und G. Kaul (2015): Cereulide and diarrheal toxin contamination in milk and milk products: a systematic review. *Toxin Reviews* 34: 119–124
- Berger, F., A. Mellmann, L. von Müller und B. Gärtner (2018): Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*. *Epidemiologisches Bulletin* 2018, 137–139
- BfR (2009a): Grundlagenstudie zur Erhebung der Prävalenz von MRSA in Zuchtschweinebeständen vorgelegt. http://www.bfr.bund.de/cm/208/grundlagenstudie_zur_erhebung_der_praevalenz_von_mrsa_in_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 (2017): Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin. <http://www.bfr.bund.de>
- BfR (2015): Fragen und Antworten zu ESBL- und/oder AmpC-bildenden antibiotikaresistenten Keimen. www.bfr.bund.de
- BfR (2016): Antibiotikaresistenz: Carbapenemase-bildende Keime in Nutztierbeständen. Aktualisierte Mitteilung Nr. 036/2016 des BfR vom 23.12.2016. <http://www.bfr.bund.de/cm/343/antibiotikaresistenz-carbapenemase-bildende-keime-in-nutztierbestaenden.pdf>
- BfR (2017): Lebensmittel aus Blättern und Gräsern können Krankheitserreger enthalten. https://www.bfr.bund.de/de/presseinformation/2017/28/lebensmittel_aus_blaettern_und_graesern_koennen_krankheitserreger_enthalten-201250.html
- BfR (2020): *Bacillus cereus*-Bakterien in Lebensmitteln können Magen-Darm-Erkrankungen verursachen. Berlin, Bundesinstitut für Risikobewertung
- BfR (2021): *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003: Ergebnisse für das Jahr 2020. Berlin, Bundesinstitut für Risikobewertung
- 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
- Broadway, P.R., J.C. Brooks, D.F. Mollenkopf, M.A. Calle, G.H. Loneragan, M.F. Miller, J.A. Carroll, N.C.B. Sanchez, T.E. Wittum (2021): Prevalence and Antimicrobial Susceptibility of *Salmonella* Serovars Isolated from U.S. Retail Ground Pork. *Foodborne Pathog Dis* 18, 219–227

- 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 (2019): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2018. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL (2020): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2019. www.bvl.bund.de/Zoonosen-Monitoring
- BVL und RKI (2021): Gemeinsamer nationaler Bericht des BVL und RKI zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen in Deutschland 2020. www.bvl.bund.de
- 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
- Ceuppens, S., N. Boon und M. Uyttendaele (2013): Diversity of *Bacillus cereus* group strains is reflected in their broad range of pathogenicity and diverse ecological lifestyles. FEMS Microbiol Ecol 84, 433-450
- Cullik, A., Y. Pfeifer, R. Prager, H. von Baum und W. Witte (2010): A novel IS26 structure surrounds bla_{CTX-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
- EFSA (2005): Bacillus cereus and other Bacillus spp. in foodstuffs. 175, 1-48 <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2005.175/full>
- EFSA (2007): Request for updating the former SCVPH opinion on *Listeria monocytogenes* risk related to ready-to-eat foods and scientific advice on different levels of *Listeria monocytogenes* in ready-to-eat foods and the related risk for human illness. Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards. EFSA Journal 599:1-42. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/599>
- EFSA (2009a): Analysis of the baseline survey on the prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in holdings with breeding pigs in the EU, 2008. Part A: MRSA prevalence estimates. EFSA Journal 7(11):1376. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/1376>

- EFSA (2009b): Assessment of the Public Health significance of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in animals and foods. EFSA Journal 993:1-73. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/993>
- EFSA (2010): Scientific Opinion of the Panel on Biological Hazards on Quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. EFSA Journal, 8(1):1437, [89 pp.]
