

Bundesinstitut
für gesundheitlichen Verbraucherschutz und Veterinärmedizin



L. Ellerbroek,
H. Wichmann-Schauer,
Miriam Haarmann

**Untersuchungen zum Vorkommen von Salmonellen bei
deutschem Nutzgeflügel und Geflügelfleisch**

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	9
2	Material	9
2.1	Betriebe/ Herden.....	9
2.2	Probenmaterial (siehe Tab. 6).....	11
2.3	Probenanzahl.....	12
3	Methode	15
3.1	Kultureller Nachweis von Salmonellen.....	15
3.2	Antibiotikaresistenz-Bestimmung	15
3.3	Lysotopie	15
4	Ergebnisse	17
4.1	Methodik	17
4.2	Salmonella-Prävalenzen	19
4.2.1	Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Betrieben.....	19
4.2.2	Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Herden	22
4.2.3	Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Poolproben.....	25
4.3	Korrelation zwischen Betriebsmanagement und Salmonella-Nachweisrate	32
4.3.1	Einteilung der Mastbetriebe in Hygieneklassen und Korrelation zur Salmonella-Nachweisrate	32
4.3.2	Häufigkeitsverteilungen einzelner Parameter und Korrelation zur Salmonella- Nachweisrate	34
4.4	Salmonella-Serovare	38
4.4.1	Salmonella-Serovare in Proben vom Geflügel (alle Regionen)	38
4.4.2	Salmonella-Serovare in Proben vom Geflügel aufgeschlüsselt nach Regionen (unter Berücksichtigung von Mehrfachisolaten).....	41
4.4.3	Salmonella-Serovare in A und B Halshautproben (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten)	48
4.5	Lysotypen	50
4.6	Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate	52
4.6.1	Anzahl und Häufigkeit antibiotikaresistenter Salmonella-Isolate in deutschen Geflügelmast- und –schlachtbetrieben	52

4.6.2	Anzahl und Häufigkeit mehrfachresistenter Salmonella-Isolate in Groß- und Kleinbetrieben...	54
4.6.3	Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate bezogen auf die Wirkstoffe.....	53
4.6.4	Antibiotikaresistenzen bezogen auf die Salmonella-Serovare	56
4.7	Infekt- /Kontaminationsketten.....	57
4.7.1	Großbetriebe:	57
4.7.2	Kleinbetriebe :	57
4.7.3	Salmonella-Serovare mit identischen Resistenzeigenschaften und über-regionalen Fundorten.....	58
4.8	Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen von S. Blockley-Isolaten	61
4.8.1	Antibiotikaresistenz der S. Blockley-Isolate	61
4.8.2	Plasmidprofilanalyse ausgewählter S. Blockley-Isolate.....	62
4.8.3	Pulsfeldgelelektrophorese (PFGE)..	66
4.8.4	Übertragbarkeit der Antibiotikaresistenz..	69
4.9	Weitergehende Untersuchungen: Mikrobiologische Stufenkontrollen auf Salmonellen in einem Geflügelschlachtbetrieb.....	71
4.9.1	Material und Methode	71
4.9.2	Ergebnisse	71
5	Diskussion	75
5.1	Methodik	75
5.2	Struktur der selbstschlachtenden direktvermarktenden Betriebe.....	76
5.3	Salmonella-Prävalenzen	76
5.3.1	Salmonella-Prävalenzen in Kotproben.....	76
5.3.2	Salmonella-Prävalenzen in Halshautproben	78
5.4	Salmonella-Serovare	79
5.5	Infekt-/Kontaminationsketten	83
5.6	Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate	83
5.7	Mikrobiologische Stufenkontrollen auf Salmonellen in einem Geflügelschlachtbetrieb ..	85
6	Schlussfolgerungen	87
7	Literaturverzeichnis	89
8	Anhänge	93
Anhang 1:	Material und Methode.....	93

Anhang 2: Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Herden/Betrieben.....	99
Anhang 3: Fragebögen, Hygieneklassen.....	109
Anhang 4: Statistische Berechnungen.....	115
Anhang 5: Infekt-/Kontaminationsketten, Resistenzcodes	131
Anhang 6: Beteiligte Untersuchungseinrichtungen	139
9 Zusammenfassung.....	141

1 Einleitung

Das Vorkommen von Salmonellen bei Nutzgeflügel stellt im Hinblick auf die Forderung nach der Gewinnung salmonellenfreier Lebensmittel ein erhebliches gesundheitliches und ökonomisches Problem dar. Fleisch von Mastgeflügel (Hähnchen) ist nach Angaben in der Literatur zu einem hohen Prozentsatz mit Salmonellen behaftet. Die Auffassung, dass Geflügelfleisch nur erhitzt verzehrt werde und eine Infektion des Menschen hierdurch weitgehend ausgeschlossen werden könne, ist nicht länger vertretbar, da in zunehmendem Umfang aus Geflügelfleisch auch Rohfleischerzeugnisse hergestellt werden und Salmonellen durch Kreuzkontamination im Küchenbereich in Speisen gelangen können, die vor dem Verzehr nicht mehr erhitzt werden.

Grundsätzlich gilt, dass das Inverkehrbringen und Vermarkten von Fleisch nur unter Einhaltung der nationalen Rechtsvorschriften möglich ist. Die Geflügelfleischhygiene-Verordnung vom 1. Januar 1998 schreibt sowohl die Untersuchung der Schlachttiere als auch die des gewonnenen Geflügelfleisches vor. Sie lässt jedoch Ausnahmen von diesen Regelungen für landwirtschaftliche Betriebe mit geringer Produktion zu. Dies sind laut Definition Betriebe mit einer jährlichen Produktion von weniger als 10 000 Stück Schlachtgeflügel (Hühner, Puten, Perlhühner, Enten und Gänse) bzw. 250 Straußenvögeln aus eigener Haltung. Diese Betriebe dürfen Geflügelfleisch ohne Schlachtgeflügeluntersuchung (sog. Lebenduntersuchung) und Geflügelfleischuntersuchung (Fleischuntersuchung) gewinnen und ohne Beurteilung und Kennzeichnung der Tauglichkeit zum menschlichen Verzehr durch den amtlichen Tierarzt an Verbraucher (i. S. v. § 6 LMBG) abgeben, wenn

1. es frisch und nicht zerkleinert oder gemahlen ist,
2. keine Merkmale festgestellt werden, nach denen das Geflügelfleisch als nicht verzehrs- tauglich zu beanstanden wäre, und
3. die Vermarktung entweder unmittelbar im Betrieb (ab Hof) oder über höchstens 50 km vom Betrieb entfernte Wochenmärkte (oder Einzelhandelsgeschäfte in derselben Ortschaft wie der des Erzeugers oder in einer benachbarten Ortschaft) erfolgt.

Verbraucher ist nach § 6 des Lebensmittel- und Bedarfsgegenständegesetzes (LMBG) diejenige Person, an die Lebensmittel zur persönlichen Verwendung oder zur Verwendung im eigenen Haushalt abgegeben werden. Dem Verbraucher werden formal gleichgesetzt: Gaststätten, Einrichtungen zur Gemeinschaftsverpflegung, Kantinen sowie Gewerbetreibende, soweit sie die Lebensmittel zum Verbrauch innerhalb ihrer Betriebsstätte beziehen.

Geflügelfleisch gilt dann als „frisch“, wenn es über das Gewinnen (Schlachten), das Entbeinen, Zerlegen, Zerkleinern oder Mahlen, das Wiegen, Umhüllen, Verpacken, Umpacken, Kennzeichnen, Kühlen, Gefrieren, Tiefgefrieren, Auftauen, Lagern und Befördern hinaus nicht behandelt worden ist.

Die Direktvermarktung ist die älteste Vermarktungsform für landwirtschaftliche Erzeugnisse. Immer mehr Landwirte sehen darin die Möglichkeit, eine größere Wertschöpfung zu erzielen. Gleichzeitig erfüllt die Direktvermarktung vielen Verbrauchern den Wunsch, Nahrungsmittel direkt beim Landwirt einkaufen zu können.

Es war daher erforderlich, Untersuchungen durchzuführen, die zur Beantwortung folgender Fragen dienen sollten:

- In welchem Verhältnis steht die Verbreitung der Salmonellen im Tierhaltungsbereich zum Kontaminationsgrad der Masthähnchen am Ende des Gewinnungsprozesses?

- Bestehen Unterschiede im Infektionsgrad zwischen Großbeständen und Tieren aus landwirtschaftlichen Betrieben mit geringer Produktion?
- Bestehen Unterschiede im Kontaminationsgrad (bezogen auf Salmonellen) zwischen Masthähnchen aus Schlachtbetrieben und solchen, die im Rahmen der Direktvermarktung vom Erzeuger abgegeben werden?
- Treten bestimmte Salmonella-Stämme wiederkehrend oder permanent in denselben Haltungs- oder Schlachtbetrieben auf?

An der praktischen Durchführung des Forschungsvorhabens waren neben dem BgVV in Berlin und Jena auch drei externe Forschungseinrichtungen beteiligt:

- die Außenstelle für Epidemiologie der Tierärztlichen Hochschule Hannover in Bakum
- das Institut für Anatomie, Physiologie und Hygiene der Haustiere der Universität Bonn
- das Institut für Hygiene und Technologie der Lebensmittel der Universität München.

Es wurden Betriebe aus 5 Regionen Deutschlands beprobt, die nachfolgend als **Region A, B, C, D** und **E** bezeichnet werden.

2 Material (siehe auch Anhang 1)

2.1 Betriebe/ Herden

In großen Geflügelmastbeständen (mit einer jährlichen Produktion von mehr als 20 Tausend Hähnchen und eigenem Management, im Text als „**Großbetriebe**“ bezeichnet) wurden 3 Herden möglichst direkt aufeinanderfolgender Mastdurchgänge beprobt, so dass im Jahr 1999 in Deutschland 121 Herden in Großbetrieben auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht wurden.

In selbstschlachtenden, direktvermarktenden Betrieben mit weniger als 10 Tausend Stück Schlachtgeflügel pro Jahr (im Text als „**Kleinbetriebe**“ bezeichnet) konnten wegen saisonal begrenzter Einstellungen z.T. nur ein oder zwei Herden pro Betrieb beprobt werden, so dass insgesamt 68 Herden in 26 Kleinbetrieben auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht wurden.

70 der 121 Herden aus Großbetrieben und alle 68 Herden aus Kleinbetrieben wurden darüber hinaus auch während der Schlachtung beprobt. Eine genaue Aufstellung über die Anzahl der in ausgewählten Regionen Deutschlands untersuchten Betriebe und Herden zeigen die **Tab. 1** und **2**.

Für die Bewertung der Untersuchungsergebnisse wurden in standardisierter Form sowohl in Mast- als auch in Schlachtbetrieben Daten zum Management, zu baulichen Bedingungen und zur Bestimmung des Hygienestatus erhoben. Für eine kurze Charakterisierung der Betriebe wurden einige dieser Daten in den **Tab. 3** bis **5** zusammengefasst.

Tab. 1: Anzahl untersuchter Broilerherden in Großbetrieben

Region	Gazekotproben		Kloakentupfer		Halshautproben	
	Betriebe	Herden	Betriebe	Herden	Betriebe	Herden
A	12	36	7	21	7	21
B	10	30	5	15	5	15
C	5	15	5	15	5	15
D	10	30	5	15	5	15
E	3	10	2	4	2	4
Gesamt	40	121	24	70	24	70

Tab. 2: Anzahl untersuchter Broilerherden in Kleinbetrieben

Region	Gazekotproben		Halshautproben	
	Betriebe	Herden	Betriebe	Herden
A	2	6	2	6
B ¹	10	28	10	28
C	3	3	3	3
D	10	28	10	28
E	1	3	1	3
Gesamt	26	68	26	68

Tab. 3: Ausgewählte Betriebsdaten der beprobten Großbetriebe

Tierzahlen, gesamt (in Tausend)	20 bis unter 50 20	50 bis unter 150 12	über 150 8
Baujahr der Stallungen	vor 1960 1	1960 bis 1990 27	nach 1990 12
andere Tierarten auf dem Hof	Geflügel 2	Schweine 7	Rinder 11

Tab. 4: Ausgewählte Betriebsdaten der beprobten Geflügelschlachtbetriebe

Baujahr der Schlachträume	vor 1970 3	1970 bis 1990 2	nach 1990 1
Letzter Umbau der Schlachträume	1990 bis 1995 2	nach 1995 2	keine Angaben 1
Brühtemperatur	50 bis 52°C 5	59°C 1	
Kühlung	Luftkühlung 5	Luftsprühkühlung 1	
Angebotszustand	frisch 5	gefroren 2	keine Angaben 1
Vermarktung von Teilstücken	unter 50 % 1	50 bis 80 % 3	keine Angaben 2

¹ Bei 2 von 10 beprobten Betrieben lag die jährliche Produktion an Schlachtgeflügel vermutlich über 10.000 Stück

Tab. 5: Ausgewählte Betriebsdaten der beprobten Kleinbetriebe

Tierzahlen (gesamt)	50 bis unter 300 12	300 bis unter 1000 9	1000 bis 6200 5
Einstellungen pro Jahr	1 bis unter 5 9	5 bis 10 11	keine Angaben 6
Haltungsform	Bodenhaltung 22	Freiland 4	
Vertriebsweg	ab Hof / Hofladen 24	Marktstand 5	Lieferung an Gaststätten 2
Schlachtgewicht	1,0 bis 1,5 kg 4	über 1,5 bis 3,0 kg 9	keine Angaben 13
Angebotszustand / Herrichtung	frisch 26	gefroren 3	Teile 4
Baujahr der Stallungen	vor 1960 10	1960 bis 1990 11	nach 1990 5
Baujahr bzw. Umbau der Schlachträume	vor 1990 4	1990 bis 1995 8	nach 1995 14
Kühlung	Kühlzelle 16	Kühlschrank/ -theke 2	Wasserkühlung 8
andere Tierarten auf dem Hof	Geflügel 16	Schweine 8	Rinder 5
Besondere Betriebsformen	angegliederter Großbetrieb 2	außerbetriebl. Lohnschlachtung 1	Bioland-Betrieb 2

2.2 Probenmaterial (siehe Tab. 6)

Das Sammeln der Kotproben in den Stallungen erfolgte durch 40 cm lange Mullgazeschläuche, welche beim Durchlaufen des Stalles über den Schutzstiefeln getragen wurden. Dabei sollte möglichst die gesamte Stallfläche repräsentativ beprobt werden. Die so gewonnenen Sammelkotproben werden nachfolgend als „**Gazekotproben**“ bezeichnet. In großen Geflügelmastbeständen wurden je Herde 10 Gazekotproben, in Kleinbetrieben entsprechend der Stallgröße 6 bis 10 Gazekotproben gesammelt.

Bei 70 Herden aus großen Geflügelmastbetrieben wurden darüber hinaus während der Schlachtung Kloakentupfer- und Halshautproben von jeweils 60 Tieren entnommen. In den selbstschlachtenden direktvermarktenden Kleinbetrieben wurden aufgrund der geringen Tagesschlachtzahlen Halshautproben von 10 frisch geschlachteten Hähnchen untersucht. Ein negatives Untersuchungsergebnis in Herden aus Großbetrieben lässt demnach statistisch gesehen den Rückschluss zu, dass mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% die tatsächliche Salmonella-Prävalenz in der Herde unter 5 % lag. Bei Kleinbetrieben konnte

trotz negativem Untersuchungsbefund die tatsächliche Prävalenz in der Herde bis zu 25 % betragen. Beide Aussagen gelten strenggenommen nur bei einer über die gesamte Herde verteilten repräsentativen Stichprobennahme.

Tab. 6: Untersuchte Probenmaterialien

<u>Gazekot:</u>	<ul style="list-style-type: none"> ● Probenahmeort: Maststall ● Entnahmezeitpunkt: bis zu 7 Tagen vor der Ausstellung¹ ● Wechsel der Gazeschläuche nach jeweils ca. 10 m ● Gazeschlauch des linken und rechten Fußes bildeten eine Poolprobe
<u>Kloakentupfer:</u>	<ul style="list-style-type: none"> ● Entnahmeort: Schlachthof ● Entnahmezeitpunkt: am Entblutungsband, vor dem Brühen² ● je 5 Kloakentupfer wurden zu einer Poolprobe zusammengefasst
<u>Halshaut:</u>	<ul style="list-style-type: none"> ● Entnahmeort: Schlachthof bzw. Schlachtraum/Ladentheke ● Entnahmenzeitpunkt: nach der Kühlung ● je 5 Proben à 10g wurden zu einer Poolprobe vereinigt

2.3 Probenanzahl

Das entnommene Probenmaterial wurde vor der kulturellen Aufarbeitung zu Poolproben vereinigt. Die **Tab. 7** gibt einen Überblick über das entnommene Probenmaterial und die Anzahl der untersuchten Poolproben je Herde.

Tab. 7: Entnommenes und gepooltes Probenmaterial je Herde

Betrieb	Gazeschläuche		Kloakentupfer		Halshautproben	
	ent-nommen	Anz. Poolpr.	ent-nommen	Anz. Poolpr.	ent-nommen	Anz. Poolpr.
Großbetrieb	10	5	60	12	60	12
Kleinbetrieb	6-10	3-5	n.u.	n.u.	10	2

n.u.= nicht untersucht

Das vorgeschriebene Schema zur Probennahme konnte von den teilnehmenden Untersuchungseinrichtungen nicht immer eingehalten werden, weshalb einige Untersuchungsergebnisse nachträglich von der Auswertung ausgeschlossen wurden. So konnten in einigen Großbetrieben der Regionen B und D aus organisatorischen Gründen erst nach dem Ausstallen der Tiere Gazekotproben gesammelt werden. Ferner lag in 2 beprobten Kleinbetrieben der Region B die Anzahl des jährlich produzierten Schlachtgeflügels vermutlich über 10.000 Stück (siehe auch **Anhang 2, Tab. 37 u. 38**).

¹ In den Regionen B und D in einigen Betrieben aus organisatorischen Gründen erst nach dem Ausstallen

² In Region D nach dem Brühen

Schließlich wurden bei Herden aus Kleinbetrieben nur die Ergebnisse von drei Gazekot-Poolproben in die Auswertung einbezogen, selbst wenn ursprünglich 5 Poolproben untersucht wurden, um eine annähernde Vergleichbarkeit der Ergebnisse von Kleinbetrieben untereinander und zu den Großbetrieben zu gewährleisten.

Deshalb sind in den folgenden Tabellen neben den originären Daten auch die sog. „korrigierten“ (aus Gründen der Vergleichbarkeit bereinigten) Daten angegeben.

Einen Überblick über die Anzahl untersuchter und ausgewerteter Poolproben gibt **Tab. 8**.

Tab. 8 : Anzahl untersuchter und ausgewerteter Poolproben von Geflügel aus Groß- und Kleinbetrieben

Region	Großbetriebe			Kleinbetriebe		Summe
	Gazekot	Kloakent.	Halshaut	Gazekot	Halshaut	
A	180	252	252	18	12	714
B	150	180	180	104	56	670
B, korrigiert	40	180	180	78	50	528
C	90	180	180	12	6	468
D	150	180	180	128	56	694
D, korrigiert	100	180	180	84	56	600
E	50	48	48	6	6	158
Gesamt	620	840	840	268	136	2704
Gesamt, korrig.	460	840	840	198	130	2468

3 Methode (siehe auch **Anhang 1**)

3.1 Kultureller Nachweis von Salmonellen

Insgesamt wurden in fünf Laboren 2704 Poolproben nach einheitlicher Methodenvorschrift und unter Verwendung identischer Nährmedien auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht. Die Fertigung der Voranreicherungs- und Selektivanreicherungs-lösungen erfolgte durch die beteiligten Untersuchungseinrichtungen aus identischen Trockennährmedien nach Anweisungen der Hersteller. Die Agarplatten wurden aus identischen Medien industriell produziert und an die einzelnen Labore ausgeliefert.

Die Aufbereitung des Probenmaterials erfolgte in der Regel am Tag der Entnahme, spätestens jedoch nach 24 Stunden. Nach Voranreicherung in gepuffertem Peptonwasser und Anreicherung in zwei verschiedenen flüssigen Selektivmedien (Rappaport-Vassiliadis-Anreicherungs-lösung und Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle-Anreicherungs-bouillon) wurden die Kulturen auf zwei verschiedenen Selektiv-Agarplatten (Rambach®-Agar und Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar) ausgestrichen. Mindestens eine Salmonella-verdächtige Kolonie pro Platte wurde nach der Bebrütung mit omnivalentem Salmonella-Antiserum agglutiniert. Im Fall einer positiven Agglutinationsreaktion wurde aus dem Agglutinat zur Überprüfung des Lactose-Abbaus eine GASSNER-Agarplatte beimpft. Lactose-negative Stämme wurden von den Untersuchungseinrichtungen abschließend als Stichkultur an das BgVV übersandt. Wenigstens ein Isolat jeder positiven Poolprobe, vorzugsweise vom Rambach®-Agar, wurde im Nationalen Salmonella-Referenzlabor serotypisiert sowie gegebenenfalls auch phagentypisiert. Darüber hinaus wurden diese Stämme auf Resistenzen gegen ausgewählte Antibiotika untersucht.

Proben wurde als positiv beurteilt, wenn nach Kultivierung auf mindestens einer Selektivplatte einer Selektivanreicherung verdächtige Kolonien gewachsen waren, die Lactose-negativ waren und mit dem omnivalenten Antiserum agglutinierten, und wenn das Referenzlabor die Zugehörigkeit von mindestens einem Isolat dieser Probe zur Gattung Salmonella bestätigen konnte. Dementsprechend wurden Proben als negativ eingestuft, wenn sich aus ihnen keine derartigen Kolonien anzüchten ließen.

3.2 Antibiotikaresistenz-Bestimmung

Alle serotypisierten Salmonella-Isolate wurden unter Anwendung des Agardiffusionstests¹ im Nationalen Referenzlabor für Salmonellen auf ihre Resistenz gegenüber folgenden antimikrobiell wirksamen Substanzen geprüft:

Ampicillin, Chloramphenicol, Gentamycin, Furazolidon, Kanamycin, Neomycin, Nalidixinsäure, Streptomycin, Sulfonamid, Sulfamethoxazol/Trimethoprim, Tetracyclin, Trimethoprim.

3.3 Lysotomie

Alle *S. Enteritidis*- und *S. Typhimurium*-Isolate wurden im Nationalen Referenzlabor für Salmonellen mit Hilfe der von Anderson (1977) bzw. Ward et al. (1987) entwickelten Lysotomiesysteme einem Phagentyp zugeordnet.

¹ gemäß DIN 58940, Teil 3

4 Ergebnisse

4.1 Methodik (siehe auch Anhang 1, Punkt D)

496 der 2704 untersuchten Poolproben wurden als Salmonella-positiv beurteilt. Um die Brauchbarkeit der verwandten Nährmedien vergleichen zu können, wurden deren Sensitivitäten (Definition: Anteil der richtig Positiven an den verifizierten Gesamt-Positiven) berechnet.

Tab. 9 gibt einen Überblick über die Sensitivitäten der verwendeten Selektivmedien in Beziehung zum untersuchten Probenmaterial. Bei der Berechnung der Sensitivitäten der flüssigen Anreicherungsmedien wurden die Ergebnisse des Labors D nicht berücksichtigt, da sie durch ihre Extremwerte (siehe **Anhang 1, Abb. 28**) den Mittelwert zu sehr beeinflusst hätten.

Die Sensitivität der Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle (TBG)-Anreicherung war im Mittel höher als die Sensitivität der Rappaport-Vassiliadis (RV)-Anreicherung (88,9% zu 80,3%), wobei der größte Unterschied bei den Kloakentupfern sichtbar wurde (87,2% zu 76,9%).

Die Sensitivität des Rambach-Agars war im Mittel höher, als die des Xylose-Lysin-Desoxycholat (XLD)-Agars (96,2% zu 91,3%), wobei sich der größte Unterschied bei der Untersuchung von Gazekotproben manifestierte (95,9% zu 80,4%).

Tab. 9: Sensitivitäten der zum Nachweis von Salmonellen verwendeten Selektivmedien in Abhängigkeit vom Probenmaterial

Probenmaterial	Anzahl positive Poolproben*	Sensitivität (%)		Anzahl positive Poolproben	Sensitivität (%)	
		TBG	RV		Rambach®	XLD
Gazekot	62	90,3	82,3	97	95,9	80,4
Kloakentupfer	39	87,2	76,9	50	98,0	98,0
Halshaut	315	88,9	80,3	349	96,3	95,4
Gesamt	416	88,9	80,3	496	96,2	91,3

* ohne Berücksichtigung der Ergebnisse des Labors D

Tab. 10 gibt einen Überblick über die Sensitivitäten der verwendeten Selektivmedien-Kombinationen in Beziehung zum untersuchten Probenmaterial. Bei der Berechnung der Sensitivitäten wurden die Ergebnisse des Labors D aus oben genanntem Grund nicht berücksichtigt.

Im Mittel erreichte die Kultivierung auf Rambach-Agar nach Anreicherung in TBG-Bouillon mit 83,9% die höchste Sensitivität, die Kombination RV/Rambach mit 78,6% die zweithöchste. Darauf folgten die Medienkombinationen TBG/XLD mit 76,2% und RV/XLD mit 74,0%. Unter Berücksichtigung des Probenmaterials wies die Kombination TBG/XLD bei den Gazekotproben mit 61,3% erhebliche Schwächen auf, erreichte aber bei den Kloakentupfern mit 79,5% die höchste Sensitivität. Die Kombination RV/XLD wies bei der Untersuchung von Kloakentupfern mit 64,1% mit Abstand die geringste Sensitivität auf. Die geringsten Unterschiede zwischen den verschiedenen Selektivmedien-Kombinationen ergaben sich bei der Untersuchung der Halshäute.

Tab. 10: Sensitivitäten der zum Nachweis von Salmonellen verwendeten Selektivmedien in Abhängigkeit vom Probenmaterial

Probenmaterial	Anzahl positive Poolproben*	Sensitivität (%)			
		TBG/Ramb.	TBG/XLD	RV/Ramb.	RV/XLD
Gazekot	62	90,3	61,3	82,3	67,7
Kloakentupfer	39	74,4	79,5	74,4	64,1
Halshaut	315	83,8	78,7	78,4	76,5
Gesamt	416	83,9	76,2	78,6	74,0

* ohne Berücksichtigung der Ergebnisse des Labors D

In den positiven Poolproben des Labors D, welches durch seine extrem niedrige Sensitivität des RV-Mediums auffällt, wurden zu 50% Salmonella Enteritidis nachgewiesen. Um einen möglichen Einfluss des vorkommenden Serovars beurteilen zu können, wurden die Sensitivitäten der Selektivanreicherungen zur Kultivierung von S. Enteritidis berechnet (**Tab. 11**).

Die Sensitivität der TBG-Anreicherung liegt in allen Laboren, in denen S. Enteritidis isoliert werden konnte, deutlich über der des RV-Mediums. Der extreme Unterschied zwischen den Laboren in Bezug auf die Sensitivität des RV-Mediums wird aber auch hier deutlich (7,5% zu 60% bzw. 76,9%).

Tab. 11 : Sensitivitäten der verwendeten Selektivanreicherungen zum Nachweis von S. Enteritidis in Abhängigkeit von den Untersuchungslaboren

Labor	Sensitivität (%)	
	TBG	RV
A	100,0	76,9
D	97,5	7,5
E	100,0	60,0

4.2 Salmonella-Prävalenzen

4.2.1 Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Betrieben (siehe auch **Anhang 2, Abb. 32 bis 38**)

4.2.1.1 Großbetriebe:

Die Anteile der Salmonella-positiven Großbetriebe in den beprobten Regionen unter Zugrundelegung der Ergebnisse der verschiedenen Probenarten zeigt die **Tab. 12**.

In durchschnittlich 40,7 % der untersuchten Großbetriebe fanden sich Salmonellen in den Gazekotproben. Zwischen den beprobten Regionen zeigten sich jedoch auch große Unterschiede. In den Regionen D und E wurden in über der Hälfte der großen Geflügelmastbestände Salmonellen gefunden, während in den Regionen A, B und C nur bei ca. 20 % bis 30 % der Großbetriebe Salmonellen in den Gazekotproben nachweisbar waren.

Die Untersuchung der Kloakentupfer ergab gesamt betrachtet 50 % Salmonella-positive Betriebe. Die Ergebnisse der Kloakentupferproben aus Region D sind allerdings nur unter Vorbehalt zu interpretieren, da die Kloakentupfer in diesem Schlachthof erst nach dem Brühen entnommen wurden. In Region E wurden aus Kloakentupferproben von zwei untersuchten Betrieben keine Salmonellen isoliert.

Mit Ausnahme von Region D wurden in Halshautproben aller beprobten Großbetriebe Salmonellen gefunden. Dadurch ergab sich nach Untersuchung der Halshäute ein durchschnittlicher Anteil von 95,8 % Salmonella-positiven Betrieben.

Tab. 12 : Salmonella-Prävalenzen in Proben vom Geflügel bezogen auf die untersuchten Großbetriebe

Region	Gazekot			Kloakentupfer			Halshaut		
	Betriebe	Salm.-pos.	%	Betriebe	Salm.-pos.	%	Betriebe	Salm.-pos.	%
A	12	4	33,3	7	4	57,1	7	7	100,0
B	10	2	20,0	5	3	60,0	5	5	100,0
B, korrigiert	2	0	0,0						
C	5	1	20,0	5	3	60,0	5	5	100,0
D	10	7	70,0	5	2	40,0	5	4	80,0
D, korrigiert	5	4	80,0						
E	3	2	66,7	2	0	0,0	2	2	100,0
Gesamt	40	16	40,0	24	12	50,0	24	23	95,8
Gesamt, korrig.	27	11	40,7						

Salm.-pos.= d.h. bei mindestens einer der 3 untersuchten Herden eines Betriebes konnten Salmonellen nachgewiesen werden

korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

Einen Überblick über die Anzahl Salmonella-positiver Herden pro Großbetrieb in den beprobten Regionen geben die **Tab. 13a-c**.

Aus **Tab. 13a** wird ersichtlich, dass auch in Salmonella-positiven Betrieben nur selten alle drei der untersuchten Herden Gazekot-positiv waren.

Die Untersuchung der Kloakentupfer brachte ein ähnliches Ergebnis. Nur bei einem Betrieb der Region A konnten aus Kloakentupferproben aller drei untersuchten Herden Salmonellen isoliert werden (siehe **Tab. 13b**).

Hingegen wurden bei der Untersuchung von Halshautproben mit Ausnahme von Region D in mindestens zwei der untersuchten Herden pro Großbetrieb Salmonellen nachgewiesen werden (siehe **Tab. 13c**).

Tab. 13a: Häufigkeiten Salmonella-positiver Broilerherden in den untersuchten Großbetrieben (Gazekotproben)

Anzahl Salm.-pos. Herden pro Betrieb	Region A	Region B	Region C	Region D	Region E
0 von 3	8	8	4	3	--
1 von 3	1	2	--	6	1
2 von 3	3	--	1	--	--
3 von 3	--	--	--	1	2
Anzahl unters. Betriebe	12	10	5	10	3

Salm.-pos. Herde = mindestens eine Poolprobe der Herde war Salmonella-positiv

Tab. 13b: Häufigkeiten Salmonella-positiver Broilerherden in den untersuchten Großbetrieben (Kloakentupfer)

Anzahl Salm.-pos. Herden pro Betrieb	Region A	Region B	Region C	Region D	Region E
0 von 3	3	2	2	3	1
1 von 3	1	2	3	2	--
2 von 3	2	1	--	--	--
3 von 3	1	--	--	--	--
Anzahl unters. Betriebe	7	5	5	5	1

Salm.-pos. Herde = mindestens eine Poolprobe der Herde war Salmonella-positiv

Tab. 13c: Häufigkeiten Salmonella-positiver Broilerherden in den untersuchten Großbetrieben (Halshäute)

Anzahl Salm.-pos. Herden pro Betrieb	Region A	Region B	Region C	Region D	Region E
0 von 3	--	--	--	1	--
1 von 3	--	--	--	3	--
2 von 3	2	1	4	1	1
3 von 3	5	4	1	--	--
Anzahl unters. Betriebe	7	5	5	5	1

Salm.-pos. Herde = mindestens eine Poolprobe der Herde war Salmonella-positiv

4.2.1.2 Kleinbetriebe:

Die Anteile der Salmonella-positiven Kleinbetriebe in Bezug auf die verschiedenen Probenarten und die beprobten Regionen zeigt die **Tab. 14**.

Bei ca. 30 % der beprobten Kleinbetriebe waren Salmonellen in den Gazekotproben und bei ca. 20 % der Betriebe in den Halshautproben nachweisbar. Die Ergebnisse der Kleinbetriebe der Regionen A, C und E weichen deutlich vom Mittelwert ab. In diesen Regionen standen allerdings auch nur wenige selbstschlachtende direktvermarktende Betriebe für eine Probenahme zur Verfügung.

Tab. 14: Salmonella-Prävalenzen in Proben vom Geflügel bezogen auf die untersuchten Kleinbetriebe

Region	Gazekot			Halshaut		
	Betriebe	Salm.-pos.	%	Betriebe	Salm.-pos.	%
A	2	1	50,0	2	0	0,0
B	10	3	30,0	10	3	30,0
B, korrig.	8	2	25,0	8	2	25,0
C	3	0	0,0	3	0	0,0
D	10	4	40,0	10	3	30,0
E	1	0	0,0	1	0	0,0
Gesamt	26	8	30,8	34	8	23,5
Gesamt, korrig.	24	7	29,2	24	5	20,8

Salm.-pos.= d.h. bei mindestens einer der untersuchten Herden eines Betriebes konnten Salmonellen nachgewiesen werden

korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Betrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

4.2.2 Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Herden (siehe auch **Anhang 2, Abb. 32 bis 38**)

4.2.1.1 *Großbetriebe:*

In jedem Großbetrieb wurden jeweils drei Herden aus unterschiedlichen Mastdurchgängen beprobt.

Die Anteile der Salmonella-positiven Herden aus Großbetrieben in bezug auf die verschiedenen Probenarten und die beprobten Regionen zeigt die **Tab. 15**.

In durchschnittlich 28,1 % der untersuchten Herden aus großen Geflügelmastbeständen fanden sich Salmonellen in den Gazekotproben. Auch bei der Auswertung auf Herdenbasis zeigten sich große regionale Unterschiede. In Betrieben der Regionen A, B und C waren aufgrund der Untersuchung von Gazekotproben deutlich weniger Herden als Salmonella-positiv einzustufen als in Betrieben der Regionen E und D.

Die Ergebnisse der Kloakentupfer-Untersuchungen zeichnen hingegen ein umgekehrtes Bild. In den Regionen D und E waren weniger Herden Salmonella-positiv als in den übrigen Regionen. Allerdings wurden in der Region E nur sehr wenige Herden beprobt und in der Region D die Kloaken erst nach dem Brühvorgang getupfert. Im Mittel wurden bei 24,3 % der Herden aus Großbetrieben Salmonellen aus Kloakentupfern isoliert.

Unter Berücksichtigung der Ergebnisse der Halshaut-Untersuchungen waren gesamt betrachtet 74,3 % der Herden als Salmonella-positiv einzustufen. Auch hier traten regionale Unterschiede auf: in der Region D waren 33,3 % und in der Region B 93,3% der Herden Salmonella-positiv.

Tab. 15: Salmonella-Prävalenzen in Proben vom Geflügel bezogen auf Herden aus den untersuchten Großbetrieben

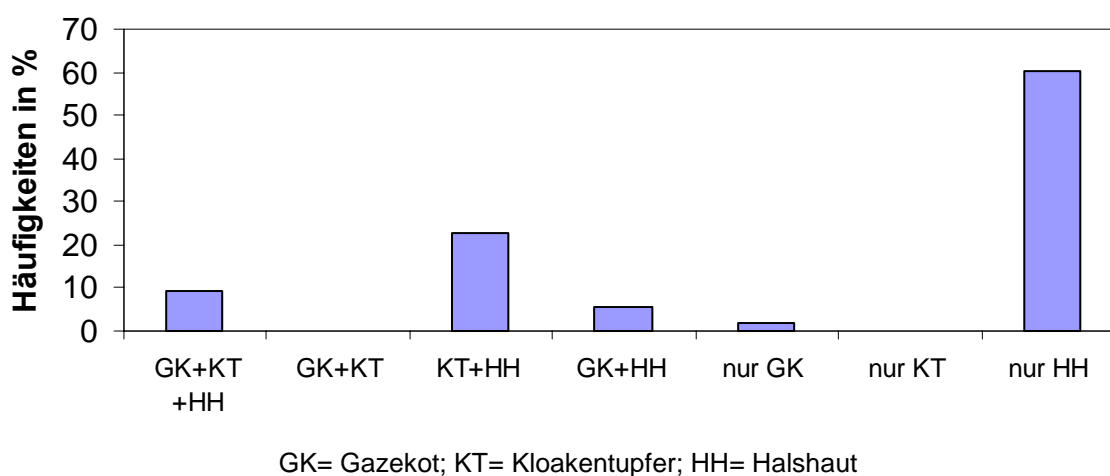
Region	Gazekot			Kloakentupfer			Halshaut		
	Herden	Salm.- pos.	%	Herden	Salm.- pos.	%	Herden	Salm.- pos.	%
A	36	7	19,4	21	8	38,1	21	19	90,5
B	30	2	6,7	15	4	26,7	15	14	93,3
B, korrig.	8	1	3,3						
C	15	2	13,3	15	3	20,0	15	11	73,3
D	30	9	30,0	15	2	13,3	15	5	33,3
D, korrig.	20	8	40,0						
E	10	7	70,0	4	0	0,0	4	3	75,0
Gesamt	121	27	22,3	70	17	24,3	70	52	74,3
Gesamt, korrig.	89	25	28,1						

korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

Einen Überblick über die Kombination der Ergebnisse in Gazekot-, Kloakentupfer- und Halshautproben bei Herden aus Großbetrieben zeigt die **Abb. 1** (siehe auch **Anhang 2, Tab. 39**). Sie verdeutlicht, dass nur bei wenigen untersuchten Herden alle drei Probenarten positiv

ausfielen. Gazekotproben waren insgesamt selten Salmonella-positiv. Vereinzelt wurden Salmonellen nur in den Gazekotproben einer Herde gefunden. Eine Kombination von ausschließlich Salmonella-positiven Gazekot- und Kloakentupferproben wurde bei keiner Herde festgestellt, eine Kombination aus positiven Befunden in Gazekot und Halshautproben trat nur selten auf. Ein Nachweis von Salmonellen ausschließlich in Kloakentupferproben wurde bei keiner untersuchten Herde beobachtet. Positive Befunde in den Kloakentupferproben waren immer mit Salmonellen-Nachweisen in den Halshäuten der geschlachteten Herden gekoppelt. Bei über 50 % der beprobten Herden aus Großbetrieben wurden allerdings nur in den Halshautproben Salmonellen gefunden.

Abb.1: Häufigkeit der Kombination positiver Untersuchungsergebnisse in den entnommenen Probenmaterialien bei Salmonella-positiven Herden aus Großbetrieben (n=53)*



* Herden, bei denen alle Probenmaterialien untersucht wurden, einschließlich der Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen entnommen wurden.

Die statistische Auswertung der Ergebnisse unter Anwendung des Exakten Tests nach Fisher zeigte weder in Bezug auf die Ergebnisse der Kloakentupfer Halshautproben noch auf die Ergebnisse der Halshautproben einen signifikanten Unterschied zwischen Gazekot-positiven und Gazekot-negativen Herden aus Großbetrieben auf ($p= 0,617$ bzw. $p=0,420$, siehe **Anhang 4, Punkt 1a u. 2a**). Zwischen Kloakentupfer-positiven und -negativen Herden war der Unterschied in Bezug auf die Ergebnisse der Halshautproben nur dann statistisch signifikant, wenn die Ergebnisse der Herden aus Region D miteinbezogen wurden ($p=0,004$, **Anhang 4 Punkt 3a**). Wurden diese, aufgrund der abweichenden Entnahmetechnik, nicht berücksichtigt, stieg der p-Wert auf 0,091. Auch regional betrachtet bestand in dieser Beziehung kein gesicherter Unterschied (p-Werte über 0,050).

4.2.1.2 Kleinbetriebe:

Die Anteile der Salmonella-positiven Herden aus Kleinbetrieben in Bezug auf die verschiedenen Probenarten und die beprobten Regionen zeigt die **Tab. 16**.

Bei durchschnittlich 14,5 % der beprobten Herden aus Kleinbetrieben waren Salmonellen in den Gazekotproben und bei 9,7 % der Herden in den Halshautproben nachweisbar. Die Ergebnisse der Regionen A, C und E weichen z. T. vom Mittelwert ab; in diesen Regionen wurden allerdings auch nur wenige Herden untersucht.

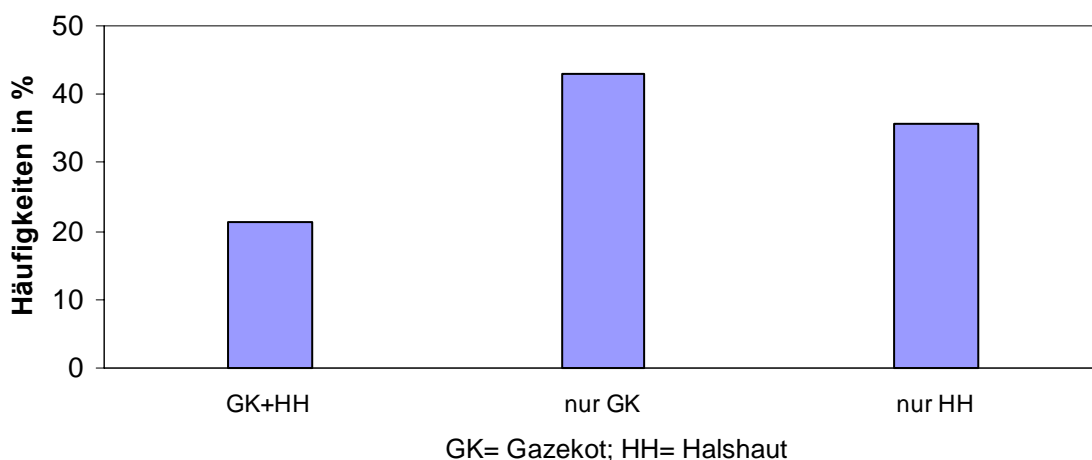
Tab. 16: Salmonella-Prävalenzen in Proben vom Geflügel bezogen auf Herden aus den untersuchten Kleinbetrieben

Region	Gazekot			Halshaut		
	Herden	Salm.-pos.	%	Herden	Salm.-pos.	%
A	6	1	16,7	6	0	0,0
B	28	4	14,3	28	4	14,3
B, korrig.	22	3	13,6	22	3	13,6
C	3	0	0,0	3	0	0,0
D	28	5	17,9	28	3	10,7
E	3	0	0,0	3	0	0,0
Gesamt	68	10	14,7	68	7	10,3
Gesamt, korrig.	62	9	14,5	62	6	9,7

korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden aus Betrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

Die **Abb. 2** gibt einen Überblick über die Kombination der Ergebnisse in Gazekot- und Halshautproben bei Herden aus Kleinbetrieben (**siehe auch Anhang 2, Tab. 40**). Die Daten der Kleinbetriebe, die aufgrund der geringen Anzahl Salmonella-positiver Herden nur eingeschränkt zu interpretieren sind, zeigen auf, dass ein positiver Gazekotbefund nur bei wenigen Herden mit einem positiven Halshautbefund gekoppelt war. Weiterhin wurde unter Anwendung des Exakten Tests nach Fisher in Bezug auf die Ergebnisse der Halshautproben kein signifikanter Unterschied zwischen Gazekot-positiven und Gazekot-negativen Herden festgestellt ($p=0,206$, **Anhang 4, Punkt 2a**).