- EFSA (2011): Scientific Opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. EFSA Journal 9(4): 2105. <https://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/pub/2105>
- EFSA (2012a): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. EFSA Journal 10 (10):2897
- EFSA (2012b): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in *Salmonella*, *Campylobacter* and indicator *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. bacteria transmitted through food. EFSA Journal 10 (6):2742
- EFSA (2016): Risks for public health related to the presence of *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. including *Bacillus thuringiensis* in foodstuffs. EFSA Journal 14 (7):4524. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2016.4524/full>
- EFSA (2017a): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2016. EFSA Journal 15, 5077
- EFSA (2017b): The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2015. EFSA Journal 2017;15(2):4694, 212 pp. doi:10.2903/j.efsa.2017.4694
- EFSA BIOHAZ Panel (2016): Scientific opinion on the risks for public health related to the presence of *Bacillus cereus* and other *Bacillus* spp. including *Bacillus thuringiensis* in foodstuffs. EFSA Journal 14, 93
- EFSA und ECDC (2021): The European Union One Health 2019 Zoonoses Report. EFSA Journal 2021;19(2):6406
- EUCAST: European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. <http://www.eucast.org>
- Feng, Y. und J.C. Archila-Godínez (2021): Consumer Knowledge and Behaviors Regarding Food Safety Risks Associated with Wheat Flour. J Food Prot 84, 628–638
- Forghani, F., M. den Bakker, A. Futral und F. Diez-Gonzalez (2018): Long-term survival and thermal death kinetics of enterohemorrhagic *Escherichia coli* serogroups O26, O103, O111, and O157 in wheat flour. Applied and Environmental Microbiology 87, No 13
- 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
- Frentrup, M., N. Thiel, V. Junker, W. Behrens, S. Münch, P. Siller, T. Kabelitz, M. Faust, A. Indra, S. Baumgartner, K. Schepanski, T. Amon, U. Roesler, R. Funk und U. Nübel (2021): Agricultural fertilization with poultry manure results in persistent environmental contamination with the pathogen *Clostridioides difficile*. Environ Microbiol
- Frentzel, H., K. Juraschek, N. Pauly, Y. Kelner-Burgos, H. Wichmann-Schauer (2020): Indications of biopesticidal *Bacillus thuringiensis* strains in bell pepper and tomato. Int J Food Microbiol 321, 108542
- Friese, A., J. Schulz, H. Laube et al. (2013): Faecal occurrence and emissions of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (laMRSA) and ESBL/AmpC-producing *E. coli* from animal farms in Germany. Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 126: 175-180
- Gill, A., T. McMahon, F. Dussault und N. Petronella (2020): Shiga toxin-producing *Escherichia coli* survives storage in wheat flour for two years. Food Microbiol 87, 103380
- Gonzalez, A.G.M., L.M.P. Marques, M.d.S.A. Gomes, J.C.d.C. Beltrão, M.G. Pinheiro, L.M.R. Esper, G.R.d. Paula, L.A. Teixeira und F. Aguiar-Alves (2017): Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in minas frescal cheese: evaluation of classic enterotoxin genes, antimicrobial resistance and clonal diversity. Fems Microbiol Lett 364
- Granum, E. und T. Lund (1997): *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. FEMS Microbiol Lett 157: 223-228

- Guerra, B., J. Fischer und R. Helmuth (2014): An emerging public health problem: acquired carbapenemase-producing microorganisms are present in food-producing animals, their environment, companion animals and wild birds. *Veterinary microbiology* 171, 290-297
- Guinebretière, M.H., P. Velge, O. Couvert, F. Carlin, M.L. Debuyser und C. Nguyen-The (2010): Ability of *Bacillus cereus* group strains to cause food poisoning varies according to phylogenetic affiliation (groups I to VII) rather than species affiliation. *J Clin Microbiol* 48, 3388-3391
- Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting, M. Ludewig und K. Fehlhaber (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. *Fleischwirtschaft* 10:121-124
- Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt und A. Käsbohrer (2020): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2017. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
- Hasanpour Dehkordi, A., L. Khaji, M.H. Sakhaei Shahreza, Z. Mashak, F. Safarpour Dehkordi, Y. Safaei, A. Hosseinzadeh, I. Alavi, E. Ghasemi und M. Rabiei-Faradonbeh (2017): One-year prevalence of antimicrobial susceptibility pattern of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* recovered from raw meat. *Trop Biomed* 34, 396-404
- Heise, J., P. Witt, C. Maneck, H. Wichmann-Schauer und S. Maurischat (2021): Prevalence and phylogenetic relationship of *Clostridioides difficile* strains in fresh poultry meat samples processed in different cutting plants. *International Journal of Food Microbiology* 339, 109032
- Herrera, F.C., M.L. García-López und J.A. Santos (2016): Short communication: Characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from raw milk fresh cheese in Colombia. *J Dairy Sci* 99, 7872-7876
- Iannetti, L., M. Schirone, D. Neri, P. Visciano, V.A. Acciari, G. Centorotola, M.S. Mangieri, M. Torresi, G.A. Santarelli, V. Di Marzio, C. Marfoggia, G. Migliorati und F. Pomilio (2020): *Listeria monocytogenes* in poultry: Detection and strain characterization along an integrated production chain in Italy. *Food Microbiol* 91, 103533
- Irrgang, A., J. Fischer, M. Grobbel, S. Schmogger, T. Skladnikiewicz-Ziemer, K. Thomas, A. Hensel, B.-A. Tenhagen und A. Käsbohrer (2017): Recurrent detection of VIM-1-producing *Escherichia coli* clone in German pig production. *The Journal of antimicrobial chemotherapy* 72(3):944-946. doi: 10.1093/jac/dkw479
- Jabin, H., G. Correia Carreira, L. Valentin und A. Käsbohrer (2019): The role of parameterization in comparing source attribution models based on microbial subtyping for salmonellosis. *Zoonoses Public Health* 66, 943-960
- 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. *Emerg Infect Dis* 24, 1116-1118
- Jeßberger, N., C. Rademacher, V.M. Krey, R. Dietrich, A.K. Mohr, M.-E. Böhm, S. Scherer, M. Ehling-Schulz und E. Martlbauer (2017): Simulating Intestinal Growth Conditions Enhances Toxin Production of Enteropathogenic *Bacillus cereus*. *Frontiers in Microbiology* 8
- Kaase, M. (2012): Carbapenemasen bei gramnegativen Erregern in Deutschland. Daten des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhaus-erreger. *Bundesgesundheitsbl – Gesundheitsforsch – Gesundheitsschutz* 55:1401-1404
- Käppeli, N., M. Morach, S. Corti, C. Eicher, R. Stephan und S. Johler (2019): *Staphylococcus aureus* related to bovine mastitis in Switzerland: Clonal diversity, virulence gene profiles, and antimicrobial resistance of isolates collected throughout 2017. *J Dairy Sci* 102, 3274-3281
- Knetsch, C.W., T.R. Connor, A. Mutreja, S.M. van Dorp, I.M. Sanders, H.P. Browne, D. Harris, L. Lipman, E.C. Keessen, J. Corver et al. (2014): Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Euro Surveill*. 19:1-12. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.45.20954
- Knetsch, C.W., N. Kumar, S.C. Forster, T.R. Connor, H.P. Browne, C. Harmanus, I.M. Sanders und S.R. Harris (2018): Zoonotic Transfer of *Clostridium difficile* Harboring Antimicrobial Resistance between Farm Animals and Humans. *J Clin Microbiol*. 22:56(3). pii: e01384-17. doi: 10.1128/JCM.01384-17

- Knight, D., B. Elliott, B. Chang, T. Perkins und T. Riley (2015): Diversity and Evolution in the Genome of *Clostridium difficile*. *Clinical Microbiology Reviews* 28, 721-741 doi:10.1128/CMR.00127-14
- Köck, R., F. Schaumburg, A. Mellmann et al. (2013): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. *PLoS. One* 8(2):e55040
- 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