Abb. 2: Häufigkeit der Kombination positiver Untersuchungsergebnisse in den entnommenen Probenmaterialien bei Salmonella-positiven Herden* aus Kleinbetrieben (n=14)

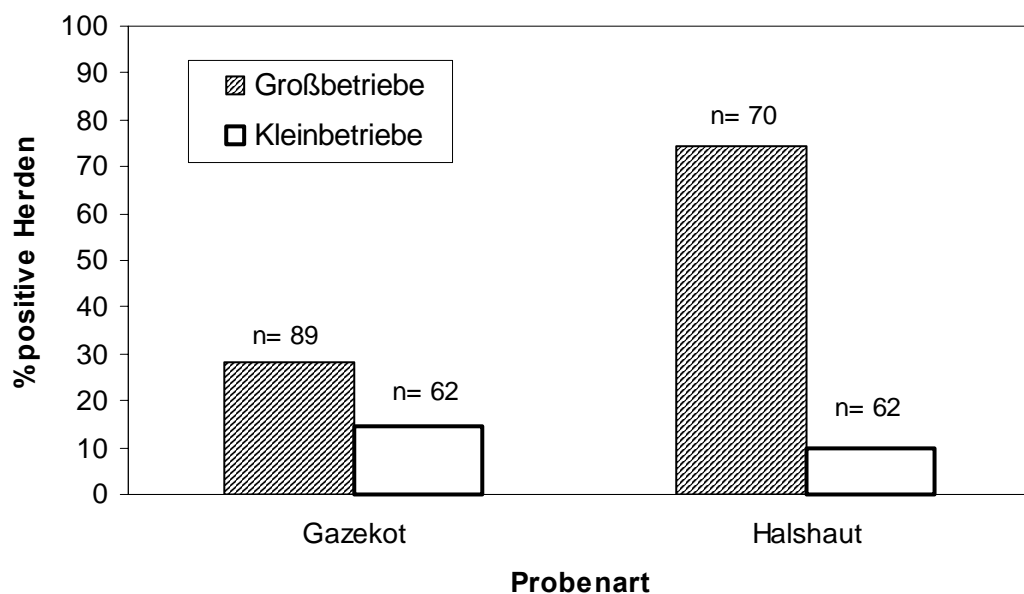


* einschließlich der Herden aus Betrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

4.2.1.3 Unterschiede zwischen Groß- und Kleinbetrieben:

Die **Abb. 3** soll den Unterschied der Ergebnisse von Gazekot- und Halshautuntersuchungen zwischen Herden aus Groß- und Kleinbetrieben grafisch veranschaulichen. Zur Klärung der Frage, ob zwischen dem Vorkommen von Salmonellen in Groß- und Kleinbetrieben ein statistisch gesicherter Unterschied besteht, wurden die Ergebnisse der Gazekot- bzw. Halshautuntersuchungen in Großbetrieben den Ergebnissen, die in Kleinbetrieben ermittelt wurden, gegenübergestellt. Unter Anwendung des χ^2 -Tests konnte in Bezug auf die Ergebnisse der Gazekotproben gesamt, jedoch nicht regional betrachtet, ein signifikanter Unterschied zwischen Herden aus Groß- und Kleinbetrieben abgesichert werden ($p=0,049$, **Anhang 4, Punkt 4**). Hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Halshautproben besteht gesamt betrachtet ($p=0,000$) und in den Regionen B ($p=0,000$), C ($p=0,017$) und A ($p=0,000$) ein statistisch signifikanter Unterschied zwischen den Ergebnissen der Herden aus Groß- und Kleinbetrieben (**Anhang 4, Punkt 5**).

Abb. 3: Salmonella-positive Herden aus kleinen und großen Geflügelmastbetrieben



4.2.2 Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Poolproben

4.2.2.1 Großbetriebe:

Die Anteile der Salmonella-positiven Poolproben aus Großbetrieben in Bezug auf die verschiedenen Probenarten und die beprobten Regionen zeigt die **Tab. 17**.

In durchschnittlich 16,5 % der untersuchten Poolproben aus großen Geflügelmastbeständen fanden sich Salmonellen in den Gazekotproben. In der Region E waren 50 % der untersuchten Gazekotproben Salmonella-positiv, in den Regionen A und C lagen die Anteile unter 10 %.

Die Kloakentupferproben aus Großbetrieben waren im Mittel zu 6 %, die Halshautproben zu 40,4 % Salmonella-positiv. Bei den Halshautproben zeigten sich wiederum große regionale Unterschiede. In den Regionen C, D und E lagen die Anteile mit Werten zwischen 13 % und

21 % deutlich unter dem Mittelwert, in den Regionen A und B mit 62 % bzw. 61 % deutlich darüber.

Tab. 17: Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Poolproben (Großbetriebe)

Region	Gazekot			Kloakentupfer			Halshaut		
	Poolpr.	Salm.- pos.	%	Poolpr.	Salm.- pos.	%	Poolpr.	Salm.- pos.	%
A	180	16	8,9	252	29	11,5	252	156	62
B	150	6	4,0	180	6	3,3	180	110	61
B, korrig.	40	5	12,5						
C	90	6	6,7	180	4	2,2	180	38	21
D	150	25	16,7	180	11	6,1	180	29	16
D, korrig.	100	24	24,0						
E	50	25	50,0	48	0	0,0	48	6	13
Gesamt	620	78	12,6	840	50	6,0	840	339	40,4
Gesamt, korrig.	460	76	16,5						

korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

Einen Überblick über die Salmonella-Prävalenzen in den Poolproben Salmonella-positiver Herden aus Großbetrieben der beprobten Regionen gibt **Tab. 18** (siehe auch **Anhang 2, Tab. 41 bis 43**). Darin sind die durchschnittlichen Anteile positiver Poolproben Salmonella-positiver Herden sowohl in Form des Mittelwertes als auch des Medians angegeben.

Bei den Ergebnissen der Gazekotproben fallen sowohl der hohe prozentuale Anteil Salmonella-positiver Herden in der Region E als auch der hohe Anteil positiver Poolproben in diesen Herden auf. Ansonsten liegt der Median zwischen 40 und 60 %. Die Ergebnisse der Kloakentupferproben zeigen große regionale Unterschiede. In der Region D wurden nur in Kloakentupferproben von zwei Herden Salmonellen gefunden, allerdings in fast der Hälfte der 12 untersuchten Poolproben. In den Regionen B und C waren in infizierten Herden nur wenige der untersuchten Kloakentupfer-Poolproben Salmonella-positiv. In den Herden der Region A wurden vergleichsweise häufig Salmonellen in den Kloakentupfern gefunden. Hier weichen der Mittelwert und der Median deutlich voneinander ab, was auf eine breite Streuung der prozentualen Anteile Salmonella-positiver Poolproben bei infizierten Herden dieser Region hindeutet.

Um die Ergebnisse der Halshautproben besser zu veranschaulichen, zeigt **Abb. 4** die Verteilung der ermittelten Daten in Form von Boxplots. Während in Region A der hohe Anteil Salmonella-positiver Herden mit einer hohen Prävalenz in diesen Herden korreliert (Median: 91,7 %), ist die Prävalenz in der Region B und vor allem in der Region C bei vergleichbarem Anteil positiver Herden deutlich geringer ausgeprägt (Median: 62,5 % bzw. 25 %). Die hohe Salmonella-Prävalenz in Halshautproben der Region A basiert vor allem auf den Ergebnissen der Herden, welche auf dem Schlachthof 3 geschlachtet wurden (**Tab. 19**). Diese Herden besaßen häufig auch positive Befunde in den Kloakentupferproben, jedoch nicht in den Gazekotproben. In der Region D wurden nur in Halshäuten von wenigen Herden Salmonellen gefunden, dann jedoch in etwa der Hälfte der untersuchten Poolproben. In der Region E wurden nur von sehr wenigen Herden Halshautproben untersucht.

Tab.18: Salmonella-Prävalenzen in Poolproben Salmonella-positiver Broilerherden aus Großbetrieben

Probenart		Region A	Region B		Region C	Region D		Region E
			unkorr.	korrig.		unkorr.	korrig.	
Gazekot	Anz. Salmonella-positive Herden	7 (19,4%)	2 (6,7%)	1 (3,3%)	2 (13,3%)	9 (30%)	8 (40%)	7 (70%)
	Anteil pos. Poolpr. in pos. Herden Mittelwert	45,7	71,4	--	60,0	60,0	60,0	55,5
	Median	40,0	60,0	--	60,0	40,0	50,0	80,0
Kloakentupfer	Anz. Salmonella-positive Herden	8 (38,1%)	4 (26,7%)		3 (20%)	2 (13,3%)		0 (0,0%)
	Anteil pos. Poolpr. in pos. Herden Mittelwert	30,2	12,5		11,1	45,8		--
	Median	16,7	12,5		8,3	45,3		--
Halshaut	Anz. Salmonella-positive Herden	19 (90,5%)	14 (93,3%)		11 (73,3%)	5 (33,3%)		3 (75%)
	Anteil pos. Poolpr. in pos. Herden Mittelwert	68,9	65,5		28,8	48,3		16,7
	Median	91,7	62,5		25,0	50,0		16,7

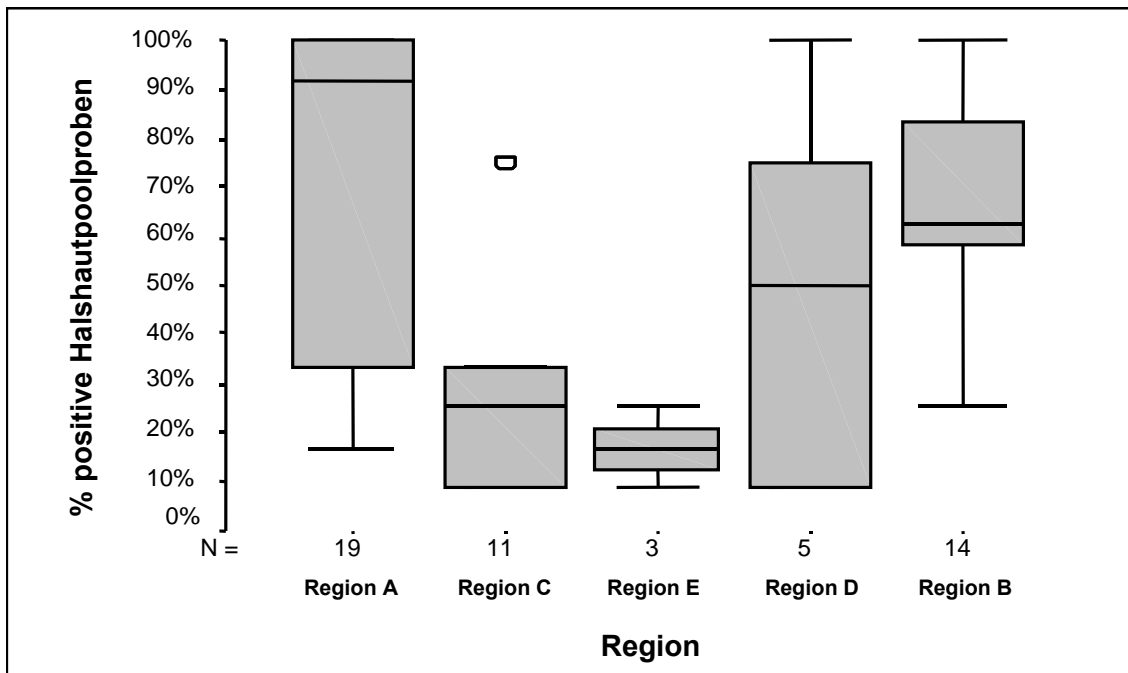
korrig.= korrigierte Daten, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

unkorr.= unkorrigierte, originäre Daten

Tab. 19: Salmonella-Prävalenzen in Proben vom Geflügel bezogen auf Herden und Poolproben aus den untersuchten Großbetrieben der Region A

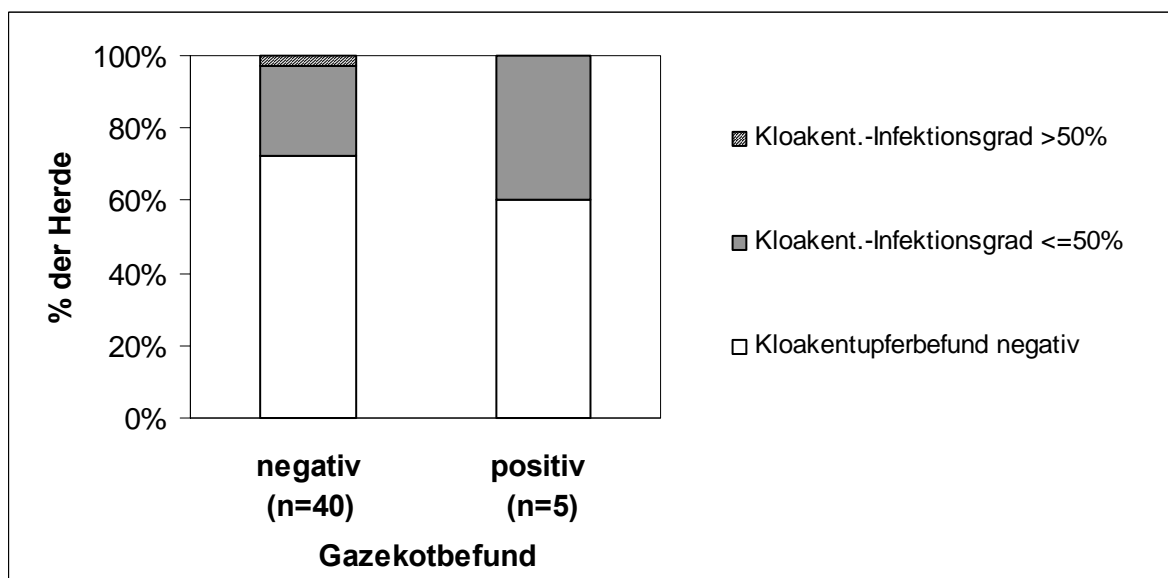
Probenart		Schlachthof 1	Schlachthof 2	Schlachthof 3
	Anzahl untersuchte Herden	6	6	9
Gazekot	Anz. Salmonella-positive Herden	1 (16,6%)	0 (0%)	0 (0%)
Kloakentupfer	Anz. Salmonella-positive Herden	1 (16,6%)	0 (0%)	7 (77,7%)
	Anz. Salmonella-positive Herden	5 (83,3%)	5 (83,3%)	9 (100%)
Halshaut	Anteil pos. Poolpr. in pos. Herden Mittelwert	25,0	44,4	99,1
	Median	29,2	41,7	100,0

Abb. 4: Salmonella-Prävalenzen in Halshautpoolproben Salmonella-positiver Broilerherden aus Großbetrieben



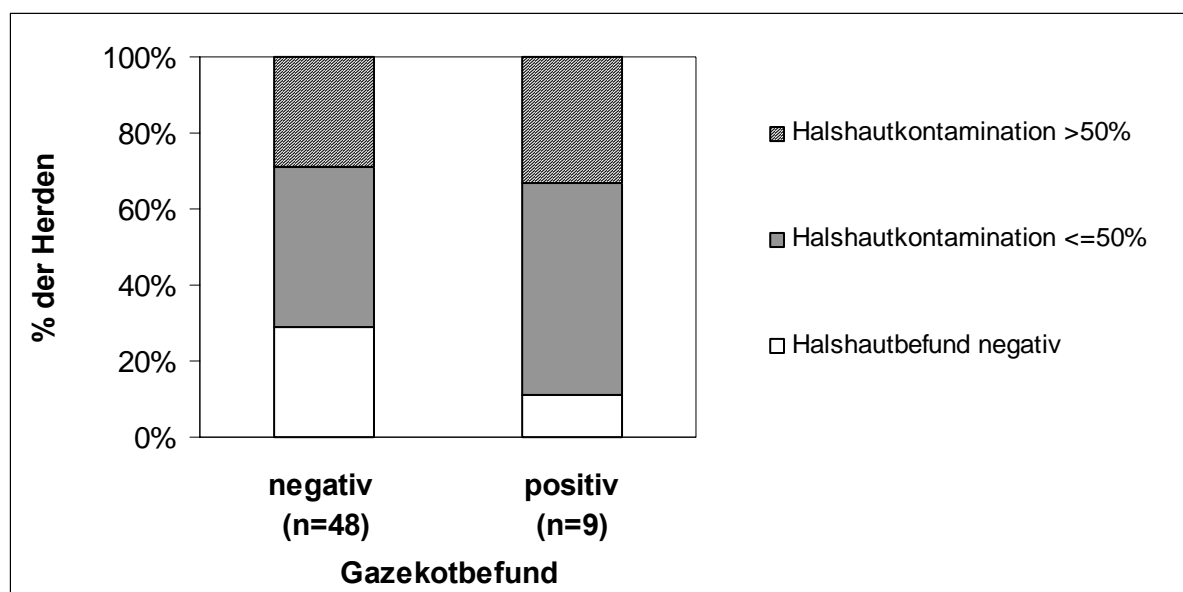
Wie die **Abb. 5 u. 6** zeigen sollen, hatte ein positiver Salmonellenbefund in den Gaze-
 koproben einer Herde keinen Einfluss auf das Ergebnis der Kloakentupferproben und nur einen
 geringen Einfluss auf die Ergebnisse der Halshautuntersuchungen (siehe auch **Anhang 4,**
Punkt 1b u. 2b). In Bezug auf den Anteil positiver Halshautpoolproben einer Herde, sowie
 den Grad der Halshautkontamination wurde hingegen ein deutlicher Unterschied zwischen
 Kloakentupfer-positiven und -negativen Herden beobachtet (**Abb. 7**), der sich mit dem χ^2 -
 Test und dem Mann-Whitney-Test auch statistisch absichern ließ ($p=0,000$; **Anhang 4,**
Punkt 3b)

Abb. 5: Infektionsgrad (Kloakentupfer) Gazekot-positiver und -negativer Broilerherden aus Großbetrieben*



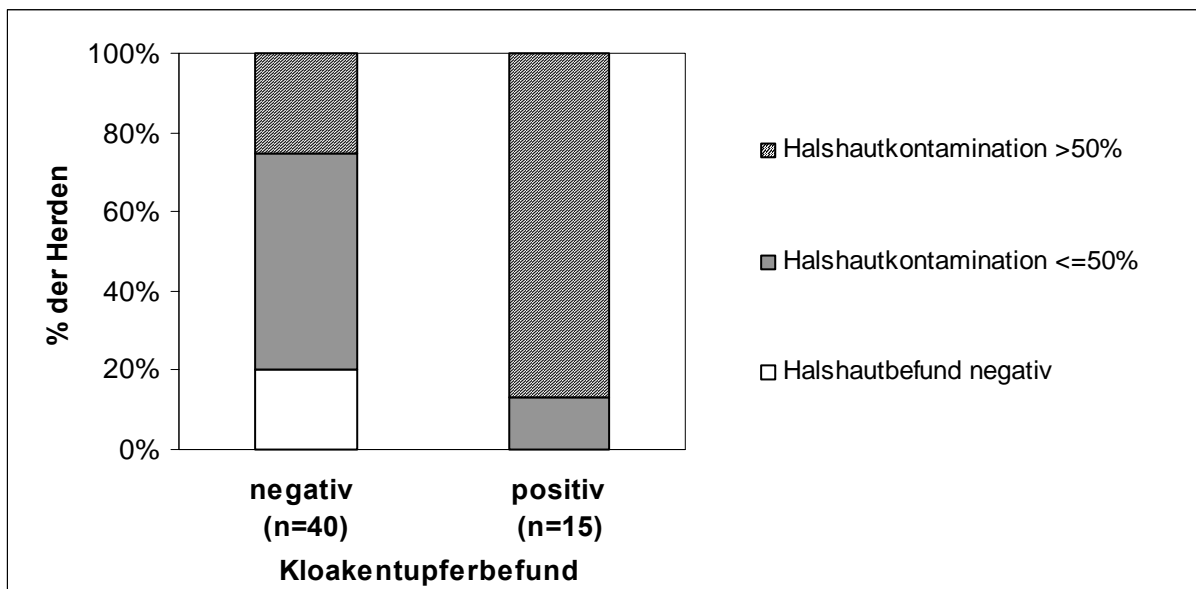
* ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden und ohne Berücksichtigung der Ergebnisse aus Region D (abweichende Entnahmetechnik!)

Abb. 6: Salmonella-Kontamination von Halshautproben Gazekot-positiver und -negativer Broilerherden aus Großbetrieben*



* ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

Abb. 7: Salmonella-Kontamination von Halshautproben Kloakentupfer-positiver und -negativer Broilerherden aus Großbetrieben*



* ohne Berücksichtigung der Ergebnisse aus Region D

4.2.2.2 Kleinbetriebe:

Die Anteile der Salmonella-positiven Poolproben aus Kleinbetrieben in Bezug auf die verschiedenen Probenarten und die beprobten Regionen zeigt die **Tab. 20**.

Bei durchschnittlich 9,6 % der untersuchten Gazekotproben und 7,7 % der Halshautproben aus Kleinbetrieben waren Salmonellen nachweisbar. Die Ergebnisse der Regionen A, C und E weichen z.T. vom Mittelwert ab, in diesen Regionen wurden allerdings auch nur wenige Herden untersucht.

Tab. 20: Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Poolproben (Kleinbetriebe)

Region	Gazekot			Halshaut		
	Poolpr.	Salm.- pos.	%	Poolpr.	Salm.- pos.	%
A	18	1	5,6	12	0	0,0
B	104	8	7,7	56	5	8,9
B, korrig.	78	8	10,3	50	5	10,0
C	12	0	0,0	6	0	0,0
D	128	10	7,8	56	5	8,9
D korrig.	84	10	11,9			
E	6	0	0,0	6	0	0,0
Gesamt	268	19	7,1	136	10	7,4
Gesamt,korrig.	198	19	9,6	130	10	7,7

korrig.= korrigierte Daten, d.h. es wurden nur 3 Gazekotpoolproben/Herde in die Auswertung mit eingeschlossen, zusätzlich wurden die Gazekot- und Halshautbefunde von Herden aus Betrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel pro Jahr lag, nicht berücksichtigt

4.3 Korrelation zwischen Betriebsmanagement und Salmonella-Nachweisrate

4.3.1 Einteilung der Mastbetriebe in Hygieneklassen und Korrelation zur Salmonella-Nachweisrate

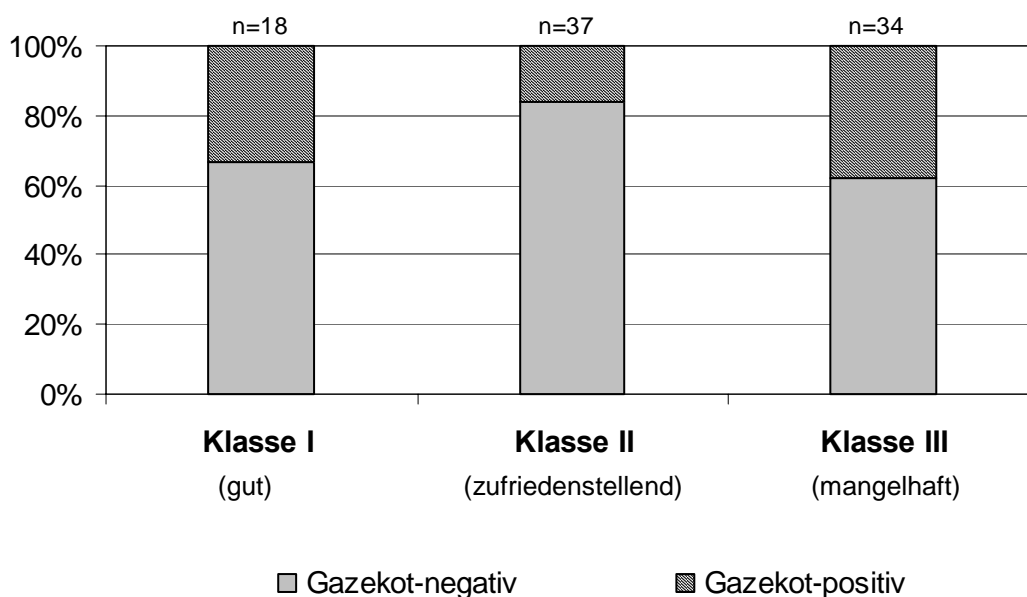
Um einen möglichen Zusammenhang zwischen dem allgemeinen Hygienemanagement der Betriebe und dem Salmonellen-Nachweis in den beprobten Herden aufzeigen zu können, wurden zunächst die Mastbetriebe gemäß dem Begehungsprotokoll über ein Punkteschema in verschiedene Hygieneklassen eingeteilt (**siehe Anhang 3, Punkt A bis C u. Tab. 44; Pellaz, 1996**). Anschließend wurden den Herden aus diesen Betrieben die Ergebnisse der Gazekotuntersuchungen gegenübergestellt. Herden aus Großbetrieben, in denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen gesammelt werden konnten, und Herden aus Kleinbetrieben, die vermutlich mehr als 10.000 Stück Schlachtgeflügel pro Jahr mästen, wurden von dieser Auswertung ausgeschlossen.

4.3.1.1 Großbetriebe:

Ein Unterschied in Bezug auf die Ergebnisse der Gazekotproben zwischen Herden aus Großbetrieben unterschiedlicher Hygieneklasse ließ sich mit dem χ^2 -Test statistisch nicht absichern ($p=0,102$; **Abb. 8**). Allerdings gelang der Nachweis von Salmonellen in allen drei untersuchten Herden nur in Betrieben mit mangelhaftem Hygienemanagement (**Abb. 9**).

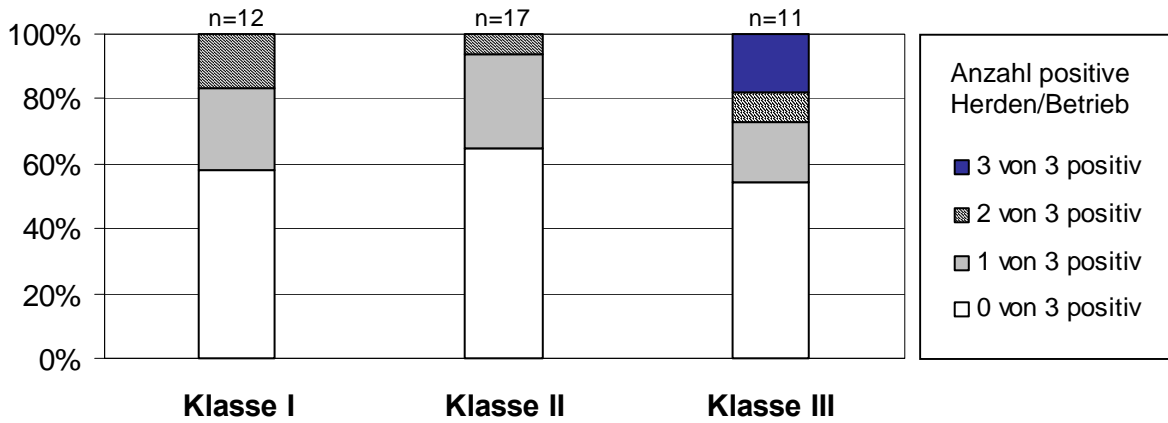
In den Regionen C und E erreichte kein Betrieb die Eingruppierung in die Hygieneklasse I (gut) (**Abb. 10 u. Anhang 3, Abb. 39**). Salmonellen wurden hier ausschließlich in Herden aus Großbetrieben mit mangelhaftem Hygienemanagement gefunden. Hingegen wurden in Region B Salmonellen ausschließlich in Gazekotproben von Herden aus Großbetrieben mit gutem Hygienemanagement nachgewiesen.

Abb. 8: Häufigkeiten Salmonella-positiver und –negativer Broilerherden* in Großbetrieben mit unterschiedlichem Hygienemanagement



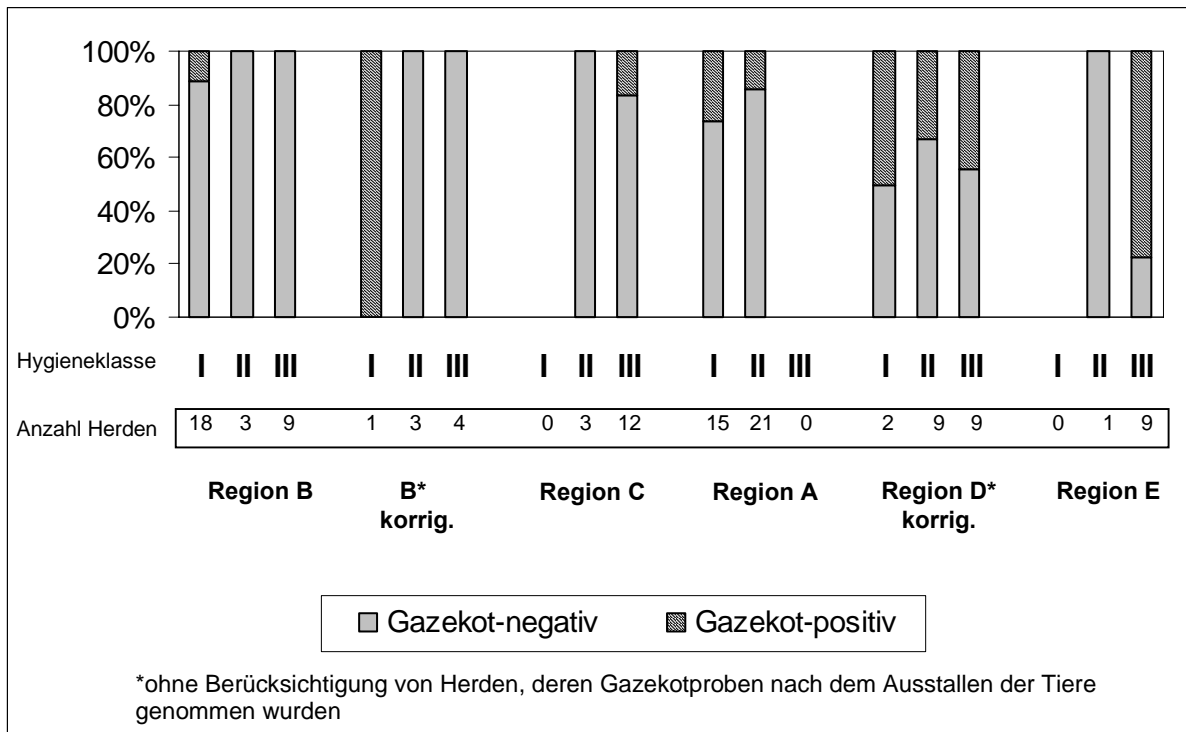
* ohne Berücksichtigung von Herden, deren Gazekotproben nach dem Ausstallen der Tiere genommen wurden

Abb. 9: Häufigkeiten Gazekot-positiver Broilerherden* in Großbetrieben unterschiedlicher Hygieneklassen



* einschließlich der Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

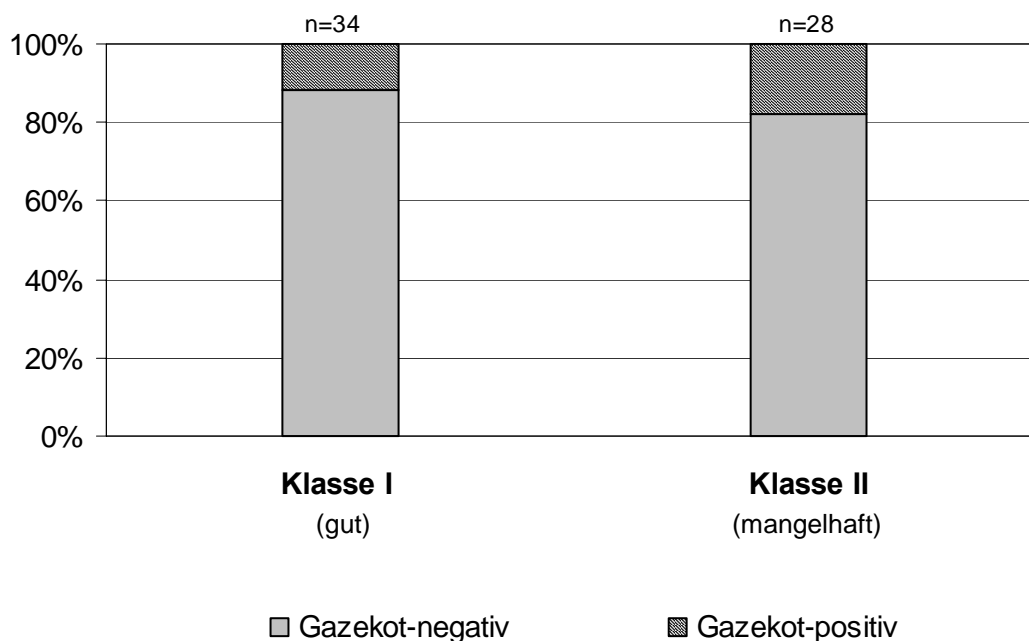
Abb. 10: Häufigkeiten Gazekot-positiver und -negativer Herden in Großbetrieben mit unterschiedlichem Hygienemanagement



4.3.1.2 Kleinbetriebe:

Bei Kleinbetrieben konnte im Hinblick auf die Befunde der Gazekotproben kein statistisch relevanter Unterschied zwischen Herden aus Betrieben mit einem guten und Herden aus Betrieben mit einem mangelhaften Hygienemanagement nachgewiesen werden (Exakter Test nach Fisher: $p=0,719$; **Abb. 11**, siehe auch **Anhang 3**, **Abb. 40**)

Abb. 11: Häufigkeiten Salmonella-positiver und –negativer Broilerherden* in Kleinbetrieben mit unterschiedlichem Hygienemanagement



*ohne Berücksichtigung von Herden aus Betrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

4.3.2 Häufigkeitsverteilungen einzelner Parameter und Korrelation zur Salmonella-Nachweisrate

Obwohl das allgemeine Hygienemanagement in den beprobten Betrieben scheinbar keinen großen Einfluss auf den Nachweis von Salmonellen gehabt hat, sollte mit Hilfe des Chi-Quadrat- bzw. des Exakten Tests nach Fisher geprüft werden, ob bestimmte Haltungs- oder Schlachtbedingungen einen Effekt auf die Häufigkeit des Salmonellen-Nachweises in den Gazekot- bzw. Halshautproben hatten. Bei einem signifikanten Unterschied wurde, wenn möglich, das relative Risiko als Maß für den Unterschied berechnet. Der Rückschluss auf die Grundgesamtheit wird durch die Angabe des 95% Konfidenzintervalls des relativen Risikos ermöglicht.

Da sich die Haltungsbedingungen aus vielen Einzelfaktoren zusammensetzen, die sich gegenseitig beeinflussen können, müssen die errechneten Signifikanzen allerdings mit äußerster Vorsicht interpretiert werden.

4.3.2.1 Management-Parameter im Mastbetrieb:

Bei einzelnen erfragten Daten zum Betriebs-Management ergaben sich aufgrund statistischer Berechnungen folgende Unterschiede (**Tab. 21 u. Anhang 4, Punkt 6**)

- Bei Herden aus Kleinbetrieben, in denen noch andere Geflügelarten gehalten wurden, waren signifikant häufiger Salmonellen im Gaze Kot nachweisbar, als bei Herden aus Betrieben ohne weitere Geflügelhaltung.
- Bei Herden aus Großbetrieben, die eine Schädlingsbekämpfung durchführten, waren signifikant häufiger Salmonellen im Gaze Kot nachweisbar als bei Herden aus Betrieben ohne Schädlingsbekämpfung.
- Bei Herden aus Großbetrieben, in denen noch andere Tierarten gehalten wurden, waren seltener Salmonellen im Gaze Kot nachweisbar, als bei Herden aus Betrieben ohne weitere Tierhaltung.
- Herden aus Großbetrieben, bei denen die Entfernung zum nächsten Hühnerbestand weniger als 1000m betrug, wiesen eine signifikant höhere Salmonella-Prävalenz im Gaze Kot auf als Herden aus Betrieben mit einer größeren Entfernung zum nächsten Hühnerbestand.

Herden aus Großbetrieben, die noch andere Geflügelarten auf dem Hof hielten, wiesen tendenziell eine höhere Salmonella-Prävalenz auf, als Herden ohne weitere Geflügelhaltung. Dieser Unterschied konnte aber nicht statistisch abgesichert werden.

Folgende Management-Parameter hatten offenbar keinen signifikanten Einfluss auf die Gaze Kotbefunde:

Baujahr der Stallungen, Tierzahl, andere Tierarten auf dem Hof (Kleinbetriebe), Haltung von Schweinen, Rindern/Kühen auf dem Hof, Herkunft des Tränke wassers, Begasung und Schädlingsbekämpfung (Kleinbetriebe).

Tab. 21: Übersicht über die Ergebnisse der statistischen Signifikanzprüfung

Einfluss ausgewählter Betriebsstrukturen auf die Häufigkeit des Salmonellennachweises in den Gaze Kotpoolproben	p-Wert	Relatives Risiko	95% Konfidenzintervall des relativen Risikos
Statistisch signifikant erscheinende Faktoren:			
anderes Geflügel auf dem Hof (Kleinbetriebe)	0,005	nicht berechenbar	nicht berechenbar
Schädlingsbekämpfung durchgeführt (Großbetriebe)	0,009	2,7	1,28 – 5,73
andere Tierarten auf dem Hof (Großbetriebe)	0,014	2,25	1,17 - 4,34
Entfernung zum nächsten Hühnerbestand <1000 m (Großbetriebe)	0,038	2,36	1,05 – 5,30
Tendenzen:			
anderes Geflügel auf dem Hof (Großbetriebe, alle Regionen)	0,065	2,89	1,08 – 7,73
Statistisch nicht signifikant erscheinende Faktoren:			
Baujahr der Stallungen(Großbetriebe)	0,812		
Baujahr der Stallungen (Kleinbetriebe)	0,733		

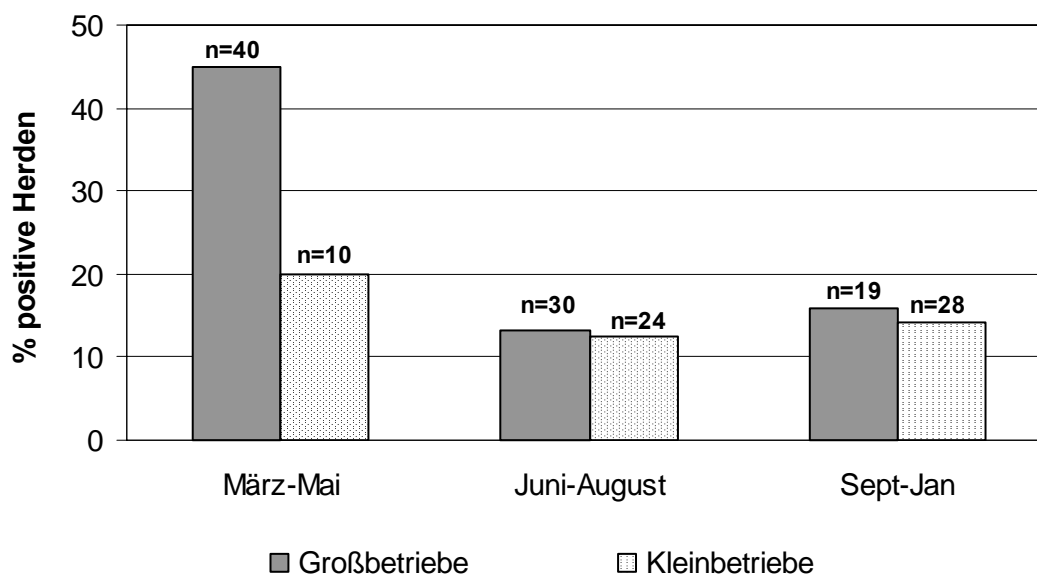
Tierzahl (Großbetrieben)	0,558
Tierzahl (Kleinbetriebe)	0,735
Herkunft des Tränkewassers (Großbetriebe)	0,519
Herkunft des Tränkewassers (Kleinbetriebe)	1,000
andere Tierarten auf dem Hof (Kleinbetriebe)	0,581
Haltung von Schweinen auf dem Hof (Großbetriebe)	0,361
Haltung von Schweinen auf dem Hof (Kleinbetriebe)	0,733
Haltung von Rindern/Kühen auf dem Hof (Großbetriebe)	0,527
Haltung von Rindern/Kühen auf dem Hof (Kleinbetriebe)	1,000
Entfernung zum nächsten Hühnerbestand < bzw. >=1000 m (Kleinbetriebe)	0,465
Begasung der Stallungen durchgeführt (Großbetriebe)	0,398
Begasung der Stallungen durchgeführt (Kleinbetriebe)	1,000
Schädlingsbekämpfung durchgeführt (Kleinbetriebe)	1,000

4.3.2.2 Andere Parameter:

Weiterhin sollte geprüft werden, ob neben Parametern zum Hygienemanagement eines Betriebes auch andere Faktoren wie die Jahreszeit oder der Schlachtzeitpunkt einen Einfluss auf das Vorkommen von Salmonellen im Gaze Kot bzw. auf den Halshäuten hatte.

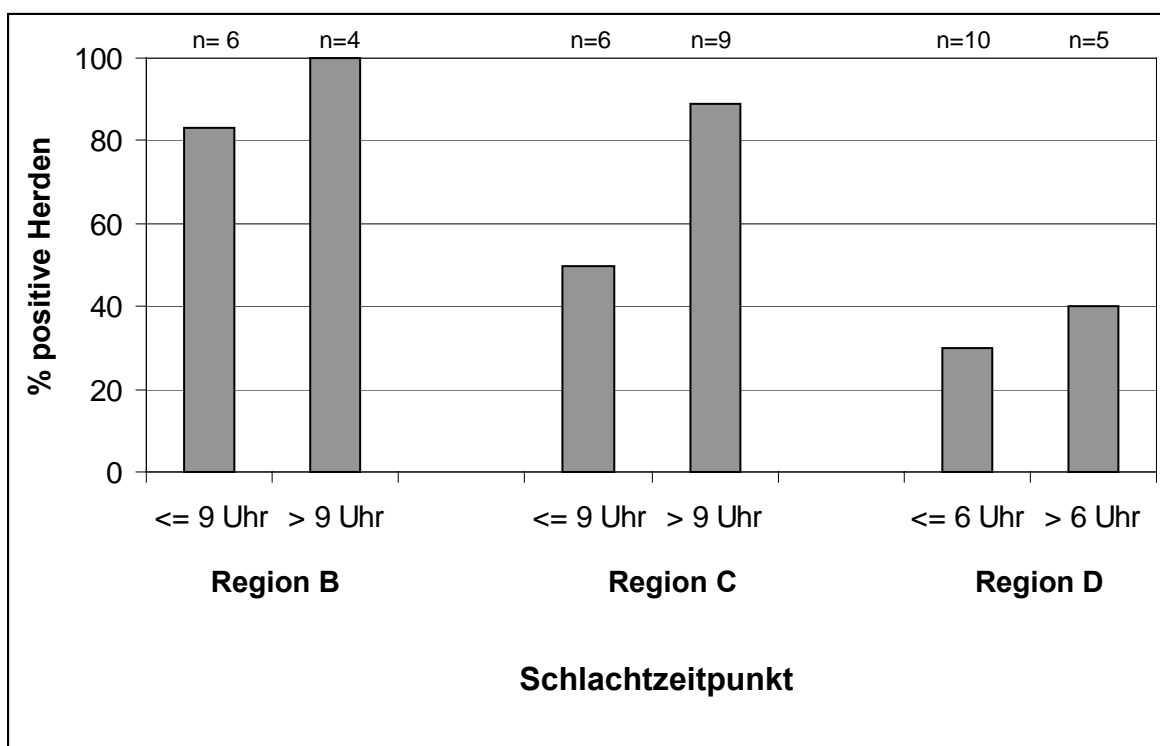
In Herden aus Großbetrieben, die im Frühjahr beprobt wurden, war eine höhere Salmonella-Prävalenz nachweisbar, als in Herden, die im Sommer oder Herbst/Winter beprobt wurden (χ^2 -Test: $p=0,002$). Dagegen war bei Herden aus Kleinbetrieben kein Einfluss der Jahreszeit nachweisbar (**Abb. 12 u. Anhang 4, Punkt 7**)

Abb. 12: Häufigkeiten Gaze Kot-positiver Herden in ausgewählten Groß- und Kleinbetrieben* in Abhängigkeit von der Jahreszeit



Zur Auswertung des Einflusses des Schlachtzeitpunktes bei Herden aus Großbetrieben auf die Halshautbefunde standen lediglich Daten aus den Regionen B, C und D zur Verfügung. Ein Einfluss des Schlachtzeitpunktes konnte weder mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher noch mit dem Mann-Whitney-Test nachgewiesen werden. (**Abb. 13 u. Anhang 4, Punkt 8**)

Abb. 13: Häufigkeiten von Herden aus Großbetrieben mit einem positiven Halshautbefund in Abhängigkeit vom Zeitpunkt der Schlachtung



4.4 Salmonella-Serovare

Aus den 496 positiven Poolproben wurden insgesamt 1444 Salmonella-verdächtige Isolate gewonnen. Ein Isolat von jeder positiven Poolprobe, bevorzugt aus der Anreicherungskombination TBG/Rambach®-Agar, wurde im Salmonella-Referenzlabor serotypisiert. **Tab. 22** gibt einen Überblick über die Anzahlen serotypisierter Stämme aus den einzelnen Regionen.

Tab. 22 : Anzahl serotypisierter Salmonella-Isolate vom Geflügel

Region	Großbetriebe				Kleinbetriebe		
	Gazekot	Kloakent.	Halsh.	Summe	Gazekot	Halsh.	Summe
A	16	29	156	201	1	0	1
B	6	6	110	122	8	5	18
C	6	4	38	48	0	0	0
D	25	11	29	65	10	5	20
E	25	0	6	31	0	0	0
Gesamt	78	50	339	467	19	10	39

4.4.1 Salmonella-Serovare in Proben vom Geflügel (alle Regionen)

4.4.1.1 Salmonella-Serovare aus Großbetrieben:

In den **Abb.14a-c** sind die Verteilungen der Salmonella-Serovare wiedergegeben, welche in den genannten Probenmaterialien aller untersuchten Broilerherden vorkamen. Mehrfachisolate gleicher Serovare einer Herde sind dabei nicht berücksichtigt, um eine durch die hohe Salmonella-Prävalenz in den Poolproben einiger Herden bedingte Überrepräsentation bestimmter Serovare zu vermeiden.

In Gazekotproben großer Geflügelmastbetriebe wurden am häufigsten *S. Enteritidis* (PT 4), *S. Paratyphi B* (d-Tartrat-positiv) und *S. Mbandaka* gefunden, wobei alle *Paratyphi B*-Stämme aus dem gleichen Geflügelmastbetrieb in der Region E stammen.

In den Kloakentupferproben dominierten die Serovare *S. Agona* und *S. Enteritidis* (PT4), dicht gefolgt von *S. Mbandaka* und *S. Typhimurium*.

In Halshautproben großer Geflügelschlachthanlagen wurden am häufigsten *S. Typhimurium*, *S. Blockley* und *S. Mbandaka* gefolgt von *S. Enteritidis*, *S. Infantis* und *S. Agona* nachgewiesen.

Abb. 14a: Salmonella-Serovare isoliert aus Gazekotproben von Broilerherden deutscher Großbetriebe (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

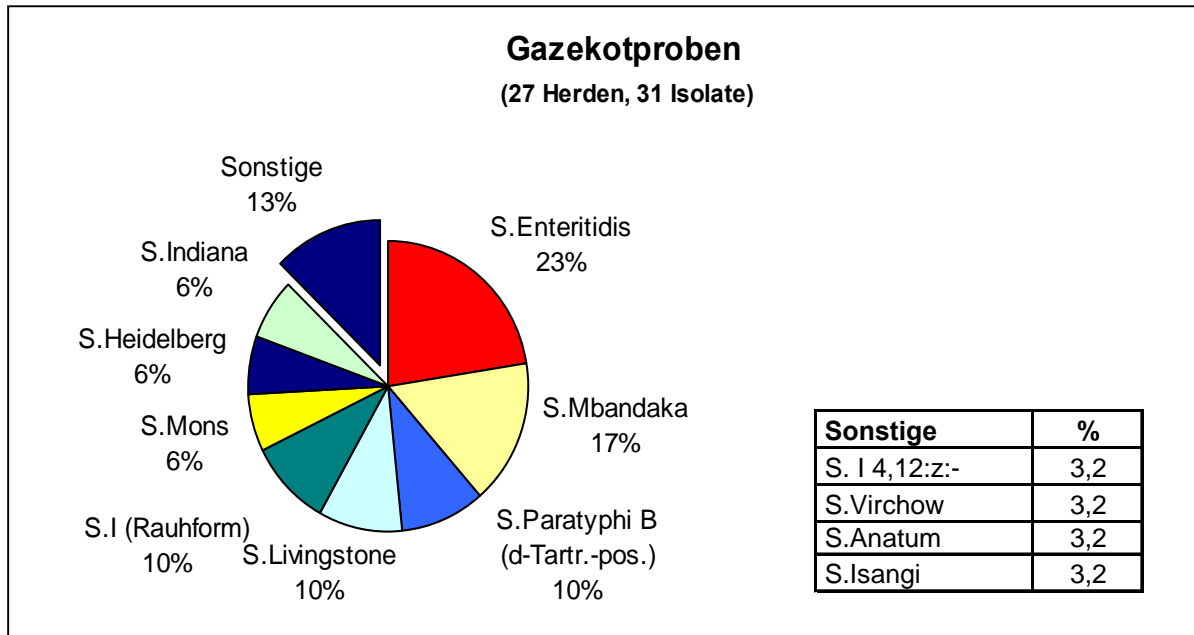


Abb. 14b: Salmonella-Serovare isoliert aus Kloakentupferproben von Broilerherden deutscher Großbetriebe (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

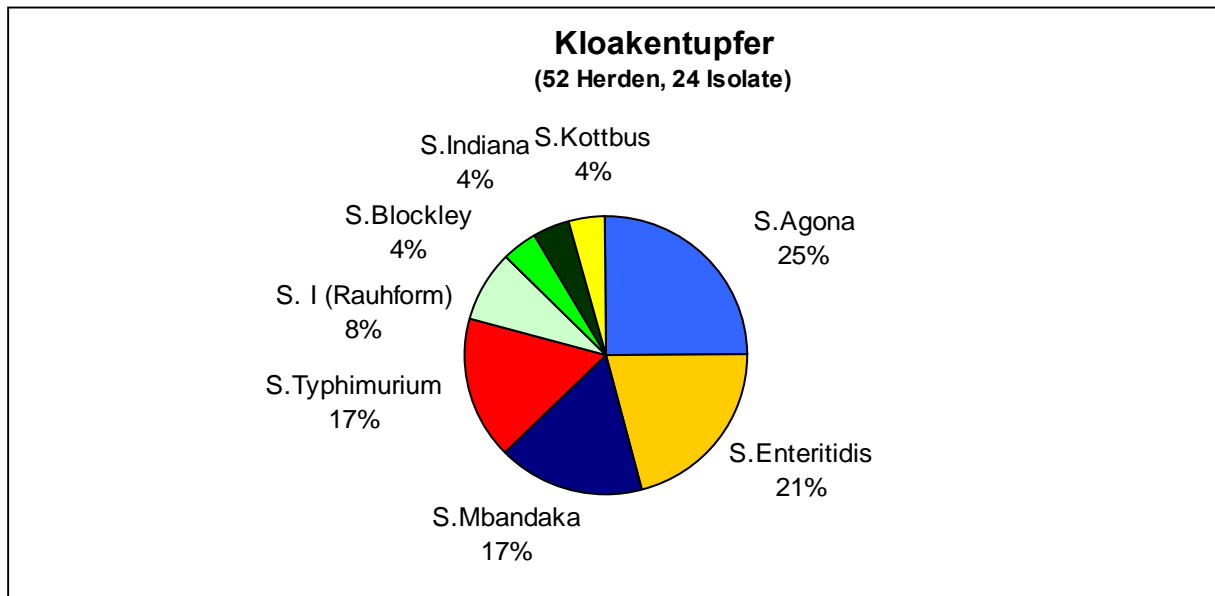
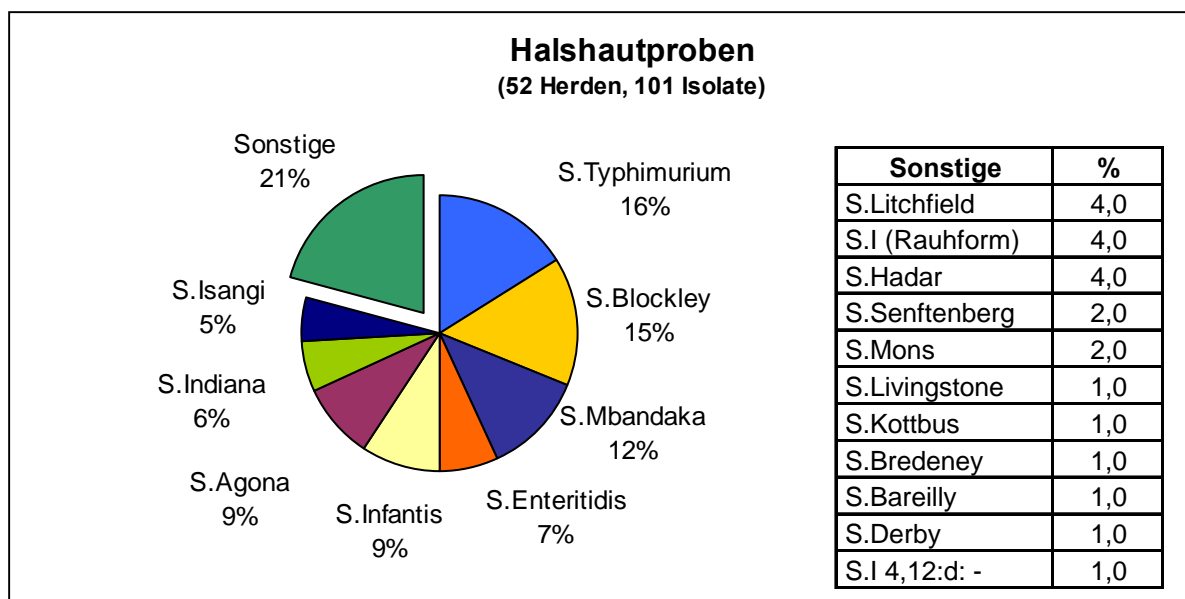


Abb. 14c: Salmonella-Serovare isoliert aus Halshautproben von Broilerherden deutscher Großbetriebe (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)



4.4.1.2 Salmonella-Serovare aus Kleinbetrieben:

In Gaze- und Halshautproben von Broilerherden aus Kleinbetrieben wurde überwiegend S. Enteritidis (PT 4) nachgewiesen (**Abb. 15 a+b**).

Abb. 15a: Salmonella-Serovare isoliert aus Gaze- und Halshautproben von Broilerherden deutscher Kleinbetriebe (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

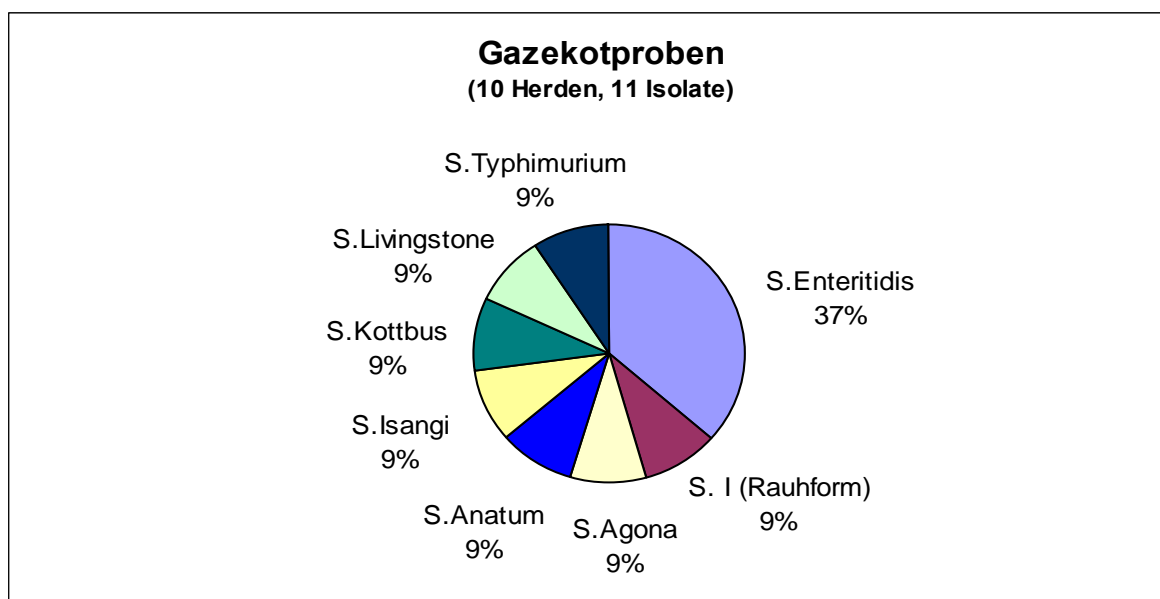
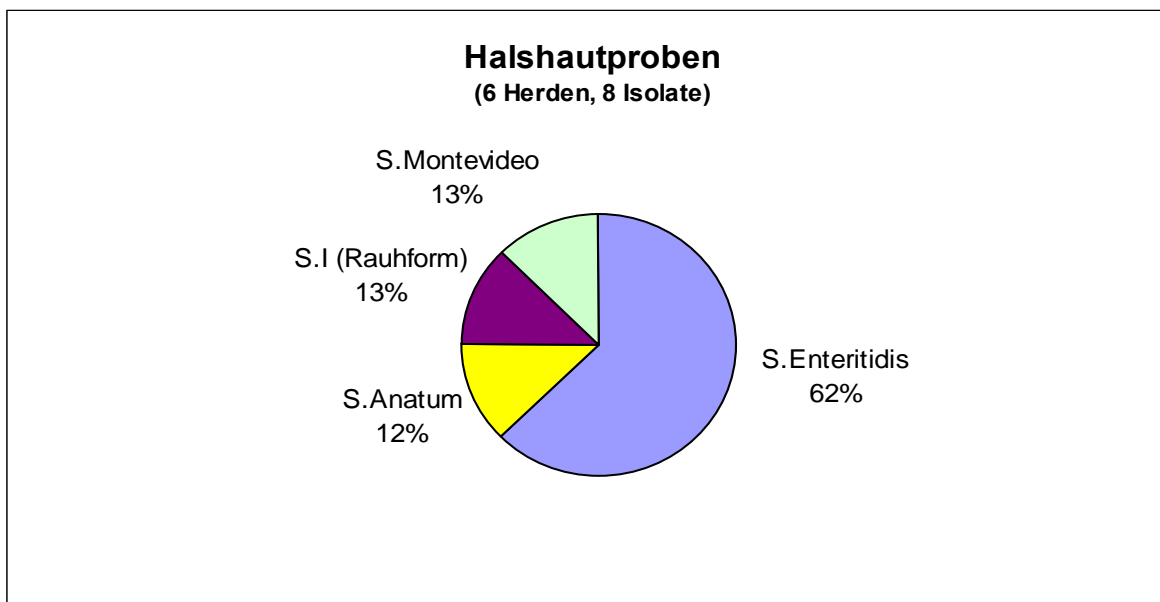


Abb. 15b: Salmonella-Serovare isoliert aus Halshautproben von Broilerherden deutscher Kleinbetriebe (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)



4.4.2 Salmonella-Serovare in Proben vom Geflügel aufgeschlüsselt nach Regionen (unter Berücksichtigung von Mehrfachisolaten)

Hinsichtlich der Serovarverteilung der aus Groß- und Kleinbetrieben isolierten Salmonella-Stämme wurde zwischen den beprobten Regionen ein großer Unterschied festgestellt. Deshalb sind die Serotypen aller differenzierten Isolate zusätzlich bezogen auf die regionale Herkunft dargestellt. Da in der Region A drei große Geflügelschlachtbetriebe untersucht wurden, sind deren Halshaut-Ergebnisse auch noch nach den einzelnen Schlachthöfen aufgeschlüsselt (**Abb. 16 bis 21**).

4.4.2.1 Salmonella-Serovare in Geflügelproben der Region A (Abb. 16 u. 17):

In Gazekotproben von Großbetrieben der Region A wurden etwa gleich häufig S. Livingstone und S. Subgenus I (4,12:z:-) gefunden. Außerdem wurden S. Mons, S. Enteritidis (PT 4) und S. Mbandaka nachgewiesen. Aus Kloakentupferproben wurden überwiegend S. Agona und S. Blockley, seltener S. Typhimurium und S. Enteritidis (PT 4) isoliert. In Halshautproben aus großen Geflügelschlachtbetrieben wurde sehr häufig S. Agona und zu einem geringen Prozentsatz auch S. Blockley, S. Indiana und S. Infantis gefunden. S. Enteritidis ließ sich in diesen Proben nur selten nachweisen. Wie aus der **Abb. 20** ersichtlich ist, dominierte in jedem der drei untersuchten Schlachthöfe ein anderes Serovar. Aus Proben des ersten Betriebes wurden überwiegend S. Infantis, des zweiten Betriebes S. Blockley und des dritten Betriebes S. Agona isoliert.

In der positiven Gazekotprobe eines Kleinbetriebes der Region A wurde S. Livingstone gefunden.

4.4.2.2 *Salmonella*-Serovare in Geflügelproben der Region B (**Abb. 18**):

In Gazekotproben von Groß- und Kleinbetriebe der Region B wurde überwiegend *S. Enteritidis* (PT 4) gefunden. Vereinzelt wurden auch *S. Anatum* und *S. Isangi* isoliert. Jeweils zwei Isolate aus Kloakentupferproben wurden als *S. Typhimurium* (DT 177) und *S. Enteritidis* (PT 4) differenziert, wobei die S.E.-Isolate aus Proben der gleichen Herde stammen. Zwei Isolate gehören zum Subgenus I, ließen sich jedoch nicht weiter differenzieren (Rauhform). In den Halshautproben des großen Geflügelschlachtbetriebes kamen überwiegend *S. Typhimurium* und zu einem geringen Prozentsatz auch *S. Blockley* sowie *S. Isangi* vor. *S. Enteritidis* (PT 4) ließ sich in diesen Proben nicht nachweisen.

Drei der fünf Isolate aus Halshautproben von Kleinbetrieben der Region B wurden hingegen als *S. Enteritidis* (PT 4) bestimmt. *S. Anatum* wurde in einer Halshautprobe eines Kleinbetriebes gefunden, bei dem das gleiche Serovar auch im Gazekot vorkam.

4.4.2.3 *Salmonella*-Serovare in Geflügelproben der Region C (**Abb. 19**):

In Kotproben aus großen Geflügelmastbeständen der Region C wurde ausschließlich *S. Mbandaka* nachgewiesen. Auch in den Halshautproben des großen Geflügelschlachtbetriebes wurden überwiegend *S. Mbandaka* und nur vereinzelt *S. Blockley* sowie *S. Infantis* gefunden.

Aus Proben der Kleinbetriebe der Region C ließen sich keine Salmonellen isolieren.

4.4.2.4 *Salmonella*-Serovare in Geflügelproben der Region D (**Abb. 21**):

In Gazekotproben von Groß- und Kleinbetrieben der Region D wurde häufig *S. Enteritidis* (PT 4) gefunden. In Großbetrieben wurden darüber hinaus auch *S. Indiana*, *S. Heidelberg* und Salmonellen, die in ihrer Rauhform vorlagen und deshalb nicht zu typisieren waren, isoliert. In Kleinbetrieben fanden sich neben S.E. und nicht typisierbaren Salmonellen (Rauhform) vereinzelt auch *S. Agona* und *S. Typhimurium*. In Kloakentupfer- und Halshautproben von Herden aus Großbetrieben der Region D sowie Halshautproben aus Kleinbetrieben wurden neben Rauhformen überwiegend *S. Enteritidis* nachgewiesen.

4.4.2.5 *Salmonella*-Serovare in Geflügelproben der Region E (**Abb. 20**):

Das häufige Auftreten von *S. Paratyphi* B (d-Tartrat +)¹ in einem großen Geflügelmastbestand der Region E bei der ansonsten geringen Anzahl untersuchter Betriebe ist die Ursache für die dominante Position dieses Serovars in den Gazekotproben der Region E. In Gazekotproben eines zweiten Mastbetriebes wurde ausschließlich *S. Mbandaka* gefunden. Aus Kloakentupferproben wurden keine Salmonellen isoliert. In Halshautproben der in Großbetrieben der Region E gemästeten Broilerherden kamen *S. Mbandaka*, *S. Derby* und *S. Blockley* vor, wobei ein Teil der untersuchten Herden auch in Region C geschlachtet wurde.

Aus Proben des Kleinbetriebes der Region E ließen sich keine Salmonellen isolieren.

¹ Früher *S. Java*

Abb. 16: Salmonella-Serovare in Proben aus Geflügelmast- und schlachtbetrieben der Region A (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

Großbetriebe

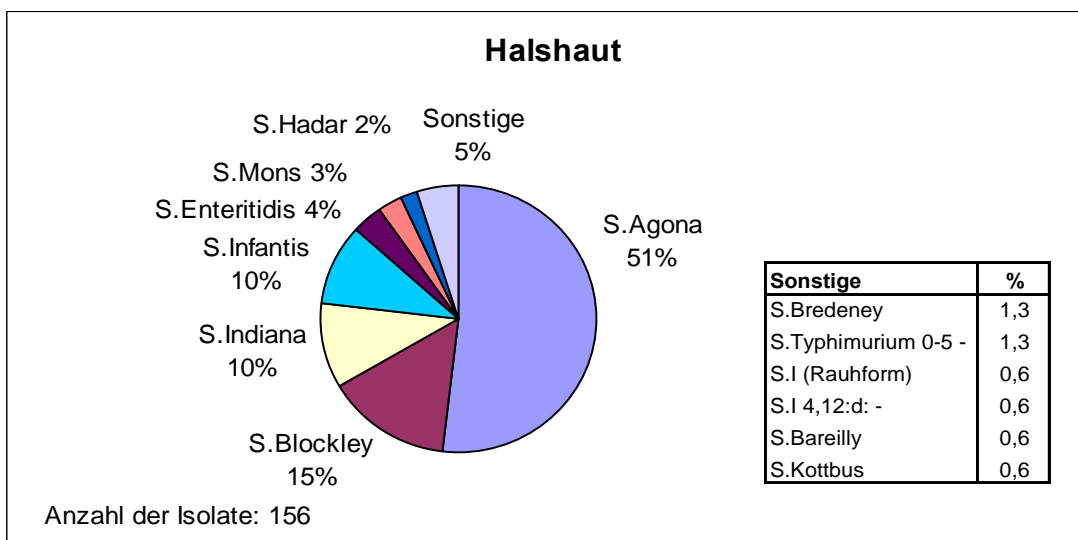
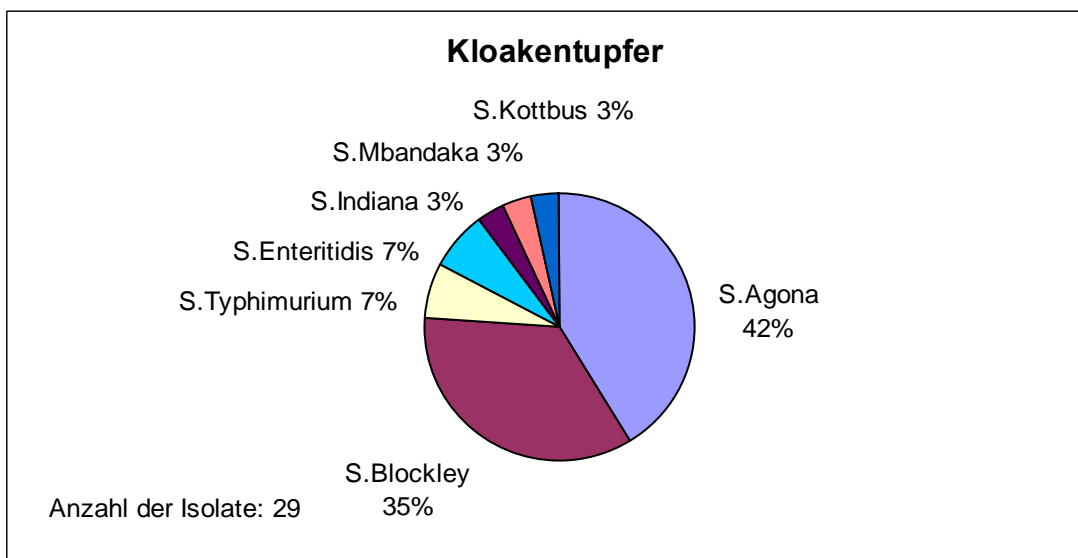
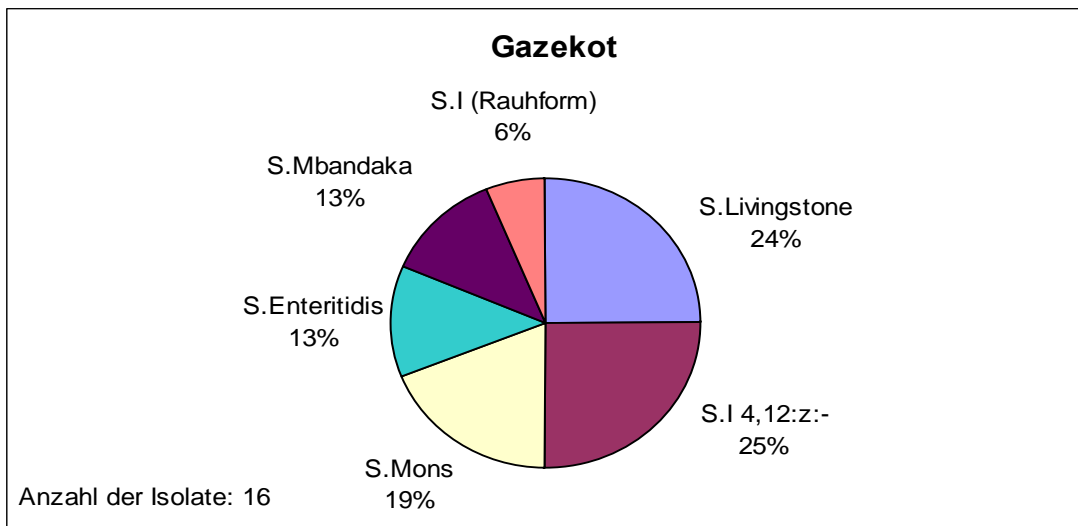


Abb. 17: Salmonella-Serovare in Proben aus Geflügelschlachtbetrieben der Region A (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

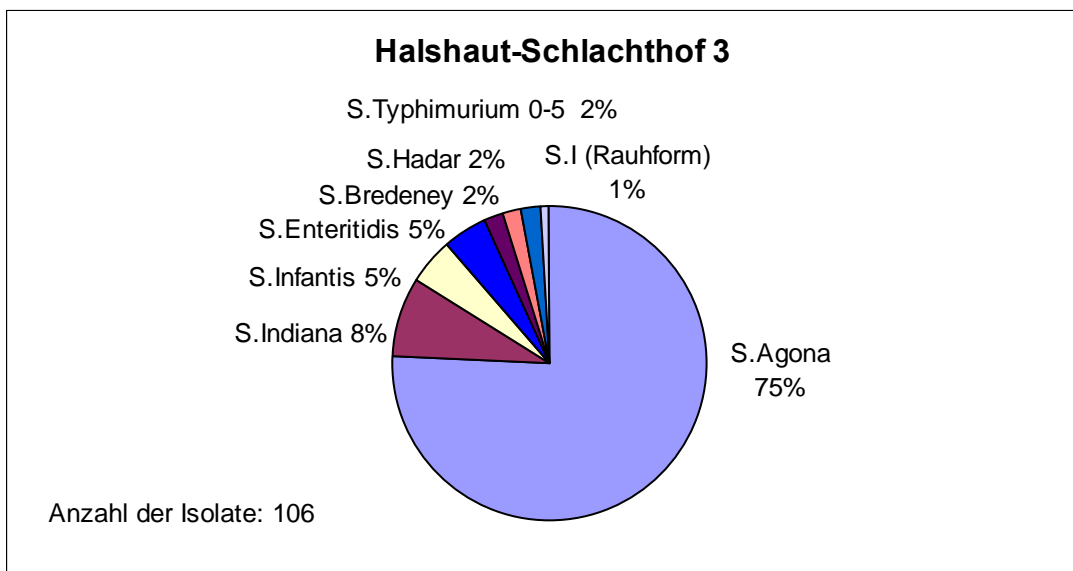
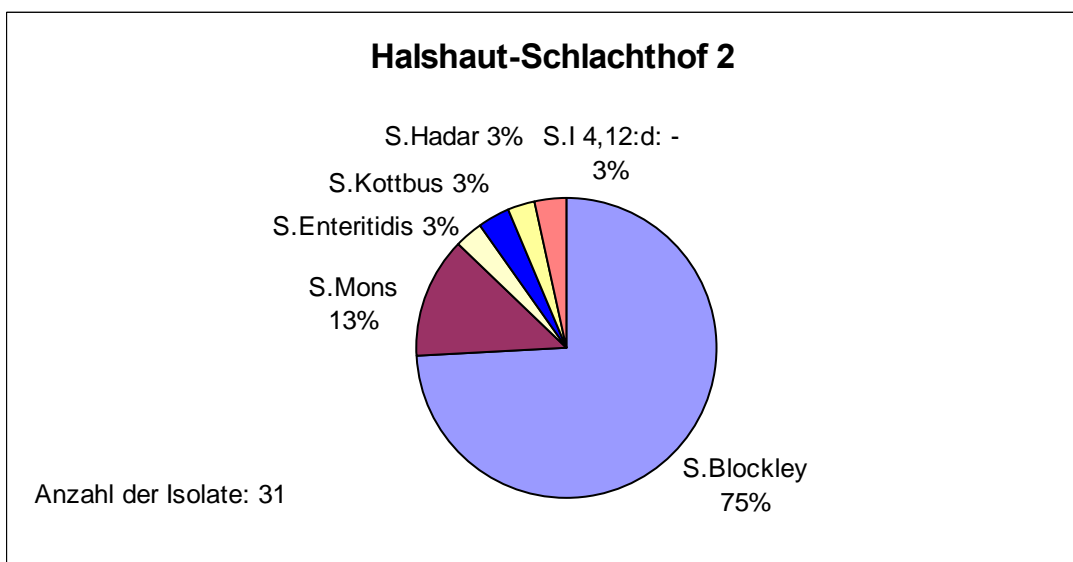
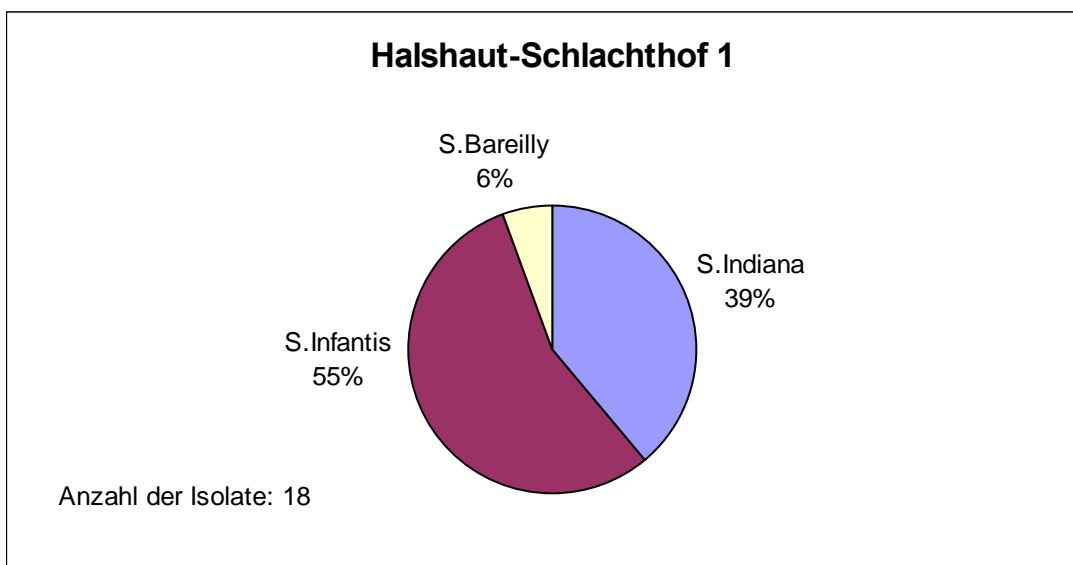
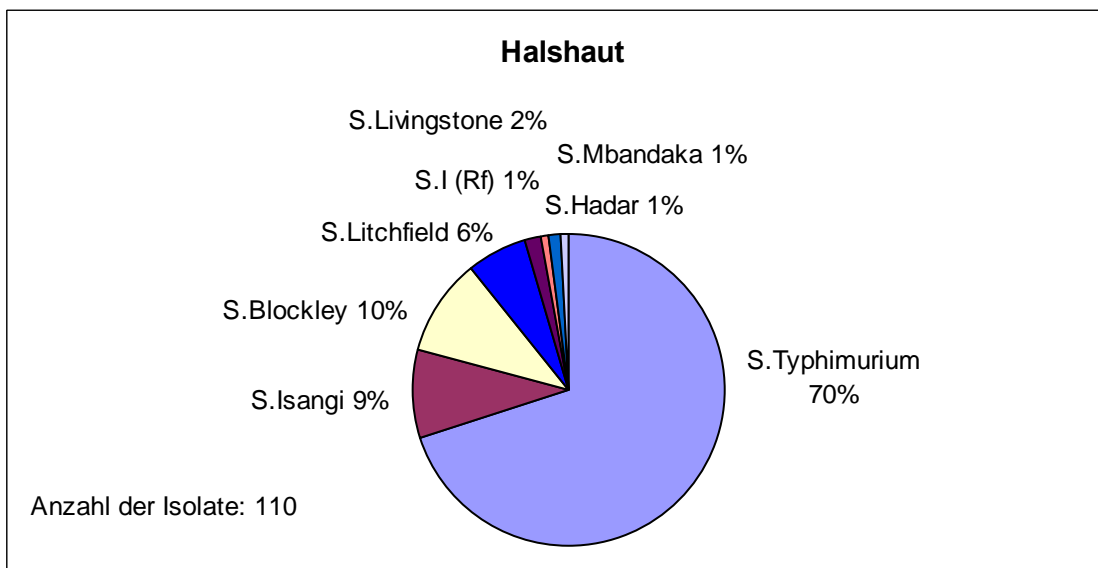
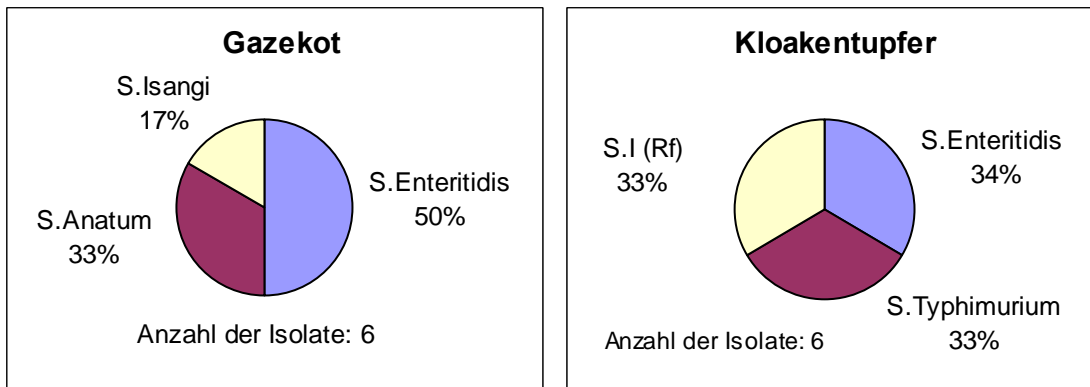


Abb. 18: Salmonella-Serovare aus Geflügelmast- und –schlachtbetrieben der Region B (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

Großbetriebe



Kleinbetriebe

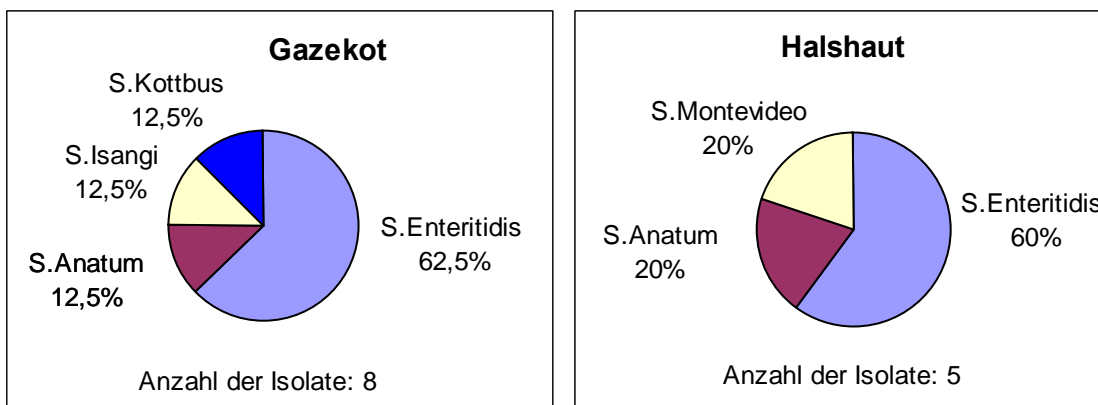


Abb.19: Salmonella-Serovare aus Geflügelmast- und –schlachtbetrieben der Region C (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

Großbetriebe

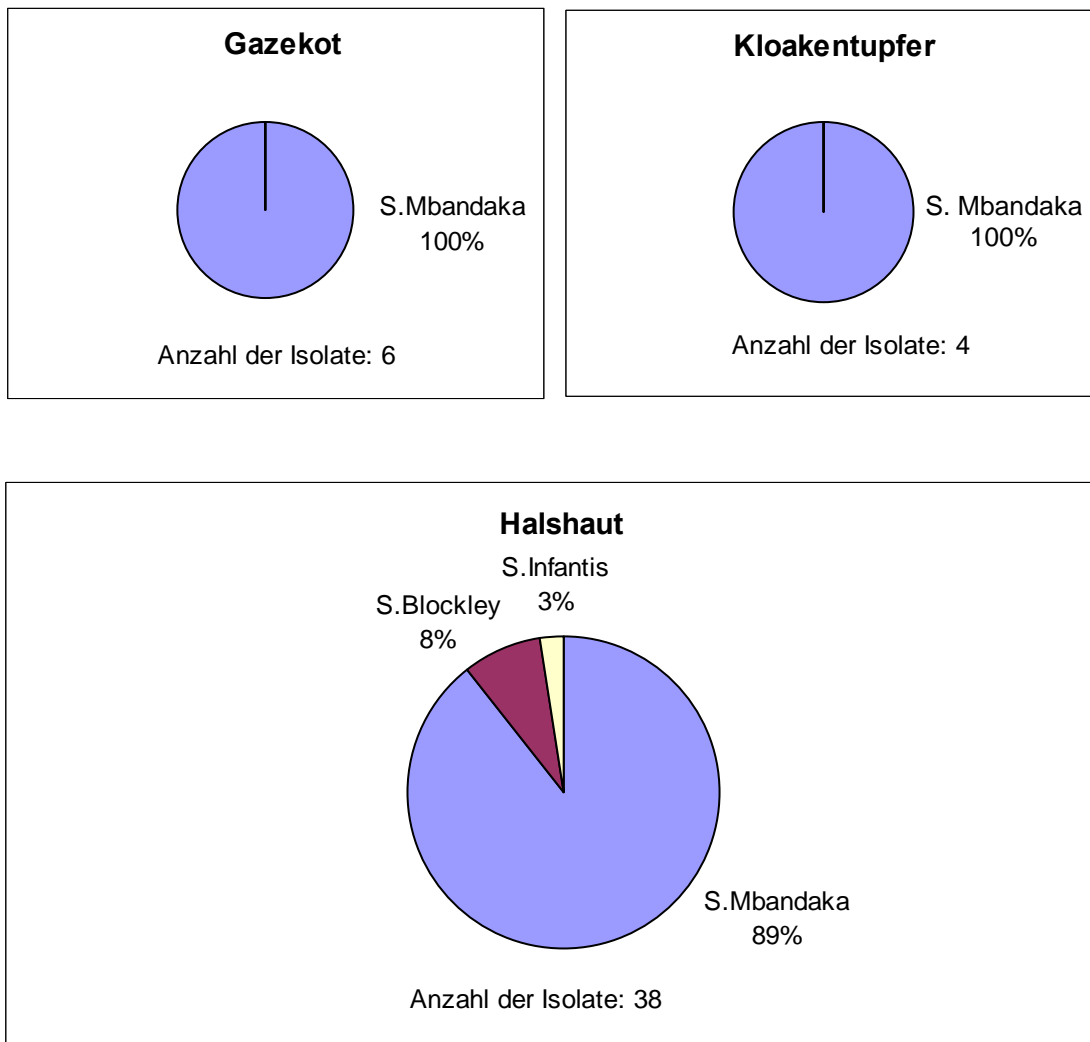


Abb. 20: Salmonella-Serovare aus Geflügelmast- und –schlachtbetrieben der Region E (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

Großbetriebe

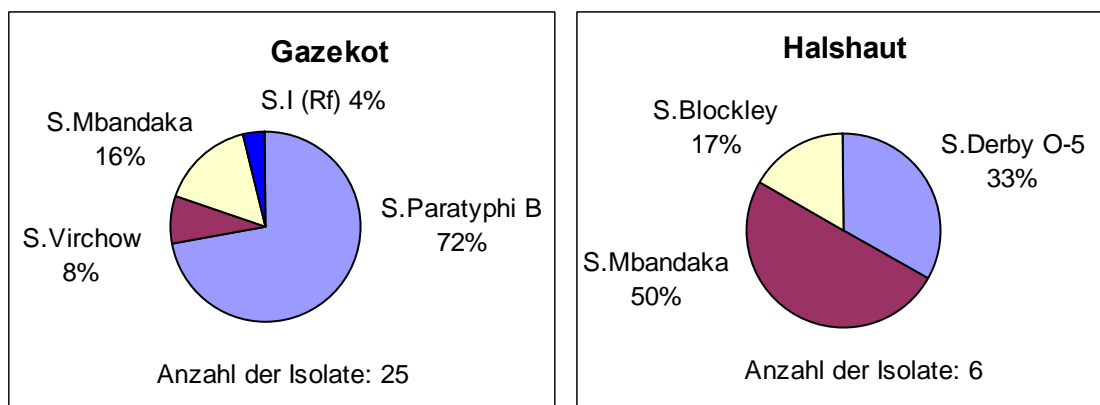
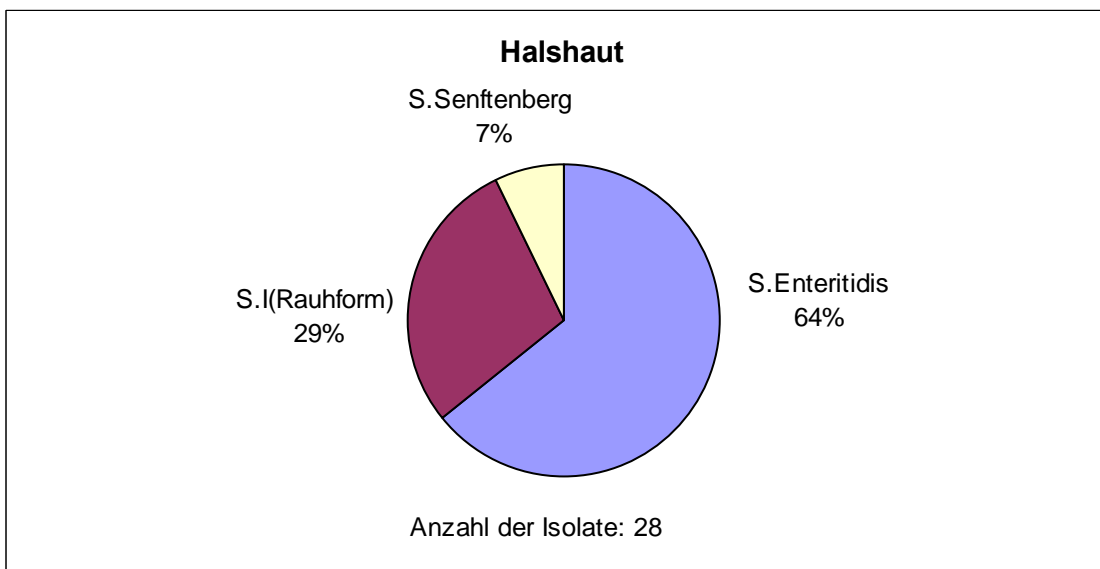
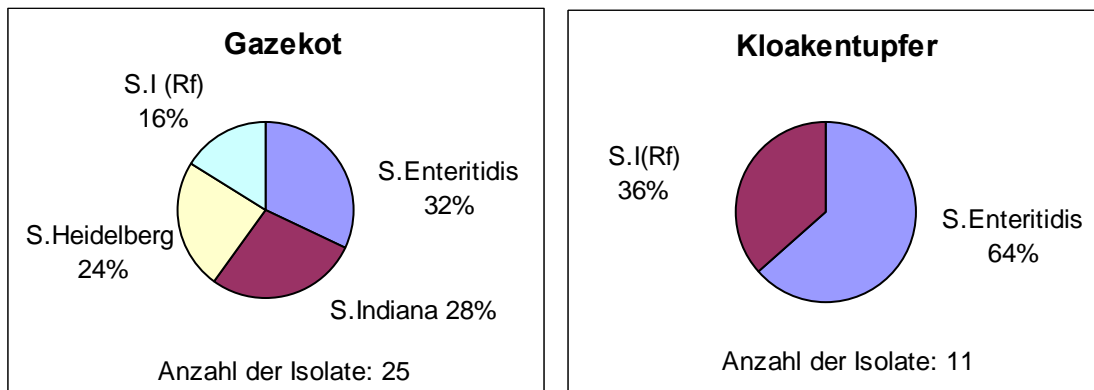
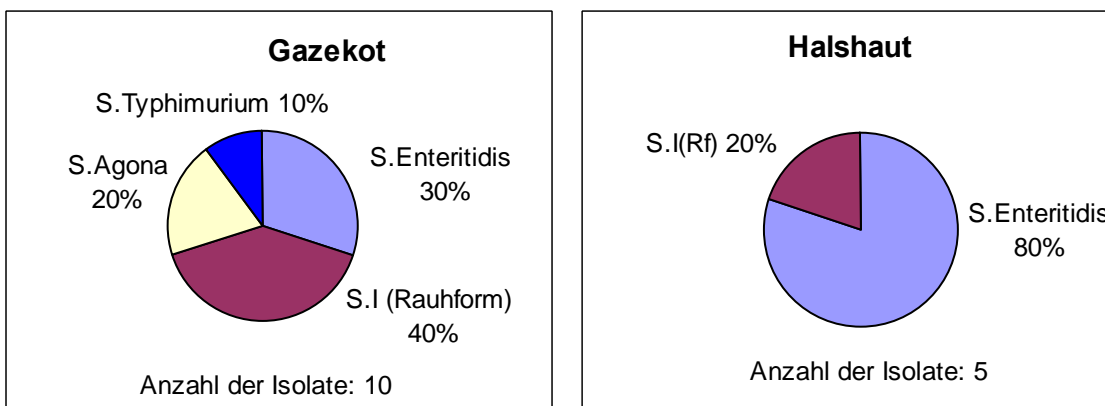


Abb. 21: Salmonella-Serovare aus Geflügelmast- und -schlachtbetrieben der Region D (unter Einbeziehung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

Großbetriebe



Kleinbetriebe



4.4.3 Salmonella-Serovare in Halshautproben der Region A und B (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten)

Da einige der in der Region A und B geschlachteten Herden eine hohe Salmonella-Prävalenz in ihren Halshautpoolproben zeigten, wurden für die Halshautpoolproben dieser Regionen zusätzlich die Häufigkeiten isolierter Serovare ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde bestimmt, um eine Überrepräsentation bestimmter Serovare zu vermeiden. Wie aus den **Abb. 22 u. 23** ersichtlich ist, wird dadurch in der Region B die Dominanz des Serovars „Typhimurium“ (von 70% auf 43 %, vergl. **Abb. 18**), sowie in der Region A die Dominanz der Serovare „Blockley“ (von 75 % auf 46%, vergl. **Abb. 17**) und „Agona“ (von 75 % auf 39%, vergl. **Abb. 17**) deutlich reduziert.