- Layer, F., B. Strommenger, C. Cuny, C., Noll, I., Klingeberg, A. und G. Werner (2019): Häufigkeit, Eigenschaften und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2017/2018. *Epidemiologisches Bulletin* 2019, 437-442
- 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. *Journal of Consumer Protection and Food Safety* 12, 245-253
- McCarthy, S.C., C.M. Burgess, S. Fanning und G. Duffy (2021): An Overview of Shiga-Toxin Producing *Escherichia coli* Carriage and Prevalence in the Ovine Meat Production Chain. *Foodborne Pathog Dis* 18, 147-168
- McManus, B.A., B.K. Aloba, M.R. Earls, G.I. Brennan, B. O'Connell, S. Monecke, R. Ehricht, A.C. Shore und D.C. Coleman (2021): Multiple distinct outbreaks of Panton-Valentine leucocidin-positive community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Ireland investigated by whole-genome sequencing. *J Hosp Infect* 108, 72-80
- Menrath, A. (2009): Shiga-Toxin bildende *Escherichia coli* in Milchviehbetrieben Schleswig-Holsteins: Analyse von Risikofaktoren und Ausscheidungsmustern. Inaugural-Dissertation, FU Berlin, Fachbereich Veterinärmedizin
- Messelhäuser, U., H. Beck, P. Gallien, B. Schalch und U. Busch (2008): Presence of Shiga Toxin-producing *Escherichia coli* and thermophilic *Campylobacter* spp. in cattle, food and water sources on Alpine pastures in Bavaria. *Arch. Lebensmittelhyg.* 59:103-106
- Messelhäuser, U., E. Frenzel, C. Blöchinger, R. Zucker, P. Kämpf und M. Ehling-Schulz (2014): Emetic *Bacillus cereus* are more Volatile than Thought: Recent Foodborne Outbreaks and Prevalence Studies in Bavaria (2007-2013). *Biomed Res Int* 2014:1-9
- Metelmann, C., K. Schulz, R. Geldschläger-Canda, S. Plötz und W. Handrick (2010): Listeriose bei Erwachsenen – Fallberichte und Literatur-Übersicht. *Wien Klin Wochenschr* 122:354-359
- Miller, R.A., J. Jian, S.M. Beno, M. Wiedmann und J. Kovac (2018): Intraclade Variability in Toxin Production and Cytotoxicity of *Bacillus cereus* Group Type Strains and Dairy-Associated Isolates. *Appl Environ Microbiol* 84
- Morton, V., T. Kershaw, A. Kearney, M. Taylor, E. Galanis, V. Mah, B. Adhikari, Y. Whitfield, C. Duchesne, L. Hoang, L. Chui, K. Grant und A. Hexemer (2020): The use of multiple hypothesis-generating methods in an outbreak investigation of *Escherichia coli* O121 infections associated with wheat flour, Canada 2016-2017. *Epidemiol Infect* 148, e265
- 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

- Pfeifer, Y. (2010): ESBL, AmpC und Carbapenemasen: Vorkommen, Verbreitung und Diagnostik β -Lactamase-bildender Gram-negativer Krankheitserreger J Lab Med 34:205–215
- Pfeifer, Y. und C. Eller (2012): Aktuelle Daten und Trends zur β -Lactam-Resistenz bei gramnegativen Infektionserregern. Bundesgesundheitsblatt 55: 1405-2409
- Pfennigwerth, N (2018): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhaus-erreger – Zeitraum 1. Januar 2017 – 31. Dezember 2017. Epid Bull; 28:263 – 267 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-034
- Pires, S., L. de Knecht und T. Hald (2011): Estimation of the relative contribution of different food and animal sources to human Salmonella infections in the European Union. <http://www.efsa.europa.eu/en/supporting/pub/en-184>
- Plaza-Rodriguez, C., K. Alt, M. Grobbel, J.A. Hammerl, A. Irrgang, I. Szabo, K. Stingl, E. Schuh, L. Wiehle, B. Pfeifferkorn, S. Naumann, A. Kaesbohrer und B.A. Tenhagen (2020): Wildlife as Sentinels of Antimicrobial Resistance in Germany? Front Vet Sci 7, 627821
- Porrero, M.C., G. Mentaberre, S. Sanchez, P. Fernandez-Llario, S. Gomez-Barrero, N. Navarro-Gonzalez, E. Serrano, E. Casas-Diaz, I. Marco, J.F. Fernandez-Garayzabal, A. Mateos, D. Vidal, S. Lavin und L. Dominguez (2013): Methicillin resistant Staphylococcus aureus (MRSA) carriage in different free-living wild animal species in Spain. Vet J 198, 127-130
- Projahn, M., M.C. Lamparter, P. Ganas, A. Goehler, S.C. Lorenz-Wright, D. Maede, A. Fruth, C. Lang und E. Schuh (2021): Genetic diversity and pathogenic potential of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) derived from German flour. Int J Food Microbiol 347, 109197
- Razzuoli, E., V. Listorti, I. Martini, L. Migone, L. Decastelli, W. Mignone, E. Berio, R. Battistini, C. Ercolini, L. Serracca, T. Andreoli, M. Dellepiane, D. Adriano, M. Pitti, D. Meloni und P. Modesto (2021): Prevalence and Antimicrobial Resistances of Salmonella spp. Isolated from Wild Boars in Liguria Region, Italy. Pathogens (Basel, Switzerland) 10
- Reuss, A., A. Klingenberg, N. Schmidt, T. Eckmanns und B. Zacher (2021): Einfluss der COVID-19-Pandemie auf die Anzahl der gemäß IfSG meldepflichtigen Nachweise von Erregern mit Antibiotikaresistenzen und C. difficile-Infektionen. Epid Bull 2021;7:8 -11 DOI 10.25646/8026
- Reynaga, E., M. Navarro, A. Vilamala, P. Roure, M. Quintana, M. Garcia-Nunez, R. Figueras, C. Torres, G. Lucchetti und M. Sabria (2016): Prevalence of colonization by methicillin-resistant Staphylococcus aureus ST398 in pigs and pig farm workers in an area of Catalonia, Spain. BMC Infect Dis 16, 716
- Reynaga, E., C. Torres, M. Garcia-Nunez, M. Navarro, A. Vilamala, E. Puigoriol, G.E. Lucchetti und M. Sabria (2017): Clinical impact and prevalence of MRSA CC398 and differences between MRSA-TetR and MRSA-TetS in an area of Spain with a high density of pig farming: a prospective cohort study. Clin Microbiol Infect 23, 678 e671-678 e674
- RKI (2004): Risikofaktoren für sporadische STEC-(EHEC)-Erkrankungen. Ergebnisse einer bundesweiten Fall-Kontroll-Studie. Epidemiologisches Bulletin 50, 433–436
- RKI (2008): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2007. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2009): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2008. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2010): Listeriose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Listeriose.html
- RKI (2011a): EHEC-Erkrankung, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_EHEC.html#doc2374530bodyText9
- RKI (2011b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2010. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2013): Zur aktuellen Situation bei Carbapenemase-bildenden gramnegativen Bakterien. Ein Bericht des NRZ für gramnegative Krankenhaus-erreger. Epidemiologisches Bulletin Nr. 19, 197–171

- RKI (2016a): Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger Zeitraum 1. Januar 2015 bis 31. Dezember 2015. Epidemiologisches Bulletin Nr. 25, 213–225
- RKI (2016b): 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#doc2374558bodyText27
- RKI (2018b): Clostridioides (früher Clostridium) difficile, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Clostridium.html#doc2393684bodyText2
- RKI (2019a): Salmonellose, RKI-Ratgeber. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Salmonellose.html#doc2374560bodyText7
- RKI (2019b): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2020): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019. Robert Koch-Institut, Berlin
- RKI (2021): Epidemiologisches Bulletin 1/2021 www.rki.de/epidbull
- Roschanski, N., A. Friese, C. von Salviati-Claudius, J. Hering, A. Kaesbohrer, L. Kreienbrock und U. Roesler (2017): Prevalence of carbapenemase producing Enterobacteriaceae isolated from German pig-fattening farms during the years 2011–2013. *Veterinary Microbiology* 200, 124–9
- Rosner, B.M., A. Schielke, X. Didelot, F. Kops, J. Breidenbach, N. Willrich, G. Goltz, T. Alter, K. Stingl, C. Josenhans, S. Suerbaum und K. Stark (2017): A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany, 2011–2014. *Sci Rep* 7(1):5139
- Rouzeau-Szynalski, K., K. Stollewerk, U. Messelhauser und M. Ehling-Schulz (2020): Why be serious about emetic *Bacillus cereus*: Cereulide production and industrial challenges. *Food Microbiology* 85