In den Regionen C, D und E führen die unterschiedlichen Auswertungen der Halshaut-Daten aufgrund der geringen Anzahl an Isolaten nur zu vernachlässigbaren Abweichungen. Auf deren grafische Darstellungen wurde deshalb verzichtet.

Abb. 22: Salmonella-Serovare in Halshautproben aus einem Geflügelschlachtbetrieb der Region B (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)

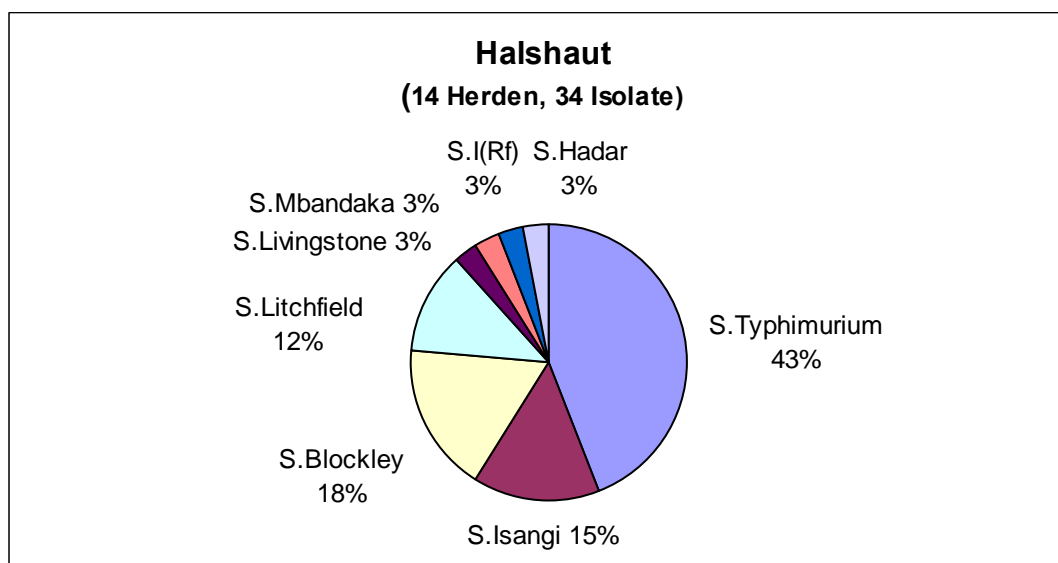
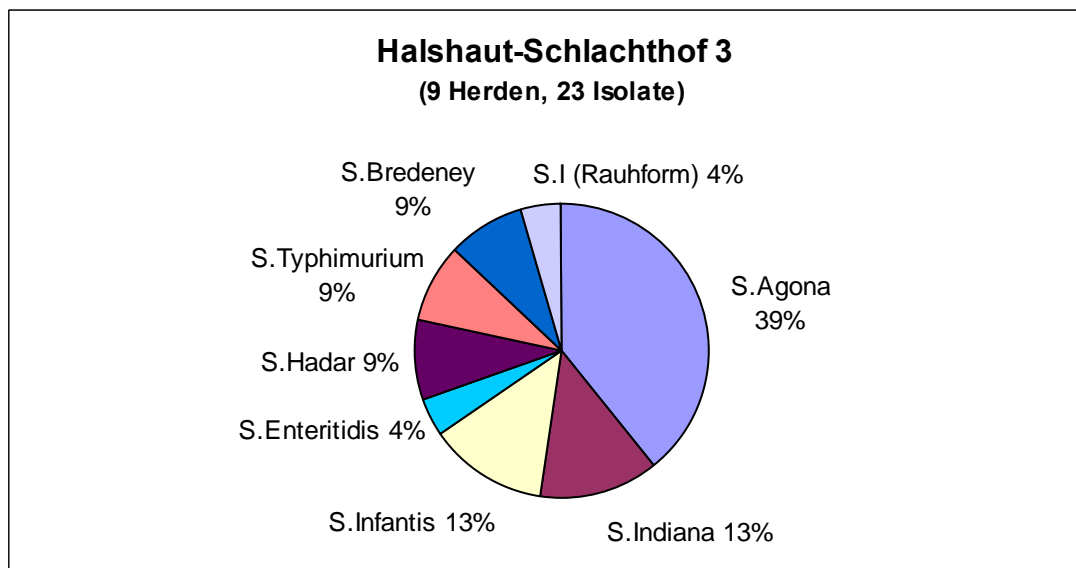
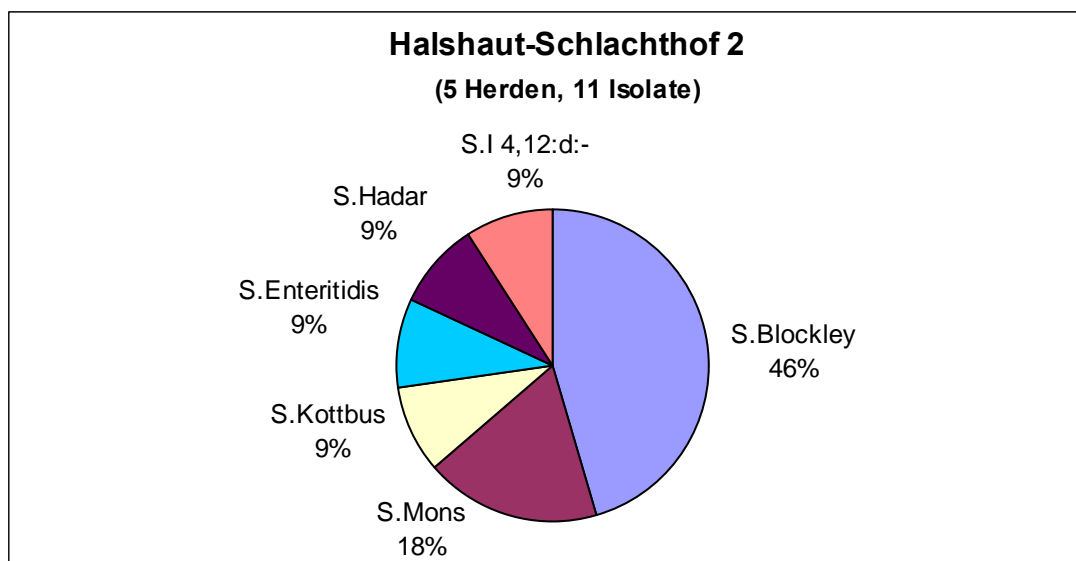
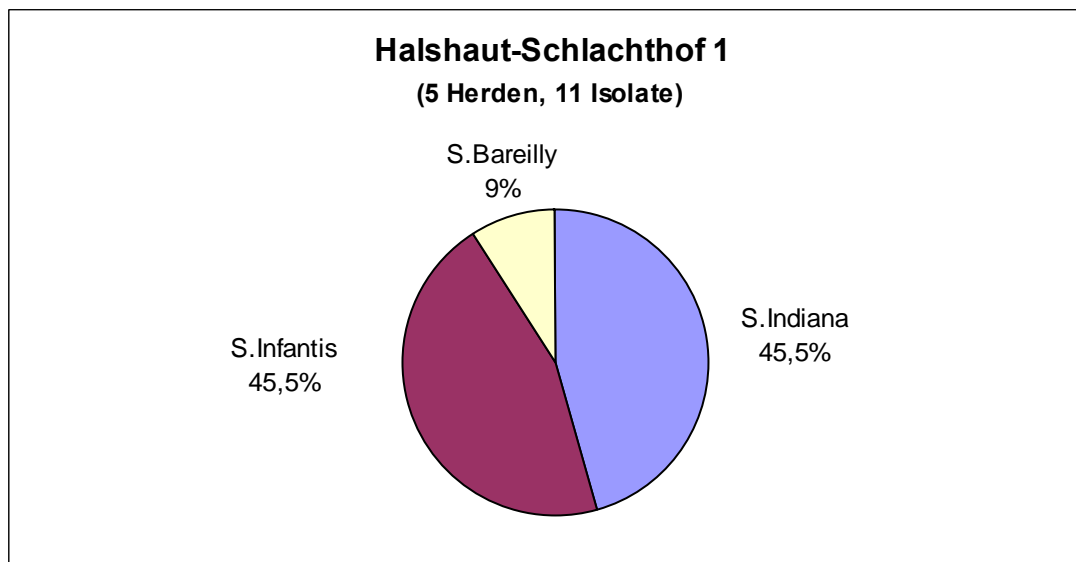


Abb. 23: Salmonella-Serovare in Halshautproben aus Geflügelschlachtbetrieben der Region A (ohne Berücksichtigung von Mehrfachisolaten desselben Serovars einer Herde)



4.5 Lysotypen

Die isolierten *S. Enteritidis* (S.E.)- und *S. Typhimurium* (S.T.)-Stämme wurden mit Hilfe der Lysotypie bestimmten Phagentypen zugeordnet (**Tab. 23 u. 24**).

Der überwiegende Teil (88,9%) der 63 aus den Regionen A, B und D stammenden *S. Enteritidis*-Isolate konnte dem Phagentyp 4 (PT 4) zugeordnet werden. Andere Phagentypen konnten nur in den Regionen A und D auf Halshäuten von Broilern aus Großbetrieben nachgewiesen werden, wobei von Halshäuten der gleichen Broilerherde unterschiedliche Phagentypen isoliert werden konnten.

Mit einer Ausnahme konnten alle *S. Typhimurium*-Isolate, die aus Kloakentupfer- und Halshautproben von Großbetrieben der Region B isoliert worden waren, dem Phagentyp DT 177 zugeordnet werden. In einer Halshautprobe eines Großbetriebes der Region A konnte *S. Typhimurium* DT 193 und in einer Gazekotprobe eines Kleinbetriebes der Region D *S. Typhimurium* DT 104 nachgewiesen werden.

Tab. 23: Phagentypen der isolierten *S. Enteritidis*-Stämme

Region	Betriebsgröße	Probenart	PT 4	PT 6	PT 6a	PT 7	PT 24	PT 30	n.t.
A	GB	GK	2	--	--	--	--	--	--
	GB	KT	2	--	--	--	--	--	--
	GB	HH	3	1	--	--	2	--	--
	Gesamt		7	1	--	--	2	--	--
B	GB	GK	3	--	--	--	--	--	--
	GB	KT	2	--	--	--	--	--	--
	KB	GK	5	--	--	--	--	--	--
	KB	HH	3	--	--	--	--	--	--
	Gesamt		13	--	--	--	--	--	--
D	GB	GK	8	--	--	--	--	--	--
	GB	KT	7	--	--	--	--	--	--
	GB	HH	14	--	1	1	--	1	1
	KB	GK	3	--	--	--	--	--	--
	KB	HH	4	--	--	--	--	--	--
	Gesamt		36	--	1	1	--	1	--

KB= Kleinbetrieb; GB= Großbetrieb; GK= Gazekot; HH=Halshaut; KT= Kloakentupfer; n.t.= nicht typisiert; PT= Phagentyp

Tab. 24 : Phagentypen der isolierten S. Typhimurium-Stämme

Region	Betriebsgröße	Probenart	DT 49	DT 104	DT 177	DT 193	RDNC
A	GB	KT	--	--	--	--	2
	GB	HH	--	--	--	1	1
	Gesamt		--	--	--	1	3
B	GB	KT	--	--	2	--	--
	GB	HH	1	--	76	--	--
	Gesamt		1	--	78	--	--
D	KB	GK	--	1	--	--	--

KB= Kleinbetrieb; GB= Großbetrieb; GK= Gazekot; HH=Halshaut; KT= Kloakentupfer;
RDNC = react but did not confirm; DT= Definite Type

4.6 Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate

4.6.1 Anzahl und Häufigkeit antibiotikaresistenter Salmonella-Isolate in deutschen Geflügelmast- und –schlachtbetrieben

Die 496 serotypisierten Salmonella-Isolate wurden zusätzlich auf Resistenzen gegen ausgewählte Antibiotika getestet. In **Tab. 25** sind die Häufigkeiten des Nachweises antibiotikaresistenter Salmonellen in den einzelnen Regionen aufgelistet.

Tab. 25 : Vorkommen von antibiotikaresistenten Salmonella-Isolaten in Geflügelmast- und –schlachtbetrieben

Region	Großbetriebe			Kleinbetriebe			Gesamt		
	Anzahl Isolate	resistent	in%	Anzahl Isolate	resistent	in%	Anzahl Isolate	resistent	in%
A	201	82	40,8	1	1	100,0	202	83	41,1
B	122	26	21,3	13	3	23,1	135	29	21,5
C	48	11	22,9	0	--	--	48	11	22,9
D	65	14	21,5	15	2	13,3	80	16	20,0
E	31	26	83,9	0	--	--	31	26	83,9
Gesamt	467	159	34,0	29	6	20,7	496	165	33,3

Bei den untersuchten Großbetrieben lagen die Anteile der resistenten Isolate in den Regionen B, C und D bei etwa 20 %. Die Salmonella-Isolate aus großen Geflügelmast- und –schlachtenanlagen der Region A waren dagegen zu etwa 40 % gegen eins oder mehrere der getesteten Antibiotika resistent. Der extrem hohe Anteil resistenter Isolate in der Region E (83,9 %) ist darauf zurückzuführen, dass dort viele resistente S. Paratyphi B-Stämme gefunden wurden.

Die Resistenzraten der Salmonellen aus Kleinbetrieben der Region B und D entsprachen etwa denen der Salmonellen aus Großbetrieben. Das resistente Salmonella-Isolat aus der Region A stammt aus einem Betrieb, der einzelne Tiere aus einer großen betriebseigenen Masthähnchenherde in einem extra Stall weitermästet, selbst schlachtet und direkt vermarktet. In den beprobten Kleinbetrieben der Regionen C und E wurden keine Salmonellen gefunden.

4.6.2 Anzahl und Häufigkeit mehrfachresistenter Salmonella-Isolate in Groß- und Kleinbetrieben

Wie aus **Tab. 26** ersichtlich ist, waren 21,2% der isolierten resistenten Salmonella-Isolate gegenüber ein oder zwei antimikrobiellen Wirkstoffen und 78,8 % gegenüber drei und mehr Wirkstoffen resistent.

Tab. 26: Anzahl und Häufigkeiten mehrfachresistenter Salmonella-Isolate aus Groß- und Kleinbetrieben

Region	Resistente Isolate	1- oder 2-fach resistent		mehrfach resistent	
	n	n	%	n	%
A	83	24	28,9	59	71,1
B	29	3	10,3	26	89,7
C	11	2	18,2	9	81,8
D	16	4	25,0	12	75,0
E	26	2	7,7	24	92,3
Gesamt	165	35	21,2	130	78,8

4.6.3 Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate bezogen auf die Wirkstoffe

In **Tab. 27** sind die festgestellten Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate aus den beprobten Regionen nach den Wirkstoffen unterteilt. Die Häufigkeiten von Resistenzen bei Salmonellen aus großen Geflügelmast- und –schlachtenanlagen sind bei den einzelnen Wirkstoffen und in den beprobten Regionen sehr unterschiedlich. Sie lagen bei den Wirkstoffen gesamt betrachtet zwischen 1,1 % für Gentamycin und 22,7 % für Tetracyclin. Die regionalen Unterschiede sind beim Wirkstoff Trimethoprim besonders groß. In Region E waren 74,2 % der Isolate gegen diese Substanz resistent, während alle Salmonella-Isolate aus Großbetrieben der Region B Trimethoprim-sensibel waren.

Die Salmonella-Isolate aus Kleinbetrieben zeigten keine Resistenzen gegen Gentamycin und Furazolidon, hingegen waren 17,2 % der Isolate resistent gegen Ampicillin und Tetracyclin.

Tab. 27: Häufigkeiten von Resistenzen gegen bestimmte Antibiotika bei Salmonella-Isolaten vom Geflügel

getestetes Antibiotikum	Großbetriebe						Klein- betriebe
	Region A	Region B	Region C	Region D	Region E	Gesamt	Gesamt
	(n=201)	(n=122)	(n=48)	(n=66)	(n=31)	(n=467)	(n=29)
	res.in %	res.in %	res.in %	res.in %	res.in %	res.in %	res.in %
Ampicillin	20,0	0,8	4,2	24,9	58,1	18	17,2
Chloramphenicol	0,0	9,0	2,1	14,4	0,0	8,8	13,8
Gentamycin	0,0	4,1	0,0	0,0	0,0	1,1	0,0
Furazolidon	0,0	2,5	0,0	3,0	41,9	4,7	0,0
Kanamycin	0,0	8,2	10,4	20,4	9,7	12,6	6,9
Neomycin	0,0	8,2	10,4	20,4	9,7	12,6	6,9
Nalidixinsäure	7,7	9,0	2,1	18,4	58,1	15,4	10,3
Streptomycin	0,0	18,9	2,1	23,9	12,9	16,3	10,3
Sulfonamid	16,9	9,8	16,7	19,4	71,0	19,7	13,8
Sulfamethoxazol/ Trimethoprim	13,8	0,0	16,7	6,5	71,0	11,1	6,9
Tetracyclin	10,8	15,6	14,6	33,3	19,4	22,7	17,2
Trimethoprim	13,8	0,0	16,7	6,5	74,2	11,3	6,9

res.= resistent

4.6.4 Antibiotikaresistenzen bezogen auf die Salmonella-Serovare

Neben dem regional unterschiedlichen Arzneimitteleinsatz kann die Häufigkeit des Vorkommens von antibiotikaresistenten Salmonellen in den beprobten Regionen auch von den Salmonella-Serovaren beeinflusst sein. Deshalb sind die festgestellten Antibiotika-Resistenzen der isolierten Salmonellen in **Tab. 29** nach den Serovaren untergliedert.

Einige Salmonella-Serovare waren zu 100 % resistent, wurden allerdings nur in geringer Anzahl isoliert und untersucht (S. Bredeney, S. Heidelberg und S. Kottbus). Die S. Paratyphi B (d-Tartrat +)-Isolate, ebenfalls zu 100 % resistent, wurden zwar in größerer Anzahl untersucht, stammten aber alle aus dem gleichen Geflügelmastbetrieb. Auffällig sind S. Blockley und S. Indiana, die in mehreren Regionen vorkamen und hohe Resistenzraten zeigten. S. Agona wies demgegenüber auffallend niedrige Resistenzraten auf. Bei S. Enteritidis sticht die hohe Resistenzrate der Isolate der Region A ins Auge. Bei den aus Proben eines Geflügelschlachtbetriebes der Region B isolierten S. Typhimurium-Stämmen wurden überwiegend keine Antibiotika-Resistenzen festgestellt, während die fünf S. Typhimurium-Stämme aus den Regionen A und D zu 100 % resistent waren.

Für *S. Enteritidis*- und *S. Typhimurium*-Isolate wurden zusätzlich die Resistenzen gegen die getesteten Wirkstoffe bestimmt (**Tab. 28**). Die Resistenzraten von *S.E.* und *S.T.* lagen bei allen Wirkstoffen grundsätzlich unterhalb des Mittels der übrigen Serovare. Gegenüber zahlreichen Wirkstoffen (Chloramphenicol, Gentamycin, Kanamycin, Neomycin und Streptomycin) bestand bei den *S.E.*-Isolaten volle Empfindlichkeit, ansonsten lag der Anteil resistenter Stämme zwischen 1,6 % (Nalidixinsäure) und 11,1 % (Ampicillin und Sulfonamide). Die *S.T.*-Isolate waren ebenfalls für mehrere der getesteten Antibiotika vollständig sensibel (Gentamycin, Kanamycin, Neomycin, Nalidixinsäure und Sulfamethoxazol/Trimethoprim) und erzielten Resistenzraten zwischen 1,2 % (Furazolidon) und 7,1 % (Sulfonamide und Tetracyclin).

Tab. 28: Häufigkeiten von Resistenzen gegen bestimmte Antibiotika bei *S. Enteritidis*- und *S. Typhimurium*-Isolaten vom Geflügel

getestetes Antibiotikum	S. Enteritidis (n=63)	S. Typhimurium (n=84)	Andere Serovare (n=349)	Gesamt (n=496)
	resistent in %	resistent in %	resistent in %	resistent in %
Ampicillin	11,1	6,0	22,1	17,9
Chloramphenicol	0,0	2,4	12,3	9,1
Gentamycin	0,0	0,0	1,4	1,0
Furazolidon	3,2	1,2	5,4	4,4
Kanamycin	0,0	0,0	17,5	12,3
Neomycin	0,0	0,0	17,5	12,3
Nalidixinsäure	1,6	0,0	21,2	15,1
Streptomycin	0,0	6,0	21,2	15,9
Sulfonamid	11,1	7,1	23,8	19,4
Sulfamethoxazol/ Trimethoprim	4,8	0,0	14,6	10,9
Tetracyclin	4,8	7,1	29,2	22,4
Trimethoprim	4,8	0,0	14,9	11,1

Tab. 29 : Antibiotikaresistenz der isolierten Salmonella-Serovare (Groß- und Kleinbetriebe)

Serovar	Region A		Region C		Region E		Region D		Region B		Gesamt	
	Anzahl Isolate	resistent %	Anzahl Isolate	resistent %	Anzahl Isolate	resistent %	Anzahl Isolate	resistent %	Anzahl Isolate	resistent %	Anzahl Isolate	resistent %
S. I (Rauhform)	2	100,0	--	--	1	0,0	22	0,0	3	100,0	28	14,3
S. I 4,12:d: -	1	0,0	--	--	--	--	--	--	--	--	1	0,0
S. I 4,12:z:-	4	100,0	--	--	--	--	--	--	--	--	4	0,0
S. Agona	93	2,2	--	--	--	--	2	0,0	--	--	95	2,1
S. Anatum	--	--	--	--	--	--	--	--	4	50,0	4	50,0
S. Bareilly	1	0,0	--	--	--	--	--	--	--	--	1	0,0
S. Blockley	33	97,0	3	33,3	1	100,0	--	--	11	90,9	48	91,7
S. Bredeney	2	100,0	--	--	--	--	--	--	--	--	2	100,0
S. Derby O-5-	--	--	--	--	2	0,0	--	--	--	--	2	0,0
S. Enteritidis	10	60,0	--	--	--	--	40	5,0	13	15,4	63	15,9
S. Hadar	3	66,7	--	--	--	--	--	--	1	100,0	4	75,0
S. Heidelberg O-5 neg.	--	--	--	--	--	--	6	100,0	--	--	6	100,0
S. Indiana	17	88,2	--	--	--	--	7	100,0	--	--	24	91,7
S. Infantis	15	33,3	1	0,0	--	--	--	--	--	--	16	31,2
S. Isangi	--	--	--	--	--	--	--	--	12	41,7	12	41,7
S. Kottbus	2	100,0	--	--	--	--	--	--	1	100,0	3	100,0
S. Litchfield	--	--	--	--	--	--	--	--	7	0,0	7	0,0
S. Livingstone	5	80,0	--	--	--	--	--	--	2	100,0	7	85,7
S. Mbandaka	3	66,7	44	22,7	7	71,4	--	--	1	100,0	55	32,7
S. Mons	7	28,6	--	--	--	--	--	--	--	--	7	28,6
S. Montevideo	--	--	--	--	--	--	--	--	1	0,0	1	0,0
S. Paratyphi B d-Tartr.+	--	--	--	--	18	100,0	--	--	--	--	18	100,0
S. Senftenberg	--	--	--	--	--	--	2	0,0	--	--	2	0,0
S. Typhimurium	4	100,0	--	--	--	--	1	100,0	79	2,5	84	7,1
S. Virchow	--	--	--	--	2	100,0	--	--	--	--	2	0,0
alle Serovare	202	41,4	48	22,9	31	83,9	80	20,0	135	21,5	496	33,3

4.7 Infekt-/Kontaminationsketten (siehe auch Anhang 5)

4.7.1 Großbetriebe

Während bei zwei Herden aus Großbetrieben der Region D sensible *S. Enteritidis*-Stämme aus Gazekot-, Kloakentupfer- und Halshautproben der gleichen Herde isoliert werden konnten (**Anhang 5, Tab. 69**), konnte in keiner der untersuchten Herden aus Großbetrieben das gleiche *Salmonella*-Serovar einschließlich identischem Antibiotika-Resistenzmuster in allen drei untersuchten Probenmaterialien nachgewiesen werden.

Übereinstimmungen zwischen Isolaten aus Gazekot- und Halshautproben konnten nur bei zwei Herden aus der Region C (*S. Mbandaka*) und bei einer Herde der Region D (*S. Enteritidis*) festgestellt werden (**Anhang 5, Tab. 67 u. 69**). In Kloakentupfer- und Halshautproben wurden hingegen öfter gleiche Serovare mit übereinstimmendem Resistenzmuster gefunden: in zwei Herden aus Betrieben der Region B (*S.T. DT 177*, sensibel), in zwei Herden aus Beständen der Region C (*S. Mbandaka*, sensibel) und in sieben Herden aus Betrieben der Region A (*S. Agona*, *S. Blockley*, *S. Indiana* und *S.T. RDNC*).

Das Auftreten gleicher *Salmonella*-Serovare mit demselben Antibiotika-Resistenzmuster in Gazekotproben mehrerer Herden eines Großbetriebes konnte nur in den Regionen D und E beobachtet werden. Aus Kotproben von zwei nacheinander gemästeten Herden eines Großbetriebes der Region D konnten *S. Indiana*-Stämme mit gleichem Resistenzprofil isoliert werden (**Anhang 5, Tab. 69**). In Gazekotproben der dritten Herde wurde ein anderes Serovar ermittelt. In einem Betrieb der Region E wurden *S. Paratyphi B*-Stämme mit gleichem Resistenzmuster in aufeinanderfolgenden Mastdurchgängen und in zeitgleich aber in unterschiedlichen Ställen gemästeten Herden gefunden (**Anhang 5, Tab. 68**). In den beprobten Herden waren darüber hinaus auch *S. Paratyphi B*-Stämme mit anderen Resistenzprofilen und weitere Serovare nachweisbar.

Übereinstimmungen zwischen Kloakentupfer-Isolaten aus Herden gleicher Betriebe konnten nur in Region A festgestellt werden (*S. Agona* und *ST RDNC*, **Anhang 5, Tab. 65**). Aus Halshautproben von Herden die im gleichen Betrieb der Region A, B oder C gemästet worden waren, wurden hingegen häufig gleiche *Salmonella*-Serovare mit identischem Resistenzmuster isoliert. Dies trifft auch für Halshautproben von Herden zu, die zwar in unterschiedlichen Großbetrieben gemästet aber im gleichen Betrieb geschlachtet wurden.

4.7.2 Kleinbetriebe

In Kleinbetrieben konnten nur sehr selten *Salmonella*-Isolate mit übereinstimmendem Serotyp und Resistenzmuster aus Gazekot- und Halshautproben der gleichen Herde nachgewiesen werden. In je einer Herde aus den Regionen B und D wurden aus beiden Probenarten sensible *S.E. (PT 4)*-Stämme isoliert (**Anhang 5, Tab. 70 u. 71**). In dem Betrieb der Region B wurden zeitgleich in einem Stallgebäude mit 3 Unterabteilungen ca. 6000 Hähnchen und auf dem gleichen Gelände Gänse gemästet. Die Herde aus der Region D wurde in einem alten Stallgebäude mit Kontaktmöglichkeiten zu anderen Geflügelarten (Enten, Gänse, Puten, Wachteln) gehalten. In diesem Betrieb wurden auch in der nachfolgend gemästeten Herde *Salmonellen* gefunden (sensible *S.E. PT 4*-Stämme).

4.7.3 Salmonella-Serovare mit identischen Resistenzeigenschaften und überregionalen Fundorten

Einen Überblick über die Salmonella-Isolate, die dem gleichen Serovar und Resistenztyp zugeordnet und in verschiedenen Regionen Deutschland isoliert werden konnten, gibt **Tab. 30**.

Es konnten demnach sowohl sensible Stämme des Serovars Agona, Blockley, Enteritidis und Mbandaka, als auch mehrfachresistente Stämme der Serovare Blockley und Mbandaka in verschiedenen Regionen und aus unterschiedlichen Probenmaterialien isoliert werden.

Tab. 30: Serovare mit identischen Resistenzcodes, die in verschiedenen Regionen Deutschlands isoliert wurden

Serovar	Region	Probenart	Betriebsgröße und (Anzahl der Betriebe)
Agona [0]	A	KT,HH	GB (3)
	D	HH	KB (1)
Blockley [0]	A	HH	GB (2)
	B	HH	GB (2)
	C	HH	GB (1)
Blockley [21]	A	HH	GB (2)
	E	HH	GB (1)
Blockley [30]	A	HH	GB (2)
	B	HH	GB (3)
	C	HH	GB (1)
Enteritidis PT 4 [0]	A	GK, KT; HH	GB (3)
	B	GK, KT; HH	GB (2), KB (1)
	D	GK, KT; HH	GB (8), KB (3)
Mbandaka [0]	A	GK	GB (1)
	C	GK,HH	GB (3)
	E	HH	GB (1)
Mbandaka [22]	C	HH	GB (2)
	E	GK	GB (1)
Mbandaka [31]	C	GK,HH	GB (3)
	E	GK	GB (1)

GK= Gazekot; KT= Kloakentupfer; HH= Halshaut; GB= Großbetrieb; KB= Kleinbetrieb
[]=Resistenzcode, vergl. **Anhang 5, Tab. 72**; [0]= sensibel

4.8 Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen von S. Blockley-Isolaten

R. Helmuth, M. Jaber, C. Bunge, A. Schroeter
Nationales Referenzlabor für Salmonellen des BgVV

49 der insgesamt 496 untersuchten Salmonella-Isolate wurden durch Serotypisierung als S. Blockley identifiziert. S. Blockley konnte, mit Ausnahme in der Region D, in allen beprobten Regionen aus Halshautproben isoliert werden, wobei Stämme aus verschiedenen Regionen teilweise übereinstimmende Antibiotikaresistenzprofile aufwiesen (vergl. **Tab. 30**). Um genauere Aussagen über die epidemiologischen Zusammenhänge der Verbreitung von S. Blockley und über ein eventuell betriebsspezifisches Vorkommen dieses Serovars in den Schlachthöfen treffen zu können, wurden molekularbiologische Feinuntersuchungen (Helmuth u. Schroeter, 1994) an ausgewählten S. Blockley-Isolaten durchgeführt. Zu den eingesetzten molekularbiologischen Methoden gehörten die Plasmidprofilanalyse (Helmuth et al., 1985, Olsen et al., 1993, Threlfall et al., 1990), Pulsfeldgelelektrophorese PFGE (Ridley et al., 1996, Laconcha et al., 2000) sowie Versuche zur Übertragung von Antibiotikaresistenzgenen (Helmuth, 2000).

4.8.1 Antibiotikaresistenz der S. Blockley-Isolate

91,8% der 49 untersuchten Isolate waren resistent. Auffällig war das Vorherrschen eines multiresistenten Typs (mehr als eine Resistenz), der die Resistenzen gegen Ampicillin, Chloramphenicol, Tetracyclin, Kanamycin und weitere antimikrobiell wirksame Substanzen aufwies. In **Tab. 31** sind die ermittelten Resistenzen dargestellt. Insgesamt ergaben sich phänotypisch fünf verschiedene Antibiotikaresistenzmuster, die jeweils die Resistenz gegen die Aminoglycoside Kanamycin und Neomycin sowie gegen Tetracyclin gemeinsam hatten. Zusätzlich wurden noch Resistenzen gegen Chloramphenicol, Ampicillin, Nalidixinsäure und Streptomycin gefunden. Mit 42,9% kam der Typ mit Resistenzgenen gegen Ampicillin, Chloramphenicol, Tetracyclin, Kanamycin, Neomycin, Nalidixinsäure und Streptomycin am häufigsten vor.

Tab. 31 : Antibiotikaresistenzprofile der untersuchten S. Blockley-Isolate

Resistenzprofil ¹	Resistenzcode ²	Anzahl Isolate	% der Isolate
sensibel	[0]	4	8,2 %
K, N, Na, Te	[20]	7	14,3 %
K, N, S, Te	[21]	2	4,1 %
A, K, N, Na, S, Te	[28]	1	2,0 %
C, K, N, Na, S, Te	[30]	14	28,6 %
A, C, K, N, Na, S, Te	[32]	21	42,9 %
Gesamt		49	100 %

¹A= Ampicillin; C = Chloramphenicol; K = Kanamycin; N = Neomycin; Na = Nalidixinsäure
S = Streptomycin; Te = Tetracyclin

² vergl. **Anhang 5, Tab. 72**

4.8.2 Plasmidprofilanalyse ausgewählter S. Blockley-Isolate

In vielen Fällen sind Antibiotikaresistenzen bei Salmonellen auf sogenannten Resistenzplasmiden lokalisiert. Dabei handelt es sich um extrachromosomal vorliegende DNS-Ringmoleküle, die häufig durch Konjugation von einer Zelle auf eine andere Zelle übertragen werden können (Helmuth, 2000). Außerdem haben sich Plasmide als zuverlässige Marker zur Unterscheidung bestimmter Salmonella-Serovare bewährt (Graeber et al., 1995; Helmuth u. Schroeter, 1994).

Deswegen wurden bei den 49 S. Blockley-Isolaten die Plasmid-DNA-Profile mittels einer alkalischen Denaturierungsmethode bestimmt (Kado u. Liu, 1981). Dabei erwiesen sich drei Stämme als plasmidlos. Alle anderen Stämme trugen ein bis vier Plasmide. Die dabei festgestellten Molmassen lagen im Bereich von 1,6 bis 39 Megadalton. **Abb. 24** zeigt die gelelektrophoretische Darstellung der bestimmten Plasmidtypen. **Tab. 32** u. **33** geben einen Überblick über die gefundenen Resistenz- und Plasmidmuster in den einzelnen Regionen und Betrieben.

Die 34 S. Blockley-Stämme aus der Region A wurden aus Halshaut- und Kloakentupferproben von Broilern isoliert, die aus zwei verschiedenen Mastbetrieben stammten, aber auf demselben Schlachthof geschlachtet wurden. In den Halshautproben von Broilern, die im Betrieb 3 gemästet wurden, wurden Stämme des Typs **B** [20], **B** [30] und **C** [21] isoliert. In Halshautproben aus dem Betrieb 4 wurde in der zuerst beprobten Herde (15. Untersuchungswoche) **K** [0] nachgewiesen. In Kloakentupfern der nachfolgend untersuchten Herde (22. Woche) wurden die Typen **E** [32], **F** [28] und **H** [32], in den Halshautproben derselben Herde die Typen **D** [32], **E** [32], **G** [32] und **H** [32] gefunden. In den Halshautproben der dritten Herde (29. Woche) kamen die Typen **A** [21] und **B** [30] vor.

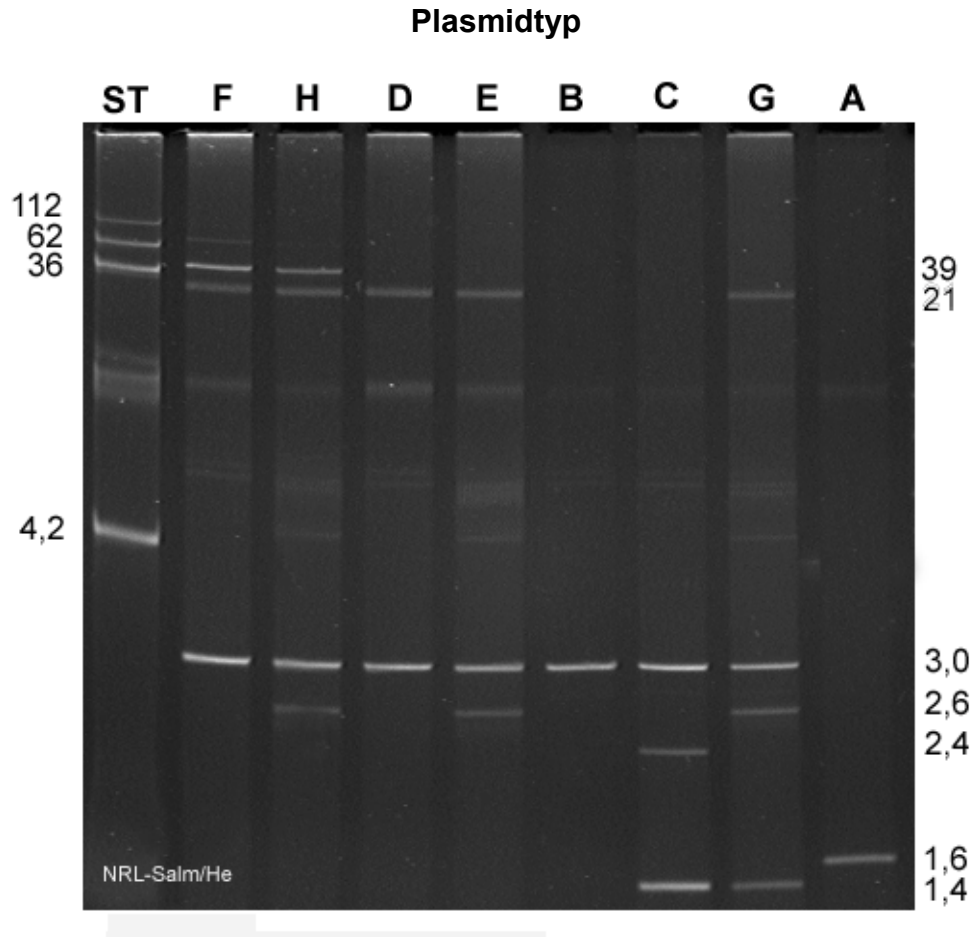
Die 11 S. Blockley-Isolate aus der Region B konnten bis auf ein sensibles, plasmidloses Isolat (**K** [0]) alle dem Plasmidtyp **B** mit dem Resistenzcode [30] zugeordnet werden.

Die 3 Isolate aus der Region C wiesen die Typen **A** [0], **B** [30] und **K** [0] auf.

Die Herde des Betriebes Nr. 2 der Region E wurde auf demselben Schlachthof der Region C geschlachtet. Der aus einer Halshautprobe isolierte S. Blockley-Stamm wurde als Typ **A** [21] identifiziert.

Während also S. Blockley-Stämme des Typs **B** [30] und **K** [0] in drei verschiedenen Regionen Deutschlands und Stämme des Typs **A** [21] in zwei verschiedenen Regionen Deutschlands vorgefunden wurde, wurden die Plasmidtypen **C**, **D**, **E**, **F**, **G** und **H** nur in A nachgewiesen.

Abb. 24 : Gelelektrophoretische Darstellung der ermittelten Plasmidtypen ausgewählter S. Blockley-Isolate



Anm.: Die Buchstaben bezeichnen die Plasmidtypen (siehe Tab. x), ST= Molekulargewicht-
Standards.

Die Zahlen geben die Molmassen in Megadalton (Md) an.