- Ruhr-Universität Bochum (NRZ für gramnegative Krankenhauskeime) (2017): Carbapenemase-Studie. http://memiserf.medmikro.ruhr-uni-bochum.de/nrz/nrz_FAQs.html#_RefHeading_1533_1257451891
- Scheiring, J., A. Rosales und L.B. Zimmerhackl (2010): Clinical practice – Today's understanding of the haemolytic uraemic syndrome. *Eur J Pediatr* 169:7–13
- 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, 431–436
- 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*
- Schranz, M., A. Ullrich, U. Rexroth, O. Hamouda, L. Schaade, M. Diercke und S. Boender (2021): Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020). *Epid Bull* 1:3–25 DOI 10.25646/7655
- Shiota, M., K. Saitou, H. Mizumoto, M. Matsusaka, N. Agata, M. Nakayama, M. Kage, S. Tatsumi, A. Okamoto, S. Yamaguchi, M. Ohta und D. Hata (2010): Rapid Detoxification of Cereulide in *Bacillus cereus* Food Poisoning. *Pediatrics* 125, E951–E955
- 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)

- Sousa, M., N. Silva, V. Manageiro, S. Ramos, A. Coelho, D. Gonçalves, M. Caniça, C. Torres, G. Igrejas und P. Poeta (2017): First report on MRSA CC398 recovered from wild boars in the north of Portugal. Are we facing a problem? *Science of The Total Environment* 596-597, 26-31
- Stenfors Arnesen, L.P., A. Fagerlund und P.E. Granum (2008): From soil to gut: *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Rev.* 2008 32, 579-606
- Valenza, G., S. Nickel, Y. Pfeifer, C. Eller, E. Krupa, V. Lehner-Reindl und C. Höller (2014): Extended-Spectrum-beta-Lactamase-Producing *Escherichia coli* as Intestinal Colonizers in the German Community. *Antimicrobial agents and chemotherapy* 58: 1228-1230
- Van Cleef, B.A., D.L. Monnet et al. (2011): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in humans. *Europe. Emerg Infect Dis* 17:502-505
- von Müller, L. (2016): Aktuelles zu Clostridium-difficile-Infektionen. *Deutsche medizinische Wochenschrift* 141(16):e157
- Wadl, M., D.E. Müller-Wiefel, K. Stark, A. Fruth, H. Karch und D. Werber (2010): Enteropathisches hämolytisch-urämisches Syndrom. Sporadischer Einzelfall oder Teil eines Krankheitsausbruchs? *Monatsschr Kinderheilkd* 159:152-160
- Wassenaar, T.M. und H. Laubenheimer-Preusse (2010): Alternative Sichtweisen: *Campylobacter*. *Arch. Lebensmittelhyg.* 61, 85-90
- Weil, H.P., U. Fischer-Brugge, C. Harmanus, F. Mattner, P. Gastmeier und E.J. Kuijper (2007): O329 High incidence of Clostridium difficile associated diarrhoea with a community onset in a hyperendemic region in Germany. *International Journal of Antimicrobial Agents* Volume 29:69
- Wijnands, L.M., J.B. Dufrenne, F.M. van Leusden und T. Abee (2007): Germination of *Bacillus cereus* spores is induced by germinants from differentiated Caco-2 cells, a human cell line mimicking the epithelial cells of the small intestine. *Applied and Environmental Microbiology* 73, 5052-5054
- Wulsten et al. (2020): Underestimated Survival of *Campylobacter* in Raw Milk Highlighted by Viability Real-Time PCR and Growth Recovery Front. *Microbiol.* 11:1107. doi: 10.3389/fmicb.2020.01107
- Wysok, B. und J. Uradzinski (2009): *Campylobacter* spp. – a significant microbiological hazard in food. I. Characteristics of *Campylobacter* species, infection source, epidemiology. *Pol J Vet Science* 12:141-148
- Zautner, A.E., S. Herrmann und U. Gross (2010): *Campylobacter jejuni* – Die Suche nach Virulenz-assoziierten Faktoren. *Arch Lebensmittelhyg* 61:91-101
- Zhang, M., Q. Li, L. He, F. Meng, Y. Gu, M. Zheng, Y. Gong, P. Wang, F. Ruan, L. Zhou, J. Wu, L. Chen, C. Fitzgerald und J.Z. Zhang (2010): Association Study Between an Outbreak of Guillain-Barre Syndrome in Jilin, China, and Preceding *Campylobacter jejuni* Infection. *Foodborne Pathog Dis* 7:913-919
- Zhang, H., E. Yamamoto, J. Murphy, C. Carrillo, K. Hardie und A. Locas (2021): Microbiological Survey of Wheat Flour Sold at Retail in Canada, 2018 to 2019. *J Food Prot* 84, 647-654