Fortsetzung der Tab. 32 : Resistenzprofile und Plasmidmuster ausgewählter S. Blockley-Isolate

Region	Betriebs-Nr.	Proben-typ ¹	Unter-suchungs-woche	Resistenzprofil ²	Plasmid (Md)	Plasmidtyp ³ / [Resistenzcode ⁴]
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]
C	2	H	21	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]
C	3	H	22	sensibel	plasmidlos	K [0]
C	3	H	40	sensibel	1,6	A [0]
E	2	H	42	K,N,S,Te	1,6	A [21]

¹ H= Halshaut, K= Kloakentupfer

² A= Ampicillin; C = Chloramphenicol; K = Kanamycin; N = Neomycin; Na = Nalidixinsäure
S = Streptomycin; Te = Tetracyclin

³ **A** = 1,6 Md; **B** = 3,0 Md; **C** = 1,4/2,4/3,0 Md; **D** = 3,0/21 Md; **E** = 2,6/3,0/21 Md;

F = 3,0/21/39 Md; **G** = 1,4/2,6/3,0/21 Md; **H** = 2,6/3,0/21/39 Md; **K** = plasmidlos

⁴ vergl. **Anhang 5, Tab. 72**

Tab. 33: Anzahl von S. Blockley-Isolaten mit spezifischem Plasmidmuster/Resistenzprofil in Proben aus ausgewählten Betrieben

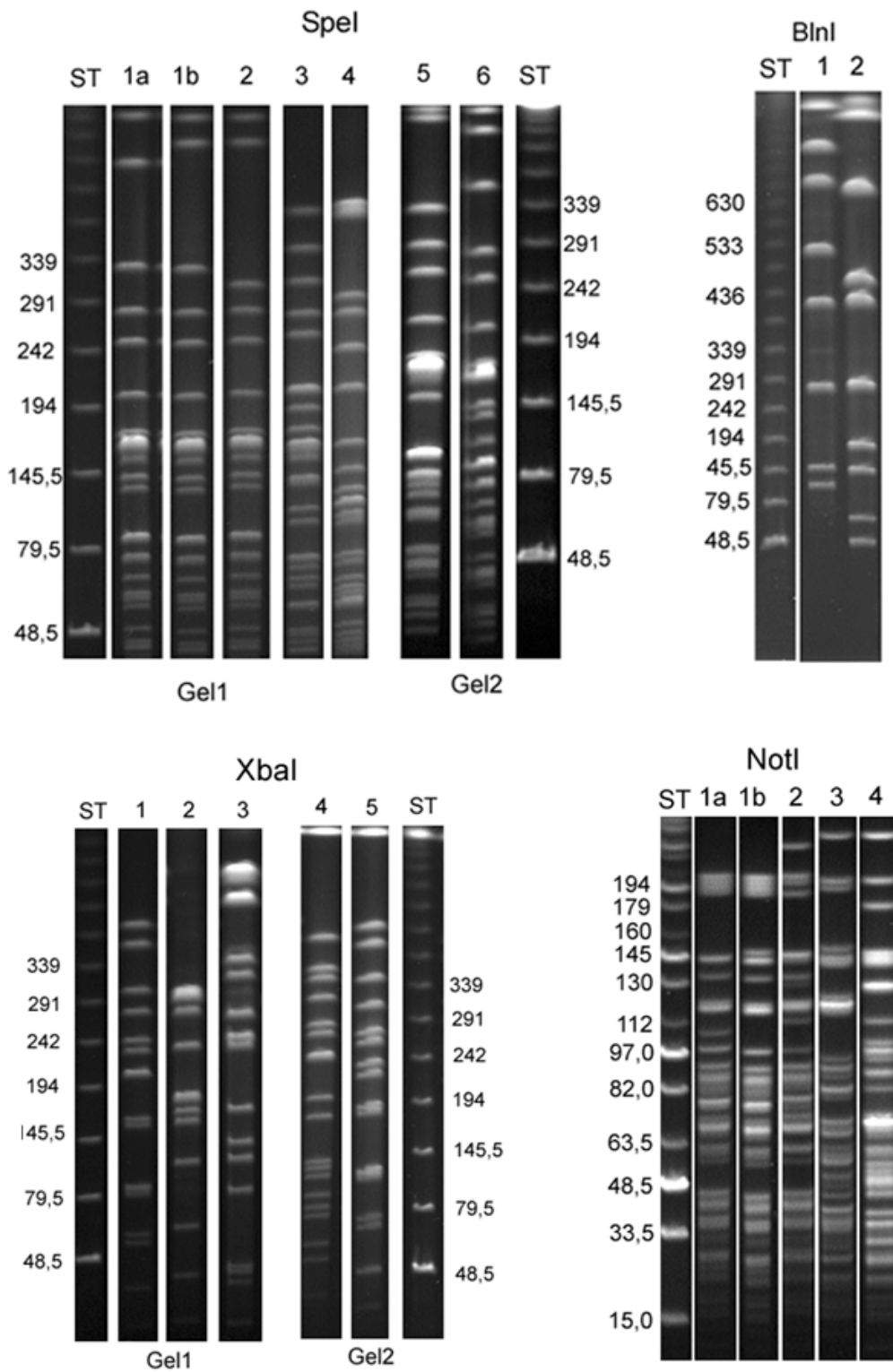
Region	Betriebs-Code	Schlachthof-Code	Proben-typ	Plasmidtyp [Resistenzcode]											Gesamt
				A [0]	B [21]	C [20]	D [30]	E [21]	F [32]	G [32]	H [28]	K [32]	K [0]		
A	3	2	H			2	2	1							5
	4	2	H		5		1		1	6		2	2	1	18
			K							9	1		1		11
B	1	6	H				2							1	3
	2	6	H				3								3
	3	6	H				2								2
	5	6	H				3								3
C	2	4	H				1								1
	3	4	H	1										1	2
E	2	4	H		1										1
Gesamt				1	6	2	14	1	1	15	1	2	3	3	49

4.8.3 Pulsfeldgelelektrophorese (PFGE)

Um verschiedene clonale Linien der *S. Blockley*-Isolate weiter zu differenzieren wurde die PFGE für 4 Enzyme *SpeI*, *XbaI*, *BlnI*, und *NotI* an 27 ausgewählten Repräsentanten der unterschiedlichen Plasmidtypen durchgeführt. Dabei wurden für *SpeI* 6 Muster, *XbaI* 5 Muster, für *BlnI* 2 Muster und für *NotI* 4 Muster, die sich in jeweils mindestens 3 Banden unterschieden (Tenover et al., 1995), ermittelt. Diese sind in der **Abb. 25** exemplarisch dargestellt. Untersucht man den Zusammenhang zwischen den Plasmid- und den PFGE-Mustern, so lässt sich auch mit diesen Untersuchungen bestätigen, dass bei *Salmonella*-Serovaren eine hohe Clonalität vorliegt. Obwohl die eingesetzten Enzyme ein hohen diskriminatorischen Wert aufweisen, zeigen sie, dass innerhalb eines Plasmidmusters, wenn überhaupt, nur sehr geringfügige Unterschiede zu clonalen Subtypen vorherrschen. In der **Tab. 34** sind die dabei erzielten Daten hinsichtlich des Pulsfeldgelelektrophoresemusters sowie die Herkunft der Isolate und ihr Resistenz- und Plasmidtyp zusammengefasst dargestellt.

Wie im vorherigen Abschnitt bereits erwähnt (vergl. Tab x), wurden *S. Blockley*-Stämme mit dem Plasmidtyp/Resistenzcode **A** [21] in Halshautproben der Regionen A und C, **B** [30] in Halshautproben der Regionen C und B und **K** [0] in Halshautproben der Regionen A, B, und C gefunden. Die Stämme mit dem Code **A** [21] wiesen alle das gleiche PFGE-Muster auf. Die Stämme aus den Regionen B und C mit dem Code **B** [30] hatten dasselbe PFGE-Muster, wohingegen nur einer der drei Stämme der Region A ebenfalls dieses Muster aufwies. Die Stämme aus den Regionen A und B mit dem Code **K** [0] stimmten im PFGE-Muster überein, der Stamm aus der Region C wies ein abweichendes Muster auf.

Abb. 25: PFGE-Muster für die Enzyme SpeI, NotI, BlnI und XbaI



Anm.: ST=Standards. Die Zahlen an den Seiten der Abbildungen geben die Fragmentgrößen in Kilobasen (Kb) an. Sonstige Erläuterungen siehe Text.

Tab. 34: PFGE-Muster in Bezug zu Antibiotikaresistenz- und Plasmidprofil ausgewählter S. Blockley-Isolate

Region	Betriebscode	Probentyp ¹	Untersuchungs- woche	Resistenzprofil ²	Plasmid- profil (Md)	Plasmid-/ Resistenz- code	PFGE			
							Spe I	Xba I	Bln I	Not I
B	1	H	23	sensibel	plasmidlos	K [0]	S3	X2	B1	N3
A	4	H	15	sensibel	plasmidlos	K [0]	S3	X2	B1	N3
C	3	H	22	sensibel	plasmidlos	K [0]	S4	X3	B2	N4
C	3	H	40	sensibel	1,6	A [0]	S2	X1	B3	N2a
A	4	H	29	K,N,S,Te	1,6	A [21]	S1b	X1	B3	N2a
A	4	H	29	K,N,S,Te	1,6	A [21]	S1b	X1	B3	N2a
E	2	H	41	K,N,S,Te	1,6	A [21]	S1b	X1	B3	N2a
B	1	H	23	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
B	2	H	23	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
B	3	H	40	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
B	5	H	41	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
C	2	H	21	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
A	3	H	21	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1a	X1	B3	N1
A	3	H	15	K,N,Na,Te	3,0	B [20]	S1a	X1	B3	N1
A	3	H	15	K,N,Na,Te	3,0	B [20]	S1a	X1	B3	N1
A	3	H	21	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1b	X1	B3	N2a
A	4	H	29	C,K,N,Na,S,Te	3,0	B [30]	S1b	X1	B3	N2a
A	3	H	15	K,N,S,Te	1,4/2,4/3,0	C [21]	S5	X4	B3	N2b
A	4	H	22	A,C,K,N,Na,S,Te	3,0/21	D [32]	S1a	X1	B3	N1
A	4	H	22	A,C,K,N,Na,S,Te	2,6/3,0/21	E [32]	S1a	X1	B3	N1
A	4	K	22	A,C,K,N,Na,S,Te	2,6/3,0/21	E [32]	S1a	X1	B3	N1
A	4	K	22	A,C,K,N,Na,S,Te	2,6/3,0/21	E [32]	S1a	X1	B3	N1
A	4	H	22	A,C,K,N,Na,S,Te	2,6/3,0/21	E [32]	S6	X5	B3	N1
A	4	K	22	A,K,N,Na,S,Te	3,0/21/39	F [28]	S1a	X1	B3	N1

¹H= Halshaut, K= Kloakentupfer

²A= Ampicillin; C = Chloramphenicol; K = Kanamycin; N = Neomycin; Na = Nalidixinsäure
S = Streptomycin; Te = Tetracyclin

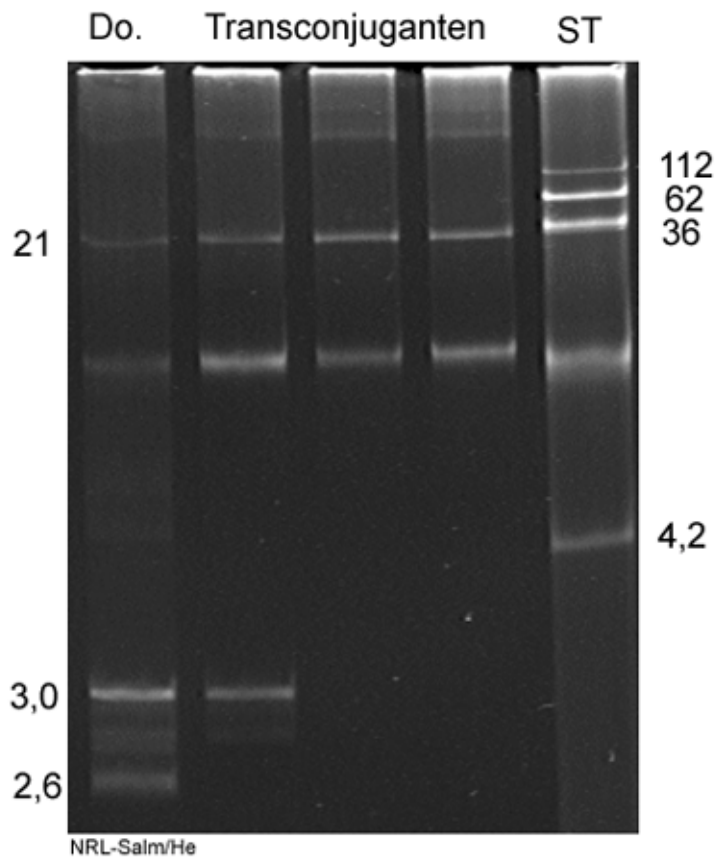
4.8.4 Übertragbarkeit der Antibiotikaresistenz

Beim Vergleich des Plasmidmuster der *S. Blockley*-Isolate mit ihrem Resistenzprofil (**Tab. 32**) fällt auf, dass die speziell in der Region A gefundenen Ampicillin-resistenten Isolate alle ein 21 Megadalton großes Plasmid aufweisen. Deswegen war es naheliegend zu überprüfen, ob die Ampicillinresistenz auf diesem Plasmid lokalisiert ist und ob dieses Plasmid konjugativ, also übertragbar, ist. Dazu wurden mit einem ausgewähltem *S. Blockley*-Stamm (Nr. 174) Kreuzungsexperimente bei 37° und 22° jeweils in Flüssigkeit und Filter durchgeführt (Helmuth, 2000). Die dabei ermittelten Transferfrequenzen sind in **Tab. 35** dargestellt. Die Ergebnisse machen deutlich, dass der effizienteste Transfer bei 37° stattfindet. Dabei ist die Frequenz auf dem Filter mit 4,5 am größten, gefolgt von der Kreuzung bei 22° auf dem Filter mit 8×10^{-2} . Es handelt sich folglich um ein temperaturabhängiges Transfersystem, dass am besten auf festen Oberflächen abläuft (Helmuth, 2000). **Abb. 26** zeigt die DNA der Transkonjuganten, die Ampicillin-resistent geworden sind. Es ist deutlich zu sehen, dass sie lediglich das 21 Megadalton große Plasmid aufwiesen, dass durch dieses Experiment als ein bei 37° übertragbarer Resistenzfaktor für Ampicillin nachgewiesen werden konnten. Transformationsexperimente mit dem 3-Megadalton-Plasmid verliefen alle negativ, so dass davon auszugehen ist, dass sich die Resistenzgene der anderen Determinanten auf dem Chromosom befinden. Untersuchungen zur Integronstruktur der vorhandenen Resistenzen wurden jedoch nicht durchgeführt.

Tab. 35: Transferfrequenzen der Ampicillinresistenz des *S. Blockley*-Stammes Nr. 174

Konjugationssystem	Transferfrequenz
37° Filter	$4,5 \times 10^0$
22° Filter	$8,0 \times 10^{-2}$
37° Flüssig	$1,8 \times 10^{-3}$
22° Flüssig	$1,9 \times 10^{-4}$

Abb. 26: Gelelektrophoretische Darstellung der ermittelten Transkonjuganten des S. Blockley-Stammes Nr. 174



Anm.: Die Zahlen geben die Molmassen in Megadalton (Md) an.
Do.=Donator H174, ST=Molekulargewicht-Standard.

4.9 Weitergehende Untersuchungen: Mikrobiologische Stufenkontrollen auf Salmonellen in einem Geflügelschlachtbetrieb

In Ergänzung zu den Untersuchungen zum Vorkommen von Salmonellen bei deutschem Nutzgeflügel und Geflügelfleisch wurden im ersten Halbjahr 2000 in einem Geflügelschlachtbetrieb mikrobiologische Stufenkontrollen auf Salmonellen vorgenommen. Mit ihnen sollten Hygieneschwachstellen während des Schlachtprozesses erkannt werden, welche zu einer Kontamination der Tierkörper mit Salmonellen beitragen können, sowie mögliche Infekt- bzw. Kontaminationsketten aufgezeigt werden.

4.9.1 Material und Methode

In Vorversuchen sollte zunächst ein geeignetes Verfahren zur Probenaufarbeitung des Brühwassers eruiert werden. Dazu wurde mit einer Schöpfkelle von beiden Brühtanks Brühwasser entnommen, oben knapp unter dem Wasserspiegel und unten am Ablaufrohr. Einem Teil des Brühwassers wurden vor der Aufarbeitung im Labor Salmonellen eingemischt. Die Voranreicherung von 50 ml Brühwasser in der gleichen Menge doppelt konzentriertem gepuffertem Peptonwasser hat sich schließlich als die durchschnittlich günstigste Aufarbeitungstechnik erwiesen.

Weiterhin sollte eine Auswahl geeigneter Probenahme-Lokalisationen am Schlachtband getroffen werden. Die Entnahme von jeweils 4 Tupferproben an Rupfer, Öffner 1 und 2, Eviscerator, Kropfbohrer, Nackenseparator, Halshautschneider sowie Lungensauger ergab keinen positiven Salmonellen-Befund. Deshalb wurden im Hauptversuch am Schlachtband nur Rupfer, Öffner 1, Eviscerator und Lungensauger beprobt (je 5 Tupfer). Zusätzlich wurden 10 abgeschnittene Ruffinger des Vortages untersucht.

Die eigentlichen Stufenkontrollen wurden an zwei Tagen im April und Juni des Jahres 2000 durchgeführt. Dazu wurden von den Herden in Anlehnung an den damals aktuellen Entwurf (Rev. 3) zur Novellierung der Zoonosen-Richtlinie 92/117/EWG am Tag vor der Schlachtung jeweils 2 Gazekotproben und nach der Schlachtung jeweils 30 Blinddarmkottupfer entnommen. Außerdem wurden aus den gefüllten Transportkisten dieser Herden mit Hilfe von Tupfern jeweils 15 Kotproben entnommen. Darüber hinaus wurden diese Kisten auch nach dem Waschen beprobt (15 Tupferproben). Brühwasser und Tupferproben vom Schlachtband wurden vor Schlachtbeginn sowie in der Frühstücks- und Mittagspause entnommen.

Um den Kontaminationsgrad der geschlachteten Herden zu erfassen, wurden gemäß Rev. 3 zur Novellierung der Zoonosen-Richtlinie 92/117/EWG Halshautproben von 30 Tierkörpern untersucht.

Vor der kulturellen Aufarbeitung des Probenmaterials wurden die beiden Gazeschläuche, 5 Tupferproben bzw. 5 Halshautproben zu je einer Poolprobe vereinigt. Die Aufarbeitung des Probenmaterials erfolgte wie unter 3.1 beschrieben.

4.9.2 Ergebnisse

Die **Tab. 36** zeigt die Ergebnisse der mikrobiologischen Stufenkontrollen.

Bei beiden Probenahmen wurden weder in den Gazekot- noch in den Blinddarmkotproben der geschlachteten Herden Salmonellen gefunden, das heißt, dass bei diesen Herden mit dieser Probennahmetechnik keine Salmonella-Infektion festgestellt wurde.

Bei der ersten Probenahme konnten Salmonellen nur um 8.00 Uhr im Brühwasser (S. Paratyphi B (d-Tartrat +) und S. Mbandaka) und sowohl um 8.00 Uhr als auch um 11. 00 Uhr in Tupfern vom Lungensauger nachgewiesen werden.

Bei der zweiten Probenahme konnten aus den Rupffinger-Proben des Vortages S. Paratyphi B (d-Tartrat +) isoliert werden. Das gleiche Serovar wurde morgens und vormittags in den gewaschenen Transportkisten und um 11.00 Uhr im Brühwasser des Tanks A nachgewiesen.

Aus dem Brühwasser beider Tanks konnte schon vor Schlachtbeginn S. Mbandaka isoliert werden. Dieses Serovar wurde nachfolgend um 8.00 Uhr im Brühwasser beider Tanks und auf dem Lungensauger sowie um 11.00 Uhr im Brühwasser des Tanks B gefunden. Schon vor Schlachtbeginn und um 11.00 Uhr wurde in Tupfern vom Lungensauger S. Infantis nachgewiesen.

Die Konzentration an Salmonellen in positiven Brühwasserproben betrug unter 10 Keime/ml.

In den Halshautproben der beprobten Herden waren keine Salmonellen nachweisbar.

Tab. 36: Ergebnisse mikrobiologischer Stufenkontrollen auf Salmonellen in einem Geflügelschlachtbetrieb

a) 1. Probenahme (15. Kalenderwoche)

Probenmaterial	Vortag	4.30 Uhr ¹	4.30 - 8.00 Uhr	8.00 Uhr	8.00 – 11.00 Uhr	11.00 Uhr
Gazekot	negativ	--	--	--	--	--
Rupffinger	negativ	--	--	--	--	--
Brühwasser: Tank A	--	negativ	--	S. Paratyphi B*	--	negativ
Brühwasser: Tank B	--	negativ	--	S. Mbandaka	--	negativ
Rupfer	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Öffner 1	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Eviscerator	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Lungensauger	--	negativ	--	S. Mbandaka	--	S. Mbandaka
Transportkisten "voll"	--	--	negativ	--	negativ	--
Transportkisten "sauber"	--	--	negativ	--	negativ	--
Blinddarmkot	--	--	negativ	--	negativ	--
Halshaut	--	--	negativ	--	negativ	--

¹vor Schlachtbeginn, -- nicht untersucht, * d-Tartrat positiv

b) 2. Probenahme (23. Kalenderwoche)

Probenmaterial	Vortag	4.30 Uhr ¹	4.30 - 8.00 Uhr	8.00 Uhr	8.00 – 11.00 Uhr	11.00 Uhr
Gazekot	negativ					
Rupffinger	S. Paratyphi B*					
Brühwasser: Tank A	--	S. Mbandaka	--	S. Mbandaka	--	S. Paratyphi B*
Brühwasser: Tank B	--	S. Mbandaka	--	S. Mbandaka	--	S. Mbandaka
Rupfer	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Öffner 1	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Eviscerator	--	negativ	--	negativ	--	negativ
Lungensauger	--	S. Mbandaka	--	S. Infantis	--	S. Infantis
Transportkisten "voll"	--	--	negativ	--	negativ	--
Transportkisten "sauber"	--	--	S. Paratyphi B*	--	S. Paratyphi B*	--
Blinddarmkot	--	--	negativ	--	negativ	--
Halshäute	--	--	negativ	--	negativ	--

¹vor Schlachtbeginn, -- nicht untersucht, * d-Tartrat positiv

5 Diskussion

5.1 Methodik

Die angewandte Probennahmetechnik ist grundsätzlich geeignet, Salmonellen in Geflügelbeständen und auf Schlachttierkörpern nachzuweisen. Allerdings wurden in den Gazekotproben weniger Salmonellen gefunden als zunächst angenommen. Dies muss nicht bedeuten, dass die Infektionsraten der beprobten Bestände sehr niedrig lagen, sondern kann auch damit zusammenhängen, dass in den Sommermonaten die Erreger in der trockenen Einstreu sehr schnell absterben.

Die von MÜLLER et al. (1997) beschriebene Modifikation des ISO 6579 ist wegen der einfachen Herstellung der kommerziell angebotenen Anreicherungslösungen und der guten Ablesbarkeit der verwendeten Selektivagarplatten für Routineuntersuchungen im Geflügelbereich gut geeignet. Die von den Autoren festgestellte höhere Sensitivität der TBG-Bouillon im Vergleich zum RV-Medium konnte durch die eigenen Untersuchungen bestätigt werden. Sie stehen damit gleichzeitig dem Ergebnis von ATANASSOVA et al. (1998) entgegen, die für das RV-Medium eine höhere Sensitivität als für die TBG-Bouillon errechnet hatten. Möglicherweise hat die von ATANASSOVA et al. (1998) angewandte Überführung der Voranreicherung im Verhältnis 1:10 statt 1:100 zu dem konträren Resultat geführt.

Bei der Berechnung der Sensitivitäten der verwendeten flüssigen Selektivmedien, wurden die Ergebnisse eines Labors nicht berücksichtigt, weil sie durch ihre sehr niedrige Salmonella-Nachweisrate nach Anreicherung im RV-Medium den Mittelwert zu sehr beeinflusst hätten. In diesem Labor lag die Sensitivität des RV-Mediums von OXOID unter 20%. Welche Faktoren zu diesem Ergebnis geführt haben, lässt sich nicht mit Sicherheit sagen. Überlagerung der fertigen Lösung (durch Verdunstung von Wasser während der Lagerung kann die Vermehrung der Salmonellen stark gehemmt werden) und zu hohe Bebrütungstemperatur können als Ursache ausgeschlossen werden. Die Serovarverteilung scheint ebenfalls keinen Einfluss auf das Ergebnis zu haben. Allerdings besaß das RV-Medium entgegen der Arbeitsanweisung zum Zeitpunkt der Beimpfung nur Raumtemperatur. Ferner ist ein systematischer Fehler bei der Herstellung der Anreicherungslösung denkbar.

Der Gesamtwert für die Sensitivität der TBG-Bouillon der vier in die Auswertung einbezogenen Labore liegt mit 88,9 % deutlich niedriger als die von MÜLLER et al. (1997) ermittelte Zahl von 99,1 % und bedeutet, dass ca. 10 % der Poolproben unter Anwendung der TBG nicht als Salmonella-positiv erkannt wurden. Dieser Befund lässt sich nicht der Aufarbeitung eines bestimmten Probenmaterials bzw. bestimmten Serovaren zuordnen.

Durch alleinige Anreicherung in RV-Medium (OXOID) wären sogar 20 % der Poolproben fälschlicherweise als Salmonella-negativ beurteilt worden. Der Gesamtwert für die Sensitivität des RV-Mediums (80,3 %) liegt geringfügig oberhalb der von MÜLLER et al. (1997) erzielten Sensitivität für das RV-Medium von MERCK (74,9%). Betrachtet man die Sensitivitäten des RV-Mediums in Abhängigkeit von den aufgearbeiteten Probenmaterialien, so ist festzustellen, dass die Salmonella-Nachweisraten der Kloakentupferproben noch geringer ausgefallen sind als die der Gazekot- und Halshautproben.

Im Vergleich der beiden Selektivnährböden erbrachte der Rambach®-Agar die höhere Salmonella-Nachweisrate. Dies deckt sich mit den Untersuchungsergebnissen von ATANASSOVA et al. (1998) sowie MÜLLER et al. (1997). Die Gesamtwerte für die Sensitivität liegen sowohl mit als auch ohne Berücksichtigung der Anreicherungslösungen etwa 5% oberhalb der Werte für den XLD-Agar. Zum Teil traten jedoch auch größere Unterschiede auf, vor allem nach Anreicherung in TBG-Bouillon. Dies mag in einem höheren Anteil an Begleitflora begründet sein, welche durch Anreicherung in diesen Medien

begünstigt wird und die Differenzierung Salmonella-verdächtiger Kolonien erschwert. Der beschriebene Effekt macht sich anscheinend insbesondere bei der Untersuchung von Gazekotproben negativ bemerkbar.

Wie schon bei MÜLLER et al. (1997) beschrieben, wies, gesamt betrachtet, die Kombination TBG-Bouillon/Rambach®-Agar die höchste Sensitivität für den Nachweis von Salmonellen und die Kombination RV-Medium/XLD-Agar die geringste Sensitivität auf. Allerdings erreichte auch die Medienkombination TBG-Bouillon/Rambach-Agar gesamt betrachtet nur eine Sensitivität von 83,9%. Dies hätte bei alleiniger Anwendung dieser Medien mehr als 15% falsch-negative Ergebnisse zur Folge gehabt. Deshalb sollte auf die gebräuchliche Kultivierung in zwei verschiedenen Selektivanreicherungen auch im Rahmen von Monitoring-Untersuchungen in der Geflügelproduktion nach Möglichkeit nicht verzichtet werden.

5.2 Struktur der selbstschlachtenden direktvermarktenden Betriebe

Die Struktur der direktvermarktenden Kleinbetriebe scheint nicht einheitlich zu sein. Die Spannweite der pro Jahr gemästeten Tierzahlen betrug z. B. Hundert bis 10 Tausend Stück. Das Schlachtgewicht und damit das Alter der geschlachteten Hähnchen war ebenfalls verschieden. Von den Betrieben wurden außerdem unterschiedliche Vertriebswege genutzt. In nur 4 Betrieben wurde eine Auslaufhaltung durchgeführt (davon 2 Bioland-Betriebe). Die Stallungen waren überwiegend älterer Bauart (umgebaute Rinderställe oder Ferkelbuchten). Die Schlachträume wurden hingegen alle in den letzten 10 Jahren gebaut bzw. modernisiert. In fast allen beprobten Betrieben wurden noch weitere Tierarten (vor allem anderes Geflügel) gehalten. Jeweils ein beprobter Direktvermarkter in der Region A und B hatte einzelne Tiere aus einer großen betriebseigenen Masthähnchenherde in einem extra Stall weitergemästet und selbst geschlachtet.

5.3 Salmonella-Prävalenzen

5.3.1 Salmonella-Prävalenzen in Kotproben

Die Entnahme und Untersuchung von Gazekot nach dem beschriebenen Verfahren ist grundsätzlich geeignet, eine Salmonella-Infektion bei Masthähnchenherden nachzuweisen. Allerdings wurden in Gazekotproben seltener Salmonellen gefunden als zunächst vermutet. Es kann daher nicht ausgeschlossen werden, dass die Infektion bei einigen Herden unerkannt blieb. Einer Dänischen Studie zufolge sollen Gazekotproben eine mindestens vergleichbare Sensitivität besitzen wie 60 Kottupfer (Annual Report on Zoonoses in Denmark 1999). Dies konnte in eigenen Versuchen bestätigt werden. Die in zwei Herden der Region B aus diesem Grund vergleichend zu fünf Gazekotpoolproben durchgeführte Entnahme und Untersuchung von 60 Kottupferproben (von frisch abgesetzten Kothaufen) führte zu folgenden Ergebnissen¹:

- in einer Herde war nur eine der zwölf Kottupferpoolproben, aber alle fünf Gazekotproben Salmonella-positiv
- in der zweiten Herde konnte weder aus den Gazekotproben noch aus den Kloakentupfern Salmonellen isoliert werden.

Demnach wäre mit beiden Methoden die erste Herde als Salmonella-positiv und die zweite Herde als Salmonella-negativ eingestuft worden.

¹ Ergänzende Vergleichsuntersuchung in zwei B Großbetrieben nach Zwischenauswertung der Gazekotbefunde (BgVV, 1999)

Unserer Erfahrung nach gelang der Nachweis von Salmonellen in Gazekotproben eher, wenn die Proben an feuchten Stellen (z.B. defekte Tränke) entnommen wurden. Bei sehr trockener Einstreu blieb eventuell zu wenig Kot an den Gazeschläuchen hängen. Der Entnahmezeitpunkt (vor oder nach dem Ausstallen) hatte in B nicht zu unterschiedlichen Salmonella-Prävalenzen geführt. Hingegen wurden in Gazekotproben nordrhein-westfälischer Herden, die nach dem Ausstallen entnommen wurden, seltener Salmonellen gefunden, als in den übrigen Herden. Möglicherweise war die tatsächliche Prävalenz in diesen Betrieben wirklich geringer, andererseits könnte die niedrigere Prävalenz auch durch ein vermehrtes Absterben der Salmonellen nach dem Ausstallen, z. B. durch Abtrocknung, bedingt sein. Deshalb wurden die Ergebnisse dieser Herden nur bedingt ausgewertet.

Der Anteil Salmonella-positiver Großbetriebe war unter Zugrundelegung der Ergebnisse der Gazekotproben in den beprobten Regionen unterschiedlich groß. Unter Einbeziehung aller Regionen lag er im Mittel bei etwa 40 % und damit im Bereich des Anteils Salmonella-positiver Kleinbetriebe (ca. 30 %). Aufgrund der Untersuchungsergebnisse von Kloakentupferproben wurden gesamt betrachtet sogar die Hälfte der untersuchten Großbetriebe als Salmonella-positiv eingestuft. Allerdings waren auch in Salmonella-positiven Betrieben nur selten in allen untersuchten Herden Salmonellen in den Kotproben nachweisbar. Für Herden, die in großen Geflügelmastanlagen gemästet wurden ergab sich deshalb eine mittlere Salmonella-Prävalenz von 28,1 % nach Untersuchung der Gazekot- und eine mittlere Salmonella-Prävalenz von 24,3 % nach Untersuchung der Kloakentupferproben. Da die 60 Kloakentupfer pro Herde aus personellen und zeitlichen Gründen nicht über die gesamte geschlachtete Herde verteilt entnommen werden konnten, sind die Ergebnisse der Tupfer jedoch genau genommen nur für einen Teil der Herde repräsentativ. Darüber hinaus zeigten die Salmonella-Nachweisraten auf Herdenbasis große regionale Unterschiede, insbesondere bei der Untersuchung von Gazekotproben. Positive Befunde der Gazekotproben einer Herde waren z.T. mit negativen Ergebnissen der entsprechenden Kloakentupfer-Poolproben assoziiert und umgekehrt. Der hohe Anteil Gazekot-positiver Herden in der Region E muss allerdings relativiert werden, da in dieser Region nur sehr wenige Betriebe beprobt wurden.

In einer annähernd vergleichbaren Studie, die im gleichen Zeitraum in Dänemark durchgeführt wurde (1 x 15 cm Gaze pro Herde), wurde nur bei 3,5 % von 4716 untersuchten Herden aus Großbetrieben eine Salmonella-Infektion festgestellt (Annual Report on Zoonoses in Denmark 1999). In Österreich wurde in einer regional durchgeführten Studie, bei der kurz vor der Schlachtung Schlepp- und Wischtupferproben von 77 Broilerherden untersucht wurden, ebenfalls eine Infektionsrate von annähernd 20 % ermittelt (Gruber u. Köfer, 1999). Den Angaben des Europäischen Trendberichts zufolge wurden aus den Mitgliedstaaten für das Jahr 1998 folgende Salmonella-Infektionsraten bei Broilerherden gemeldet: Belgien 36,1 %, Niederlande 31,8 %, Irland 20,7 %, Dänemark 6,5 %, Deutschland 4,2 %, Österreich 3,4 %, Italien 3,1 %, Finnland 0,7 % und Schweden 0,03% (Document No. SANCO/409/2000-Rev.2 of the European Commission).

Der Deutsche Trendbericht über den Verlauf und die Quellen von Zoonosen-Infektionen nach der Zoonosen-RL (BgVV 2000) gibt an, dass 1999 in Deutschland 12,5 % der 40 untersuchten Masthähnchen-Herden Salmonella-positiv waren, wobei nur vier Bundesländer Daten gemeldet hatten und die angewandten Untersuchungsverfahren stark differierten.

Die Mehrzahl der Herden aus selbstschlachtenden direktvermarktenden Geflügelmastbetrieben waren Salmonella-negativ. Im Mittel waren 14,5 % der Herden aufgrund der positiven Befunde in den Gazekotproben als Salmonella-infiziert anzusehen, ohne dass große regionale Unterschiede auftraten. Bei den Nachweisen in Salmonella-positiven Betrieben handelte es sich überwiegend um Einzelbefunde. Nur in zwei der 26 beprobten Kleinbetriebe wurden wiederholt Salmonellen gefunden. Die negativen Salmonella-Befunde in den Kleinbetrieben der Regionen C und E sind vermutlich nicht repräsentativ, da in der

Region C nur jeweils eine Herde in drei Betrieben und in der Region E nur drei Herden in einem Kleinbetrieb beprobt werden konnten.

5.3.2 Salmonella-Prävalenzen in Halshautproben

In selbstschlachtenden direktvermarktenden Geflügelmastbetrieben wurden auf Herdenbasis aus Halshautproben seltener Salmonellen isoliert als aus Gaze Kotproben. Durchschnittlich waren 9,7 % der Herden aus Kleinbetrieben aufgrund der positiven Befunde in den Halshautproben als Salmonella-kontaminiert anzusehen. Dieser Wert liegt deutlich unterhalb der durchschnittlichen Kontaminationsrate von Herden, die in großen Geflügelschlachthöfen geschlachtet wurden (74,3 %).

Diese große Differenz der prozentualen Anteile ist jedoch mit äußerster Vorsicht zu interpretieren, da in den Großbetrieben 60 und in den Kleinbetrieben nur 10 Halshautproben/Betrieb untersucht wurden. Ein negatives Untersuchungsergebnis in Herden aus Großbetrieben lässt statistisch gesehen den Rückschluss zu, dass mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% die tatsächliche Salmonella-Prävalenz in der Herde unter 5% lag. Bei Kleinbetrieben konnte trotz negativem Untersuchungsbefund die tatsächliche Prävalenz in der Herde bis zu 25% betragen. Die Sensitivität der Methode, d.h. die Wahrscheinlichkeit, Salmonella-positive Herden auch als solche zu erkennen, war demnach in Kleinbetrieben deutlich geringer, als in den Großbetrieben. Generell wird die Sensitivität der Methode sowohl für Klein- als auch für Großbetriebe noch dadurch gemindert, dass die Proben nicht über die ganze Herde verteilt genommen werden konnten. Die Ergebnisse sind demnach genaugenommen nur für einen Teil der Herde repräsentativ.

Der große Unterschied zwischen den Salmonella-Kontaminationsraten von Herden aus Groß- und Kleinbetrieben bei vergleichbarer Salmonella-Infektionsrate, könnte aber auch darauf hindeuten, dass die moderne Schlachttechnologie eine Salmonellen-Kontamination der Tierkörper in den großen Schlachtbetrieben begünstigt. Die Beobachtung, dass auch sehr viele Herden aus Großbetrieben mit Salmonellen kontaminiert waren, bei denen keine Salmonella-Infektion nachgewiesen wurde, könnte diese Vermutung unterstützen. Allerdings kann nicht ausgeschlossen werden, dass falsch-negative Gaze Kotproben zu dieser Beobachtung geführt haben.

Darüber hinaus wurden aber auch Unterschiede zwischen den Salmonella-Kontaminationsraten von Herden festgestellt, die in verschiedenen Geflügelschlachthöfen geschlachtet wurden. Bei einem Schlachthof der Region A waren fast alle untersuchten Halshautpoolproben Salmonella-positiv. Die zweithöchste Salmonella-Kontaminationsrate wies ein Geflügelschlachtbetrieb in der Region B auf. Der Schlachthof der Region C und die oben nicht genannten Schlachthöfe der Region A wiesen eine mittlere Kontaminationsrate und der Schlachthöfe der Region D die geringste Kontaminationsrate auf. Die hohen Kontaminationsraten der Herden aus Schlachtbetrieben der Region A waren meist mit positiven Salmonella-Befunden in den zugehörigen Kloakentupferproben assoziiert, während in der Region B auch auffallend viele Herden hochgradig mit Salmonellen kontaminiert waren, bei denen keine Salmonellen in den Kotproben gefunden wurden. Dies deutet darauf hin, dass die Höhe der Salmonella-Kontaminationsrate beim Schlachtgeflügel sowohl vom Salmonella-Infektionsgrad der geschlachteten Herden, als auch vom Management des Schlachtbetriebes abhängen kann. Der Zeitpunkt der Schlachtung hatte in den Regionen B, C und D keinen statistisch nachweisbaren Einfluss auf die Ergebnisse der Halshautproben.

Im Hinblick auf den Einfluss der Jahreszeit konnte festgestellt werden, dass in Großbetrieben der Region D überwiegend die im Frühjahr geschlachteten Herden positive Befunde in den Gaze Kot-, Kloakentupfer-, und Halshautproben aufwiesen. In Großbetrieben der Region A waren ebenfalls die im Frühjahr entnommenen Gaze Kotproben häufiger Salmonella-positiv,

als die im Sommer entnommenen Proben. Einerseits könnte die im Frühjahr vorherrschende feuchte Witterung v.a. bei Offenställen das Überleben und den Nachweis von Salmonellen im Gazeot begünstigt haben, andererseits könnte der Rückgang der Salmonellen-Nachweise in den darauffolgenden Untersuchungsdurchgängen auch auf intensivierete Hygienemaßnahmen seitens der Betriebe nach Übermittlung der ersten Salmonellen-Befunde beruhen.

Ein genereller Einfluss des Hygienemanagements der Mastbetriebe auf den Salmonella-Infektionsstatus der in diesen Betrieben gemästeten Herden ließ sich statistisch nicht absichern. Dennoch wurde eine Salmonella-Infektion aller drei untersuchten Herden nur in Betrieben mit vergleichsweise schlechten hygienischen Bedingungen festgestellt. Darüber hinaus scheinen auch einzelne Faktoren, wie z. B. die Haltung weiterer Geflügelarten auf dem gleichen Hof und eine geringe Entfernung zwischen großen Geflügelmastbeständen das Risiko für eine Salmonella-Infektion bei Masthähnchen zu erhöhen. Die Beobachtung, dass bei Herden aus Betrieben, welche eine Schädlingsbekämpfung durchführten, häufiger Salmonellen in den Gazeotproben gefunden wurden als bei den anderen Herden, lässt sich vielleicht damit erklären, dass eine Bekämpfung durchgeführt wurde, weil ein offensichtlicher Befall vorlag. Dieser Schädlingsbefall hatte vermutlich die Verbreitung von Salmonellen begünstigt.

Andere Faktoren, wie das Baujahr der Stallungen, die gemästete Tierzahl oder die Herkunft des Tränkewassers scheinen die Salmonella-Prävalenzen der Herden hingegen nicht beeinflusst zu haben.

In der o.g. Studie, die im gleichen Zeitraum in Dänemark durchgeführt wurde (5x10 Hautproben pro Herde), waren nur 6,6 % von 5117 untersuchten Herden aus Großbetrieben mit Salmonellen kontaminiert (Annual Report on Zoonoses in Denmark 1999).

Den Angaben des Europäischen Trendberichts zufolge wurden aus den Mitgliedstaaten für das Jahr 1998 folgende Salmonella-Kontaminationsraten bei Broilerherden gemeldet: Niederlande 44,5 %, Irland 16,6 %, Österreich 2,4 bis 22,2 %, Dänemark 11,1 %, Finnland 0,52 % und Schweden 0,02 % (Document No. SANCO/409/2000-Rev.2 of the European Commission).

Der Deutsche Trendbericht über den Verlauf und die Quellen von Zoonosen-Infektionen nach der Zoonosen-RL (BgvV 2000) gibt an, dass 1999 in Deutschland 17,3 % von 1186 untersuchten Hühnerfleischproben mit Salmonellen kontaminiert waren, wobei die angewandten Untersuchungsverfahren z. T. differierten. In einer dänischen Studie des Ministeriums für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, bei der von November 1997 bis April 1998 landeseigenes und importiertes Geflügelfleisch aus Großhandel und Supermärkten vergleichend auf Salmonellen untersucht wurde, waren bei 37 % von 83 aus Deutschland importierten Masthähnchen Salmonellen nachweisbar. Die Kontaminationsraten von Broilern aus anderen Mitgliedstaaten lagen zwischen 46 % (Frankreich) und 0 % (Schweden). Dänische Hähnchen waren zu 8 % kontaminiert.

5.4 Salmonella-Serovare

Aus Kotproben eines Mastbetriebes wurden im Rahmen der durchgeführten Untersuchungen in der Regel nur wenige verschiedene Salmonella-Serovare isoliert, was auf wenige Eintragsquellen im Bestand schließen lässt. In Halshautproben einer Herde aus großen Schlachtbetrieben wurden dagegen häufig mehrere Serovare gefunden, was auf eine Kreuzkontamination im Schlachthof hindeuten kann.

Die Serovarverteilung der Salmonella-Isolate aus großen Geflügelmast- und –schlachtbetrieben zeigt darüber hinaus deutliche regionale Unterschiede. Jeder großen Schlachttstätte kann ein dominierendes Serovar zugeordnet werden, welches besonders häufig aus Halshautproben und nur gelegentlich aus Kloakentupferproben der in diesen Betrieben geschlachteten Herden isoliert wurde. Nur in den Regionen C und D wurden diese Serovare auch in Gazekotproben gefunden. Da aus Gazekotproben vieler Herden keine Salmonellen isoliert werden konnten, lässt sich nicht mit Sicherheit ausschließen, dass sich die Hähnchen schon während der Mast mit diesen Salmonella-Serovaren infiziert hatten und diese nur nicht nachgewiesen wurden. Die durch den Transportstress induzierte verstärkte Ausscheidung von Salmonellen bei infizierten Tieren führte dann möglicherweise im Schlachtbetrieb zu positiven Nachweisen in den Kloakentupferproben und durch Kreuzkontamination während des Schlachtprozesses zur Isolierung desselben Serovars aus Halshautproben. Denkbar wäre aber auch, dass sich die Tiere auf dem Transport zum Schlachthof z.B. durch unzureichend gereinigte Transportkisten mit bestimmten Salmonella-Serovaren infiziert hatten und diese dann in den Kloakentupfern nachgewiesen werden konnten.

In Gazekot- und Halshautproben von Broilerherden aus Kleinbetrieben wurden überwiegend *S. Enteritidis* (PT 4) nachgewiesen. Diese Stämme wurden ausschließlich in den Regionen B und D isoliert. Dort wurde S.E. auch in Kotproben aus Großbetrieben relativ häufig gefunden. Die Übereinstimmung der B Befunde lässt sich z.T. mit einer identischen Herkunft der Küken erklären.

Die meisten *S. Enteritidis*-Isolate, die im Rahmen der vorliegenden Studie angezüchtet wurden, gehören zum Lysotyp PT 4. Dieser Serotyp ist in Westeuropa weit verbreitet (Gruber u. Köfer, 1999) und wird auch in Deutschland häufig nachgewiesen, insbesondere in Lebensmitteln vom Geflügel (BgVV-Datenbank). *S. Enteritidis* gehören in Deutschland zu den wichtigsten Erregern der Enteritis infectiosa des Menschen und der größte Teil kann dem Phagentyp 4 zugeordnet werden (Document No. SANCO/409/2000-Rev.2 of the European Commission; Gericke et al., 1999). S.E. anderer Lysotypen wurden während der Untersuchungen nur vereinzelt nachgewiesen.

Die *S. Typhimurium*-Isolate wurden überwiegend dem Lysotyp DT 177 zugeordnet. Dieser Lysotyp wurde im Rahmen der vorliegenden Studie nur in Kloakentupfern und Halshautproben eines großen Geflügelschlachtbetriebes der Region B nachgewiesen. S.T. DT 177 wurden 1998/99 darüber hinaus in der Region B häufig aus Geflügelproben und einmal aus Seefisch isoliert. Außerdem wurde dieser Lysotyp 1998 in Baden-Württemberg in einer Abwasserprobe gefunden (BgVV-Datenbank). 1997 wurde er beim Menschen auch aus Stuhlproben isoliert (Gericke et al., 1999). In anderen Regionen Deutschlands scheint dieser Lysotyp nicht vorzukommen und in Studien anderer europäischer Länder wurde über das Auftreten dieses Lysotyps ebenfalls nicht berichtet. Der derzeit in Deutschland bei Isolaten vom Tier, von Lebens- und Futtermitteln, von Isolaten der Umwelt, vom Geflügel (Schröter et al., 1999) und auch vom Menschen (Gericke et al., 1999) dominierende Lysotyp DT 104 wurde nur in einer Kotprobe aus einem Kleinbetrieb der Region D gefunden, der auch Rinderhaltung betreibt.

S. Blockley wurden im Rahmen des durchgeführten Forschungsvorhabens in Kloakentupfern niedersächsischer Herden aus Großbetrieben und in Halshautproben von 3 untersuchten Geflügelschlachthöfen (A, B, C) nachgewiesen. Ansonsten wurde dieses Serovar relativ selten isoliert, und nur aus Gefügelfleisch- bzw. Fleischproben (BgVV-Datenbank; Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998). Gelegentlich wurde *S. Blockley* auch in Stuhlproben gefunden (Hygiene Institut Hamburg, 1999). In anderen EU-Mitgliedstaaten scheint dieses Serovar keine Bedeutung zu besitzen (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998).

S. Mbandaka wurden in allen untersuchten Probenmaterialien aus Großbetrieben und in fast allen beprobten Regionen gefunden, allerdings mit unterschiedlicher Häufigkeit. Da dieses Serovar auch häufiger in Futtermitteln nachgewiesen wurde (BgVV-Datenbank, Annual Report on Zoonoses in Denmark 1999) und die betroffenen Herden mit Futtermitteln des gleichen Herstellers gefüttert wurden, ist ein Zusammenhang nicht auszuschließen. S. Mbandaka wurde auch in Geflügelfleisch gefunden, welches aus Deutschland nach Dänemark importiert wurde, jedoch nicht in Proben aus anderen EU-Staaten (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998). Vereinzelt wurde S. Mbandaka auch aus Stuhlproben isoliert (Hygiene Institut Hamburg, 1999).

S. Agona wurde in Deutschland regelmäßig in Proben aus der Umwelt und von unterschiedlichen Tierarten sowie in Futtermitteln nachgewiesen (BgVV-Datenbank). Im Rahmen des Forschungsvorhabens wurde dieses Serovar in Kloakentupfer- und Halshautproben eines Geflügelschlachtbetriebes der Region A sowie in einer Gazekotprobe eines Kleinbetriebes der Region D gefunden. Vom Vorkommen von S. Agona in Geflügelproben wird auch in Dänemark und Frankreich berichtet (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998; Moury et al., 1998). Vereinzelt wurde dieses Serovar auch aus Stuhlproben isoliert (Hygiene Institut Hamburg, 1999; Annual Report on Zoonoses in Denmark 1999).

S. Infantis wurde in Halshautproben eines Geflügelschlachtbetriebes der Region A häufig und vereinzelt in Halshautproben von zwei weiteren Schlachthöfen (A,C) gefunden. In Kotproben sowie in Proben aus Kleinbetrieben wurde dieses Serovar nicht nachgewiesen. S. Infantis wurde in Deutschland in den letzten beiden Jahren regelmäßig aus Umweltproben, aus Proben unterschiedlicher Tierarten und aus Futtermitteln isoliert (BgVV-Datenbank). Eine dänische Studie berichtet vom Vorkommen dieses Serovars in Futtermitteln und Gazekotproben von Broilerherden (Annual Report on Zoonoses in Denmark, 1999). S. Infantis wurden darüber hinaus auch in Kotproben österreichischer Broilerherden (Gruber u. Köfer, 1999) sowie in belgischen, französischen und niederländischen Geflügelfleischproben gefunden (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998; Daube et al., 1998; Monry et al., 1998). S. Infantis wurde auch regelmäßig aus Stuhlproben isoliert (Gericke, 1997; Daube et al., 1998; Siitonen u. Puohiniemi, 1998; Annual Report on Zoonoses in Denmark, 1999; Hygiene Institut Hamburg, 1999; Gruber u. Köfer, 1999).

S. Indiana wird in Deutschland beim Geflügel relativ häufig nachgewiesen, seltener beim Schwein, in Umweltproben sowie in Futtermitteln (BgVV-Datenbank). Im Rahmen des durchgeführten Forschungsvorhabens wurde dieses Serovar wiederholt in Gazekotproben eines großen Mastbetriebes der Region D sowie in Kloakentupfer- und Halshautproben von zwei Schlachtbetrieben der Region A gefunden. Das Dänische Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei berichtete 1998 von S. Indiana-Nachweisen in dänischem, englischem, französischem, niederländischem und deutschem Geflügelfleisch. Auch beim Menschen wurde dieses Serovar aus Stuhlproben isoliert (Hygiene Institut Hamburg, 1999).

S. Isangi wurde vereinzelt in Gazekotproben großer und kleiner bayrischer Geflügelmastbetriebe sowie häufiger in Halshautproben des Geflügelschlachtbetriebes der Region B gefunden. Ein ätiologischer Zusammenhang zwischen den Befunden der Großbetriebe und des Kleinbetriebes ist anhand der vorliegenden Daten nicht ersichtlich. S. Isangi wurde in den vergangenen beiden Jahren selten aus Geflügelproben isoliert, 1998 auch aus bayrischen Kompostproben (BgVV-Datenbank). Dieses Serovar wurde 1999 im Hygiene Institut Hamburg auch in einer Stuhlprobe gefunden.

Der nur aus Gazekotproben der Region E isolierte Serotyp S. Paratyphi B (d-Tartrat positiv) wurde früher als S. Java bezeichnet und ist nicht identisch mit dem Erreger des Paratyphus.

Alle Isolate stammen aus einem Mastbetrieb, von dem keine Halshautproben untersucht wurden. *S. Paratyphi B* (d-Tartrat positiv) wurde 1998 und 1999 in Deutschland häufiger gefunden, fast ausschließlich in Proben vom Geflügel (BgVV-Datenbank). Auch beim Menschen wird dieser Serotyp gelegentlich nachgewiesen (Hygiene Institut Hamburg, 1999; Annual Report on Zoonoses in Denmark, 1999). Über das Vorkommen beim Geflügel in anderen EU-Staaten ist uns nichts bekannt.

S. Livingstone wurde in Gazekotproben von zwei großen Geflügelmastbetrieben und von einem Direktvermarkter der Region A gefunden. Vermutlich stehen diese Befunde in einem ätiologischen Zusammenhang, da die Mäster Futter und Küken von den gleichen Firmen bezogen hatten. Außerdem wurde dieses Serovar in einer Halshautprobe des Geflügelschlachtbetriebes der Region B nachgewiesen. *S. Livingstone* ist in Deutschland ubiquitär verbreitet und wurde auch regelmäßig aus Futtermitteln isoliert (BgVV-Datenbank). Über das Vorkommen beim Menschen berichtet das Hygiene Institut Hamburg (1999). Darüber hinaus wurde dieses Serovar in Geflügelfleischproben aus Großbritannien und Holland gefunden (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998).

S. Anatum wird in Deutschland regelmäßig in Proben aus der Umwelt, bei unterschiedlichen Tierarten sowie in Futtermitteln nachgewiesen (BgVV-Datenbank). Im Rahmen der vorliegenden Studie wurde dieses Serovar nur in einer Gazekotprobe eines großen Mastbetriebes der Region B sowie in jeweils einer Gazekot- und Halshautprobe eines Kleinbetriebes der Region B gefunden. Ein ätiologischer Zusammenhang zwischen den Funden in den beiden Betrieben ist nicht erkennbar. *S. Anatum* wurde außerdem aus französischen Geflügelproben isoliert (Moury et al., 1998; Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998). Über das Vorkommen beim Menschen liegen uns keine Daten vor.

S. Mons, welche vereinzelt in Gazekot- und Halshautproben von Herden aus der Region A vorkamen, wurden in Deutschland bislang nur vereinzelt isoliert, unter anderem auch aus Futtermitteln (BgVV-Datenbank). Über ein Vorkommen in anderen EU-Staaten und Nachweise beim Menschen ist uns nichts bekannt.

S. Kottbus, welche in Gazekot- bzw. Halshautproben von zwei Herden eines großen Mastbetriebes der Region A und in einer Gazekotprobe eines Kleinbetriebes der Region B vorkamen, wurden in Deutschland bislang nur selten isoliert, überwiegend aus Geflügelproben (BgVV-Datenbank). Vereinzelt wurde dieses Serovar auch in Stuhlproben (Hygiene Institut Hamburg, 1999) sowie in Geflügelfleischproben aus Großbritannien und Frankreich gefunden (Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998).

S. Hadar, welche in Deutschland regelmäßig aus Geflügelproben isoliert wurden (BgVV-Datenbank) und in anderen Europäischen Staaten eine große Bedeutung besitzen (Moury et al., 1998, Daube et al., 1998; Gruber u. Köfer, 1999; Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei, 1998) waren im Rahmen des Forschungsvorhabens nur vereinzelt in Halshautproben von zwei Schlachtbetrieben der Region A und einem Schlachtbetrieb der Region B nachweisbar.

5.5 Infekt-/Kontaminationsketten

Geschlossene Infekt-/Kontaminationsketten mit Nachweisen des gleichen Salmonella-Serovars mit gleichen Resistenzeigenschaften in allen Probenmaterialien einer Herde wurden im Rahmen des durchgeführten Forschungsvorhabens nur selten beobachtet, häufiger dagegen deren Nachweis in Kloakentupfern und Halshäuten einer Herde. Auch wiederholte bzw. wiederkehrende Nachweise dieser näher definierten Serotypen in Kotproben mehrerer Herden eines Betriebes waren selten. Dies könnte in einer niedrigen Intraherdenprävalenz oder in einer mangelhaften Nachweisttechnik begründet sein.

In Halshautproben von Herden des gleichen Großbetriebes und auch von Herden, welche in unterschiedlichen Großbetrieben gemästet aber im gleichen Betrieb geschlachtet wurden, fanden sich gleiche Salmonella-Serovare mit gleichen Resistenzeigenschaften etwas häufiger. Dies ist bei Proben unterschiedlicher Mastbetriebe vermutlich auf eine Kreuzkontamination zurückzuführen, bei Proben des gleichen Mastbetriebes könnte es aber auch auf eine gemeinsame Infektionsquelle hindeuten.

Die Funde von S. Blockley-Isolaten mit gleichem Resistenz-/Plasmid- und PFGE-Muster in Schlachtbetrieben verschiedener Regionen stehen vermutlich in einem ätiologischen Zusammenhang, dessen Quelle aus unseren Daten nicht ersichtlich ist, aber durch weitergehende Untersuchungen zu bestimmen wäre.

Die Anzüchtung von S. Mbandaka gleicher Resistenzmuster aus Probenmaterialien von Herden aus der Region C und E lässt sich mit hoher Wahrscheinlichkeit damit erklären, dass die Mastbetriebe die Futtermittel und Küken von den gleichen Firmen bezogen und die betroffenen Herden der Region E in dem Schlachtbetrieb der Region C geschlachtet wurden.

5.6 Antibiotikaresistenzen der Salmonella-Isolate

Durchschnittlich 34 % der Isolate, die im Rahmen des Forschungsvorhabens aus Proben deutscher Großbetriebe angezüchtet wurden, waren gegen mindestens eins der getesteten Antibiotika resistent. Der überwiegende Anteil der resistenten Stämme war darüber hinaus gegen drei oder mehr der geprüften Wirkstoffe unempfindlich. Diese Befunde stimmen mit den Mitteilungen von Miko et al. (1999) überein, welche die Resistenzdaten von Geflügelstämmen ausgewertet hatten, die 1998 an das Nationale Veterinärmedizinische Referenzlabor für Salmonellen des BgVV eingesandt wurden. In den Regionen B, C und D lagen die Anteile resistenter Stämme etwas unterhalb, in den Regionen A und E oberhalb der 34 %. Der hohe Resistenzanteil in der Region E ist auf den Nachweis von S. Paratyphi B (d-Tartrat +) in einem Mastbetrieb dieser Region zurückzuführen, da alle Isolate (n=18) dieses Serotyps resistent waren. Miko et al. (1999) hatten 1998 für S. Paratyphi B (d-Tartrat +) eine Resistenzrate von 96 % berechnet. Die S. Paratyphi B-Isolate aus der Region E zeigten darüber hinaus Resistenzen gegen 4 bis 7 der getesteten Substanzen. In der Region A besaßen auch unterschiedliche Salmonella-Serovare, welche aus Proben der gleichen Mastbestände isoliert wurden, identische Resistenzmuster, was vielleicht auf einen intensiven Antibiotikaeinsatz in diesen Beständen hindeuten könnte.

Die Resistenzrate von S. Enteritidis lag mit 15,9 % etwas oberhalb und die Resistenzrate von S. Typhimurium mit 7,1 % deutlich unterhalb der von Miko et al. (1999) angegebenen Raten. Die Resistenzdaten von S. Typhimurium können grundsätzlich nur in Zusammenhang mit den isolierten Lysotypen bewertet werden. So ist der niedrige Anteil resistenter S.T.-Stämme unserer Studie darin begründet, dass der fast ausschließlich isolierte Lysotyp DT 177 überwiegend sensibel war. Hingegen wies der DT 104-Stamm eines Kleinbetriebes der Region D Resistenzen gegen mehrere der getesteten Wirkstoffe auf.

Die Resistenzrate von S. Infantis lag mit 31,2 % etwas unterhalb der von Miko et al. (1999) festgestellten 55 %. Die leichten Abweichungen bei S. Anatum, S. Hadar und S. Heidelberg stehen vermutlich mit der geringen Anzahl untersuchter Isolate in Zusammenhang. Auffällig sind dagegen die hohen Resistenzraten von S. Blockley und S. Indiana. Vergleichsdaten liegen uns für diese Serovare jedoch nicht vor.

Zwischen den Resistenzraten der Salmonella-Isolate aus Groß- und Kleinbetrieben bestanden in den Regionen B und D keine großen Unterschiede. Die resistenten Isolate Kleinbetriebe der Region B stammen jedoch alle aus dem gleichen Betrieb, welcher unseren Daten zufolge auch Hygienemängel aufwies, und besaßen Mehrfachresistenzen. In der Region D wurden nur in zwei Kleinbetrieben antibiotika-resistente Salmonellen gefunden. Die anderen Regionen lassen aufgrund der geringen Anzahl beprobter Kleinbetriebe keine Bewertung zu.

Im Vergleich zu den Daten dänischer Geflügelstämme (DANMAP, 1999) lagen die durchschnittlichen Resistenzraten der 496 Salmonella-Isolate, welche im Rahmen des Forschungsvorhabens angezüchtet wurden, mit Ausnahme von Gentamycin (Aminoglycosid-Antibiotikum) bei allen Wirkstoffen deutlich oberhalb der dänischen Werte.

Ampicillin und Tetracycline scheinen in Deutschland in der Broilermast häufig eingesetzt zu werden. In den Regionen A, D und E lagen die Ampicillin-Resistenzraten mit Werten zwischen 20 % und 58 % weit oberhalb der dänischen Rate (4 %). Die Tetracyclin-Resistenzraten überschritten in allen beprobten Regionen diesen Wert deutlich.

Obwohl die Verabreichung von Chloramphenicol bei lebensmittelliefernden Tieren schon seit einigen Jahren verboten ist, erreichten die Salmonellen aus den Regionen B und D Resistenzraten von 9 % bzw. 14 %. In Dänemark wurde für Chloramphenicol ein Wert von 1 % errechnet.

Die Resistenzraten gegen die anderen Aminoglycoside (Kanamycin, Neomycin, Streptomycin) lagen mit Ausnahme von der Region A in allen beprobten Regionen deutlich oberhalb der dänischen Werte (Kanamycin 1 %, Streptomycin 5 %).

Alle Isolate der Region B waren sowohl gegenüber Trimethoprim als auch gegenüber der Kombination Trimethoprim/Sulfamethoxazol sensibel. Die Resistenzrate gegen Sulfonamide lag im Bereich der dänischen Rate. In den übrigen Regionen wurden die dänischen Resistenzraten deutlich überschritten (Sulfonamide 8 %, Trimethoprim 1 %), was darauf hindeuten kann, dass diese Wirkstoffe in der deutschen Hähnchenmast häufiger verabreicht werden.

Nur in der Region E lag die Resistenzrate gegen Nalidixinsäure deutlich oberhalb des dänischen Wertes (10 %). Dieses Ergebnis ist darauf zurückzuführen, dass alle S. Paratyphi B (d-Tartrat +)-Stämme gegen diesen Wirkstoff unempfindlich waren. In Dänemark war 1999 bei S. Enteritidis ein Ansteigen der Resistenzrate gegen Nalidixinsäure auf 20 % beobachtet worden, was mit einer klonalen Ausbreitung begründet wird (DANMAP, 1999). Von 63 S.E.-Stämmen des Forschungsvorhabens waren hingegen nur 1,6 % gegen diesen Wirkstoff resistent.

5.7 Mikrobiologische Stufenkontrollen auf Salmonellen in einem Geflügelschlachtbetrieb

Die Ergebnisse der mikrobiologischen Stufenkontrollen auf Salmonellen zeigen Hygienemängel in dem beprobten Schlachtbetrieb auf. Die positiven Salmonellen-Befunde am Lungensauger und im Brühwasser deuten auf mangelhafte Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen hin. Darüber hinaus war die Transportkistenreinigung unzureichend und so ist vermutlich das Salmonella-Serovar des Vortages über unzureichend gereinigte Transportkisten wieder in den Schlachtbetrieb und damit in das Brühwasser zurückgekehrt. Eine Kontamination der Schlachttierkörper mit Salmonellen durch Brühwasser, Rupffinger und Lungensauger wäre daher grundsätzlich möglich gewesen, konnte bei einer Untersuchung von 30 Halshäuten pro Herde jedoch nicht nachgewiesen werden. Die hohe Belastung des Lungensaugers mit Salmonellen könnte damit zusammenhängen, dass diese Gerät ohne ständige Wasserspülung betrieben wird. Die Tatsache, dass während der ersten Probenahme Salmonellen um 8.00 aber nicht mehr um 11.00 Uhr im Brühwasser nachgewiesen werden konnten, weist daraufhin, dass sich im Laufe des Schlachttages nicht zwangsläufig die Konzentration an Salmonellen im Brühwasser erhöhen muss. Bei einem geringen/fehlenden Eintrag scheint die Absterberate der Salmonellen zu überwiegen und so zu einer Reduktion der Konzentration zu führen.

Da die genannten Hygieneschwachstellen des beprobten Geflügelschlachtbetriebes auch in Veröffentlichungen anderer Arbeitsgruppen als mögliche Salmonella-Kontaminationsquellen beschrieben werden (KÄSBOHRER et al., 1995; PLESS u. KÖFER, 1998), lassen sich diese Ergebnisse vermutlich auch auf andere Geflügelschlachtbetriebe übertragen.

6 Schlussfolgerungen

Aus dem hohen Anteil Salmonella-kontaminierter Herden großer Schlachtbetriebe ergeben sich unseres Erachtens nach folgende Forderungen:

1. Reduzierung des Salmonellen-Eintrags in die Mastbestände (dies beinhaltet die Forderungen nach Salmonellen-freien Küken und Futtermitteln)
2. Etablierung eines Salmonellen-Überwachungsprogrammes für Mastgeflügel
3. Verbesserung der Schlachttechnik (Brühkessel, Transportkistenwaschanlage, usw.)
4. Verbesserung von Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen im Schlachtbetrieb
5. Durchsetzung des „logistischen Schlachtens“, damit ursprünglich Salmonellen-freie Herden nicht nachträglich während der Schlachtung kontaminiert werden.

Weiterhin geben die vorliegenden Untersuchungsergebnisse unseres Erachtens nach keinen Anlass für eine Änderung der bestehenden Ausnahmeregelungen von der Geflügelfleisch-hygiene-Verordnung für selbstschlachtende direktvermarktende Geflügelmastbetriebe.

Der hohe Anteil antibiotikaresistenter Salmonella-Isolate aus Geflügelmast- und -schlachtanlagen unterstreicht die Notwendigkeit der Etablierung eines deutschlandweiten Monitorings zur Antibiotikaresistenz bei Keimen von landwirtschaftlichen Nutztieren.

7 Literaturverzeichnis

Anderson, E. S., L. Ward, J. de Saxe (1977):

Bacteriophage-typing designation of *Salmonella typhimurium*.
J. Hyg. **78**, S. 297.

Atanassova, V., J. Altemeier, K.-P. Kruse u. B. Dolzinski (1998):

Nachweis von *Salmonella* und *Campylobacter* aus frischem Geflügelfleisch. Vergleichende Untersuchungen über kulturelle Methoden.
Fleischwirtschaft **78**(4), 364-366.

Annual report on Zoonoses in Denmark 1999.

Ministry of Food, Agriculture and Fisheries, 2000.

BgVV (2000):

Deutscher Trendbericht über den Verlauf und die Quellen von Zoonosen-Infektionen nach der Zoonosen-RL für 1999.

Nationales Referenzlabor für die Epidemiologie der Zoonosen, BgVV, Berlin.

DANMAP 99 - Consumption of antimicrobial agents and occurrence of antimicrobial resistance in bacteria from food animals, food and humans in Denmark. ISSN 1600-2032. (Statens Serum Institut, Danish Veterinary & Food Administration, Danish Medicines Agency, Danish Veterinary Laboratory).

Dänisches Ministerium für Lebensmittel, Landwirtschaft und Fischerei (1998):

Salmonella i dansk og importeret fjærkækød.

Daube, G., J.-M. Dumont, M.-L. Libotte-Chasseur, Y. Ghafir u. L. De Zutter (1998):

Serovars of *Salmonella* strains isolated from foods of animal origin in Belgium.
Proc. of 4th World Congress Foodborne Infections and Intoxications, 7-12 June 1998, BgVV, Berlin., S. 807-808.

DIN 58 940:

Medizinische Mikrobiologie. Methoden zur Empfindlichkeitsprüfung von bakteriellen Krankheitserregern (außer Mykobakterien) gegen Chemotherapeutika.
Beuth-Verlag, Berlin

Document No. SANCO/409/2000-Rev.2:

Trends and sources of zoonotic agents in animals, feedstuffs, food and man in the European Union in 1998.

Reference Laboratory on the Epidemiology of Zoonoses, BgVV, Berlin.

Gericke, B., H.Claus, M.Voigt, H. Tschäpe, H. Holler u. H. Wagner (1999):

Die epidemiologische Situation der Salmonellose in Deutschland 1997.
Bundesgesundhbl. **42**, 196-205

Graeber I., M.A. Montenegro, C. Bunge, U. Boettcher, H. Tobias, E.A. Heinemeyer u. R. Helmuth (1995):

Molecular Marker Analysis of *Salmonella Typhimurium* From Surface Waters, Humans, and Animals.

European Journal of Epidemiology **11**, 325-331.

- Gruber, H. u. J. Köfer (1999):
Bekämpfung der Salmonellose beim Geflügel in der Steiermark. 2. Mitteilung: Untersuchungen in Mastbetrieben.
Wien. Tierärztl. Mschr. **86**, 411-415.
- Helmuth, R., R. Stephan, C. Bunge, B. Hoog, A. Steinbeck u. E. Bulling (1985):
Epidemiology of Virulence-Associated Plasmids and Outer Membrane Protein Patterns Within Seven Common Salmonella Serotypes.
Infect. Immun. **48**, 175-182.
- Helmuth, R. u. A. Schroeter (1994):
Molecular Typing Methods for *S. Enteritidis*.
Int. J. Food Microbiol. **21**, 69-77.
- Helmuth, R. (2000):
Antibiotic Resistance.
in: *Salmonella in Domestic Animals* (Wray C.W., Wray A. ed) , S. 89-106, CAB International.
- Hygiene Institut Hamburg (1999):
Jahresbericht 1999.
- Kado, C. u. S.T. Liu (1981):
Rapid Procedure for Detection and Isolation of Large and Small Plasmids.
J. Bacteriol. **145**, 1365-1373.
- Käsbohrer, A., Th. Blaha, D. Helms u. K. Müller (1995):
Quantitative Untersuchungen zum Salmonelleneintrag und zur Kreuzkontamination an einem Geflügelschlachthof.
36. Arbeitstagung der AG Lebensmittelhygiene der DVG, 26.-29.09.95 in Garmisch-Partenkirchen, Teil I, 25-31.
- Laconcha, I., D. Lau Baggesen, A. Rementeria u. J. Garaizar (2000):
Genotypic Characterisation by PFGE of Salmonella Enterica Serotype Enteritidis Phage Types 1, 4, 6 and 8 Isolated From Animal and Human Sources in Three European Countries.
Vet. Microbiol. **75**, 155-165.
- Miko, A. A. Schroeter, Chr. Dorn u. R. Helmuth (1999)
Resistenzsituation bei Salmonella-Isolaten aus dem Geflügel der letzten Jahre.
In: Deutscher Trendbericht über den Verlauf und die Quellen von Zoonosen-Infektionen nach der Zoonosen-RL für 1999, S. 47. Nationales Referenzlabor für die Epidemiologie der Zoonosen, BgVV, Berlin.
- Moury, F., A. Brisabois u. S. Fremy (1998)
Surveillance program of Salmonella strains in food hygiene: data from CNEVA Paris.
Proc. of 4th World Congress Foodborne Infections and Intoxications, 7-12 June 1998, BgVV, Berlin, S. 784-787.
- Müller, K., A. Käsbohrer und Th. Blaha (1997):
Modifikation des ISO 6579 Salmonellennachweises für Monitoringuntersuchungen in der Geflügelproduktion.
Fleischwirtschaft **77**(6), 563-567.

- Olsen, J.E., D. J. Brown ,M.N. Skov u. J.P. Christensen (1993):
Bacterial Typing Methods Suitable for Epidemiological Analysis. Applications in Investigations of Salmonellosis Among Livestock.
Vet. Q. **15**, 125-135.
- Pellaz, V. (1996):
Der Einfluss eines Darmpräparates und von Risikofaktoren auf das Vorkommen von Salmonellen in Geflügelmastbeständen.
Diss., TiHo Hannover, 141-142.
- Pless, P. u. J. Köfer (1998):
Getrennte Schlachtung von Salmonella-positiven und Salmonella-negativen Broilerherden als Bestandteil eines Gütezeichenprogrammes.
Fleischwirtsch. **78**(3), 187-189.
- Ridley, A.M.,P. Punia , L.R. Ward ,B. Rowe u. E.J. Threlfall (1996):
Plasmid Characterization and Pulsed-Field Electrophoretic Analysis Demonstrate That Ampicillin-Resistant Strains of Salmonella Enteritidis Phage Type 6a Are Derived From Salm-Enteritidis Phage Type 4.
J. Appl. Bacteriol. **81**, 613-618.
- Siitonen, A. u. R. Puohiniemi (1998):
Human salmonellosis in Finland.
Proc. of 4th World Congress Foodborne Infections and Intoxications , 7-12 June 1998, BgVV, Berlin, S. 254-257.
- Schröter, A. , W. Rabsch, Chr. Dorn, A. Miko u. R. Helmuth (1999):
Ergebnisse der Lysotypie von Salmonella Enteritidis und Salmonella Typhimurium-Isolaten aus dem Geflügel.
In: Deutscher Trendbericht über den Verlauf und die Quellen von Zoonosen-Infektionen nach der Zoonosen-RL für 1999, S. 45. Nationales Referenzlabor für die Epidemiologie der Zoonosen, BgVV, Berlin.
- Tenover, F.C., R.D. Arbeit , R.V. Goering, P.A. Mickelsen, B.E. Murray, D.H. Persing u. B. Swaminathan (1995):
Interpreting Chromosomal DNA Restriction Patterns Produced by Pulsed-Field Gel Electrophoresis: Criteria for Bacterial Strain Typing.
J. Clin. Microbiol. **33**, 2233-2239.
- Threlfall, E.J., J.A. Frost, L.R. Ward u. B. Rowe (1990):
Plasmid Profile Typing Can Be Used to Subdivide Phage-Type 49 of Salmonella Typhimurium in Outbreak Investigations.
Epidem. Inf. **104**, 243-251.
- Ward, L., J. de Saxe, B. Rowe (1987):
A phage-typing schema for Salmonella Enteritidis.
Epidem. Inf. **99**, S. 291-294.

8 Anhänge

Anhang 1: Material und Methode

A Entnahme der Probenmaterialien:

a) Gazekotproben:

Die Gazekotproben sollten in den Großbetrieben vor dem Ausstallen der Broiler, in möglichst kurzem zeitlichen Abstand zum Schlachtermin (max. 1 Woche) gesammelt werden. Da in den Kleinbetrieben in der Regel nicht die ganze Herde gleichzeitig ausgestallt wird, konnten in diesen Betrieben die Gazekotproben am Tag der Schlachtung entnommen werden.

Vor Betreten des Maststalles sollten die Gummistiefel des Probennehmers mit einem Paar Einweg-Überziehtiefel bedeckt werden. Für die Entnahme der Gazekotproben wurden über jeden Einweg-Überziehtiefel zusätzlich ein Einweg-Überziehschuh und ein 40 cm langer Schlauchverband¹ gezogen. Das Sammeln der Kotproben erfolgte während des Durchlaufens des Stallgebäudes. Es sollte nach Möglichkeit die gesamte Stallfläche repräsentativ beprobt werden und bei der Probennahme sollten sowohl Stellen mit trockener als auch feuchter Einstreu einbezogen werden. Etwa alle 10 Meter (ca. 25 Schritte) wurden die Schlauchverbände und die Überschuhe gewechselt. Dabei wurden Einmal-Handschuhe getragen, um eine Kontamination der Schlauchverbände zu verhindern. Die Überschuhe wurden zusammen mit dem Schlauchverband vom Überstiefel gezogen und paarweise in einem beschrifteten Kunststoffbeutel verpackt.

In Großbetrieben wurden pro Herde 5 Paar Gazekotproben gesammelt, in Kleinbetrieben je nach Stallgröße 3 bis 5 Paar. Bei Kleinbetrieben mit Freilandhaltung wurden auch im Auslauf Gazekotproben gesammelt.

b) Kloakentupfer:

Von Herden, die in Großbetrieben gemästet wurden, sollten während der Schlachtung von 60 Hähnchen vor dem Brühen Kotproben mittels Wattetupfer entnommen werden. Die Wattetupfer wurden einzeln in gekennzeichnete Röhrchen verbracht. Aus zeitlichen Gründen konnten die Tupferproben nicht repräsentativ für die ganze Herde entnommen werden. Abhängig vom Schlachthof wurde etwa jedes 10. bis 50. Tier einer Herde beprobt. In der Region D konnten die Kloakentupferproben aus organisatorischen Gründen erst nach dem Brühvorgang gesammelt werden.

Jeweils 5 Tupfer einer Herde wurden im Labor zu einer Poolprobe zusammengefasst.

c) Halshautproben:

In großen Geflügelschlachtbetrieben sollten von 60 Hähnchen nach der Kühlung mit sterilem Besteck jeweils etwa 10 g Halshaut entnommen werden. Je 5 Halshautproben wurden schon im Schlachthof zu einer Poolprobe zusammengefasst und in beschriftete, sterile, auslaufsichere Transportgefäße verpackt. Nach der Entnahme einer Poolprobe wurde das Probenentnahmebesteck gewechselt oder es wurde durch sorgfältiges Abflammen entkeimt. Aus zeitlichen Gründen konnten die Halshautproben nicht repräsentativ für die ganze Herde entnommen werden. Abhängig vom Schlachthof wurde etwa jedes 10. bis 30. Tier einer

¹ Firma Lohmann, TG 7

Herde beprobt. In der Region D wurden die Halshautproben schon vor der Kühlung entnommen.

In Kleinbetrieben wurden die Halshautproben z.T. vor der Kühlung entnommen, in Kleinbetrieben der Regionen C und E z.T. auch schon vor der Eviszation. In den Regionen B und D kauften die Probennehmer in einigen Betrieben ganze Tierkörper bzw. Häuse und entnahmen die Halshäute erst im Labor.

B Probentransport:

Alle Proben wurden innerhalb von 6 Stunden gekühlt in das untersuchende Labor transportiert und in der Regel sofort aufgearbeitet. War dies nicht möglich konnte das Probenmaterial für max. 24 h bei +2-7°C zwischengelagert werden.

C Bakteriologische Untersuchung:

a) Nährmedien, Chemikalien, Seren:

Für die bakteriologische Untersuchung der Proben wurden Nährmedien nach den Empfehlungen von Müller et al. (1997) ausgewählt und in Vorversuchen auf ihre Eignung geprüft. Die Fertigung der Voranreicherungs- und Selektivanreicherungs-lösungen erfolgte durch die beteiligten Untersuchungseinrichtungen aus identischen Trockennährmedien nach Anweisungen der Hersteller. Die maximalen Lagerzeiten betragen 14 Tage für das Rappaport-Vassiliadis(RV)-Medium und 4 Tage für die Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle(TBG)-Bouillon. Die Agarplatten wurden aus identischen Medien industriell produziert und an die einzelnen Labore ausgeliefert.

Voranreicherung: **gepuffertes Peptonwasser**, 1%ig (SIFIN; TN 1137)

Selektiv-
Anreicherung: **Rappaport-Vassiliadis** (RV)-Anreicherungs-lösung (OXOID; CM 669B)
Mod. Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle (TBG)-Anreicherungs-bouillon (MERCK; 1.05178) mit Zusatz von 0,04g/l Novobiocin-Mononatriumsalz (MERCK; 1.06255)

Selektiv-
Agarplatten: **Rambach®**-Agar (MERCK; 1.15999)
Xylose-Lysin-Desoxycholat (XLD)-Agar (MERCK; 1.15184)
GASSNER-Agar (MERCK; 1.13580)

Antiserum: **Omnivalentes Salmonella-Antiserum** (SIFIN; TR 1105)

b) Probenaufarbeitung (siehe Fließschema)

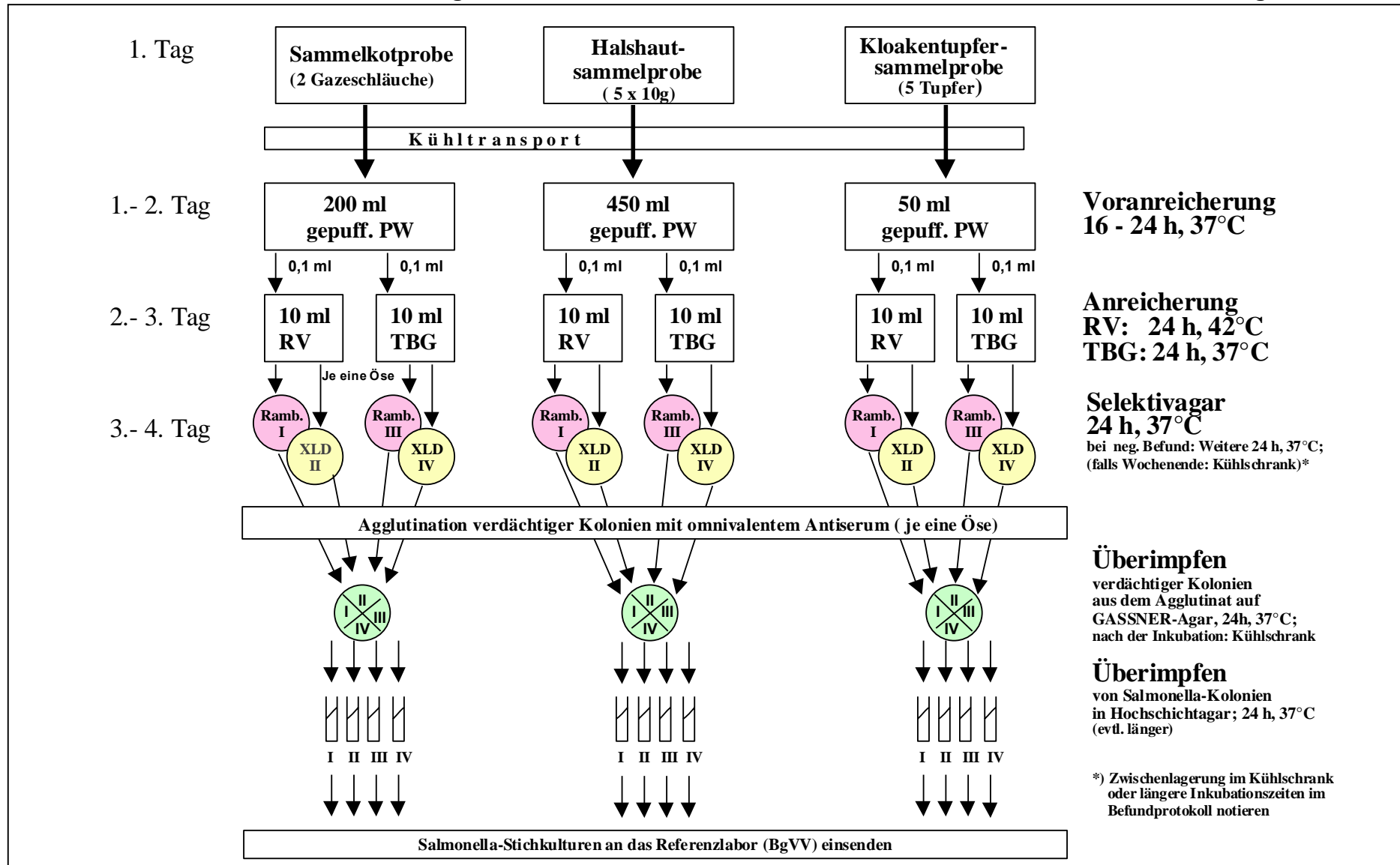
Die Sammelproben wurden zunächst im Verhältnis 1:10 in 1%iges gepuffertes Peptonwasser verbracht und für 16 bis 20 Stunden bei 37°C bebrütet. Anschließend wurden jeweils 0,1 ml der Voranreicherung in 10 ml Rappaport-Vassiliadis(RV)-Anreicherungs-lösung und 10 ml Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle(TBG)-Anreicherungs-bouillon mit Zusatz von 0,04g/Liter Novobiocin-Mononatriumsalz überführt. Die Selektivanreicherungen wurden nach einer 24-stündigen Inkubation bei 37°C (TBG) bzw. 42°C (RV) auf Rambach®-Agar und Xylose-Lysin-Desoxycholat(XLD)-Agar ausgestrichen. Nach der Bebrütung der Selektiv-Agarplatten (18

bis 24 Stunden bei 37°C) wurde mindestens eine verdächtige Kolonie pro Platte mit omnivalentem Salmonella-Antiserum agglutiniert. Im Fall einer positiven Agglutinationsreaktion wurde aus dem Agglutinat zur Überprüfung des Lactose-Abbaus eine GASSNER-Agarplatte beimpft, die ebenfalls für 18-24 Stunden bei 37°C inkubiert wurde.

Lactose-negative Stämme wurden von den Untersuchungseinrichtungen abschließend als Stichkultur an das BgVV übersandt. Wenigstens ein Isolat jeder positiven Probe, vorzugsweise vom Rambach®-Agar, wurde im Nationalen Salmonella-Referenzlabor serotypisiert sowie gegebenenfalls auch phagentypisiert. Darüber hinaus wurden diese Stämme auf Resistenzen gegen ausgewählte Antibiotika untersucht.

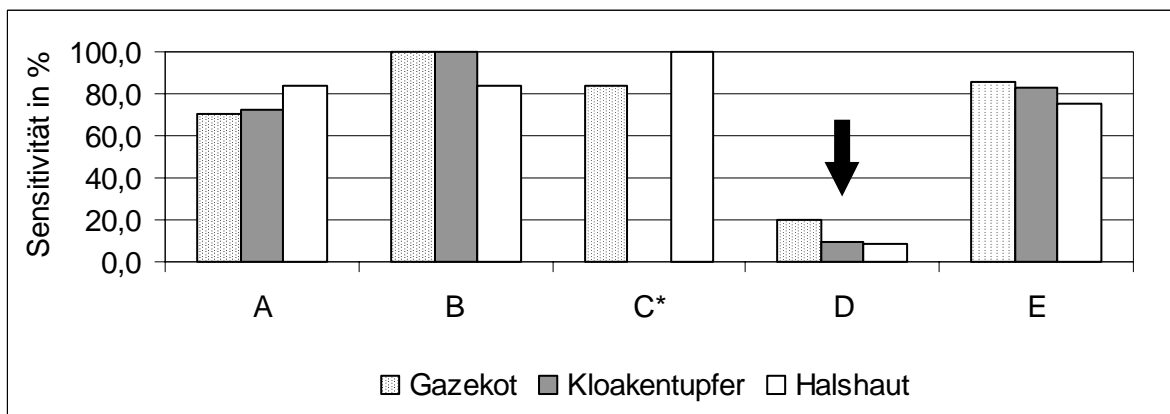
Fließschema zur Probenaufarbeitung:

Abb. 27: Fließschema zur Untersuchung auf das Vorkommen von Salmonellen in Probenmaterial vom Geflügel



D Ergebnisse: Methodik

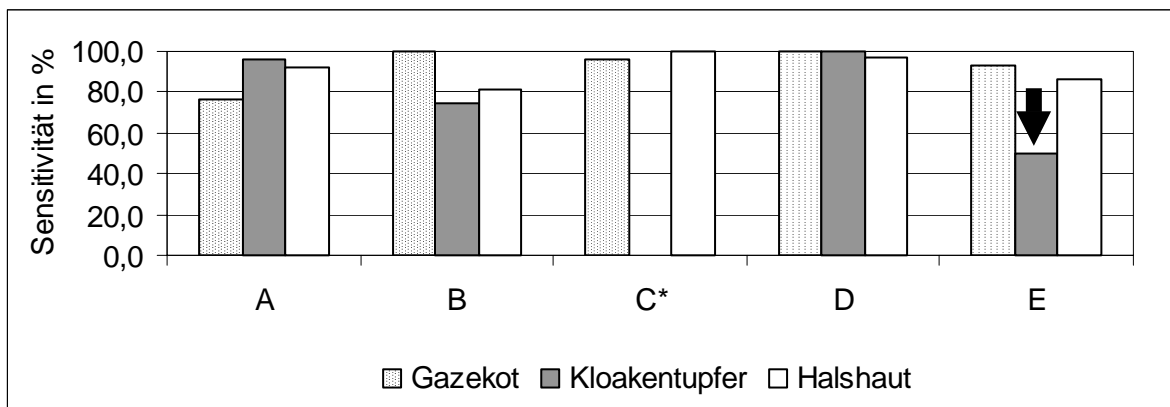
Abb. 28: Sensitivität des Rappaport-Vassiliadis (RV)-Mediums in Abhängigkeit vom Probenmaterial und Untersuchungslabor



* in diesem Labor konnten Salmonellen in keiner Kloakentupferpoolprobe nachgewiesen werden

➡ = Hinweis auf stark abweichende Befunde

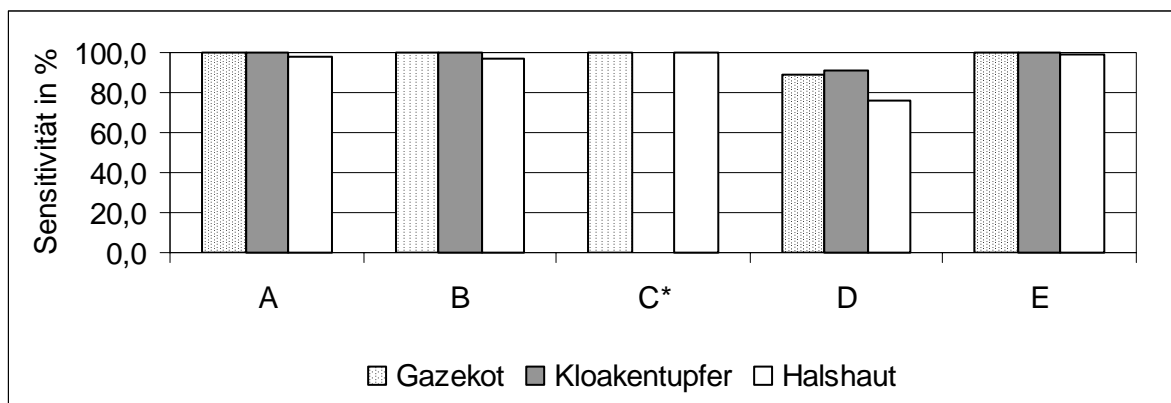
Abb. 29: Sensitivität der Tetrathionat-Brilliantgrün-Galle (TBG)-Bouillon in Abhängigkeit vom Probenmaterial und Untersuchungslabor



* in diesem Labor konnten Salmonellen in keiner Kloakentupferpoolprobe nachgewiesen werden

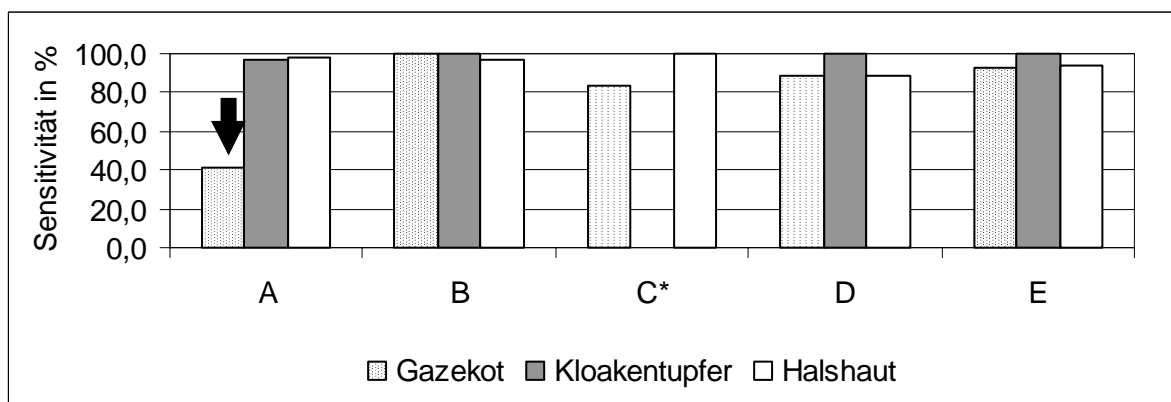
➡ = Hinweis auf stark abweichende Befunde

Abb.: 30 Sensitivität des Rambach-Agars in Abhängigkeit vom Probenmaterial und Untersuchungslabor



* in diesem Labor konnten Salmonellen in keiner Kloakentupferpoolprobe nachgewiesen werden

Abb. 31: Sensitivität des XLD-Agars in Abhängigkeit vom Probenmaterial und Untersuchungslabor



* in diesem Labor konnten Salmonellen in keiner Kloakentupferpoolprobe nachgewiesen werden

➔ = Hinweis auf stark abweichende Befunde

Anhang 2: Salmonella-Prävalenzen in den untersuchten Herden/Betrieben

Tab. 37: Salmonella-Prävalenz in den Gazekotproben der Herden, die erst nach dem Ausstallen der Tiere beprobt wurden

Region	Anzahl beprobte Betriebe (Gesamt)	Anzahl Betriebe (nach dem Ausstallen beprobt)	Anzahl beprobte Herden (Gesamt)	Anzahl Herden (nach dem Ausstallen beprobt)	Salmonella-positive Herden (vor dem Ausstallen beprobt)	Salmonella-positive Herden (nach dem Ausstallen beprobt)
B	10	8	30	22	1 (3,3%)	1 (4,5%)
D	10	5	30	10	8 (40%)	1 (10%)

Tab. 38 : Salmonellaprävalenz in den Herden der Betriebe der Region B, die eine Mastkapazität von 10.000 Tieren/Jahr überschreiten

Region	Anzahl beprobte Betriebe	Anzahl Betriebe > 10.000	Anzahl beprobte Herden	Anzahl Herden > 10.000	GK	HH	GK	HH
					Anzahl Salmonella-positive Herden (<10.000)		Anzahl Salmonella-positive Herden (>10.000)	
B	10	2	28	6	3 (13,6%)	3 (13,6%)	1 (20%)	1 (20%)

GK= Gazekot, HH= Halshaut

Abb. 32: Salmonellaprävalenzen in Großbetrieben der Region A

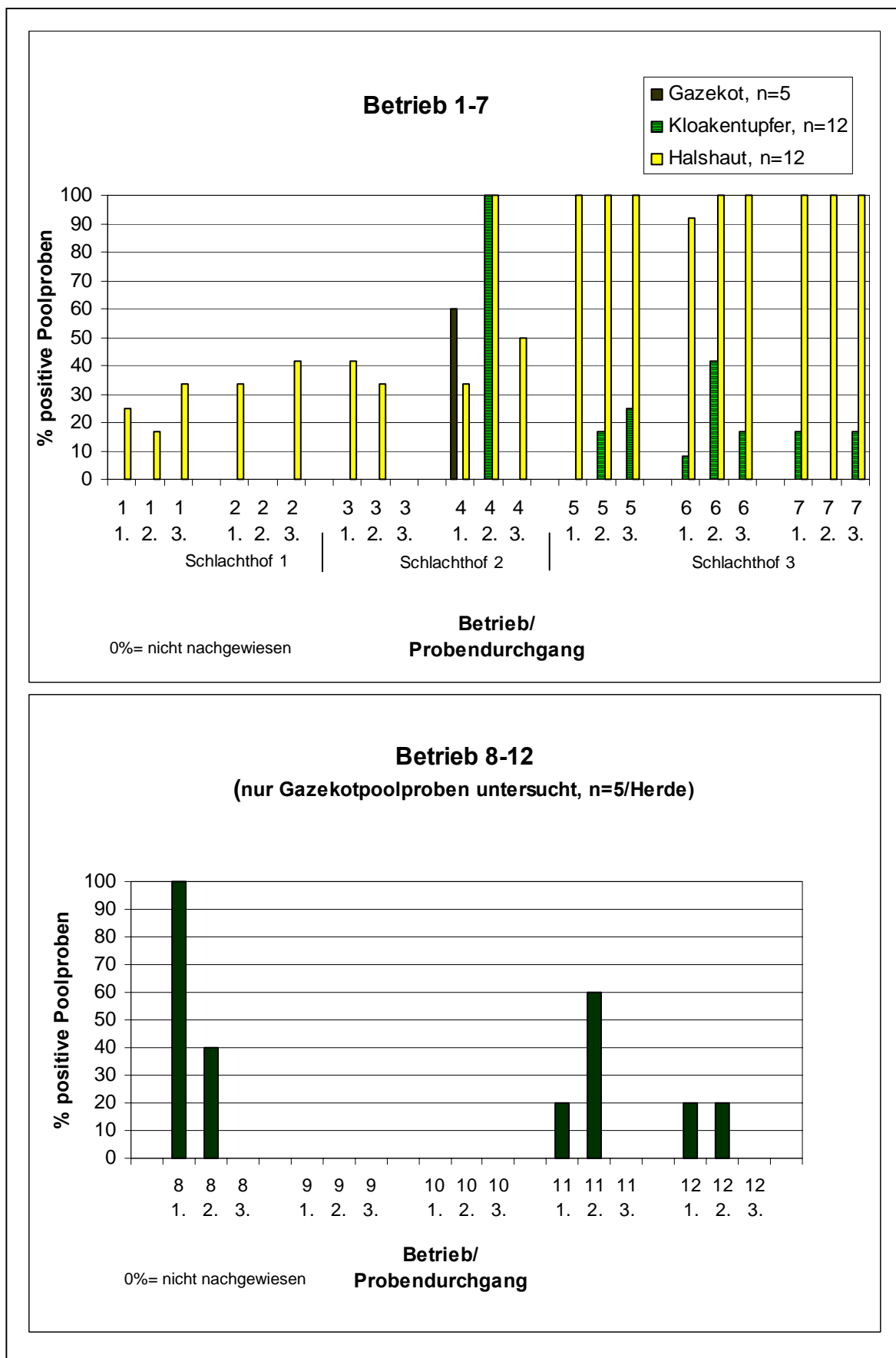
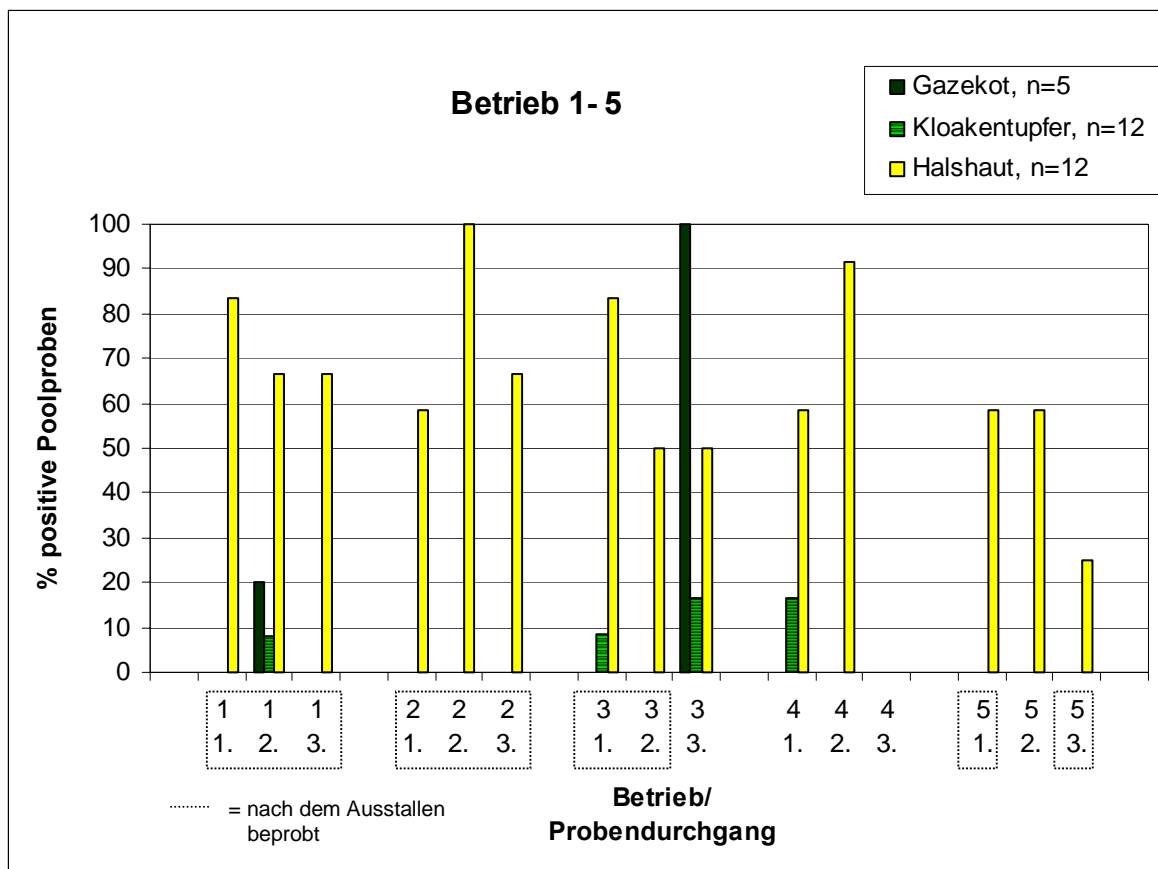


Abb. 33: Salmonellaprävalenzen in Großbetrieben der Region B



Betrieb 6-10: es wurden nur Gaze Kotproben untersucht, in keiner der untersuchten Proben konnten Salmonellen nachgewiesen werden

Abb. 34: Salmonellaprävalenzen in Großbetrieben der Region C

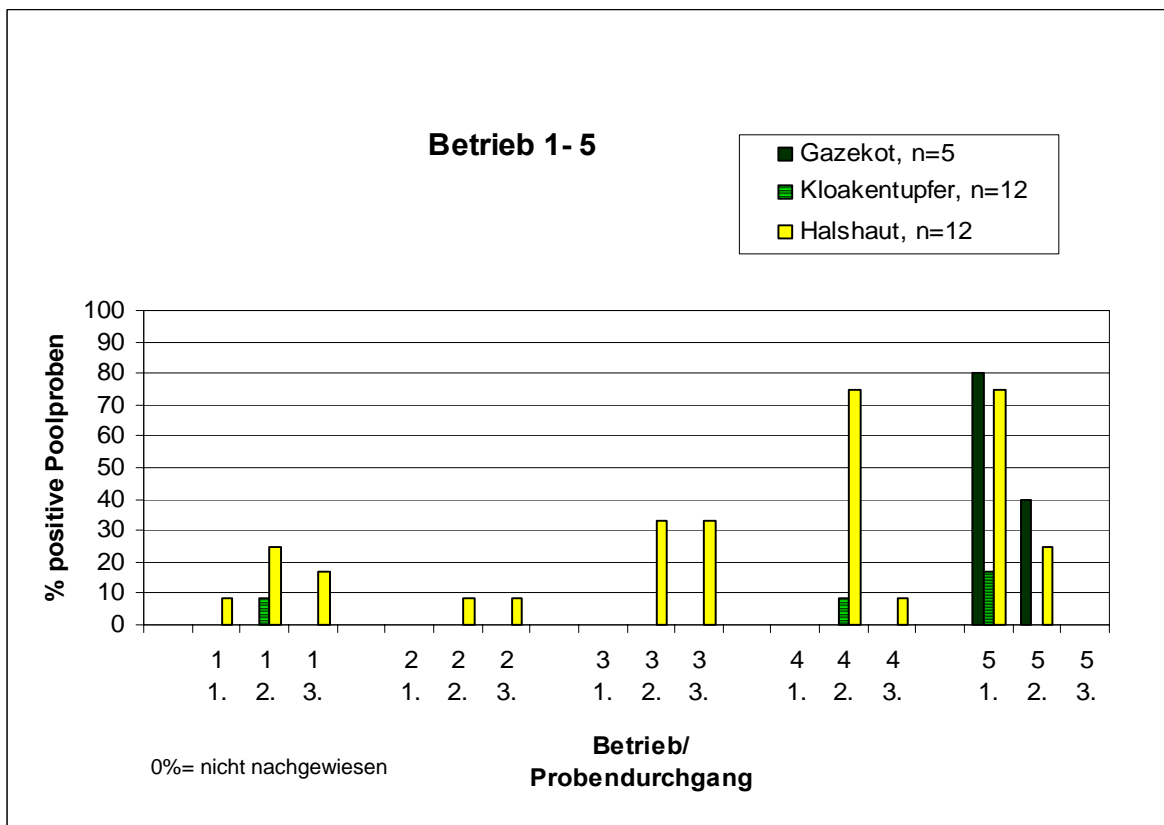


Abb. 35: Salmonellaprävalenzen in Großbetrieben der Region E

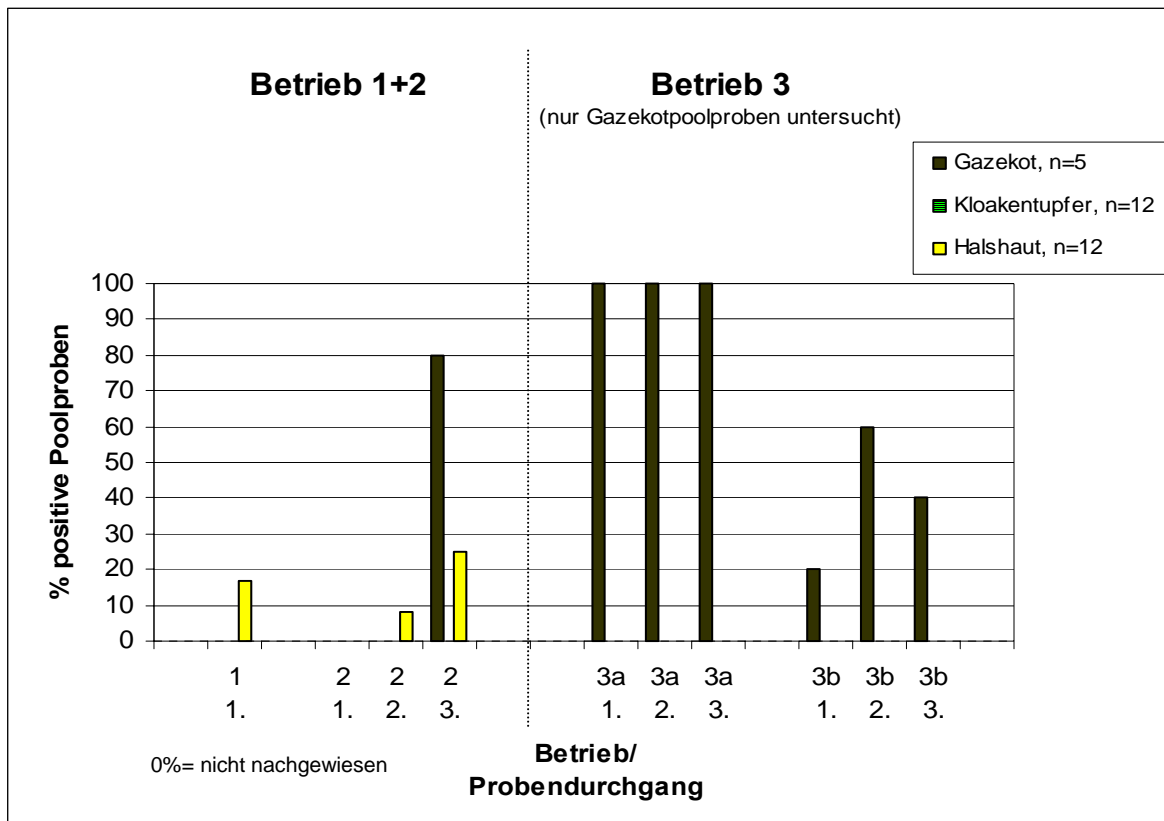


Abb. 36: Salmonellaprävalenzen in Großbetrieben der Region D

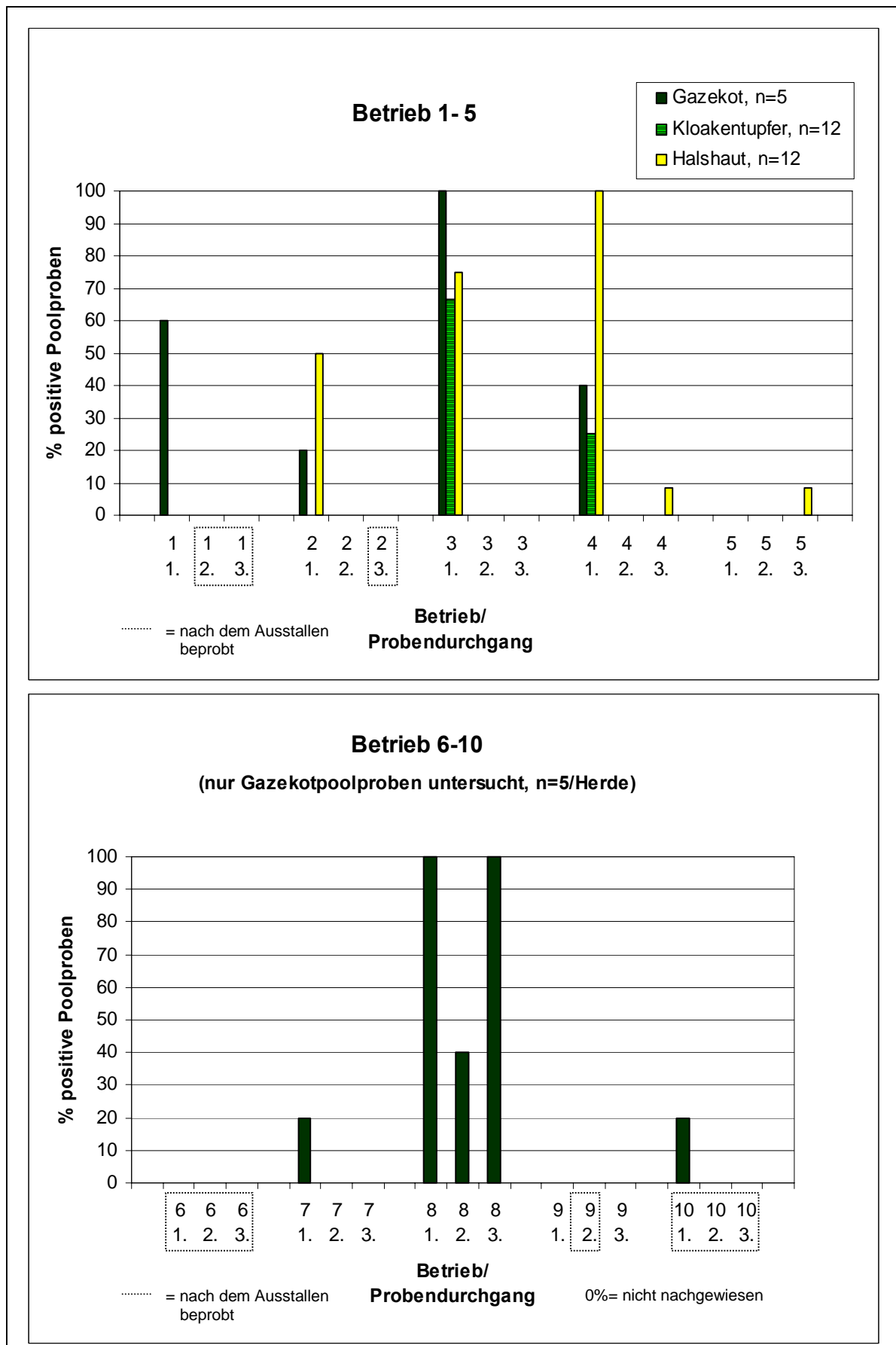


Abb. 37: Salmonellaprävalenzen in Kleinbetrieben der Region B

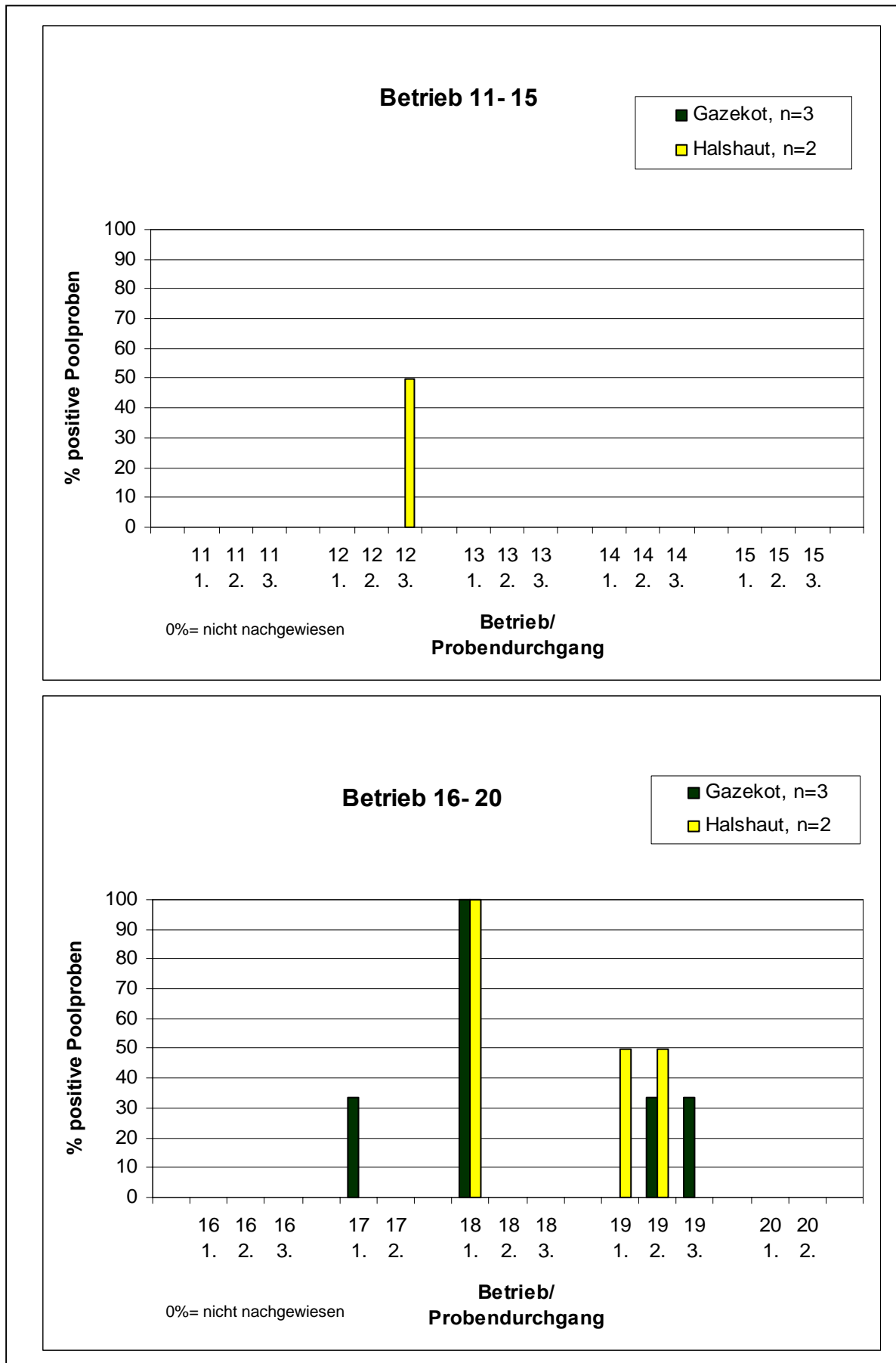
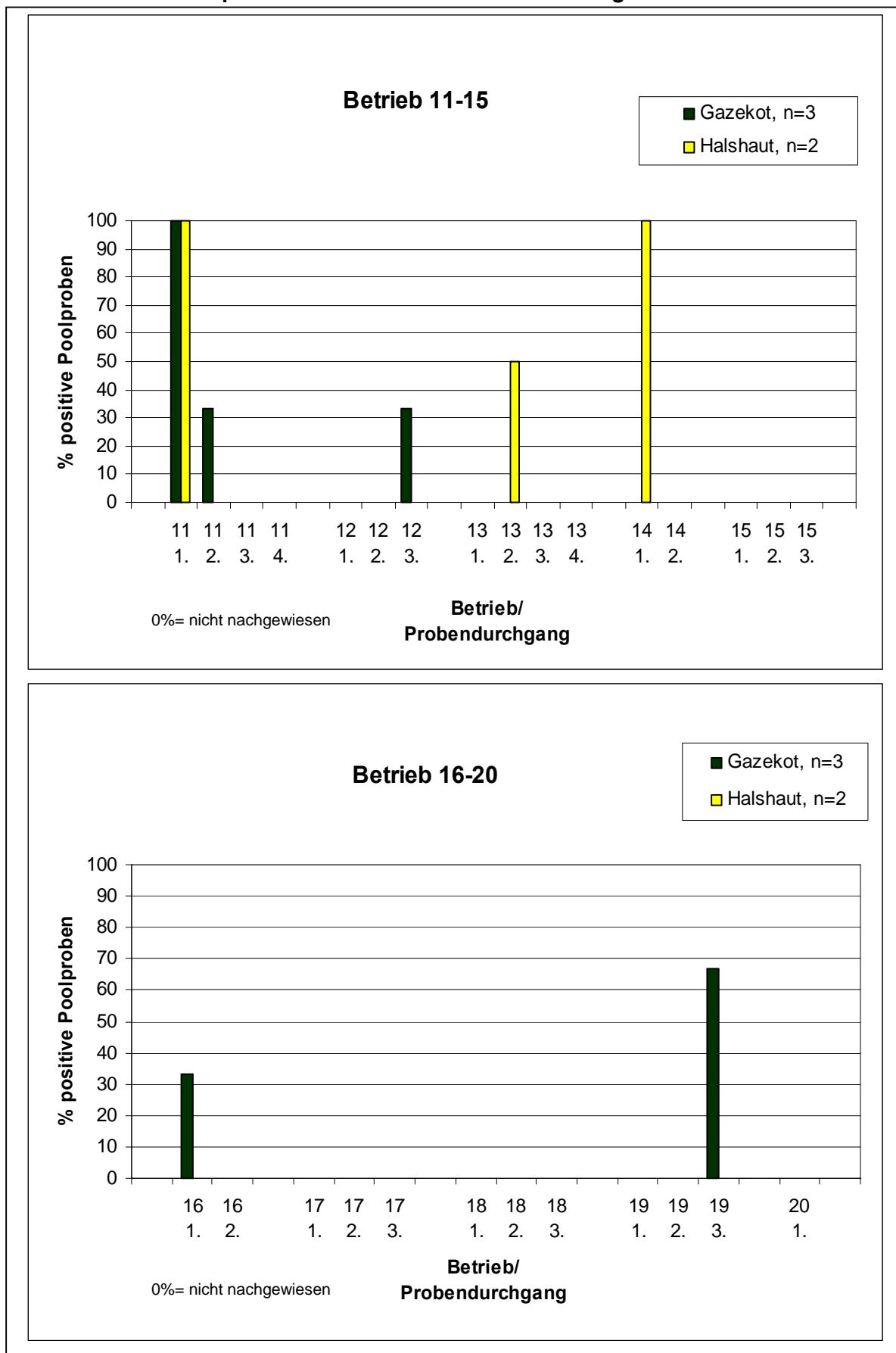


Abb. 38: Salmonellaprävalenzen in Kleinbetrieben der Region D



Tab. 39: Anzahl und Häufigkeiten von Salmonella-positiven Herden aus Großbetrieben mit Einzel- bzw. Mehrfachnachweis von Salmonellen in den untersuchten Probenmaterialien

positive Proben	Region B		Region C		Region A		Region D		Region E		Gesamt	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
GK+KT+HH	2	14,3	1	9,1	--	--	2	33,3	--	--	5	9,4
GK+KT	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
KT+HH	2	14,3	2	18,2	8	42,1	--	--	--	--	12	22,6
GK+HH	--	--	--	--	1	5,3	1	16,7	1	33,3	3	5,7
nur GK	--	--	--	--	--	--	1	16,7	--	--	1	1,9
nur KT	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
nur HH	10	71,4	8	72,7	10	52,6	2	33,3	2	66,7	32	60,4
Gesamt	14	100	11	100	19	100	6	100	3	100	53	100

GK= Gazekot; KT= Kloakentupfer; HH= Halshaut

Tab. 40: Anzahl und Häufigkeiten von Salmonella-positiven Herden aus Kleinbetrieben mit Einzel- bzw. Mehrfachnachweis von Salmonellen in den untersuchten Probenmaterialien

positive Proben	Region B		Region C		Region A		Region D		Region E		Gesamt	
	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
GK+HH	2	33,3	--	--	--	--	1	14,3	--	--	3	21,4
nur GK	2	33,3	--	--	--	--	4	57,1	--	--	6	42,9
nur HH	2	33,3	--	--	1	100,0	2	28,6	--	--	5	35,7
Gesamt	6	100	--	--	1	100	7	100	--	--	14	100

GK= Gazekot; KT= Kloakentupfer; HH= Halshaut

Tab. 41: Anzahl Broilerherden aus Großbetrieben mit unterschiedlicher Salmonella-Prävalenz in den Gazekotpoolproben

positive Poolproben/Herde	Region B		Region C	Region A	Region D		Region E	Gesamt	
	unk.	korr.			unk.	korr.		unk.	korr.
0 von 5 (0%)	28	7	13	29	21	12	3	94	64
1 von 5 (20%)	1	--	--	3	3	2	1	8	6
2 von 5 (40%)	--	--	1	1	2	2	1	5	5
3 von 5 (60%)	--	--	--	2	1	1	1	4	4
4 von 5 (80%)	--	--	1	--	--	--	1	2	2
5 von 5 (100%)	1	1	--	1	3	3	3	8	8
Anzahl untersuchter Herden	30	8	15	36	30	20	10	121	89

unk.= unkorrigiert

korr.= korrigiert, d.h. ohne Berücksichtigung von Herden, deren Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere genommen wurden

Tab. 42: Anzahl Broilerherden aus Großbetrieben mit unterschiedlicher Salmonella-Prävalenz in den Kloakentupferpoolproben

positive Poolproben/Herde	Region B	Region C	Region A	Region D	Region E	Gesamt
0 von 12 (0%)	11	12	13	13	4	53
1 von 12 (8,3%)	2	2	1	--	--	5
2 von 12 (16,7%)	2	1	4	--	--	7
3 von 12 (25,0%)	--	--	1	1	--	2
4 von 12 (33,3%)	--	--	--	--	--	0
5 von 12 (41,7%)	--	--	1	--	--	1
6 von 12 (50,0%)	--	--	--	--	--	0
7 von 12 (58,3%)	--	--	--	--	--	0
8 von 12 (66,7%)	--	--	--	1	--	1
9 von 12 (75,0%)	--	--	--	--	--	0
10 von 12 (83,3%)	--	--	--	--	--	0
11 von 12 (91,7%)	--	--	--	--	--	0
12 von 12 (100%)	--	--	1	--	--	1
Anzahl untersuchte Herden	15	15	21	15	4	70

Tab. 43: Anzahl Broilerherden aus Großbetrieben mit unterschiedlicher Salmonella-Prävalenz in den Halshautpoolproben

positive Poolproben/Herde	Region B	Region C	Region A	Region D	Region E	Gesamt
0 von 12 (0%)	1	4	2	10	1	18
1 von 12 (8,3%)	--	4	--	2	1	7
2 von 12 (16,7%)	--	1	1	--	1	3
3 von 12 (25,0%)	1	2	1	--	1	5
4 von 12 (33,3%)	--	2	4	--	--	6
5 von 12 (41,7%)	--	--	1	--	--	1
6 von 12 (50,0%)	2	--	2	1	--	5
7 von 12 (58,3%)	4	--	--	--	--	4
8 von 12 (66,7%)	3	--	--	--	--	3
9 von 12 (75,0%)	--	2	--	1	--	3
10 von 12 (83,3%)	2	--	--	--	--	2
11 von 12 (91,7%)	1	--	1	--	--	2
12 von 12 (100%)	1	--	9	1	--	11
Anzahl untersuchte Herden	15	15	21	15	4	70

Anhang 3: Fragebögen, Hygieneklassen

A Fragebogen „Schlachtbetrieb“

Datum:

Betrieb: Schlüssel: Ort/Kreis:

Datenaufnahme durch:.....

Bausubstanz:

Baujahr des Schlachtbetriebes: Letzter Umbau:.....

Art d.

Umbaus.....

Besonderheiten.....

.....

.....

ABLAUF DES SCHLACHTPROZESSES:

Betäubung:

manuell elektrisch

Brühtechnik:

Brühbottich Bandbrühmaschine

Brühtemperatur:°C Brühdauer: min

Rupftechnik:

Kleinrupfmaschine Bandrupfmaschine

Evizerationstechnik:

manuell

automatisch Organsysteme vom Tierkörper getrennt

Organsysteme verbleiben im natürlichen Zusammenhang mit dem Tierkörper

Stork-Anlage Meyn-Anlage Sonstige:.....

Kühlung:

Luftkühlung Luft-/Sprühkühlung Wasserkühlung

Bemerkung

Weitere Verarbeitung: (in der Regel)

Frischgeflügel % Frostware % Zerlegung/Geflügelteile %

Bemerkungen:.....

.....

B Fragebogen „Erzeugerbetrieb“ (in Anlehnung an Pellaz, 1996)

Betrieb: Schlüssel: Ort/Kreis:

Datum:.....

Zeitpunkt:

bis zu 7 Tage vor der Schlachtung während der Schlachtung

Lage des Betriebes:

im Ort am Rand Aussiedler

Entfernung zum nächsten Hühnerbestand:.....m

Umgebungshygiene:

- Einfahrtbereich: unbefestigt befestigt, rau
 befestigt, glatt
- Stallumgebung: mit Unrat frei, mit Erde
 mit Gras mit Bepflanzung
- frei, befestigt
- Weitere Tierarten auf dem Gelände? nein ja, welche?

.....

Zugang zum Stall? nein ja

Bausubstanz:

Baujahr des Stalles:

	intakt	z.T. rissig	defekt	desinfizierbar		
				gut	mittel	schlecht
Wände	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Decke	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Boden	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>

Vorraum*:

- Bekleidungswechsel: sauber leicht verschmutzt sehr schmutzig
- Schuhwechsel: ja gelegentlich nie

Desinfektionswanne: benutzt nicht benutzt nicht vorhanden

Haltung:

- Angaben zur Kükenherkunft:.....
- Herden pro Stall:..... Ställe pro Betrieb:
- Tierzahl: Rasse:.....
- Haltungsform:.....
- Einstallungsprophylaxe: nein ja, mit.....
- Fütterung: eigenes Futter z.T. eigenes Futter
 Fertigfutter von Fa.
- Futtermittelsilo: außen im Vorraum auf dem Stall
- Lüftung: Überdruck Unterdruck Gleichdruck
- Wasser: Gemeinde Brunnen beides
- Trinkwasserdesinfektion: nie regelmäßig gelegentlich
 mit:
- Einstreu:..... eigen Zukauf

Stallhygiene:

- Rein-raus: ja nein
- Staub / Schmutz: wenig mittel viel
- Klima: gut akzeptabel schlecht (z.B. NH₃-Geruch)

- Reinigung: wann, wie oft pro Jahr?.....
- Desinfektion: wann, wie oft pro Jahr?.....
- Begasung wann, wie oft pro Jahr?.....

Ungeziefer:

- Schadnagerbefall bekannt: nein ja
- Käferbefall bekannt: nein ja
- Bekämpfung durchgeführt: nein ja, mit.....

Bemerkungen.....

.....

C Auswertung der Fragebögen „Erzeugerbetrieb“: Punkteschema für die Ermittlung von Hygieneklassen (in Anlehnung an Pellaz, 1996)

Lage des Betriebes:

Entfernung zum nächsten Hühnerbestand >1000 m = 0.....<1000 m = 2

Umgebungshygiene:

- Einfahrtbereich: unbefestigt = 2, befestigt, rau = 1, befestigt, glatt = 0
- Stallumgebung: mit Unrat = 2, frei, mit Erde = 1, mit Bepflanzung = 2
frei, befestigt = 0 mit Gras = 1
- Weitere Tierarten auf dem Gelände? Nein = 0 ja = 2
Zugang zum Stall? Nein = 0 ja = 4

Bausubstanz:

	intakt	z.T. rissig	defekt
Wände	0	1	2
Decke	0	1	2
Boden	0	1	2

- Vorraum (nur bei Großbetrieben): sauber = 0 leicht verschmutzt = 1
sehr schmutzig = 2
- Bekleidungswechsel: ja = 0 gelegentlich = 1 nie = 2
- Schuhwechsel: ja = 0 gelegentlich = 1 nie = 2
- Desinfektionswanne: benutzt = 0 nicht benutzt = 2 nicht vorhanden = 2

Haltung:

- Wasser: Gemeinde = 0 Brunnen = 2 beides = 2
- Trinkwasserdesinfektion: nie = 2 regelmäßig = 0 gelegentlich = 1

Stallhygiene:

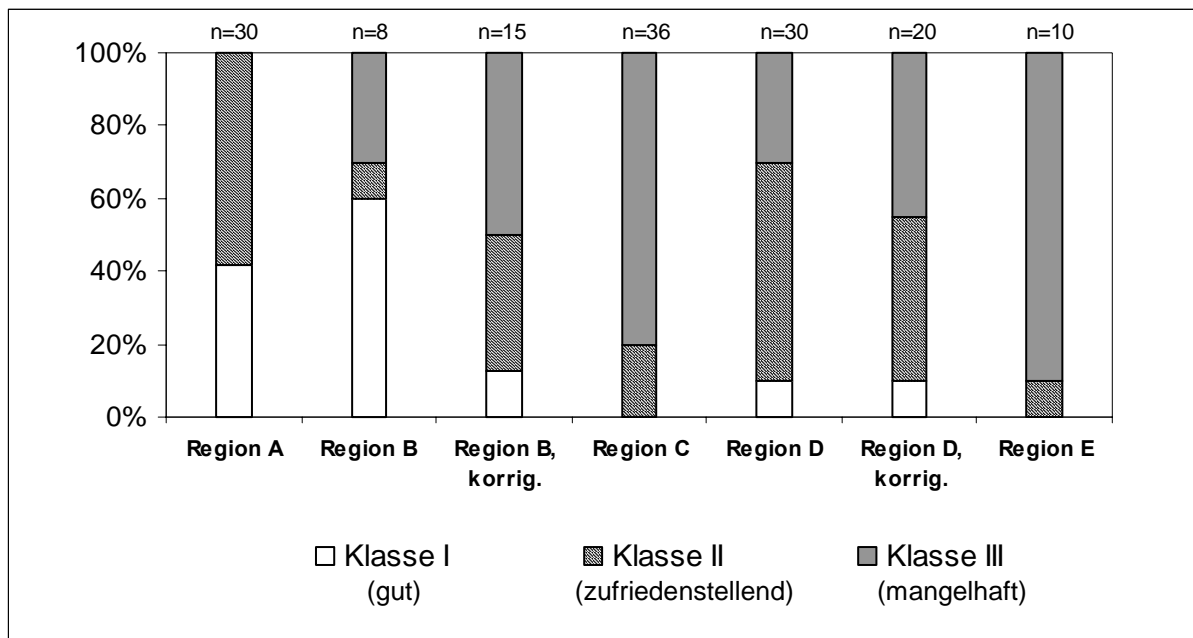
- Rein-raus: ja = 0 nein = 4
- Staub / Schmutz: wenig = 0 mittel = 1 viel = 2
- Klima*: gut = 0 akzeptabel = 1 schlecht = 2
- Desinfektion durchgeführt: ja = 0 nein = 2
- Begasung durchgeführt: ja = 0 nein = 2

Ungeziefer:

- Bekämpfung durchgeführt: nein = 3 ja = 0

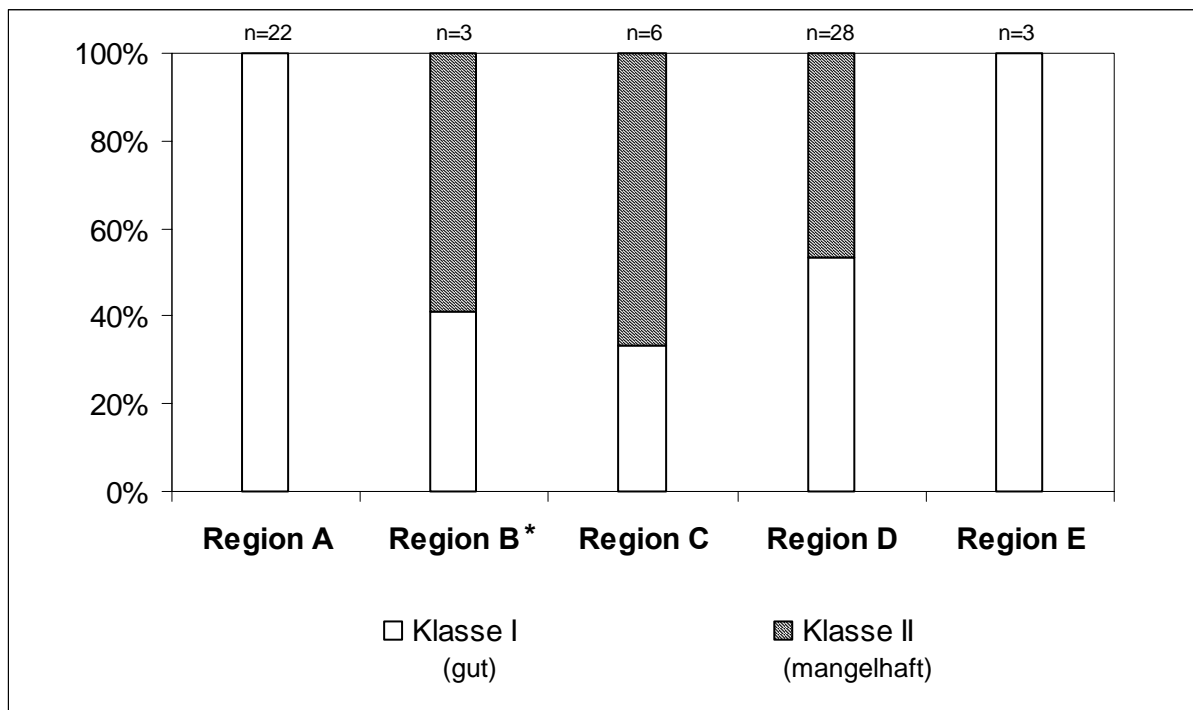
Tab. 44: Klassifizierungsschema der Hygieneklassen

Großbetriebe		Kleinbetriebe	
Hygieneklasse	Punktesumme	Hygieneklasse	Punktesumme
Klasse I (gut)	0 bis < 11	Klasse I (gut)	< 20
Klasse II (zufriedenstellend)	11 bis 15	Klasse II (mangelhaft)	> 20
Klasse III (mangelhaft)	> 15		
maximal erreichbare Punktzahl: 45		maximal erreichbare Punktzahl: 43	
maximal erreichte Punktzahl: 22		maximal erreichte Punktzahl: 29	

Abb. 39: Häufigkeiten von Herden aus Großbetrieben mit unterschiedlichem Hygienemanagement

korrig.= ohne Berücksichtigung von Herden, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen entnommen wurden

Abb. 40: Häufigkeiten von Herden aus Kleinbetrieben mit unterschiedlichem Hygienemanagement



* ohne Berücksichtigung der Betriebe, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

Anhang 4: Statistische Berechnungen

1. In welchem Verhältnis steht der Nachweis von Salmonellen im Gazekot zum Nachweis in Kloakentupfer-Poolproben?

1a) Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Kloakentupferproben kein Unterschied zwischen Gazekot-positiven und Gazekot-negativen Herden.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 45: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Großbetrieben mit positivem bzw. negativem Gazekot-/Kloakentupferbefund

		Kloakentupferbefund		Gesamt
		negativ	positiv	
Gazekotbefund	negativ	29 (64,4%)	11 (24,4%)	40 (100%)
	positiv	3 (60,0%)	2 (40,0%)	5 (100%)
Gesamt		32 (71,1%)	13 (28,9%)	45 (100%)

Exakter Test nach Fisher: $p=0,617$

Tab. 46: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis

Region	p-Wert
A	1,000
B	0,400
C	0,371
D	0,091
E	n.b.

n.b.= nicht berechenbar

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus der Region B und D, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

- 1b) Besteht zwischen Gazekot-positiven und Gazekot-negativen Herden ein Unterschied im Grad der Salmonella-Prävalenz in den Kloakentupferpoolproben?

Tab. 47: Überprüfung des Einflusses des Gazekotbefundes auf die Salmonella-Prävalenz in den Kloakentupferpoolproben mit Hilfe des Mann-Whitney-Tests

Testvariabel: Kloakentupferbefund, Gruppenvariabel: Gazekotbefund

	Gazekotbefund ¹	n	Mittlerer Rang	Rangsumme
Kloakentupfer- befund ¹	negativ	40	22,69	907,50
	positiv	5	25,50	127,50
	Gesamt	45		

p=0,572

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus der Region B und D, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

2. In welchem Verhältnis steht die Verbreitung der Salmonellen im Tierhaltungsbereich zum Kontaminationsgrad der Masthähnchen am Ende des Gewinnungsprozesses?

2a) Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht in Bezug auf die Ergebnisse der Halshautproben kein Unterschied zwischen Herden mit einem positiven und einem negativen Salmonellen-Befund in den Gazekotproben.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 48: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten¹ Herden aus Groß- und Kleinbetrieben mit positivem bzw. negativem Gazekot-/ Halshautbefund

		ausgewählte Herden ¹ aus Großbetrieben, alle Regionen			ausgewählte Herden ¹ aus Kleinbetrieben, alle Regionen		
		Halshautbefund		Gesamt	Halshautbefund		Gesamt
		negativ	positiv		negativ	positiv	
Gazekotprobenbefund	negativ	14 (29,2%)	34 (70,8%)	48 (100%)	49 (92,5%)	4 (7,5%)	53 (100%)
	positiv	1 (11,1%)	8 (88,9%)	9 (100%)	7 (77,8%)	2 (22,2%)	9 (100%)
Gesamt		15 (26,3%)	42 (73,7%)	57 (100%)	56 (90,3%)	6 (9,7%)	62 (100%)

Exakter Test nach Fisher: $p=0,420$ Exakter Test nach Fisher: $p=0,206$

Tab. 49: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis (Faktoren: Gazekot-/Halshautbefund)

Region	Großbetriebe ¹	Kleinbetriebe ¹
	p-Wert	p-Wert
A	1,000	n.b.
B	1,000	0,371
C	1,000	n.b.
D	0,222	0,459
E	n.b.	n.b.

n.b.= nicht berechnet aufgrund zu geringer Stichprobengröße

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus Großbetrieben, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstellen entnommen wurden und ohne Berücksichtigung von Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

2b) Besteht zwischen Gazekot-positiven und Gazekot-negativen Herden aus Großbetrieben ein Unterschied im Grad der Salmonellen-Kontamination?

Tab. 50: Überprüfung des Einflusses des Gazekotbefundes auf den Grad der Halshautkontamination mit Hilfe des Mann-Whitney-Tests

Testvariabel: Grad der Halshautkontamination, Gruppenvariabel: Gazekotbefund

	Gazekotbefund ¹	n	Mittlerer Rang	Rangsumme
Grad der Halshautkontamination	negativ	48	27,92	1340,00
	positiv	9	34,78	313,00
	Gesamt	57		

p=0,249

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus den Regionen B und D, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen der Tiere entnommen wurden

3. In welchem Verhältnis steht der Nachweis von Salmonellen in Kloakentupfer-Poolproben zum Kontaminationsgrad der Masthähnchen am Ende des Gewinnungsprozesses?

3a) Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich eines positiven oder negativen Nachweises von Salmonellen in Halshautproben kein Unterschied zwischen Kloakentupfer-positiven und Kloakentupfer-negativen Herden.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 51: Anzahl und Häufigkeiten von Herden aus Großbetrieben mit positivem bzw. negativem Kloakentupfer-/ Halshautbefund

		alle Herden			ausgewählte Herden ¹			
		Halshautbefund			Halshautbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
Kloaken- tupfer- befund	negativ	18 (34,0%)	35 (66,0%)	53 (100%)	negativ	8 (20,0%)	32 (80,0%)	40 (100%)
	positiv	0 (0,0%)	17 (100%)	17 (100%)	positiv	0 (0,0%)	15 (100%)	15 (100%)
Gesamt		18 (25,7%)	52 (74,3%)	70 (100%)	8 (14,5%)	47 (85,5%)	55 (100%)	

Exakter Test nach Fisher: $p=0,004$ Exakter Test nach Fisher: $p=0,091$

Tab. 52: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis (Faktoren: Kloakentupfer-/Halshautbefund¹)

Großbetriebe: Region	p-Wert
A	0,505
B	1,000
C	0,516
D	0,095
E	n.b.

n.b.= nicht berechnet aufgrund zu geringer Stichprobengröße

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus der Region D

- 3b) Überprüfung folgender Nullhypothese: Es besteht zwischen Kloakentupfer-positiven und Kloakentupfer-negativen Herden kein Unterschied im Grad der Salmonellen-Kontamination.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Chiquadrat- und des Mann-Whitney-Tests.

Tab. 53: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Großbetrieben mit positivem bzw. negativem Kloakentupfer-/ Halshautbefund

		Halshautbefund			Gesamt
		negativ	<= 50% positiv	> 50% positiv	
Kloakentupfer- befund	negativ	18 (34,0%)	35 (66,0%)	53 (100%)	40 (100%)
	positiv	0 (0,0%)	2 (13,3%)	13 (86,7%)	15 (100%)
Gesamt		8 (14,5%)	24 (43,6%)	23 (41,8%)	55 (100%)

χ^2 -Test: p= 0,000

Tab. 54: Überprüfung des Einflusses des Kloakentupferbefundes auf den Grad der Halshautkontamination mit Hilfe des Mann-Whitney-Tests

Testvariabel: Grad der Halshautkontamination, Gruppenvariabel: Kloakentupferbefund

	Kloakentupferbefund ¹	n	Mittlerer Rang	Rangsumme
Grad der Halshaut- kontamination	negativ	40	22,41	896,50
	positiv	15	42,90	643,50
Gesamt		55		

p=0,000

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus der Region D

4. Bestehen Unterschiede im Infektionsgrad zwischen Großbeständen und Tieren aus kleinbäuerlicher Haltung?

Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Gazekotproben kein Unterschied zwischen Herden aus Groß- und Kleinbetrieben.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Chi-Quadrat- und des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 55: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Groß- und Kleinbetrieben mit positivem bzw. negativem Gazekotbefund

		Gazekotbefund		Gesamt
		negativ	positiv	
Betriebsgröße	Kleinbetriebe	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)
	Großbetriebe	64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)
Gesamt		117 (77,5%)	34 (22,5%)	151 (100%)

χ^2 -Test: $p = 0,049$

Tab. 56: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis (Faktoren: Betriebsgröße/Gazekotbefund¹)

Region	p-Wert
A*	1,000
B	1,000
C*	1,000
D	0,110
E*	0,070

* geringe Anzahl von Herden aus Kleinbetrieben!

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus Großbetrieben, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen entnommen wurden und ohne Berücksichtigung von Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

5. Bestehen Unterschiede im Kontaminationsgrad (bezogen auf Salmonellen) zwischen Masthähnchen aus Schlachtbetrieben und solchen, die im Rahmen der Direktvermarktung vom Erzeuger abgegeben werden?

Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Halshautuntersuchungen kein Unterschied zwischen Herden aus Groß- und Kleinbetrieben.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Chi-Quadrat- und des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 57: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Groß- und Kleinbetrieben mit positivem bzw. negativem Halshautbefund

		Halshautbefund		Gesamt
		negativ	positiv	
Betriebsgröße	Kleinbetriebe	56 (90,3%)	6 (9,7%)	62 (100%)
	Großbetriebe	18 (25,7%)	52 (74,3%)	70 (100%)
Gesamt		74 (56,1%)	58 (43,9%)	132 (100%)

χ^2 -Test: $p = 0,000$

Tab. 58: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis (Faktoren: Betriebsgröße/Halshautbefund¹)

Großbetriebe: Region	p-Wert
A	0,000
B	0,000
C	0,043
D	0,104
E	n.b.

-n.b.= nicht berechnet aufgrund zu geringer Stichprobengröße

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

6. Haben bestimmte Betriebsstrukturen einen Einfluss auf den Salmonellen-Nachweis im Gazekot?

Herden aus Großbetrieben, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen entnommen wurden und Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich 10.000 Stück Schlachtgeflügel überschritt, wurden von der Auswertung ausgeschlossen.

6a: Baujahr der Stallungen

	ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben				
	Gazekotbefund			Gazekotbefund				
	negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt		
Baujahr der Stallungen	< 1970	35 (71,4%)	14 (28,6%)	49 (100%)	<=1960	24 (82,8)	5 (17,2%)	29 (100%)
	1970-1990	10 (66,7%)	5 (33,3%)	15 (100%)	> 1960	29 (87,9%)	4 (12,1%)	33 (100%)
	>1990	19 (76,0%)	6 (24,0%)	25 (100%)				
Gesamt	64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)		

χ^2 -Test: p=0,417

Exakter Test nach Fisher: p=0,722

6b: Anzahl der insgesamt im Betrieb eingestellten Broiler

	ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben				
	Gazekotbefund			Gazekotbefund				
	negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt		
Tierzahl/ Betrieb	<30000	17 (65,4%)	9 (34,6%)	26 (100%)	<300	29 (82,9)	6 (17,1%)	35 (100%)
	30000- <130000	25 (71,4%)	10 (28,6%)	35 (100%)	> =300	24 (88,9%)	3 (11,1%)	27 (100%)
	>= 130000	22 (78,6%)	6 (21,4%)	28 (100%)				
Gesamt	64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)		

χ^2 -Test: p=0,558

Exakter Test nach Fisher: p=0,719

6c: andere Tierarten auf dem Hof vorhanden

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
andere Tiere auf dem Hof	nein	12 (52,2%)	11 (47,8%)	23 (100%)	nein	6 (100,0)	0 (0,0%)	6 (100%)
	ja	52 (78,8%)	14 (21,2%)	66 (100%)	ja	47 (83,9%)	9 (16,1%)	56 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,014

Exakter Test nach Fisher: p=0,580

6d: anderes Geflügel auf dem Hof vorhanden

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
anderes Geflügel auf dem Hof	nein	63 (74,1%)	22 (25,9)	85 (100%)	nein	24 (100,0)	0 (0,0%)	24 (100%)
	ja	1 (25,0%)	3 (75,0%)	4 (100%)	ja	29 (76,3)	9 (23,7%)	38 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,065

Exakter Test nach Fisher: p=0,009

6e: Schweine auf dem Hof vorhanden

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
Schweine auf dem Hof vor- handen	nein	48 (69,6%)	21 (30,4%)	69 (100%)	nein	33 (86,8%)	5 (13,2%)	38 (100%)
	ja	16 (80,0%)	4 (20,0%)	20 (100%)	ja	20 (83,3%)	4 (16,7%)	24 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,361

Exakter Test nach Fisher: p=0,725

6f: Rinder/Kühe auf dem Hof vorhanden

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
Rinder/ Kühe auf dem Hof vorhanden	nein	38 (74,5%)	13 (25,5%)	51 (100%)	nein	42 (85,7%)	7 (14,3%)	49 (100%)
	ja	26 (68,4%)	12 (31,6%)	38 (100%)	ja	11 (84,6%)	2 (15,4%)	13 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,527

Exakter Test nach Fisher: p=1,000

6g: Entfernung zum nächsten Geflügelbestand

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
Entfernung zum nächsten Geflügel- bestand	<1000m	36 (64,3%)	20 (35,7%)	56 (100%)	<1000m	20 (80,0%)	5 (20,0%)	25 (100%)
	>= 1000m	28 (84,8%)	5 (15,2%)	33 (100%)	>= 1000m	33 (89,2%)	4 (10,8%)	37 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,037

Exakter Test nach Fisher: p=0,465

6g: Herkunft des Tränkewassers

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben			
		Gazekotbefund			Gazekotbefund			
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt	
Wasser- herkunft	Gemeinde	17 (77,3%)	5 (22,7%)	22 (100%)	Gem.	31 (86,1%)	5 (13,9%)	36 (100%)
	Brunnen	47 (70,1%)	20 (29,9%)	67 (100%)	Brunnen	22 (84,6%)	4 (15,4%)	28 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

 χ^2 -Test: p=0,519

Exakter Test nach Fisher: p=1,000

6g: Desinfektionsmaßnahmen

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben		
		Gazekotbefund			Gazekotbefund		
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt
Des- infektion durch- geführt	nein	2 (100%)	0 (0,0%)	2 (100%)	nein	10 (100%)	0 (0,0%) 10 (100%)
	ja	62 (71,3%)	25 (28,7%)	87 (100%)	ja	42 (85,7%)	7 (14,3%) 49 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	52 (88,1%)	7 (11,9%)	59* (100%)

Exakter Test nach Fisher: p=1,000

Exakter Test nach Fisher: p =0,590

* = ein Betrieb: keine Angabe

6g: Begasung

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben		
		Gazekotbefund			Gazekotbefund		
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt
Begasung durch- geführt	nein	24 (77,4%)	7 (22,6%)	31 (100%)	nein	48 (85,7%)	8 (14,3%) 56 (100%)
	ja	40 (69,0%)	18 (31,0%)	58 (100%)	ja	5 (83,3%)	1 (16,7%) 6 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)

 χ^2 -Test: p=0,398

Exakter Test nach Fisher: p=1,000

6g: Schädlingsbekämpfung

		ausgewählte Herden aus Großbetrieben			ausgewählte Herden aus Kleinbetrieben		
		Gazekotbefund			Gazekotbefund		
		negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt
Schäd- lingsbe- kämpfung durch- geführt	nein	35 (85,4%)	6 (14,6%)	41 (100%)	nein	24 (85,7%)	4 (14,3%) 29 (100%)
	ja	29 (60,4%)	19 (39,6%)	48 (100%)	ja	29 (85,3%)	5 (14,7%) 34 (100%)
Gesamt		64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)

 χ^2 -Test: p=0,009

Exakter Test nach Fisher: p=1,000

7. Hat die Jahreszeit einen Einfluss auf die Ergebnisse der Gazekotbefunde?

Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Gazekotproben kein Unterschied zwischen Herden, die zu verschiedenen Jahreszeiten gemästet wurden.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher.

Tab. 59: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Groß- und Kleinbetrieben, die zu verschiedenen Jahreszeiten gemästet wurden (3 Klassen)

	ausgewählte Herden ¹ aus Großbetrieben			ausgewählte Herden ¹ aus Kleinbetrieben				
	Gazekotbefund			Gazekotbefund				
	negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt		
Jahreszeit	März, April, Mai	22 (55,0%)	18 (45,0%)	40 (100%)	März, April, Mai	8 (80,0%)	2 (20,0%)	10 (100%)
	Juni, Juli, August	26 (86,7%)	4 (13,3%)	30 (100%)	Juni, Juli, August	21 (87,5%)	3 (12,5%)	24 (100%)
	Sept., Okt., Nov	16 (84,2%)	3 (15,8%)	19 (100%)	Sept., Okt., Nov	24 (85,7%)	4 (14,3%)	27 (100%)
	Gesamt	64 (77,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	Gesamt	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)

χ^2 -Test: p=0,006

nicht auswertbar, da weder die Bedingungen für den Fisher- noch für den χ^2 -Test erfüllt werden

Tab. 60: Anzahl und Häufigkeiten von ausgewählten Herden¹ aus Groß- und Kleinbetrieben, die zu verschiedenen Jahreszeiten gemästet wurden (2 Klassen)

	ausgewählte Herden ¹ aus Großbetrieben			ausgewählte Herden ¹ aus Kleinbetrieben				
	Gazekotbefund			Gazekotbefund				
	negativ	positiv	Gesamt	negativ	positiv	Gesamt		
Jahreszeit	März-Mai, Okt-Jan	31 (59,6%)	21 (40,4%)	52 (100%)	März-Mai, Okt-Jan	21 (80,8%)	5 (19,2%)	26 (100%)
	Juni-Sept	33 (89,2%)	4 (10,8%)	37 (100%)	Juni-Sept	32 (88,9%)	4 (11,1%)	36 (100%)
Gesamt	64 (71,9%)	25 (28,1%)	89 (100%)	Gesamt	53 (85,5%)	9 (14,5%)	62 (100%)	

χ^2 -Test: p=0,002

Exakter Test nach Fisher: p=0,370

Relatives Risiko: 3,736 (95% Konfidenzintervall : 1,598 - 8,732)

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus Großbetrieben, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstellen entnommen wurden und ohne Berücksichtigung von Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

Tab. 61: Mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher ermittelte Irrtumswahrscheinlichkeiten auf regionaler Basis (Faktoren: Jahreszeit/Gazekotbefund, 2 Klassen)

	Region	p-Wert
Großbetriebe ¹	A	0,029
	B	0,375
	C	1,000
	D ¹	0,028*
	E	1,000
Kleinbetriebe ¹	B	1,000
	D	0,355

*relatives Risiko: 5,727 (95% Konfidenzintervall : 1,315-24,936)

¹ ohne Berücksichtigung von Herden aus Großbetrieben, bei denen die Gazekotproben erst nach dem Ausstallen entnommen wurden und ohne Berücksichtigung von Herden aus Kleinbetrieben, deren jährliche Produktionsleistung vermutlich über 10.000 Stück Schlachtgeflügel lag

8. Hat der Schlachtzeitpunkt einen Einfluss auf die Ergebnisse der Halshautbefunde?

8a) Die Nullhypothese (H_0) wurde wie folgt definiert: Es besteht hinsichtlich des Nachweises von Salmonellen in Halshautproben kein Unterschied zwischen Herden, die zu verschiedenen Uhrzeiten geschlachtet wurden.

Die Überprüfung der Nullhypothese erfolgte mit Hilfe des Exakten Tests nach Fisher.

Aus den Regionen A und E lagen keine Daten vor.

Tab. 62: Anzahl und Häufigkeiten von Herden aus Großbetrieben der Regionen B und C, die zu verschiedenen Zeitpunkten geschlachtet wurden

		Region B			Region C			
		Halshautbefund		Gesamt	Halshautbefund		Gesamt	
		negativ	positiv		negativ	positiv		
Schlachtzeitpunkt	bis einschl. 9 Uhr	1 (16,7%)	5 (83,3%)	6 (100%)	bis einschl. 9 Uhr	3 (50,0%)	3 (50,0%)	6 (100%)
	nach 9 Uhr	0 (0,0%)	4 (100%)	4 (100%)	nach 9 Uhr	1 (11,1%)	8 (88,9%)	9 (100%)
Gesamt		1 (10,0%)	9 (90,0%)	10 (100%)	4 (26,7%)		11 (73,3%)	15 (100%)

Exakter Test nach Fisher: $p=1,000$ Exakter Test nach Fisher: $p=0,524$

Tab. 63: Anzahl und Häufigkeiten von Herden aus Großbetrieben der Region D, die zu verschiedenen Zeitpunkten geschlachtet wurden

		Halshautbefund		Gesamt
		negativ	positiv	
Schlachtzeitpunkt	bis einschl. 6 Uhr	7 (70,0%)	3 (30,0%)	10 (100%)
	nach 6 Uhr	3 (60,0%)	2 (40%)	5 (100%)
Gesamt		10 (66,7%)	5 (33,3%)	15 (100%)

Exakter Test nach Fisher: $p=1,000$

8b) Besteht ein Unterschied im Grad der Halshautkontamination bei Herden, die zu verschiedenen Uhrzeiten geschlachtet wurden?

Tab. 64: Überprüfung des Zusammenhangs zwischen Schlachtzeitpunkt und Grad der Halshautkontamination mit Hilfe des Mann-Whitney-Tests

Testvariabel: Grad der Halshautkontamination, Gruppenvariabel: Schlachtzeitpunkt
(es wurden nur die Ergebnisse aus den Regionen B und C in die Auswertung einbezogen)

	Schlachtzeitpunkt	N	Mittlerer Rang	Rangsumme
Grad der Halshautkontamination	bis einschl. 9.00 Uhr	12	11,88	142,50
	nach 9.00 Uhr	13	14,04	182,50
Gesamt		25		

p=0,459

Anhang 5: Infekt-/Kontaminationsketten, Resistenzcodes

Tab. 65: Salmonella-Stämme aus den beprobten Großbetrieben der Region A

Betrieb	Gazekot (5 Poolproben/Betrieb)			Kloakentupfer (12 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (12 Poolproben/Betrieb)			Schlachthof
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	
Betrieb 1	--	--	--	--	--	--	Infantis [0] Indiana [0]	Infantis [0]	Infantis [0] Indiana [29]	1
Betrieb 2	--	--	--	--	--	--	Infantis [0,25] Indiana [0]	--	Bareilly [0] Infantis [0] Indiana [1]	1
Betrieb 3	--	--	--	--	--	--	Blockley [20,21] Mons [0]	Blockley [30] 4,12:d:- [0] Enteritidis PT 4[0]	--	2
Betrieb 4	Mbandaka[0] Mons[1]	--	--	--	Blockley [32,33] Kottbus [34]	--	Blockley [0] Kottbus [32] Mons [0]	Blockley [32] Hadar [16]	Blockley [21,30]	2
Betrieb 5	--	--	--	--	Agona [0]	Agona [0]	Agona [0] Hadar [0]	Agona [0]	Agona [0] Bredeney [24]	3
Betrieb 6	--	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	Agona [0] Enteritidis PT 4 [7] Typhimurium 0-5 RDNC [17]	Agona [0] Typhimurium 0-5 RDNC [17]	Agona[0,6] Indiana[6]	Agona[0], Indiana[6] Infantis[5], Hadar[16] Enteritidis PT 4[4] PT 6 [4], PT 24 [25] Typhimurium 0-5 RDNC[17]	Agona[0] Infantis [0,6,11]	3
Betrieb 7	--	--	--	Agona [0] Indiana [6]	--	Agona [0,6]	Agona [0] Infantis [2] Indiana [6] I (Rf) [0]	Agona [0] Bredeney [6]	Agona [0] Typhimurium 0-5 DT 193 [6]	3
Betrieb 8	I (Rf) [35], I 4,12:z:-[35]	Enteritidis PT 4 [0]	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 9	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 10	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 11	Mons [0]	Living- stone [9]	Mbandaka [9]	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 12	Living- stone [0]	Living- stone [17]	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellanachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe Tab. 72

Tab. 66: Salmonella-Stämme aus den beprobten Großbetrieben der Region B

Betrieb	Gazekot (5 Poolproben/Betrieb)			Kloakentupfer (12 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (12 Poolproben/Betrieb)			Schlachthof
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	
Betrieb 1	--	Isangi [10]	--	--	Typhimurium DT 177 [0]	--	Blockley [0] Isangi [0,10,19] Litchfield [0] Typhimurium DT 177 [0]	Blockley [30] Typhimurium DT 177[0]	Litchfield [0] Typhimurium DT 177 [0]	6
Betrieb 2	--	--	--	--	--	--	Blockley [30] Isangi [0] Typhimurium DT 177 [0]	Blockley [30] Typhimurium DT 177[0]	Typhimurium DT 49 [0], 177 [0]	6
Betrieb 3	--	--	Anatum [0] Enteritidis PT 4 [0,2]	Typhimurium DT 177[0]	--	Enteritidis PT 4 [0,2]	Isangi [0] Typhimurium DT 177 [0,2]	Isangi [0] Litchfield [0] Typhimurium DT 177 [0]	Blockley [30] Typhimurium DT 177 [0]	6
Betrieb 4	--	--	--	I (Rf) [13]	--	--	Livingstone [13] I (Rf) [13] Typhimurium DT 177 [0]	Isangi [0] Litchfield [0] Typhimurium DT 177[0,23]	--	6
Betrieb 5	--	--	--	--	--	--	Mbandaka 0-14 pos. [13] Typhimurium DT 177 [0]	Blockley [0] Hadar [0] Typhimurium DT 177[0]	Typhimurium DT 177 [0]	6
Betrieb 6	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 7	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 8	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 9	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 10	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellennachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe **Tab. 72**

Tab. 67: Salmonella-Stämme aus den beprobten Großbetrieben der Region C

Betrieb	Gazekot (5 Poolproben/Betrieb)			Kloakentupfer (12 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (12 Poolproben/Betrieb)			Schlachthof
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	
Betrieb 1	--	--	--	--	Mbandaka 0-14 pos. [0]	--	Mbandaka [0]	Mbandaka 0-14 pos. [0]	Mbandaka 0-14 pos. [0]	4
Betrieb 2	--	--	--	--	--	--	--	Blockley [30]	Mbandaka [31]	4
Betrieb 3	--	--	--	--	--	--	--	Blockley [0] Mbandaka [0]	Blockley [0] Infantis [0] Mbandaka [0,22]	4
Betrieb 4	--	--	--	--	Mbandaka 0-14 pos. [0]	--	--	Mbandaka 0-14 pos. [0]	Mbandaka [31]	4
Betrieb 5	Mbandaka [0,31]	Mbandaka 0-14 pos. [0]	--	Mbandaka[14]	--	--	Mbandaka [0,22,31]	Mbandaka 0-14 pos. [0,1]	--	4

Tab. 68: Salmonella-Stämme aus den beprobten Großbetrieben der Region E

Betrieb	Gazekot (5 Poolproben/Betrieb)			Kloakentupfer (12 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (12 Poolproben/Betrieb)			Schlachthof
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	
Betrieb 1	--	n.u.	n.u.	--	n.u.	n.u.	Derby 0-5- [0]	n.u.	n.u.	7
Betrieb 2	--	--	Mbandaka [22,31]	--	--	--	--	Blockley [21]	Mbandaka [0,26]	4
Betrieb 3a	Paratyphi B d-Tartrat +[24] I (Rf)[0]	Paratyphi B d-Tartrat + [24,27]	Paratyphi B d-Tartrat + [27,32]	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 3b	Paratyphi B d-Tartrat + [15]	Paratyphi B d-Tartrat + [27]	Virchow [2]	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellennachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe **Tab. 72**

Tab. 69: Salmonella-Stämme aus den beprobten Großbetrieben der Region D

Betrieb	Gazekot (5 Poolproben/Betrieb)			Kloakentupfer (12 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (12 Poolproben/Betrieb)			Schlachthof
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde	
Betrieb 1	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	--	--	--	--	--	--	5
Betrieb 2	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	--	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	5
Betrieb 3	I (Rf) [0] Enteritidis PT 4 [0]	--	--	I (Rf) [0] Enteritidis PT 4 [0]	--	--	I (Rf) [0] Enteritidis PT 4 [0]	--	--	5
Betrieb 4	Enteritidis PT 4 [0,14]	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	I (Rf) [0] Enteritidis PT 4 [0]; 6a [0] 7[0]; 30[0]; n.t.[0] Senftenberg [0]	--	Senftenberg [0]	5
Betrieb 5	--	--	--	--	--	--	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	5
Betrieb 6	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 7	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 8	Indiana [25]	Indiana [25]	Heidelberg 0-5 neg [3,7]	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 9	--	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	
Betrieb 10	Heidelberg 0-5 neg [18]	--	--	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	n.u.	

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellennachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe **Tab. 72**

Tab. 70: Salmonella-Stämme aus den beprobten Kleinbetrieben der Region B

Betrieb	Gazekot (3 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (2 Poolproben/Betrieb)		
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde
Betrieb 11	--	--	--	--	--	--
Betrieb 12	--	--	--	--	--	Montevideo [0]
Betrieb 13	--	--	--	--	--	--
Betrieb 14	--	--	--	--	--	--
Betrieb 15	--	--	--	--	--	--
Betrieb 16	--	--	--	--	--	--
Betrieb 17	Isangi [0]	--	n.u.	--	--	n.u.
Betrieb 18	Enteritidis PT 4 [0]	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	--	--
Betrieb 19	--	Kottbus [8]	Anatum [33]	Anatum [36]	Enteritidis PT 4 [0]	--
Betrieb 20	--	--	n.u.	--	--	n.u.

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellanachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe **Tab. 72**

Tab. 71: Salmonella-Stämme aus den beprobten Kleinbetrieben der Region D

Betrieb	Gazekot (3 Poolproben/Betrieb)			Halshaut (2 Poolproben/Betrieb)		
	1.Herde	2.Herde	3.Herde	1.Herde	2.Herde	3.Herde
Betrieb 11	I (Rf) [0] Enteritidis PT 4 [0]	Enteritidis PT 4 [0]	--	I (Rf) [0], Enteritidis PT 4 [0]	--	--
Betrieb 12	--	--	Typhimurium DT 104 [23]	--	--	--
Betrieb 13	--	--	--	--	Enteritidis PT 4 [0]	--
Betrieb 14	--	--	n.u.	Enteritidis PT 4 [0]	--	n.u.
Betrieb 15	--	--	--	--	--	--
Betrieb 16	Enteritidis PT 4[5]	--	n.u.	--	--	n.u.
Betrieb 17	--	--	--	--	--	--
Betrieb 18	--	--	--	--	--	--
Betrieb 19	--	--	Agona[0]	--	--	--
Betrieb 20	--	n.u.	n.u.	--	n.u.	n.u.

n.u.= nicht untersucht; -- Salmonellanachweis negativ; []=Resistenzcode, siehe **Tab. 72**

Tab. 72: Codierungsschlüssel für die Antibiotikaresistenzen

Code	Anzahl der Resistenzen	Resistenz gegenüber
0	0	sensibel
1	1	A
2	1	Fr
3	2	A, Na
4	2	A, Su
5	2	A, Te
6	2	Su, Te
7	3	A, Na, Su
8	3	A, Na, Te
9	3	C, Su, Te
10	3	CN, S, Su
11	3	K, N, S
12	3	Na, S, Te
13	3	S, Su, Te
14	3	Su, Sxt, W
15	4	A, Fr, Na, W
16	4	A, Na, S, Te
17	4	A, S, Su, Te
18	4	A, Su, Sxt, W
19	4	CN, S, Su, Te
20	4	K, N, Na, Te
21	4	K, N, S, Te
22	4	Su, Sxt, Te, W
23	5	A, C, S, Su, Te
24	5	A, Na, Su, Sxt, W
25	5	A, Su, Sxt, Te, W
26	5	S, Su, Sxt, Te, W
27	6	A, Fr, Na, Su, Sxt, W
28	6	A, K, N, Na, S, Te
29	6	A, S, Su, Sxt, Te, W
30	6	C, K, N, Na, S, Te
31	6	K, N, Su, Sxt, Te, W
32	7	A, C, K, N, Na, S, Te
33	9	A, C, K, N, Na, S, Su, Sxt, W
34	9	A, C, K, N, S, Su, Sxt, Te, W
35	9	A, Fr, K, N, Na, S, Su, Sxt, W
36	10	A, C, K, N, Na, S, Su, Sxt, Te, W

A	Ampicillin	K	Kanamycin	Su	Sulfonamid
C	Chloramphenicol	N	Neomycin	Te	Tetracyclin
CN	Gentamycin	Na	Nalidixinsäure	W	Trimethoprim
Fr	Furazolidon	S	Streptomycin	Sxt	Sulfamethoxazol/Trimethoprim

Anhang 6: Beteiligte Untersuchungseinrichtungen

Finanzierung:

- Bundesministerium für Gesundheit

Wissenschaftliche Koordination und Leitung:

- Dr. L. Ellerbroek, BgVV, FG 302

Wissenschaftliche Auswertung:

- Dr. L. Ellerbroek, BgVV, FG 302
- Dr. H. Wichmann-Schauer, BgVV, FG 302
- Miriam Haarmann, BgVV, FG 302

Statistische Beratung:

- Prof. Dr. H. Weiß, Institut für Biometrie des Fachbereichs Veterinärmedizin, FU-Berlin

Beteiligte Institute:

Probenahme und bakteriologische Untersuchung der Proben:

- BgVV: Standort Berlin, FG 302 und Standort Jena, FG 411, 422
- Außenstelle für Epidemiologie der Tierärztlichen Hochschule Hannover in Bakum
- Institut für Anatomie, Physiologie und Hygiene der Haustiere der Universität Bonn
- Institut für Hygiene und Technologie der Lebensmittel der Universität München

Sero- und Phagentypisierung:

- Dr. R. Helmuth und Mitarbeiter, BgVV, FG 501, NRL-Salm

9 Zusammenfassung

Im Jahr 1999 wurde unter Leitung des BgVV ein vom Bundesministerium für Gesundheit finanziertes Forschungsvorhaben zum Vorkommen von Salmonellen bei deutschem Nutzgeflügel und Geflügelfleisch mit dem Ziel durchgeführt, Daten zum Infektions- und Kontaminationsgrad von Masthähnchen in selbstschlachtenden, direktvermarktenden Kleinbetrieben und aus großen Geflügelmast- und –schlachtenanlagen (mit einer Produktion von mehr als 20.000 Hähnchen pro Jahr) zu erheben. Weiterhin sollte die Frage geklärt werden, ob bestimmte Salmonella-Stämme wiederkehrend oder permanent in denselben Haltung- oder Schlachtbetrieben auftreten. An der praktischen Durchführung des Forschungsvorhabens waren neben dem BgVV in Berlin und Jena auch die Außenstelle für Epidemiologie der Tierärztlichen Hochschule Hannover, das Institut für Anatomie, Physiologie und Hygiene der Haustiere der Universität Bonn sowie das Institut für Hygiene und Technologie der Lebensmittel tierischen Ursprungs der Ludwig Maximilians-Universität München beteiligt.

Die Probenahmen erfolgten in 5 Regionen Deutschlands. Insgesamt konnten in diesen Regionen 26 Kleinbetriebe, 40 große Geflügelmastbetriebe und 6 große Schlachtbetriebe für die Teilnahme am Forschungsvorhaben gewonnen werden. Pro Mastbetrieb wurden in der Regel 3 Herden möglichst direkt aufeinanderfolgender Mastdurchgänge beprobt, so dass schließlich 68 Herden aus Kleinbetrieben und 121 Herden aus Großbetrieben auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht wurden. In Kleinbetrieben wurden von jeder Herde je nach Stallgröße 6-10 Gazekotproben und Halshautproben von 10 frisch geschlachteten Hähnchen entnommen. In großen Geflügelmastbetrieben wurden von allen untersuchten Herden 10 Gazekotproben gesammelt. Bei 70 der 121 Herden wurden während der Schlachtung darüber hinaus auch jeweils 60 Kloakentupfer sowie 60 Halshautproben entnommen. Ein negatives Untersuchungsergebnis bei Halshautproben von Herden aus Großbetrieben lässt statistisch gesehen den Rückschluss zu, dass mit einer Wahrscheinlichkeit von 95% die tatsächliche Salmonella-Prävalenz auf den Halshäuten in der Herde unter 5% lag. Bei Kleinbetrieben konnte die tatsächliche Prävalenz (aufgrund der geringeren Stichprobengröße) trotz negativem Untersuchungsbefund bis zu 25 % betragen. Die Ergebnisse der Salmonella-Prävalenz in Halshautproben aus Groß- und Kleinbetrieben sollten daher nicht direkt miteinander verglichen werden.

Die Proben wurden unter Anwendung einer einheitlichen, standardisierten Methode mikrobiologisch auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht. Die isolierten Salmonella-Stämme wurden im Nationalen Referenzlabor für Salmonellen (BgVV, Berlin) serotypisiert und auf Resistenzen gegen ausgewählte Antibiotika geprüft. Bei *S. Enteritidis*- und *S. Typhimurium*-Stämmen erfolgte zusätzlich eine Bestimmung des Phagentyps.

Bei 14,5% der untersuchten Herden aus Kleinbetrieben wurden in den Gazekotproben und bei 9,7% der Herden in den Halshautproben Salmonellen nachgewiesen. Bei den Nachweisen in Salmonella-positiven Betrieben handelte es sich überwiegend um Einzelbefunde. Nur in zwei der 26 beprobten Kleinbetriebe wurden wiederholt Salmonellen gefunden, und lediglich bei 3 der 68 untersuchten Herden waren Salmonellen in Gazekot- und Halshautproben nachweisbar.

Bei 28,1% der Herden aus großen Geflügelmastbetrieben wurden in den Gazekotproben, bei 24,3 % in den Kloakentupfern und bei 74,3% der Herden in den Halshautproben Salmonellen gefunden. Tierkörper aus Großbetrieben waren demnach am Ende des Schlachtprozesses zu einem großen Anteil mit Salmonellen kontaminiert, auch wenn in den Gazekotproben und/oder Kloakentupfern keine Salmonellen gefunden wurden. Der Grad der Halshautkontamination (d.h. Anteil positiver Poolproben/Herde) von Herden aus großen Geflügel-schlachtbetrieben variierte in den beprobten Regionen von 16,7% bis 91,7%. Der Grad der

Halshautkontamination schwankte auch zwischen den Schlachtbetrieben innerhalb einer Region und war in der Regel höher, wenn auch Salmonellen in den Kotproben (insbesondere in den Kloakentupferproben) der geschlachteten Herden gefunden wurden.

In Gazekot- und Halshautproben von Broilerherden aus Kleinbetrieben wurde überwiegend *S. Enteritidis* Phagentyp (PT) 4, gefolgt von *S. Anatum*, nachgewiesen.

In den Gazekotproben der großen Geflügelmastbetriebe wurden am häufigsten *S. Enteritidis* (PT) 4, *S. Paratyphi B* (d-Tartrat-positiv) und *S. Mbandaka* gefunden, wobei alle *S. Paratyphi B*-Stämme aus dem gleichen Geflügelmastbetrieb stammen. Hingegen wurden in Halshautproben am häufigsten *S. Typhimurium*, *S. Blockley* und *S. Mbandaka* gefolgt von *S. Enteritidis*, *S. Infantis* und *S. Agona* nachgewiesen. In jedem großen Geflügelschlachtbetrieb herrschte ein anderes Serovar vor, das auch häufig in Kloakentupferproben der geschlachteten Herden gefunden wurde. Aus Gazekotproben von Herden, die im gleichen Mastbetrieb, aber zu unterschiedlichen Zeitpunkten gemästet wurden, konnten nur selten identische Serovare isoliert werden.

Von den 496 aus Groß- und Kleinbetrieben stammenden *Salmonella*-Isolaten waren 165 Isolate (33,3%) gegen mindestens einen der getesteten antimikrobiellen Wirkstoffe resistent. 78,8 % der resistenten *Salmonella*-Isolate waren gegenüber drei und mehr Wirkstoffen resistent.

In ihrer Gesamtheit zeigen die Resultate, dass für eine Änderung der bestehenden Ausnahmeregelungen von der Geflügelfleischhygiene-Verordnung für selbstschlachtende direktvermarktende Geflügelmastbetriebe kein Anlass besteht. Neben einer Reduzierung des Eintrages von Salmonellen in die Mastbetriebe über kontaminiertes Futter und infizierte Küken sollte in großen Geflügelschlachtbetrieben eine Optimierung der Schlachthygiene erfolgen, um eine Produktion von hygienisch einwandfreiem Geflügelfleisch sicherzustellen.

